



**XXII SNPTEE
SEMINÁRIO NACIONAL
DE PRODUÇÃO E
TRANSMISSÃO DE
ENERGIA ELÉTRICA**

BR/GIA/15
13 a 16 de Outubro de 2013
Brasília - DF

GRUPO – XI

GRUPO DE ESTUDO DE IMPACTOS AMBIENTAIS - GIA

FORMAÇÃO DE CORREDORES DE BIODIVERSIDADE ATRAVÉS DA RECOMPOSIÇÃO DE ÁREAS DE PRESERVAÇÃO PERMANENTE: UMA ANÁLISE GENÉTICA DAS POPULAÇÕES

**Leonardo Pussieldi Bastos
LACTEC**

RESUMO

O Instituto de Tecnologia para o Desenvolvimento (Lactec) tem desenvolvido na última década diversos projetos na área de conservação, trabalhando com temas como bioinvasões, restauração florestal, monitoramento de fauna e corredores ecológicos. Dentre estes projetos, está em execução um projeto de Pesquisa e Desenvolvimento (P&D) sobre corredores ecológicos, em parceria com a concessionária de energia Centrais Elétricas do Rio Jordão S.A.(Elejor). Este trabalho tem como objetivo analisar se as Áreas de Preservação Permanentes dos reservatórios da Elejor atuam como um corredor de biodiversidade para as espécies de fauna da região.

PALAVRAS-CHAVE

Conservação; Corredor ecológico; análise molecular.

1.0 - INTRODUÇÃO

A fragmentação e a consequente redução de habitats é a principal causa da perda de diversidade biológica em todo o mundo (Soulé e Terborgh 1999). No Brasil, e especialmente na Floresta Atlântica *sensu lato* (que inclui a Floresta de Araucárias e a Floresta Semidecidual), a redução total do habitat foi significativa no último século (Galindo-Leal e Câmara 2005), tornando diversas espécies ameaçadas de extinção neste bioma (IBAMA 2003). Especialmente nas áreas que sofrem com efeitos da ação antrópica, fragmentos de ambientes naturais podem ser considerados como reservatórios de diversidade biológica, desde que possuam tamanho e estrutura suficientes para a manutenção de populações cada espécie.

Entre os fatores que potencializam o grau de ameaça das espécies destaca-se o isolamento geográfico dos remanescentes e fragmentos, em diferentes escalas, o que pode acarretar em consequências populacionais significativas. Quando há falta de fluxo gênico, a principal consequência é a perda de variabilidade genética dentro de uma população, que torna sua adaptação potencialmente mais vulnerável em relação a um dado fator ecológico. Como exemplo, pode haver influência na adaptabilidade às variantes de doenças, no desenvolvimento de habilidades congênitas ou na resiliência em evento climático local ou regional (Slatkin 1987).

Devido à grande escala de complexidade, atualmente, poucas ações são exequíveis e bem conhecidas para amenizar efeitos do isolamento populacional em remanescentes de habitats nativos. Estudos que buscaram identificar em paisagens naturais fragmentadas uma estrutura funcional baseada no conceito de “corredores ecológicos” indicam que remanescentes de qualquer habitat poderiam proporcionar esta condição, desde que possuam estrutura espacial adequada (Laurance e Laurance 1999; Perault e Lomolino 2000).

Estes corredores promovem um maior fluxo de indivíduos entre áreas conectadas em relação a indivíduos de remanescentes não conectados (Haddad 1999; Haddad et al 2003; Hein et al. 2009), o que amenizaria os impactos populacionais a que espécies em ambientes fragmentados estariam sujeitas. Os corredores podem diminuir os efeitos dos isolamentos nas comunidades, quando permitem a manutenção da densidade dos indivíduos de diversas espécies de invertebrados e vertebrados (Haddad and Baum 1999, Haddad et al 2003; Pardini et al. 2005; Hein et al. 2009), ou quando não oferecem barreiras à dispersão e polinização de plantas (Townsend and Levey 2005). Neste sentido, corredores de habitat podem amenizar efeitos populacionais que tendem a desestruturar a comunidade biológica em geral.

