



INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA - INPA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA

**COMPORTAMENTO SOCIAL DE ANTAS (*Tapirus terrestris*):  
RELAÇÕES DE PARENTESCO EM UMA PAISAGEM  
FRAGMENTADA**

**GABRIELA MEDEIROS DE PINHO**

Manaus, AM  
Novembro 2011

**GABRIELA MEDEIROS DE PINHO**

**COMPORTAMENTO SOCIAL DE ANTAS (*Tapirus terrestris*):  
RELAÇÕES DE PARENTESCO EM UMA PAISAGEM  
FRAGMENTADA**

DR. EDUARDO MARTINS VENTICINQUE

Dra. Izeni Pires Farias

Dr. Anders Gonçalves da Silva

Dissertação apresentada ao Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Biologia (Ecologia).

Manaus, AM

Novembro 2011

**BANCA EXAMINADORA DO TRABALHO ESCRITO:**

<b>Nome (Instituição)</b>	<b>Parecer</b>
Alexandra Sanches (Universidade Federal de São Carlos)	Aprovado
Haydée Andrade Cunha (Universidade Federal do Rio de Janeiro)	Aprovado
José Manoel Fragoso (Stanford University)	Aprovado

**BANCA EXAMINADORA DA DEFESA PÚBLICA:**

<b>Nome (Instituição)</b>	<b>Parecer</b>
Albertina Pimentel Lima (Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia)	Aprovado
Camila Cherem Ribas (Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia)	Aprovado
Paulo Estefano Dineli Bobrowiec (Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia)	Aprovado

P654 Pinho, Gabriela Medeiros  
Comportamento social de Antas (*Tapirus terrestris*):  
relações de parentesco em uma paisagem fragmentada / Gabriela Medeiros Pinho.  
--- Manaus : [s.n.], 2011.  
viii, 45 f. : il

Dissertação (mestrado) -- INPA, Manaus, 2011  
Orientador : Eduardo Martins Venticinque  
Co-orientadores: Izeni Pires Farias e Anders Gonçalves da Silva  
Área de concentração : Ecologia

1. Tapiridae. 2. Genética de populações. 3. Dispersão. 4. Marcadores  
microssatélites. 5. Poligamia. I. Título.

CDD 19. ed. 599.727

**Sinopse:**

Analisamos o parentesco entre indivíduos de antas (*Tapirus terrestris*) através de amostras não invasivas nas ilhas do reservatório de Balbina, na Amazônia Central. Detectamos a presença de uma só população na área de estudo, inferimos um sistema de acasalamento poligâmico na espécie e observamos um padrão de dispersão de indivíduos da área de vida natal.

Palavras-chave: Genética de populações, Tapiridae, Ecologia Molecular, Poligamia, Dispersão, Microssatélites

## AGRADECIMENTOS

Sou uma pessoa extremamente feliz por dever agradecimentos a tantas pessoas. Durante este tempo de mestrado conheci profissionais e amigos que deixaram marcas muito fortes. Por isso, gostaria de agradecer a todas as pessoas que foram prestativas e amigas neste tempo.

Começando pelos primeiros amigos que conheci na vida: pai, mãe e irmão. Pessoas que não escolhi conhecer, mas que se eu pudesse não teria dúvida de que surgiria na barriguinha da mamãe e papai mais certos e de que prepararia o berço pro irmãozinho mais desejado. Vocês me fornecem uma base e uma segurança que sempre posso me apoiar para levantar de novo. Amo vocês e sempre agradecerei por tê-los em minha vida.

Também devo agradecer aos meus pais e mãe acadêmicos. Muito obrigada Dadão, Izeni e Anders. Me senti muito bem amparada por vocês e pude contar com a confiança e entusiasmo em relação a este trabalho. Muitas vezes fiquei com medo de não poder corresponder às expectativas, mas saibam que o envolvimento de vocês me levou além. Dadão, dono do primeiro *insight* deste trabalho, obrigada pela coragem de propor um projeto inovador e por me incentivar a ter coragem de agarrá-lo. Izeni, obrigada pela persistência num projeto que de início não dava nada certo e por me apresentar ao mundo interessantíssimo da genética. Anders, obrigada pelas conversas sempre incentivadoras e por ter participado de todas as etapas deste trabalho mesmo estando do outro lado do mundo. E, além desta grande equipe como suporte ainda tive mais um pai acadêmico, Tomas, obrigada pela grande ajuda nas análises e pela revisão desta dissertação. Que grande família não?

Aos sempre presentes amigos de laboratório saibam, vocês foram o máximo! Mário e Wal, foi impressionante como me ajudaram... às vezes tive que me preocupar com as minhas atitudes para não abusar de vocês: companhia nas madrugadas de laboratório, enrolamento de pipetas com papel filme para extração de DNA, aplicação de placa as 3 da manhã, extração de DNA de dentes, muitas caronas e várias coisinhas pequenas de laboratório e vida acompanhados sempre de bom humor. Ao Kelmer, que me ajudou na fase final e desesperadora de muita coisa pra fazer em pouco tempo, obrigada pela sua ajuda com o fechamento dos inúmeros buracos de genotipagem. Agradeço de coração aos membros do LEGAL que me acolheram tão bem.

Muito obrigada à todos os membros da Reserva Biológica Uatumã, mais precisamente falando: Cesar, Bruno, Caio, Rayane e Joab. Sem o apoio logístico oferecido pela ReBio Uatumã este trabalho não teria sido realizado, agradeço também pela flexibilidade em marcar datas de excursões de campo e pela disponibilidade para resolver qualquer problema na logística do trabalho. Ao Seu Chagas, Dedeu e Dalmar pela assistência em campo para encontrar os tesouros na selva. Não foi nada fácil procurar por fezes e pegadas no mato... Mas valeu a pena! Gilmar, fiel ajudante de campo e de organização das amostras, seu temperamento calmo muitas vezes controlou o meu sangue quente, valeu Gilmar!

Sou grata às pessoas que me ajudaram com a parte da análise da dieta de antas, que não está inserida nesta dissertação, mas foi realizada conjuntamente. Agradeço à Isolde pela ajuda com o armazenamento adequado das sementes e pelo interesse demonstrado, ao Beto pela logística e apoio na identificação das sementes e a Xuleta pelas noites compartilhadas no laboratório da botânica.

