

PAULA LARA-RUIZ
TAMANHO CORPORAL, DIMORFISMO SEXUAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA
PREGUIÇA-DE-COLEIRA, *Bradypus torquatus* Illiger, 1811 (XENARTHRA:
BRADYPODIDAE)

RESUMO

Neste trabalho são apresentadas informações novas sobre a variabilidade morfológica e genética em populações da Preguiça-de-coleira, *Bradypus torquatus*. A espécie, cujas populações se encontram reduzidas pela degradação e fragmentação do hábitat, é considerada ameaçada justamente por ser endêmica da mata Atlântica Brasileira, e apresentar uma distribuição restrita aos estados da Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro e, extremo nordeste de Minas Gerais. A falta de conhecimento básico referente à biologia da espécie, como parâmetros reprodutivos, tamanho do corpo e dimorfismo sexual, e também sobre as populações remanescentes (estrutura e tamanho das populações são totalmente desconhecidos), tornam difícil a avaliação do verdadeiro grau de risco que a espécie pode estar enfrentando no médio e longo prazo.

O estudo realizado objetivou, principalmente, proporcionar dados que fornecessem informações sobre a saúde genética da espécie. Os resultados obtidos, concordantes entre diversos conjuntos de dados utilizados (definidos por três segmentos do mtDNA estudados: os domínios hipervariáveis I e II da região controle e parte do citocromo *b*) indicam que, populações de preguiça-de-coleira amostradas nos três estados visitados (ES, RJ e BA) se encontram isoladas. São poucos os haplótipos compartilhados pelas populações estudadas, de forma que os valores dos índices de fixação encontrados (\hat{O}_{ST} variando entre 0,96 e 0,70 segundo a região analisada) são consideravelmente maiores do que o encontrado para outros mamíferos, incluindo algumas espécies consideradas em categorias de maior ameaça. Os valores dos estimadores de variabilidade δ , h e k calculados para a espécie pelos diferentes conjuntos de dados analisados, se encontram dentro do registrado para outras espécies de mamíferos, mas em todos os casos diminuem notavelmente quando são calculados para cada população separadamente. As relações entre as linhagens de haplótipos apresentam uma forte concordância geográfica, juntamente com um padrão de divergência altamente descontínuo, evidenciado pelo número (e tipo) de diferenças encontradas entre as seqüências de indivíduos dos diferentes estados.

Estes resultados (baixa variabilidade e alta estruturação genética) podem ser produto de barreiras históricas ao fluxo genético e da reduzida capacidade de dispersão da espécie, mas também podem estar evidenciando outros processos históricos como gargalos populacionais com posterior expansão e diferenciação das populações remanescentes. Estes fatos ressaltam a importância da translocação criteriosa e o monitoramento dos animais translocados nas diversas regiões onde a espécie ainda ocorre, evidenciando a necessidade de aprofundar o

estudo da variabilidade presente nas populações com marcadores nucleares, que, caso confirmarem os padrões detectados, aumentariam as evidências indicando a necessidade de estabelecer estratégias de manejo genético para recuperar a diversidade das populações remanescentes para permitir sua persistência a longo prazo.

Adicionalmente, são apresentados dados morfológicos novos que indicam que os adultos de *B. torquatus* possuem o maior tamanho já registrado dentro das espécies do gênero, fato que sugere uma maior demanda energética do que a estimada anteriormente. Diferenças significativas de tamanho foram detectadas entre indivíduos provenientes das regiões mais frias e mais quentes, sugerindo adaptação das populações à temperatura ambiental.

A caracterização das faixas etárias por grupos de tamanho também é apresentada e o tempo estimado de geração destes animais, relativamente curto se comparado com o esperado para animais deste tamanho e com taxas metabólicas baixas, é discutido. A existência de caracteres dimórficos (tamanho, genitália e padrão da coleira) é registrada pela primeira vez, assim como vários parâmetros reprodutivos da espécie.

ABSTRACT

This work presents new information on morphological and genetic variability in maned sloth, *Bradypus torquatus* populations. The species, whose populations are reduced by habitat fragmentation and disturbance, is considered endangered as it is endemic to the Brazilian portion of the Atlantic forest and has distribution restricted to the states of Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro and the extreme northeastern Minas Gerais. The lack of basic knowledge on the species biology, such as reproductive parameters, body size and sexual dimorphism, as well as on the size and structure of surviving populations, make it difficult to evaluate the true degree of threat that the species is facing in the medium and long term.

The main objective was to provide information about the species genetic health. Results, agreed upon by differing data sets used (defined by three mtDNA segment studied: the hypervariable domains I and II of the control region and part of cytochrome *b*) indicate that maned sloth populations sampled in three states (ES, RJ and BA) might be considered isolated. Few haplotypes are shared by studied populations, such that values of the fixation indexes found (\bar{O}_{ST} varying between 0.96 and 0.70 according to the analyzed region) are considerably higher than those found for other mammals, including some species listed in categories of higher threat. The estimated values of variability δ , h and k calculated by differing data sets, are within observed values for other mammals, but in all cases they decrease when calculated for each population separately. Relations among haplotype lineages present a strong geographic agreement and a highly discontinuous divergence pattern, which was evidenced by number (and type) of differences found between individual sequences of the different states.

These results (low genetic variability and high genetic structuring) might result from historic barriers to gene flow and from the reduced dispersion ability of the species, but they can also be evidencing other processes such as severe population reductions and posterior recovery and differentiation of remnant populations. These facts highlight the importance of translocation and monitoring of translocated animals in the areas where the species still occurs. It also stresses the need to investigate more deeply the genetic variability using nuclear markers, which, in case these confirm the patterns here observed, will increase the evidences indicating the need to establish genetic management to recover the diversity of surviving populations to assure their survival in the long term.

Additionally, new morphological data indicate that adult *Bradypus torquatus* are the largest of the genus, a fact that suggest a higher requirement of energy than previously thought. Significant differences in size were detected among individuals from hotter and colder regions,

suggesting adaptation of populations to local environmental temperatures.

Age-sex categories and age and size at maturity, are presented for the first time. The latter is relatively short for animals of this size and with low metabolic rates. The presence of dimorphic characters (size, genitals and mane color and patterns) is also presented for the first time, as are some other reproductive parameters for the species.