(*) BR-116 – KM 98 – Nº 8813 – Centro Politécnico da UFPR – Lactec/CEHPAR - Jardim das Américas
Caixa Postal: 19.067 - Cep: 81531-980, PR – Brasil
Tel: (+55 41) 3361-6882– Email: leonardo.bastos@lactec.org.br

De forma geral, embora haja um consenso sobre a utilidade de corredores de vegetação como facilitadores de fluxo gênico intrapopulacional, pouco se sabe sobre a aplicação destes conceitos às diferentes situações e escalas existentes, nas quais o grau e característica da fragmentação e consequente isolamento podem variar de forma relevante. Este estudo foi desenvolvido em uma escala regional no entorno dos reservatórios de Santa Clara e Fundão, da Concessionária Elejor, no centro-sul do Estado do Paraná. Foi avaliado se as Áreas de Preservação Permanente (APP) dos reservatórios servem como corredor entre os fragmentos florestais existentes na região, avaliando o impacto populacional da fragmentação para diferentes espécies de animais. Para isso, foi determinada e avaliada a composição genética de populações de três espécies de distintos filos do reino animal, sendo uma espécie de um verme de solo nematóide (Nematoda - *Mononchus* sp), uma borboleta (Arthropoda - *Pseudoscada erruca*) e um pássaro (Chordata - *Basileuterus culicivorus*), para então compararmos a estrutura genética de suas potenciais subpopulações. Foi avaliado se há diferenciação genética entre as subpopulações de cada espécie e se há correlação entre a estrutura observada e o histórico de isolamento da área, e também com a dinâmica de deslocamento e potencial reprodutivo de cada espécie. A principal característica comum entre as espécies-modelo é que todas são espécies que habitam exclusivamente ambientes florestais, com ocorrência considerada comum nestes ambientes da região de estudo. Já o diferencial está na capacidade de dispersão e reprodução, sendo que o nematóide possui a menor capacidade de dispersão aliada à maior taxa de reprodução, enquanto no outro extremo e de forma inversa, a ave possui a maior capacidade de dispersão e menor taxa reprodutiva.

2.0 - HIPÓTESES DA PESQUISA

As perguntas e conclusões acerca deste estudo consideram o contexto desta introdução, e assume também as seguintes premissas: (1) vermes nematóides *Mononchus spp.* são animais com capacidade de dispersão milimétrica e taxas de fecundidade de elevado incremento populacional (milhares/ind); (2) borboletas *Pseudoscada erruca* são animais com capacidade de dispersão em escala métrica e possuem taxas de fecundidade medianas (dezenas/ind); (3) pássaros *Basileuterus culicivorus* são animais com capacidade de dispersão quilométrica e com taxas de fecundidade com baixo incremento anual (2-3/ind); (4) que todas as espécies, por habitarem preferencialmente florestas, teriam sofrido a mesma influência do processo de fragmentação, salvando as ordens de magnitude das características de cada espécie.

Assim, para avaliar a composição genética de quatro sub-populações de cada uma das três espécies modelo, as seguintes hipóteses foram estabelecidas para esta pesquisa:

Hipótese esperada - Os corredores ecológicos entre os fragmentos florestais são eficientes e suficientes para manter a conectividade entre as populações e há fluxo gênico entre as áreas amostrais para todas as espécies, logo não haveria estruturação genética diferenciada entre as sub-populações.

Hipótese alternativa 1 – Se houve fluxo gênico entre as áreas amostrais de forma parcial e para apenas algumas espécies, aquelas com maior capacidade de dispersão e baixa taxa de fecundidade teriam menos tendência a apresentar estruturação genética em suas sub-populações.

Hipótese alternativa 2 – Se não houve fluxo gênico entre as áreas amostrais, todas as espécies apresentariam tendências à estruturação genética entre as suas sub-populações.

3.0 – METODOLOGIA

3.1. Área de estudo

As usinas de Fundão e Santa Clara, em conjunto com duas pequenas centrais hidrelétricas, formam o Complexo Energético Fundão - Santa Clara (CEFSC). Este complexo encontra-se na Bacia Hidrográfica do Rio Jordão, a qual se localiza na Região Hidrográfica do Paraná, mais especificamente na Unidade Hidrográfica dos Afluentes do Médio Iguaçu (**Erro! Fonte de referência não encontrada.**).

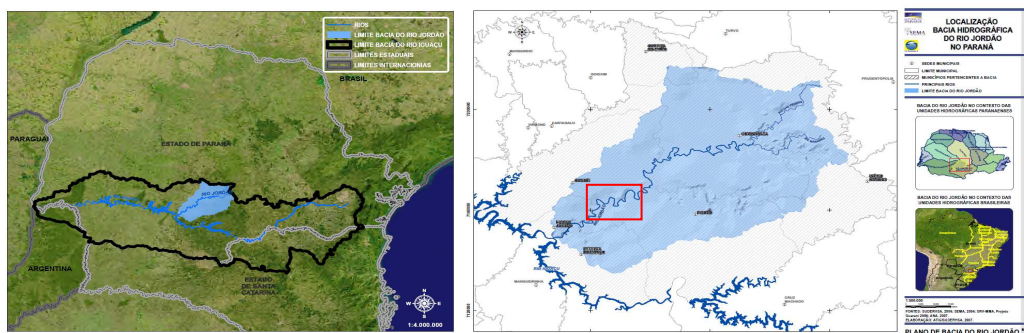


FIGURA 1: Localização da BHJ e CEFSC (Fonte: SUDERHSA)