Agradeço a todos da turma ecologia-2009, pelos incríveis dois anos compartilhados. Em especial pelo companheirismo durante os primeiros 6 meses de disciplinas super corridos e pelos encontros agradáveis e animados durante o mestrado. Vocês foram responsáveis por grande parte de minha animação ao chegar em Manaus. Gostaria de agradecer também ao Ulisses pela força e risadas nos últimos meses de finalização do mestrado. E, finalmente, obrigada às pessoas que me aturam todos os dias, o pessoal da vila do chaves. Aos moradores da casa 2 durante a realização deste projeto: Camileras, Lili, Marcelão e Linão, pela convivência entre guerras, beijos, farras e conselhos... Manaus foi muito mais divertida por causa de vocês! Tenho um carinho enorme por vocês. Aos moradores da casa 3: Xuleta (mais uma vez!), Joe, Pauline e Pancho pelos inúmeros momentos compartilhados, festinhas da vila, apoio aos vizinhos irresponsáveis que não pagaram a conta de luz... enfim por fazerem as casa 2 e 3 na verdade serem uma só! E não posso deixar de agradecer aos moradores adendos: Jerê, Danet, Pimentinha, Gui, Laís, Jú e mais muitas pessoas que passaram por nossa vila e trouxeram boas vibrações.

Sou grata ao INPA por todo apoio logístico e intelectual, por meio de disciplinas que contribuíram muito para minha formação e contato com excelentes pesquisadores. Agradeço ao CNPq pela bolsa concedida para realização desse mestrado e ao IDEA WILD por fornecer os equipamentos necessários para a realização deste trabalho.

## RESUMO

A área de vida média de antas é 2,6 Km<sup>2</sup> na Amazônia, com alta sobreposição entre indivíduos, uma característica de espécies não territoriais. Entretanto, existe a evidência de que indivíduos regularmente percorrem as bordas de suas áreas de vida, o que indica o monitoramento de um território. Além disso, em reintroduções com a espécie *Tapirus bairdii*, foi registrado o ataque de indivíduos residentes aos introduzidos. Com objetivo de explorar esta aparente contradição e compreender o comportamento social das antas, nós sugerimos que as antas toleram indivíduos de áreas de vida adjacentes e sobrepostas se estes são parentes próximos. Para testar esta hipótese nós comparamos a proporção de relações entre indivíduos aparentados na escala individual (<3km) com a proporção em escala de paisagem (em todo o banco de dados). No total nós amostramos 63 amostras de fezes em que 24 foram genotipadas para cinco marcadores microsatélites (dos 14 testados). Os cinco loci foram informativos em termos de identificação individual: a probabilidade de identidade e de exclusão de parentesco foram  $6,32 \times 10^{-6}$  e 0,98, respectivamente. Tanto a AMOVA quanto o STRUCTURE sugeriram apenas uma população panmítica na área de estudo. A análise utilizando o programa COLONY em 22 indivíduos sugeriu como sistema de acasalamento mais provável para antas a poligamia e a partir deste modelo estimou dois pares de irmãos completos e 36 pares de meio irmãos, mas nenhuma relação parental-filhote no banco de dados. Em 19 casos de relações entre meio irmãos, os irmãos estavam localizados em margens opostas do reservatório. A distribuição de distâncias entre meio irmãos variou de 0,22 a 19,3km (média±sd; 10,6±5,14km) e não foi estatisticamente diferente da distribuição das distâncias entre indivíduos não aparentados (Mann-Whitney U=1;  $p > 0,05$ ). A proporção de relações entre indivíduos aparentados nas duas escalas não foi diferente (G:0.11, 1 d.f.,  $p > 0,05$ ). Desta forma, nós não encontramos suporte para nossa hipótese, sugerindo que antas não formam grupos sociais baseados no parentesco e os indivíduos meio-irmãos estão distribuídos na paisagem da mesma forma que os não aparentados. Este resultado sugere dispersão da prole ou do parental.

## ABSTRACT

Social behavior in Lowland Tapir (*Tapirus terrestris*): Kinship distribution in a fragmented landscape

The lowland tapir's mean home range is 2.6 Km<sup>2</sup> in the Amazon with a high degree of overlap between individuals, a characteristic of a non-territorial species. In contrast to this observation, there is evidence that individuals regularly walk along the borders of their ranges suggesting some form of territoriality. Furthermore, at least in one reintroduction of *Tapirus bairdii*, resident tapirs were recorded attacking the reintroduced individuals, again suggesting territoriality. In order to explore this apparent contradiction and gain further insight into what drives tapir spacing behavior, we hypothesized that tapirs will tolerate individuals from adjacent and overlapping home ranges if they are closely related. To test this hypothesis we compared the proportion of kin relationships at individual scale (<3km) with the same proportion at landscape scale (using all the data set). In total, we sampled 63 fecal samples, of which 24 were successfully genotyped at five microsatellite loci (from 14 tested). The five loci were suitably informative in terms of individual identification: the probability of identity and the power of exclusion were  $6.32 \times 10^{-6}$  and 0.98, respectively. At the population scale, both AMOVA and STRUCTURE suggest that the samples were taken from a single panmictic population. At the individual level, analysis using COLONY across 22 individuals identified two full-sib pairs and 36 half-sib pairs, but no parent-offspring pairs, and suggests that the most likely mating system for tapirs is polygamy. The distribution of distances between half-sibs ranged from 0.22 to 19.3km (mean±sd; 10.6 ±5.14km) and was not statistically different from the distribution of unrelated individuals (Mann-Whitney U=1;  $p > 0.05$ ). The proportion of kin relationships at the two scales was not different (G:0.11, 1 d.f.,  $p > 0.05$ ). Thus, we did not find support for our hypothesis, suggesting that tapirs do not form social groups based on kinship and individuals up to a level of kinship of half-sibs were similarly distributed in the landscape as unrelated individuals. This result indicates that offspring or parents are dispersing.



## SUMÁRIO

<b>Apresentação</b> .....	8
<b>Objetivos</b> .....	8
<b>Artigo</b> .....	10
<i>Introdução</i> .....	11
<i>Material e Métodos</i> .....	14
Área de Estudo .....	14
Coleta de Dados.....	15
Análises de dados.....	17
<i>Resultados</i> .....	19
<i>Discussão</i> .....	22
<b>Referências Bibliográficas</b> .....	27
<b>Conclusões</b> .....	32
<b>ANEXOS</b> – Documentação relativa à avaliação da aula de qualificação e dissertação.....	33

## APRESENTAÇÃO

Esta dissertação foi elaborada como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Biologia (Ecologia) pelo Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA.