O CEFSC localiza-se na região Centro-Sul do Estado e abrange três cidades: Candói, Pinhão e Foz do Jordão, localizadas a, aproximadamente, 320 km de Curitiba. O acesso ao CEFSC é feito por via terrestre, as rodovias que conduzem à região são as BR-277, PR/BR - 373, PR - 560 e PR - 662.

O Projeto Básico Ambiental (PBA) do CEFSC compreendeu 33 programas ambientais, dentre os quais se encontram os programas de Aproveitamento Científico da Flora e Reflorestamento e Adensamento da Faixa Ciliar do Reservatório. Este último teve como objetivo recuperar toda a APP, ou seja, a faixa de 100 metros de Mata Ciliar no entorno dos reservatórios.

A região estudada é justamente onde ocorreu uma das primeiras iniciativas madeireira e agrícola no início do século passado no Estado. Já por volta de 1890, estima-se que a região já estava sujeita a relevantes alterações do ambiente florestal, com a conversão destes em campos de cultivo e pastagem. Até o ano de 1937, diversas áreas no entorno desta região já estavam em processo de fragmentação (Figura 02, Gubert-Filho 1988). De forma geral, as áreas marginais aos rios costumavam ser mantidas com a cobertura original gerando remanescentes com perfis lineares, semelhantes a corredores, enquanto a conversão total de floresta nativa em áreas de cultivo ocorria nas demais e maioria das partes, normalmente mais planas. Apesar disto, atualmente a região ainda apresenta áreas de floresta em estágio avançado de sucessão, e estas são integralmente inseridas nas margens da bacia do Rio Jordão (Castella e Brites 2004).



FIGURA 02. Fragmentação no início do século passado no Estado do Paraná. Fonte: Gubert-Filho 1988

Legenda: os pontos vermelhos representam a localização do CEFSC.

O conhecimento do estado das reservas legais das propriedades do entorno de reservatórios da bacia do Iguaçu é um aspecto importante para a implementação de um corredor de biodiversidade formado por uma rede de interligação de habitats das bacias hidrográficas do estado do Paraná. Esse conceito amplia o significado da recuperação ambiental do entorno de rios e reservatórios, devido à sua importância nos fluxos de dispersão da fauna e flora, e visa a recuperação ambiental de todo um ecossistema, do qual os atributos ambientais dos reservatórios envolvidos são de alto significado.

3.2. Procedimentos metodológicos

No reconhecimento dos pontos amostrais foi considerada a estrutura florestal do fragmento e o estado de preservação, levando-se em conta o tamanho e análise visual dos fragmentos. Foi determinado um número amostral de 20 indivíduos por ponto de coleta, totalizando 80 indivíduos por espécie para análises moleculares. Os pontos diferiram um pouco para cada grupo de animal, devido suas características intrínsecas. Enquanto indivíduos das espécies de nematóide e borboleta foram amostrados em pontos relativamente singulares ou fixos (Figura 3), as aves tiveram indivíduos capturados e amostrados ao longo das florestas marginais dos reservatórios de Fundão e de Santa Clara, com pontos de amostragem variáveis dentro de quatro áreas amostrais, por apresentarem padrão territorial e uma menor densidade relativa se comparada às demais. Assim, a cada dia das fases de campo eram escolhidas novas localidades para amostragem, geralmente adjacente e distante 100 metros em relação à localidade onde ocorreu a última captura, até que o número estabelecido de 20 indivíduos/área fosse alcançado em cada uma das quatro áreas amostrais. Para cada indivíduo/local de coleta foram registradas as coordenadas geográficas à menor escala possível (erro de 3 metros), para que as comparações pudessem ser conduzidas entre as áreas e também entre pontos.



FIGURA 3. Mapa com os pontos amostrais no entorno dos reservatórios Santa Clara e Fundão no Rio Jordão.

3.2.1. Nematoides

Em cada ponto foram coletadas amostras composta de solo do interior e nas bordas dos fragmentos. No interior dos fragmentos foram delimitadas duas parcelas de 5 x 5 m e distanciadas de 100 a 500 m, dependendo do tamanho do fragmento. Em cada parcela foram aleatorizados 2 quadrantes de 1 x 1 e em cada quadrante foram retiradas 3 amostras de solo (FIGURA4).

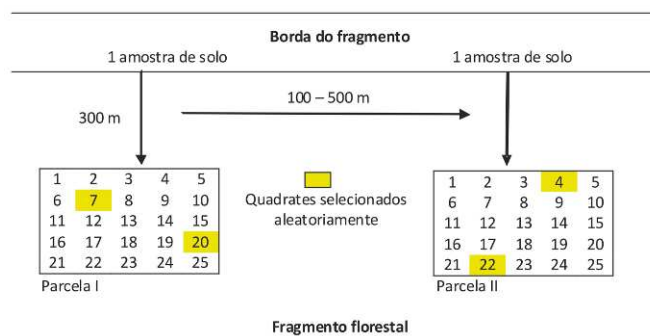


FIGURA 4. Desenho amostral para coleta de solo (nematoides) na borda e no interior dos fragmentos. Em cada quadrante, em amarelo, foram retiradas 3 amostras de solo.

Considerando os quatro fragmentos amostrados foram totalizadas 48 amostras. A amostragem dos nematoides do solo foi realizada com uma pá de jardinagem e as amostras armazenadas em sacos plásticos devidamente etiquetados.

O desenho amostral foi definido a partir da reconhecida baixa locomoção dos organismos e curto ciclo de vida. Para as análises moleculares de cada amostra de solo será retirado 5 indivíduos da espécie para extração de DNA. Dessa forma, a amostragem representou ao máximo a diversidade genética dos nematoides ao longo de toda a extensão dos fragmentos.

Em laboratório, o procedimento de extração dos nematoides do solo foi realizado conforme Jenkins (1964). Para cada amostra, foi retirado 50g de solo submetidos flutuação e posterior centrifugação com solução de sacarose. O líquido sobrenadante foi vertido em peneira de 400 mm de abertura e efetuadas lavagens com água corrente para eliminar a sacarose. O sobrenadante foi recolhido e armazenado em álcool 96 % da Merck para extração do DNA dos nematoides. O procedimento foi repetido para todas as amostras e o sobrenadante recolhido foi fixado em formol 4 % para preparação de lâminas permanente para identificação morfológica (**Erro! Fonte de referência não encontrada.**). A extração de DNA de nematoides foi realizada com WLB (*Worm Lysis Buffer*).

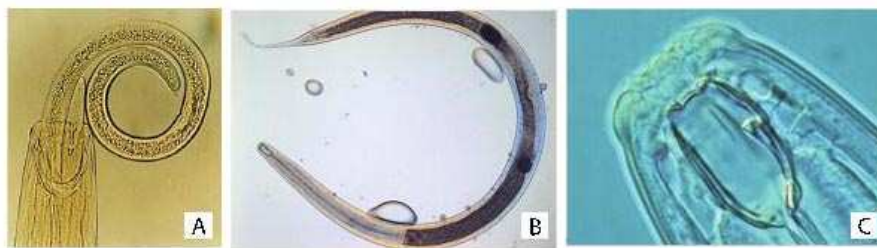


FIGURA 5. Nematóide *Mononchus* sp, predando outro nematóide (A), vista geral de um adulto (B) e região anterior (C), evidenciando o aparato bucal com um dente dorsal (Créditos fotografias Nicola Vovlas (IPP-CNR, Bari, Italy) e Jan-Kees Goud).

3.2.2. Borboletas

Foram utilizadas diferentes técnicas de coletas para lagartas e adultos. As lagartas foram encontradas através de suas plantas hospedeiras, no caso, uma espécie de *Cestrum*, como indicado em Morellato (1992). Quando a planta hospedeira era encontrada, fazia-se a inspeção, folha por folha, a procura de ovos e lagartas. Estes ovos e lagartas foram levados para laboratório para que finalizassem seu desenvolvimento até a fase de borboleta (**Erro! Fonte de referência não encontrada.**6). O desenvolvimento completo facilita a identificação e aumenta a quantidade de tecido para extração de DNA. A extração de DNA de todos os indivíduos coletados foi realizada seguindo o protocolo do kit Dneasy Blood e Tissue da QIAGEN considerado o mais adequado para amostras com baixa concentração de DNA como no caso das borboletas das quais foram retiradas as patas e as cabeças no caso das lagartas. Lagartas parasitadas ou com sinais vitais críticos foram imediatamente sacrificadas e conservadas em álcool 96%.



FIGURA 6. *Pseudoscada erruca* e as fases de desenvolvimento: A: lagarta, B: pupa e C: borboleta (Créditos fotografia (C): Annuska – Anna Theodora).