Este estudo abordou as relações de parentesco e suas inferências para o comportamento social da anta-brasileira (*Tapirus terrestris*) em fragmentos insulares do reservatório de Balbina, na Amazônia Central. Foram visitadas 48 ilhas para realização de procura ativa por fezes de antas em 55 dias distribuídos principalmente nas estações secas de 2009 e 2010. Em laboratório foram analisadas 63 amostras, das quais 24 amplificaram para os cinco locos utilizados para identificação individual. Os marcadores foram informativos para este tipo de análise e o parentesco entre indivíduos foi obtido com sucesso. Esta foi a primeira pesquisa a avaliar o parentesco entre indivíduos a partir de amostras não invasivas na Amazônia.

A dissertação é composta por um capítulo único na forma de artigo científico. Quanto à formatação, o artigo obedece às normas da Acta Amazônica. As legendas das figuras e tabelas são apresentadas junto às mesmas e estas, por sua vez, estão dispostas ao longo do texto do capítulo. Ao fim do manuscrito estão as conclusões finais do trabalho.

### **Objetivos:**

**Objetivo geral:** Entender o comportamento social e uso do espaço por antas (*Tapirus terrestris*) por meio da identificação de parentesco entre indivíduos

### **Objetivos específicos:**

1. Analisar a distribuição espacial de indivíduos aparentados na paisagem fragmentada do reservatório de Balbina, na Amazônia Central, Brasil;
2. Determinar qual é o sistema de acasalamento de *Tapirus terrestris*.

Pinho, G.M.; Farias, I.P.; Gonçalves da Silva, A. & Venticinque, E.M. Comportamento social de antas (*Tapirus terrestris*): Relações de parentesco em uma paisagem fragmentada, Amazônia Central. Manuscrito formatado para Acta Amazonica.

1 Comportamento social de antas (*Tapirus terrestris*): Relações de parentesco em uma  
2 paisagem fragmentada, Amazônia Central

3

4 Gabriela Medeiros de PINHO<sup>1</sup>, Izeni Pires FARIAS<sup>2</sup>, Anders GONÇALVES DA SILVA<sup>3</sup>  
5 e Eduardo Martins VENTICINQUE<sup>4</sup>

6

7 <sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia  
8 (INPA), Caixa Postal 478, 69011-970 Manaus - AM, Brasil. Autor para correspondência:  
9 gabriela.m.pinho@gmail.com

10 <sup>2</sup> Laboratório de Evolução e Genética Animal, Universidade Federal do Amazonas  
11 (UFAM), Departamento de Biologia, ICB, 69077-000 Manaus - AM, Brasil

12 <sup>3</sup> CSIRO Marine and Atmospheric Research, GPO Box 1538, Hobart, TAS 7001, Australia

13 <sup>4</sup> Laboratório de Ecologia e Conservação da Biodiversidade, Centro de Biociências,  
14 Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN), Lagoa Nova, 59072-970, Natal -  
15 RN, Brasil

16

17 Resumo: A alta sobreposição das áreas de vida sugere não territorialidade em antas.  
18 Entretanto, foram observados indivíduos monitorando suas áreas de vida e indivíduos  
19 residentes atacando indivíduos reintroduzidos, sugerindo territorialidade. Neste trabalho  
20 buscamos compreender a causa desta aparente contradição, nossa hipótese consiste em que  
21 antas toleram indivíduos de áreas de vida sobrepostas se estes são parentes. Coletamos 63  
22 amostras de fezes nas quais 24 amplificaram para cinco marcadores microssatélites. Estes  
23 locos foram informativos: a probabilidade de identidade e de exclusão de parentesco foram  
24  $6,32 \times 10^{-6}$  e 0,98, respectivamente. A AMOVA e o STRUCTURE detectaram apenas uma  
25 população panmítica na área de estudo. O programa COLONY identificou 36 pares de  
26 meio-irmãos e a poligamia como sistema de acasalamento mais provável. As distâncias  
27 entre meio-irmãos variaram de 0,22 a 19,3km (média±dp, 10,6±5,14km) e não foram  
28 diferentes das distâncias entre não aparentados (Mann-Whitney U=1;  $p > 0,05$ ). A  
29 proporção de relações entre aparentados próximo a área de vida de um indivíduo (<3km)  
30 não foi diferente da mesma proporção na escala da paisagem (G:0.11, 1 d.f.,  $p > 0,05$ ). Desta  
31 forma, nós não encontramos suporte para nossa hipótese, sugerindo que antas não formam

1 grupos sociais baseados no parentesco. Este resultado sugere dispersão da prole ou do  
2 parental.

3 Palavras-chave: Tapiridae, ecologia molecular, poligamia, dispersão, microssatélites.

4

5 Social behavior in Lowland Tapir: Kinship distribution in a fragmented landscape, Central  
6 Amazon

7

8 Abstract: The high overlap between individuals suggests non-territoriality in the lowland  
9 tapir. However, some individuals were observed monitoring their ranges and resident  
10 tapirs attacking reintroduced individuals, suggesting territoriality. We aim to understand  
11 the cause for this apparent contradiction, our hypothesis is that tapirs will tolerate  
12 individuals from overlapping home ranges if they are related. We sampled 63 fecal  
13 samples, of which 24 were genotyped at five microsatellite loci. The five loci were  
14 informative: the probability of identity and the power of exclusion were  $6.32^{-6}$  and 0.98,  
15 respectively. Both AMOVA and STRUCTURE suggest a single panmictic population in  
16 the study area. Analysis using COLONY identified 36 half-sib pairs and suggests  
17 polygamy as the most likely mating system. The distances between half-sibs ranged from  
18 0.22 to 19.3km (mean $\pm$ sd; 10.6  $\pm$ 5.14km) and was not different from the distances of  
19 unrelated individuals (Mann-Whitney U=1;  $p > 0.05$ ). The proportion of kin relationships  
20 close to an individual's home range (<3km) was not different from the same proportion at  
21 the landscape scale (G:0.11, 1 d.f.,  $p > 0.05$ ). Thus, we found no support for our hypothesis,  
22 suggesting that tapirs do not form social groups based on kinship. This result indicates that  
23 offspring or parents are dispersing.