Embora tenha sido coletado um grande número de ovos e lagartas, muitos ovos não eclodiram e muitas lagartas apresentaram-se parasitadas. Portanto, até foram extraídos o DNA de 48 exemplares coletados tanto na forma de ovo e lagarta (40 exemplares) como na forma adulta (8). A identificação através do Citocromo Oxidase I e comparação através da ferramenta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) com sequências na acessível na página de NCBI (National Center for Biotechnology Information- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) confirmou a identificação de 23 espécimes como sendo *P. erruca*. A identificação é compatível com a descrição das lagartas, que foram criadas em cativeiro.

3.2.3. Aves

Para a captura de aves o esforço amostral foi dirigido ao uso de duas redes ornitológicas acopladas, obtendo uma superfície de captura de 72m² (12x6m). Isso foi devido à estrutura da vegetação em diversas localidades da área de estudo, onde foi observada maior probabilidade de captura dos indivíduos em uma classe de altura que se estende do solo até seis metros.

Quando a espécie selecionada (*Basileuterus culicivorus*) era capturada, os indivíduos eram marcados por anilhas fornecidas e autorizadas pelo ICMBio/CEMAVE. Após o anilhamento, três amostras de cerca de 10 penas ventrais ou dorsais são retiradas e acondicionadas em três meios (a seco, em álcool 70% e em DMSO), para por fim, liberar o animal no mesmo local da captura (Figura 7). Neste procedimento se obtém as amostras para analisar a composição genética dos indivíduos.

A extração de DNA de todos os indivíduos coletados foi realizada seguindo o protocolo do kit Dneasy Blood e Tissue da QIAGEN considerado o mais adequado para amostras com baixa concentração de DNA como no caso das penas coletadas.

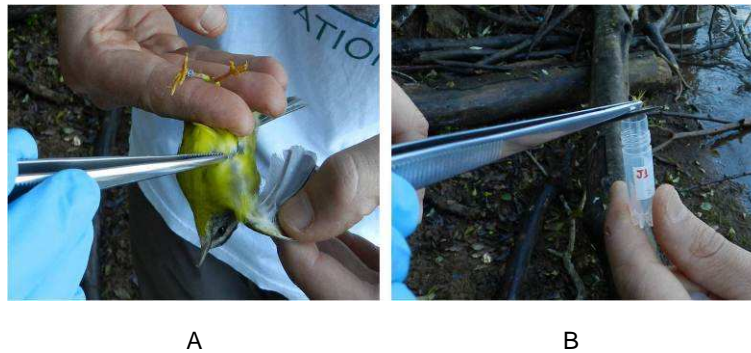


FIGURA 7. Procedimento de coleta de amostras biológicas dos indivíduos capturados. A) Coleta das penas no animal vivo; B) Acondicionamento adequado.

4.0 - RESULTADOS

Os resultados obtidos com os procedimentos técnicos laboratoriais mostraram pouca variação genética de forma geral entre todas as categorias e tratamentos comparados. Em quase todas as análises nenhuma ou pouca variação foi encontrada, com poucas exceções entre o nematóide e a borboleta.

As análises que determinaram a diversidade genética demonstraram uma diferença pequena dentro das três espécies. Os valores da heterozigosidade esperada (HE) tiveram sua maior variação encontrada na borboleta, mas a diferença não foi considerada significativa. Os índices de diversidade genética, que levam em conta a heterozigosidade esperada em relação ao total de locos, foram maiores para o nematóide, em relação à borboleta ou ao pássaro, mas ainda com pequena variação entre as populações dos quatro fragmentos analisados.

Diferenças entre as subpopulações foram diagnosticadas pelas análises de AMOVA, as quais indicaram que toda a variação existente na composição genética dos indivíduos amostrados deve-se ao grupo como um todo, e não pode ser associada às subpopulações das quatro áreas estudadas, independente da espécie. Ou seja, as três espécies analisadas, *Mononchus sp.*, *Basileuterus culicivorus* e *Pseudoscada erruca*, demonstraram baixa diferenciação genética na análise de variação entre os grupos das diferentes áreas amostrais.

Entre as análises de correlação com o teste de Mantel, apenas uma das análises obteve resultado significativo. A borboleta *Pseudoscada erruca* demonstrou alta correlação entre a distância geográfica e a distância genética de seus indivíduos. Isto pode implicar que esta seria a única espécie entre as estudadas que se dispersa em um padrão que depende dos corredores, como se espera que ocorra com muitas espécies florestais.