24

25 Keywords: Tapiridae, molecular ecology, polygamy, dispersion, microsatellites.

26

## 27 **INTRODUÇÃO**

28

29 A capacidade de um indivíduo adequar seu comportamento de acordo com o  
30 reconhecimento de um parente é uma característica importante na evolução dos sistemas  
31 sociais em mamíferos (Waldman 1988; Kitchen 2005). O reconhecimento entre parentes  
32 pode levar a aproximação dos mesmos, formando grupos sociais filopátricos, ou o

1 distanciamento e evitação mútua, levando à dispersão. Em mamíferos formadores de  
2 grupos sociais, fêmeas normalmente são o sexo filopátrico enquanto os machos são o sexo  
3 dispersor. Esse padrão proporciona à fêmea vantagens como o conhecimento dos recursos  
4 disponíveis na área, ajuda de fêmeas aparentadas no cuidado à prole e acesso a novas  
5 variações genéticas de machos dispersores (Waser e Jones, 1983; Archie et al. 2006). Já o  
6 comportamento de dispersão da área natal oferece riscos aos indivíduos dispersores que  
7 podem ser compensados pela diminuição da endogamia, redução da competição entre  
8 parentes e criação de oportunidades para o encontro de habitats de boa qualidade (Waser e  
9 Jones 1983). Tais estratégias têm efeito sobre a distribuição espacial dos indivíduos e,  
10 conseqüentemente, a estruturação de populações – espécies com indivíduos dispersores  
11 tendem a uma menor estruturação genética que espécies com grupos sociais baseados no  
12 parentesco (Melnick e Hoelzer 1992).

13 A formação de grupos sociais pode ser encontrada não só em animais gregários,  
14 mas também em espécies de hábito solitário (Waser e Jones 1983; Wronski e Apio 2006;  
15 McEachern *et al.* 2007). Nesse caso, os indivíduos não dispersores sobrepõem grande parte  
16 da sua área de vida com parentes, porém realizam suas atividades diárias sozinhos (Waser  
17 e Jones 1983). A baixa frequência de interações entre indivíduos dificulta estudos de  
18 observação direta, que por sua vez são influenciados pela área de estudo e horário de  
19 atividade das espécies. O presente estudo é realizado na Floresta Amazônica, onde a  
20 maioria dos mamíferos são dificilmente observados devido a mata densa. Além disso a  
21 anta brasileira (*Tapirus terrestris*) é nossa espécie focal, um animal de difícil captura e  
22 comportamento solitário e noturno. Neste contexto, o desenvolvimento de técnicas  
23 moleculares capazes de obter informações de parentesco a partir de amostras não invasivas  
24 é um avanço importante para elucidar aspectos do comportamento social desta espécie.  
25 Portanto neste estudo usamos amostras de DNA não invasivas para testar hipóteses sobre a  
26 ecologia comportamental de *T. terrestris* e suas possíveis conseqüências na distribuição  
27 dos indivíduos na paisagem.

28 *T. terrestris* é amplamente distribuída na América do Sul, apresenta baixo nível de  
29 estruturação genética em escala continental e aparentemente possui quatro linhagens em  
30 toda sua distribuição (De Thoisy *et al.* 2010). As antas utilizam uma ampla gama de  
31 ambientes, apresentam grande capacidade de adaptação a novas condições (Salas 1996;  
32 Ayala 2003). Salas (1996) encontrou maior frequências sinais de forrageamento de *T.*

1 *terrestris* em clareiras que em áreas de dossel fechado. Foerster e Vaughan (2002)  
2 demonstraram que a anta centro-americana (*Tapirus bairdii*) utilizou preferencialmente as  
3 florestas secundárias em relação às primárias. Em paisagens fragmentadas foram  
4 registrados indivíduos atravessando matrizes formadas por pastagens, campos de  
5 agricultura (Moraes *et al.* 2003; Tófoli 2006; Medici 2010) e água (Dalecky *et al.* 2002).  
6 Entretanto ainda desconhecemos como as alterações no habitat ou mesmo elementos  
7 naturais da paisagem (*e.g.*, cadeias de montanhas ou rios) limitam o deslocamento dos  
8 indivíduos de forma a separar populações.

9 A área de vida média de *T. terrestris* foi mensurada através de radiotelemetria  
10 como 2,6 km<sup>2</sup> (1 a 3,9 Km<sup>2</sup>) na Amazônia Peruana (Tobler 2008), 2,5 km<sup>2</sup> (1,9 a 3,0 km<sup>2</sup>)  
11 no Chaco Boliviano (Noss *et al.* 2003) e 4,7 Km<sup>2</sup> (1,1 a 14,2 Km<sup>2</sup>) na Mata Atlântica  
12 (Medici 2010). As estimativas de área de vida em paisagem fragmentada (Medici 2010)  
13 foram maiores que em áreas contínuas (Tobler 2008; Noss *et al.* 2003). Nestes trabalhos  
14 foi encontrada uma alta sobreposição de área de vida entre indivíduos (detalhado em  
15 Medici (2010): 43.2% entre machos, 33.4% entre fêmeas e 34.9% entre macho e fêmea),  
16 uma característica de espécie não territorial. Em contrapartida, Tobler (2008) observou  
17 indivíduos frequentemente percorrerem as bordas de suas áreas de vida, o que pode ser  
18 uma atividade de monitoramento de um território. Sugerindo também alguma forma de  
19 territorialidade, tentativas de reintrodução com *T.bairdii* foram mal sucedidas porque  
20 indivíduos residentes atacaram indivíduos introduzidos (Eisenberg e Thorington 1973).

21 Além disso, a formação de latrinas por antas pode ser interpretada como uma  
22 marcação de territórios, sendo este um comportamento comum em mamíferos (Roper *et al.*  
23 1993; Jordan *et al.* 2007). Porém existem outros motivos descritos para a formação de  
24 latrinas, como a comunicação de status social e para a atração de parceiros sexuais (Ralls  
25 1971; Rostain *et al.* 2004), ou simplesmente podem ser o resultado da defecação em locais  
26 rotineiramente visitados. Outro fator que pode influenciar o grau de territorialidade nas  
27 espécies é o sistema de acasalamento, que em antas é bem pouco conhecido. Existem  
28 apenas algumas evidências relatadas por C.R Foerster, em estudos com *T. bairdii*,  
29 indicando que antas não são monogâmicas, mas possíveis poligínicas facultativas (em  
30 Medici 2010). No caso de espécies poligínicas, o macho tende a proteger as fêmeas e não  
31 permite ou evita a entrada de outros machos em sua área de vida.

1           A fim de explorar a contradição ressaltada em relação às evidências de  
2 territorialidade em *T. terrestris* e a alta sobreposição de área de vida entre indivíduos, nós  
3 levantamos a hipótese de que antas toleram indivíduos de áreas de vida adjacentes e  
4 sobrepostas se eles são aparentados. Esta hipótese também foi levantada por Medici  
5 (2010), com base na comunicação pessoal com C.R. Foerster, que estudou *T. bairdii*, e no  
6 estudo de Tobler (2008) com *T. terrestris*, onde foram encontrados um macho e uma  
7 fêmea que provavelmente são irmãos dividindo a área de vida dos pais. Conforme os  
8 relatos de C.R. Foerster em Medici (2010), as antas formam unidades familiares e, dentro  
9 destas unidades, há alta sobreposição de área de vida entre indivíduos, mas entre famílias  
10 não há sobreposição. Porém Medici (2010) não utilizou abordagem genética e por isso não  
11 teve acesso aos dados de parentesco dos indivíduos.

12           De acordo com nossa hipótese é esperado que, próximo a área de vida de um  
13 indivíduo, hajam mais indivíduos aparentados que não aparentados. Desta forma, nossos  
14 objetivos neste trabalho são: (1) analisar a distribuição espacial de indivíduos aparentados  
15 na paisagem fragmentada do reservatório de Balbina, na Amazônia Central, e (2)  
16 determinar qual é o sistema de acasalamento de antas.

17

## 18 **MATERIAL E MÉTODOS**

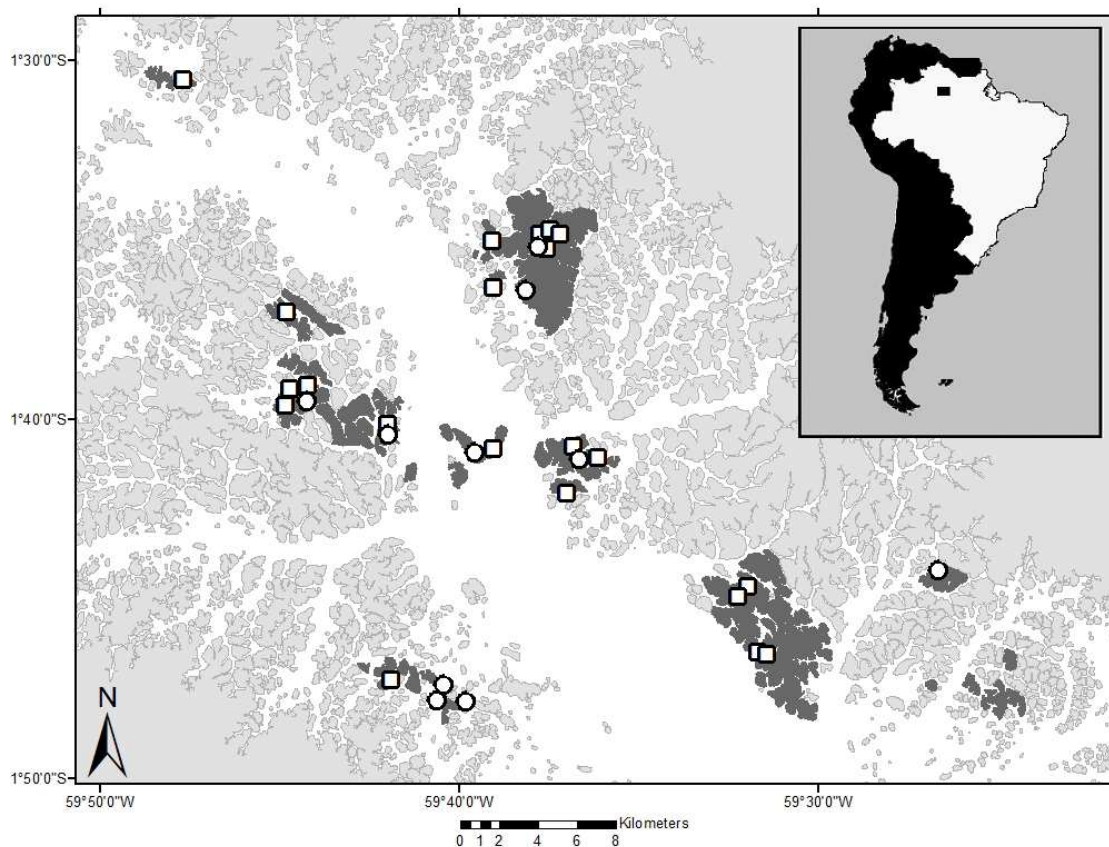
19

20           ÁREA DE ESTUDO – A Usina Hidrelétrica de Balbina foi construída em 1987 e está  
21 aproximadamente 150 km a norte de Manaus (Amazonas, Brasil). Devido ao relevo  
22 extremamente plano do local, o lago se estendeu a 2.360 km<sup>2</sup> de espelho d'água e formou  
23 mais de 3.500 ilhas (IBAMA 1997). Como medida compensatória ambiental para os  
24 impactos da construção da barragem, em 1990 foi criada a Reserva Biológica Uatumã  
25 (0°50' a 1°55' S, 58°50' a 60°10' O). A Rebio Uatumã abrange principalmente a mata  
26 contínua e sua área de amortecimento engloba o lago e as formações insulares. O presente  
27 estudo foi realizado nestas ilhas.

28           A coleta de dados foi realizada de modo a cobrir boa parte da extensão do  
29 reservatório, incluindo as duas margens. A escolha das ilhas foi realizada com auxílio de  
30 imagens de satélite Landsat TM5 do ano de 2008 no programa ArcGIS 9.3 (ESRI 2008).



1 As ilhas foram amostradas próximas ao antigo leito do rio Uatumã por questões logísticas  
 2 (Figura 1). Foram visitadas 48 ilhas em 55 dias distribuídos principalmente nas estações  
 3 secas de 2009 e 2010.



4  
 5 Figura 1: Reservatório da Usina Hidrelétrica de Balbina, Amazônia Central, Brasil. As áreas destacadas em  
 6 cinza escuro são as ilhas onde foi realizada procura ativa por fezes. Os círculos e quadrados brancos  
 7 representam os locais onde foram encontradas as amostras utilizadas para análise populacional (N=32). Na  
 8 identificação das relações de parentesco entre indivíduos utilizamos apenas as amostras representadas pelos  
 9 quadrados brancos (N=22).

10 COLETA DE DADOS - As ilhas foram circundadas com auxílio de um bote a fim de  
 11 encontrar rastros na beira e fezes na água. O número e a idade das pegadas na margem foi  
 12 determinante na escolha dos locais de entrada das ilhas, pois notamos uma relação positiva  
 13 entre a densidade de pegadas e a possibilidade de encontrar latrinas. Cada entrada teve  
 14 duração de uma hora, em que três pessoas (GMP e dois auxiliares) procuraram ativamente  
 15 por latrinas ou fezes.