O índice de similaridade entre os indivíduos apontou para a inexistência de agrupamentos de nematóides com indivíduos de todos os quatro pontos amostrais, indicando populações geneticamente não estruturadas, mas com alta divergência genética entre as localidades. De forma oposta, as outras espécies puderam ser agrupadas de modo a congregar indivíduos de todas as áreas amostrais. Este fato sugere que, no caso destas espécies, as populações se apresentam de modo não estruturado e com indivíduos geneticamente similares.

5.0 - CONCLUSÕES

Os diferentes métodos utilizados e combinados neste estudo apontam para alguns resultados principais: maior tendência à rápida diferenciação entre os nematóides, mas ausência de estrutura genética entre as subpopulações de qualquer espécie. Também são incluídos entre estes a correlação negativa entre a distância geográfica entre indivíduos e a probabilidade do fluxo gênico nas populações da borboleta, e a condição genética muito estável da população do pássaro.

Nota-se que os resultados foram contundentes, pois, embora não tenham apontado para efeitos de isolamento genético, indicaram alguns dos resultados esperados pelas premissas da pesquisa, como a maior taxa de diferenciação entre os vermes nematóides e a falta de estruturação nas espécies com maior mobilidade e menor fecundidade relativa. Desta forma, era esperada a ausência total de indícios de estruturação ou isolamento nas amostras do pássaro, enquanto o fluxo gênico na borboleta aparenta estar associado a um fator como distância, o que também poderia ser esperado, devido à diferença na escala de dispersão entre elas.

Esta ausência de evidências de estruturação genética, e também de isolamento, poderia estar associada a um atraso na resposta populacional aos efeitos a que estariam sujeitos (Metzger et al. 2009), especialmente em espécies de ciclo mais longo, como *P. erruca* ou *B. culicivorus*. Supondo que em um século estas populações teriam como limite uma capacidade de reproduzir cerca de 100 gerações, esta fecundidade provavelmente seria insuficiente para gerar uma diferenciação entre subpopulações, a não ser caso ocorresse uma alta taxa de consanguinidade relativa a um diminuto tamanho populacional, ou por dispersão restrita (Dantas et al. 2007;

Woltmann et al. 2012). Assim, também por este contexto, a configuração genética observada aparenta não ter sofrido consequências relativas ao isolamento de subpopulações, mesmo que a situação espacial da matriz de hábitat pudesse sugerir a ocorrência deste processo.

Em princípio, os resultados quando observados de forma integral sugerem que o consistente processo de fragmentação que ocorreu sobre a Floresta com Araucárias, especialmente na região do entorno dos reservatórios, não teria causado impactos populacionais (em escala molecular) nas três espécies animais estudadas. A falta de evidência de diferenciação genética entre as subpopulações sugere que não houve um relevante isolamento entre estas em nenhum período passado e logo, não seriam esperados nas atuais condições impactos populacionais consequentes de isolamento geográfico ou reprodutivo. A maioria dos resultados obtidos nas análises reforçam estas conclusões, mas outros indícios sugerem que algumas consequências deste processo podem ter sido geradas, as quais também merecem ser discutidas.

Os principais resultados remetem ao padrão de ausência de estruturação entre as subpopulações das três espécies, e de forma geral, parece mais provável que nem o processo de fragmentação que se iniciou há cerca de um século com a colonização humana, tampouco o processo de fragmentação associado à construção da usina há uma década, resultou em isolamento das populações estudadas.

No entanto, a manutenção dos corredores ecológicos através de APP's e reservas legais é fundamental para evitar o agravamento das limitações impostas à dispersão e fluxo gênico de várias espécies susceptíveis, as quais devem representar uma grande parte da diversidade biológica da região. E a restauração das APP's deve ser a principal forma de intervenção que garantiria ao menos a manutenção da atual taxa de fluxo de genes, sustentando então a função de conectividade atribuída aos corredores de habitat para uma significativa parcela da comunidade animal nativa (Laurance e Laurance 1999; Haddad et al. 2003). Adicionalmente, contribui também com o fluxo entre indivíduos de espécies que são relacionados aos animais para o sucesso de sua dispersão, como diversas famílias de plantas (Orrock e Damschen 2005; Townsed e Levey 2005).

Deve ser ressaltado que as espécies estudadas podem ser modelos de espécies com características similares, desde que também sejam localmente comuns e que tenham um grau de vulnerabilidade à fragmentação florestal semelhante. Espécies com características de menores densidades populacionais ou que tenham maior especificidade com determinados micro-habitats, por exemplo, devem apresentar maiores restrições em sua capacidade de dispersão e colonização pelos remanescentes, e por isso teriam maior potencial de apresentar alto grau de estruturação e maior diversidade na composição genética das suas populações.

Os dados indicam então que a hipótese esperada (de que sempre houve fluxo gênico entre as populações estudadas) não pode ser rejeitada, havendo quatro principais causas relacionadas à ausência da estruturação gênica esperada: (1) a matriz do hábitat florestal remanescente não isolou as populações estudadas; (2) a fragmentação pode ser ainda muito recente para que influencie na composição genética das espécies; (3) o efetivo populacional atual pode ser proporcionalmente muito grande; e (4) os corredores ecológicos existentes nos remanescentes florestais no entorno das usinas Santa Clara e Fundão são eficientes em permitir o contato entre as populações de diferentes fragmentos na escala temporal e espacial analisada.

Com base nos resultados obtidos, a recomposição florística das áreas de preservação permanentes (APPs) se apresenta como de importância fundamental para a manutenção do fluxo gênico interpopulacional das espécies, principalmente florestais, que habitam os remanescentes da área de estudo e região do entorno. Esta importância pode ser categorizada em duas funções principais com diferentes finalidades: a prevenção e a mitigação. No entanto, para a maioria das espécies, sua importância é maior em uma função preventiva do que mitigadora. Esta consideração pode ser feita para uma grande parcela da comunidade biológica residente atual, para a qual os resultados obtidos com os modelos deste estudo seriam análogos.

6.0 – TRABALHO COM ESCOLAS DA REGIÃO

Um programa de educação ambiental está em execução com a comunidade do entorno das usinas. O plano inicial é a promoção de uma gincana entre as escolas das três cidades do entorno dos reservatórios: Pinhão, Candói e Foz do Jordão. Para isto, está sendo elaborado um vídeo sobre o tema principal do projeto (Corredores Ecológicos), com o objetivo de apresentar o projeto nas escolas. A gincana será realizada em agosto de 2013, quando todas as escolas envolvidas apresentarão suas atividades, contemplando os objetivos propostos a serem cumpridos dentro de cada tema abordado. As práticas adotadas e a opção por trabalhar diretamente com os professores da região tem o objetivo de complementar a atuação do projeto naquela região; e a escolha desse público é com o propósito desses educadores atuarem não apenas na escola, mas em toda a comunidade, funcionando como agentes multiplicadores, capazes de estimular o interesse e o envolvimento de todos na questão ambiental, idealizando a conservação tanto do meio como da cultura das comunidades envolvidas.

7.0 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] BONGERS T, FERRIS H. 1999. Nematode community structure as a bioindicator in environmental monitoring. *Trends in Ecology and Evolution* 14:224–228.

- [2] CASTELLA, P. R. E BRITEZ, R. M. 2004. *A floresta com Araucária no Paraná*. Curitiba: FUPEF
- [3] GALINDO-LEAL, C. E CÂMARA, I. G. 2005. *The Atlantic Forest of South America: biodiversity status, threats, and outlook*. Conservation international, Washington, Island press, 472p.
- [4] GUBERT-FILHO, F. A. 1988. Levantamento de áreas de relevante interesse ecológico (ARIE) no Paraná. In: Congresso Florestal do Paraná, Curitiba - PR . Anais: Instituto Florestal do Paraná 1:136-160.
- [5] HADDAD, N. M. 1999. Corridor and distance effects on interpatch movements: a landscape experiment with butterflies. *Ecological Applications* 9(2):612-622.
- [6] HADDAD, N. M. E BAUM, K. A. 1999. An experimental test of corridor effects on butterfly densities. *Ecological Applications* 9(2):623-633.
- [7] HADDAD, N. M.; BOWNE, D. R.; CUNNINGHAM, A.; DANIELSON, B. J.; LEVEY, D. J. SARGENT, S. E SPIRA T. 2003. Corridor use by diverse taxa. *Ecology* 84:609-615.
- [8] HEIN, C. D.; CASTLEBERRY, S. B. E MILLER, K. V. 2009. Site-occupancy of bats in relation to forested corridors. *Forest Ecology and Management* 257:1200–1207.
- [9] IBAMA – Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Renováveis. 2003. Instrução Normativa 3, *Diário Oficial da União* 101(1):88-97.
- [10] JENKINS, W.R. 1964. A rapid centrifugal- flotation technique for extracting nematodes from soil. *Plant Disease Report*. p. 48, 692.
- [11] LAURANCE, S. G. E LAURANCE, W. F. 1999. Tropical wildlife corridors: use of linear rainforest remnants by arboreal mammals. *Biological Conservation* 91:231-239.
- [12] METZGER, J. P.; MARTENSEN, A. C.; DIXO, M.; BERNACCI, L. C.; RIBEIRO, M. C. TEIXEIRA, A. M. G. E PARDINI, R. 2009. Time-lag in biological responses to landscape changes in a highly dynamic Atlantic forest region. *Biological Conservation* 142:1166–1177
- [13] MORELLATO, L. P. C. 1992. *História natural da Serra do Japi: ecologia e preservação de uma área florestal no Sudeste do Brasil*. (L.P.C. Morellato, ed.). Editora UNICAMP, Campinas.
- [14] ORROCK, J. L. E DAMSCHEN, E. I. 2005. Corridors cause differential seed predation. *Ecological Applications* 15(3):793-798.
- [15] PARDINI, R.; SOUZA, S. M.; BRAGA-NETO, R. E METZGER, J. P. 2005. The role of forest structure, fragment size and corridors in maintaining small mammal abundance and diversity in an Atlantic forest landscape. *Biological Conservation* 124:253–266.
- [16] PERAULT, D. R. E LOMOLINO, M. V. 2000. Corridors and mammal community structure across a fragmented, old-growth forest landscape. *Ecological Monographs* 70(3):401-422.
- [17] SICK, H. 2001. *Ornitologia brasileira*. Ed. Nova Fronteira. Rio de Janeiro.
- [18] SLATKIN, M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations *Science* 236, 787-792.
- [19] SOULÉ, M. E. E TERBORGH, J. 1999. *Continental conservation: scientific foundations of regional reserve networks*. Island Press, Washington DC. EUA.
- [20] VILAÇA, S. T. E SANTOS, F. R. 2010. Biogeographic history of the species complex *Basileuterus culicivorus* (Aves, Parulidae) in the neotropics. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 57:585–597.
- [21] TOWNSED, P. A. E LEVEY, D. J. 2005. An experimental test of whether habitat corridors affect pollen transfer. *Ecology* 86(2):466-475.