1 Coletamos apenas as fezes com pouco tempo de exposição (de 1 a 5 dias),  
2 geralmente esverdeadas e com muco aparente. Usando lâminas de bisturi descartáveis,  
3 raspamos cerca de 1ml da superfície do bolo fecal e colocamos em um tubo Falcon (15ml)  
4 contendo 5ml de tampão Longmire (Longmire 1997) ou 10ml de etanol (100%). As  
5 amostras foram mantidas em temperatura ambiente durante o trabalho de campo (no  
6 máximo 15 dias) e preservadas a -80 °C em laboratório. O DNA foi isolado utilizando o kit  
7 QIAmp DNA Stool Mini Kit (QIAGEN) usando o protocolo recomendado pelo fabricante,  
8 com algumas modificações: aumento da quantidade inicial da amostra (500µl) e  
9 diminuição do volume final de eluição (40µl), assim como recomendado por outros  
10 autores (Garnier *et al.* 2001; Farrell *et al.* 2000).

11 Para os dados genéticos usamos marcadores do tipo microssatélites especificamente  
12 desenvolvidos para *T. terrestris*. Essa classe de marcador genético caracteriza-se por  
13 amplificar fragmentos de DNA relativamente pequenos (100-300bp), o que os tornam  
14 ideais para amostras não invasivas, onde o DNA encontra-se altamente fragmentado. Além  
15 disso, são altamente polimórficos devido a sua alta taxa mutacional (Tautz 1989), por isso  
16 é uma classe de marcadores genéticos considerada ideal para identificar níveis de  
17 parentesco entre indivíduos (Blouin 2003) e para estudos populacionais (Frankham *et al.*  
18 2002). Inicialmente testamos 14 locos microssatélites com amostras de sangue providas  
19 de duas antas em cativeiro, os *primers* foram: Tte05, Tte12, Tba20, TtGT070, TtGT137,  
20 Tte01, Tter4, Tter5, Tter7, Tter9, Tter13, Tter14, Tter17 e Tter18 caracterizados e  
21 desenvolvidos por Gonçalves Da Silva *et al.* (2009), Sanches *et al.* (2009) e Norton e  
22 Ashley (2004).

23 Todos os *primers* utilizados foram marcados de acordo com o método descrito por  
24 Schuelke (2000). Este método consiste em adicionar uma cauda M13 ao *primer* específico  
25 da região microssatélite e um *primer* universal para a região M13 marcado com  
26 fluorescência. Desta forma, o fragmento microssatélite amplificado na primeira fase da  
27 reação em cadeia da polimerase (PCR) é re-amplificado na segunda fase com  
28 fluorescência, o que permite a leitura no sequenciador ABI 3130xl (Applied Biosystems).  
29 As condições de PCR foram 94 °C por 1 min; 30 ciclos de 94 °C por 30 seg, 52 ou 56 °C  
30 (de acordo com o par de primer utilizado) por 30 seg e 68 °C por 40 seg; 30 ciclos de 94 °C  
31 por 20 seg, 53 °C por 30 seg e 72 °C por 1 min; seguidos por 72 °C por 30 min e  
32 finalmente 4 °C até que as amostras fossem retiradas. Após a PCR, 1 ou 2µl do produto

1 foram adicionados à 8 µl de formamida e 1µl do padrão ROX 425 (*size standard*)  
2 (DeWoody *et al.* 2004) para genotipagem das amostras. Os tamanhos dos alelos foram  
3 inferidos no *software GeneMapper v4.0.* (Applied Biosystems).

4       Devido aos possíveis erros na amplificação e genotipagem em amostras não  
5 invasivas (*allelic dropout* e *stuttering*; Broquet *et al.* 2006; Waits e Paetkau 2005; Taberlet  
6 *et al.* 1999), os genótipos só foram inseridos na matriz de dados individual para cada loco  
7 quando o resultado fosse consistente ao menos três vezes. Para obter esta consistência  
8 foram necessárias realizações de três a sete PCRs, o que exigiu uma média de três  
9 extrações por amostra. As amostras que não amplificaram em cinco PCRs foram  
10 descartadas. A extração, preparação do mix para PCR e para genotipagem foram realizadas  
11 em laboratórios distintos com o objetivo de evitar contaminação provinda de amostras de  
12 antas e outros animais. A preparação do mix para genotipagem foi a única etapa realizada  
13 em local onde havia amostras de outros animais e a preparação do mix para PCR foi feita  
14 em um fluxômetro, sempre esterilizado com luz ultra-violeta. Durante a execução das  
15 PCRs realizamos controles positivos para nos certificar que a ocorrência de uma falha na  
16 amplificação se deveu a problemas com a amostra e não devido a erro humano ou  
17 invalidez de algum dos reagentes. Da mesma forma, controles negativos para a extração de  
18 DNA e para PCRs foram feitos visando detectar qualquer tipo de contaminação dos  
19 reagentes.

20

21       ANÁLISE DE DADOS – Os genótipos foram analisados para a presença de alelos  
22 nulos, *allelic dropout* e erros de genotipagem com o programa MICRO-CHECKER versão  
23 2.2 (Van Oosterhout *et al.* 2004). Como medida do poder do conjunto de *primers*  
24 utilizados para identificação de indivíduos e conseqüente inferência de níveis de  
25 parentesco foram calculados os índices de identidade genética (I) e de exclusão de  
26 parentesco (Q). O índice I é a probabilidade de dois indivíduos não relacionados possuírem  
27 o mesmo genótipo em uma população (Paetkau 1995) e o índice Q é a probabilidade de  
28 exclusão de candidatos errados a pais de um filhote (Weir 1996). O programa ARLEQUIN  
29 3.5 (Excoffier e Lischer 2010) foi utilizado para analisar possíveis desvios do equilíbrio de  
30 Hardy-Weinberg, desequilíbrio de ligação e heterozigosidade do conjunto de dados.

1 Utilizamos o teste de Bonferroni (Rice 1989) para a correção das significâncias em  
2 múltiplos testes.

3 Para testarmos nossa hipótese foi necessário estabelecer quantas unidades genéticas  
4 distintas foram amostradas no reservatório de Balbina. O número de unidades foi obtido  
5 através de um algoritmo MCMC utilizando o programa STRUCTURE (Pritchard et al.  
6 2000). O modelo que utilizamos assumiu a possibilidade de mistura (i.e. os indivíduos  
7 podem ou não ter uma história de miscigenação), além de considerar as frequências  
8 alélicas correlacionadas entre diferentes populações. O número de populações (K) testado  
9 foi de um a quatro. Informações *a priori* sobre a origem dos indivíduos não foram  
10 consideradas nas análises. Para cada valor de K, utilizamos 10 cadeias com extensão de  
11 um milhão de iterações cada, descartamos como fase de *burn in* as primeiras cem mil  
12 iterações. O valor de K que melhor descreve nossos dados foi identificado com base nas  
13 distribuições *a posteriori* de probabilidades: o valor de K mais provável é aquele que tiver  
14 a maior probabilidade estimada. A verificação da suficiência do número de cadeias  
15 utilizadas como *burn in* e da convergência e estabilização das cadeias foi realizada pelo  
16 próprio programa.