8.0 – DADOS BIOGRÁFICOS

Autor de contato: Leonardo Pussieldi Bastos – Coordenador do Projeto pelo Lactec

Local e ano de nascimento; Curitiba-PR, 1977

Local e ano de graduação / pós-graduação; Graduação em Biologia, Faculdades Integradas Espírita 2001 / Mestrado PRODETEC - 2013

Experiência profissional (títulos, publicações, prêmios, áreas de atuação).

Possui graduação em Biologia - Faculdades Integradas Espírita (2001), Especialização em Conservação da Biodiversidade (2003) e Mestre em Desenvolvimento de Tecnologia. Foi por oito anos Ictiólogo e pesquisador associado ao Museu de História Natural Capão da Imbuia (MHNCI), da Prefeitura Municipal de Curitiba. Tem experiência em Ictiofauna, conservação ambiental e avaliação de impactos ambientais. Atualmente é pesquisador do Instituto de Tecnologia para o Desenvolvimento - LACTEC, onde desenvolve diversos projetos relacionados ao meio ambiente e geração de energia elétrica. Possui experiência em licenciamentos ambientais, onde vem atuando em diversos estudos desde o ano de 2000. Já realizou cerca de 60 trabalhos técnicos voltados ao licenciamento ambiental. A produção bibliográfica até o momento tem 24 trabalhos em anais de eventos e quatro artigos em periódicos.

Demais autores (na ordem desejada, conforme email enviado ao fale conosco em nome de flora@lactec.org.br no dia 02/05/2013 às 17:24 hr)

Flora Hauer de Mello Leitão – Bióloga pesquisadora no Lactec

André Magnani Xavier de Lima – Biólogo doutorando na UFPR

Micheli Thomas – Bióloga com Pós doutorado pela UFPR

José Francisco de Oliveira – Biólogo com Pós doutorado pela UFPR

Walter Boeger – Professor da UFPR responsável pelo Laboratório de Ecologia Molecular e Parasitologia Evolutiva

Alessandra Zanin – Estagiária de biologia no Laboratório de Ecologia Molecular e Parasitologia Evolutiva

Otto Samuel Mäder Netto – Engenheiro Químico pesquisador no Lactec

Patricia Dammski Borges - Bióloga pesquisadora no Lactec

Douglas Tsuyoshi Nakayama - Biólogo pesquisador no Lactec

Camila Ghilardi Cardoso - Bióloga pesquisadora no Lactec

Ricardo Fontoura Borba – Técnico no Lactec

Jair Duarte - Engenheiro Químico pesquisador no Lactec

Luis Eduardo Wolff – Elejor

Emerson Luís Alberti – Responsável pelo projeto na Elejor