17 Utilizamos o programa ARLEQUIN para o cálculo do  $F_{ST}$  e  $F_{IS}$  de Wright (1969) a  
18 partir da análise de variância molecular (AMOVA) entre indivíduos em margens leste  
19 (N=18) e oeste (N=12) do reservatório. Escolhemos essa divisão porque o espelho d'água  
20 forma a maior potencial barreira à dispersão na paisagem do reservatório. Indivíduos  
21 encontrados no meio da calha do rio, que não pertenciam claramente a uma margem ou  
22 outra, foram excluídos desta análise (N = 2). Os valores de diversidade gênica das  
23 populações também foram gerados por este programa.

24 Para análise de parentesco entre indivíduos utilizamos o programa COLONY  
25 versão 2.0 (Jones e Wang 2010). Este programa oferece a vantagem de analisar a  
26 genealogia como um todo, e não par a par de indivíduos. Isto impede que existam  
27 incongruências na classificação da relação entre indivíduos e oferece uma análise mais  
28 robusta (Jones e Wang 2010). Além disso, o COLONY fornece a probabilidade da relação  
29 entre dois indivíduos estar em uma determinada classe de parentesco e não o índice de  
30 relacionamento (r), o que simplifica a interpretação dos dados. Desta forma, por não  
31 termos dados sobre o sexo e idade dos indivíduos, o mesmo conjunto de dados atuou como

1 possíveis candidatos a irmãos, pais e mães. Inserimos uma probabilidade igual a 0,5 de ao  
2 menos uma mãe ou um pai verdadeiros estarem presentes no conjunto de dados.

3 O sistema de acasalamento das antas foi inferido a partir de três corridas no  
4 programa COLONY, cada qual com um padrão reprodutivo distinto: (1) um sexo  
5 monogâmico e outro poligâmico; (2) ambos monogâmicos; e (3) ambos poligâmicos. Nós  
6 usamos o fator de Bayes (Kass e Raftery 1995) para comparar os diferentes modelos de  
7 acasalamento, e selecionar o sistema de acasalamento mais provável para *T. terrestris* dado  
8 os nossos dados. Nós tomamos valores de fator de Bayes menores que -2 como indicativos  
9 de que há uma preferência significativa pelo modelo de máxima verossimilhança maior  
10 (Kass e Raftery 1995). O sistema de acasalamento identificado desta maneira foi usado  
11 para inferir os níveis de parentesco entre indivíduos.

12 Estabelecemos as distâncias geográficas entre os indivíduos com uma matriz de  
13 distancias euclidianas a partir das coordenadas geográficas de cada amostra registrada com  
14 auxílio de um GPSMAP 60CSx. Com objetivo de testar se existem diferenças na distância  
15 geográfica entre indivíduos relacionados e não relacionados na paisagem realizamos o  
16 teste de U de Mann-Whitney. Utilizamos as relações entre indivíduos distanciados a menos  
17 que 3 km para analisar a proporção de relações entre indivíduos aparentados na escala  
18 individual. A escolha de valores menores que 3 km como escala individual foi baseada nas  
19 áreas de vida publicadas para *T. terrestris* e representa a distância de dois indivíduos que  
20 provavelmente sobrepõem áreas de vida. Comparamos esta proporção com a proporção de  
21 relações entre indivíduos aparentados na escala da paisagem para detectar uma possível  
22 preferência pela proximidade entre parentes. Para verificar se a diferença entre proporções  
23 nas duas escalas é maior que o esperado ao acaso utilizamos o teste G com  $\alpha = 0.05$ . Estas  
24 etapas foram realizadas no programa SYSTAT (Wilkinson 1998).

25

## 26 **RESULTADOS**

27

28 No total, encontramos 185 fezes fora de latrinas e 157 latrinas, nas quais haviam de  
29 duas a 28 fezes (média=5,2± 4,3). Das 63 amostras coletadas para análise em laboratório,  
30 54 foram extraídas com sucesso, resultando na amplificação de ao menos um loco, sendo  
31 que oito amplificaram ao menos para três locos e 24 para cinco locos. Apenas 20 genótipos  
32 foram únicos para os cinco locos, sugerindo que potencialmente recapturamos quatro

1 indivíduos ao menos uma vez cada. As amostras dos indivíduos considerados recapturados  
 2 foram coletadas em um intervalo de dois dias e estavam distanciadas 629, 402, 505 e 151  
 3 metros. Obtivemos duas situações em que dois indivíduos utilizaram uma mesma latrina,  
 4 mas não pudemos calcular o parentesco entre eles. Amostras coletadas em água foram  
 5 extraídas com sucesso: 46% das amostras que amplificaram ao menos em um loco estavam  
 6 em água e, das amostras que amplificaram em cinco locos, 14 foram encontradas  
 7 submersas. Todas as reações de PCR foram realizadas logo após a extração pois  
 8 observamos uma rápida degradação do material genético extraído, havendo falha de  
 9 amplificação após cerca de 15 dias da extração.

10 Dos 14 marcadores microssatélites testados, 11 amplificaram em amostras de  
 11 sangue. Cinco destes marcadores se mostraram fortemente sensíveis à degradação nas  
 12 amostras de fezes (TtGT070, Tte01, Tter13, Tter14, Tter9), resultando em não  
 13 amplificação ou em eletroferogramas de difícil interpretação. Um loco foi monomórfico  
 14 (Tter18). Portanto utilizamos nas análises de parentesco e populacional os cinco locos que  
 15 foram polimórficos e não tiveram problemas de amplificação nas amostras de fezes. O  
 16 MICRO-CHECKER não detectou presença de alelos nulos, *allelic dropout* ou erros de  
 17 genotipagem para nenhum dos locos utilizados, assim como o ARLEQUIN não detectou  
 18 desequilíbrio de ligação ou desvios ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Estes cinco locos em  
 19 conjunto foram informativos para identificação de indivíduos: o índice de exclusão de  
 20 parentesco e o de identidade genética foram 0,986 e  $6,32 \times 10^{-6}$ , respectivamente. A  
 21 heterozigosidade média observada foi 0,7721 e a diversidade alélica foi 6,6 alelos/loco.  
 22 Para observar os valores de riqueza de alelos, heterozigosidade, índice de exclusão de  
 23 parentesco e de identidade genética por loco vide a Tabela 1.

24 Tabela 1. Locos microssatélites usados para genotipagem de indivíduos de *T. terrestris*: tipo de repetição,  
 25 variação de tamanho alélico observado neste trabalho, número de indivíduos analisados (*N*), número de  
 26 alelos (*A*), heterozigosidade observada (*Ho*), heterozigosidade esperada (*He*), índice de exclusão de  
 27 parentesco (*Q*) e índice de identidade genética (*I*).

Locos	Repetição	Tamanho(pb)	<i>N</i>	<i>A</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Q</i>	<i>I</i>
Tte05	(TC) <sub>10</sub> (AC) <sub>10</sub>	143-159	31	7	0,774	0,778	0,570	0,093
Tte12	(AC) <sub>19</sub>	162-174	29	6	0,724	0,770	0,561	0,096
TtGT137	(GT) <sub>17</sub>	239-263	21	10	0,857	0,864	0,704	0,043
Tter4	(TG) <sub>20</sub>	237-245	25	5	0,880	0,807	0,605	0,077
Tter5	(GT) <sub>10</sub>	193-201	32	5	0,625	0,629	0,377	0,214

1 A análise no programa STRUCTURE foi realizada com 32 indivíduos (12 que  
 2 amplificaram para três ou quatro locos e os 20 para cinco locos). Encontramos o maior  
 3 valor da média do logaritmo da probabilidade posterior para  $K = 1$ , o que significa a  
 4 presença de uma só unidade genética na área de estudo. Como resultado do teste AMOVA  
 5 entre as margens opostas do reservatório, a variância na variabilidade genética calculada  
 6 não foi particionada entre a margem leste e a oeste, mas sim entre indivíduos de uma  
 7 mesma população. Obtivemos  $F_{ST}$  (0,008) e  $F_{IS}$  (-0,011) baixos e não significativos  
 8 ( $p > 0,05$ ). O índice de diversidade gênica, ou seja, a probabilidade que dois alelos  
 9 escolhidos ao acaso sejam diferentes considerando o conjunto de locos, para a população  
 10 do reservatório de Balbina foi  $0,6634 \pm 0,4207$ .

11 Devido a possíveis problemas associados a dados faltantes em análises de  
 12 parentesco, restringimos esta análise aos indivíduos com genotipagens consistentes para  
 13 cinco (N=20) e quatro (N=2) locos. Usamos as frequências alélicas estimadas com os 32  
 14 indivíduos utilizados na análise populacional, para que a frequência inserida seja a mais  
 15 representativa possível da real frequência alélica da população da área de estudo (Blouin  
 16 2003; Van de Casteele *et al.* 2001). A estratégia de acasalamento em que ambos os sexos  
 17 são poligâmicos obteve o maior suporte de nossos dados, com os outros dois modelos  
 18 obtendo valores de fator Bayes menores que -2 (Tabela 2).

19

20 Tabela 2: Valores de logaritmo da máxima verossimilhança, do fator de Bayes e a probabilidade posterior  
 21 para cada sistema de acasalamento sugerido para *Tapirus terrestris*.

Sistema de Acasalamento	Log da máxima verossimilhança	Log do Fator Bayes	Probabilidade posterior
Ambos sexos poligâmicos*	-796.38	0,00	1,00
Poliginia ou Poliandria	-809.17	-25,60	$7,6 \times 10^{-12}$
Ambos sexos monogâmicos	-815.89	-39,04	$1,01 \times 10^{-17}$

22 \* indica o modelo mais provável dentre os testados.

23

24 Utilizamos apenas as relações entre indivíduos com probabilidade maior que 50%  
 25 de pertencerem a uma determinada classe (parentais-filhos, irmãos completos ou meio  
 26 irmãos). Considerando essa premissa, não encontramos relações de parental-filho,  
 27 encontramos duas relações de irmãos completos, 39 de meio-irmãos e as restantes foram  
 28 entre indivíduos não aparentados. Em 19 casos das relações classificadas como meio-

1 irmãos os indivíduos estavam localizados em margens opostas. Os indivíduos classificados  
2 como irmãos completos estavam distanciados a 0,11 e 1,01 km. As distâncias entre  
3 indivíduos meio-irmãos variaram de 0,22 a 19,26 km e tiveram distribuição normal com  
4 média igual a  $10,65 \pm 5,14$  km. As distâncias entre indivíduos não aparentados variaram de  
5 0,22 a 30,13 km, não apresentaram distribuição normal e tiveram mediana igual a 10,08  
6 km. A distribuição de distâncias geográficas entre indivíduos aparentados não foi  
7 significativamente diferente da distribuição de distâncias entre indivíduos não aparentados  
8 (Mann-Whitney  $U=1$ ;  $p > 0,05$ ). Para um indivíduo não foi registrada a localização  
9 geográfica, apenas foi registrado qual lado do reservatório a amostra se situava. Portanto,  
10 utilizamos 21 indivíduos nas análises dependentes desta informação, o que resultou em  
11 210 comparações par-a-par. Dentre as 29 relações entre indivíduos distanciados a menos  
12 que 3 km, 6 foram relacionados geneticamente, resultando uma proporção de 0,21 relações  
13 entre aparentados na escala individual. Esta proporção não foi diferente (G:0.11, 1 d.f.,  $p >$   
14  $0,05$ ) da proporção encontrada para a escala de paisagem (0,18).

15

## 16 **DISCUSSÃO**

17

18 O encontro de amostras de fezes adequadas para análise genética na região  
19 Amazônica é dificultado tanto pela mata densa, em que eventualmente as árvores e folhas  
20 no chão impedem a visualização, quanto pelo clima da região. O clima quente e úmido  
21 acelera a degradação do DNA oriundo das células intestinais presentes nas fezes (Lucchini  
22 *et al.* 2002; Brinkman *et al.* 2010). Além disso, as amostras do presente estudo foram  
23 coletadas durante a otimização dos primers em laboratório, o que resultou em um maior  
24 tempo de armazenamento das amostras coletadas nas primeiras excursões. O tempo de  
25 armazenamento foi um fator importante para o sucesso em ampliações, pois o DNA  
26 extraído de fezes apresentou rápida degradação mesmo mantidos a  $-80^{\circ}\text{C}$ . Portanto  
27 recomendamos que os protocolos já estejam estabelecidos antes de iniciar os trabalhos de  
28 campo.

29 Apesar dessas dificuldades operacionais, obtivemos um número razoável de  
30 amostras para um grande mamífero em floresta tropical úmida, principalmente quando  
31 comparado a trabalhos de captura. Tobler (2008) na Amazônia Peruana, por exemplo,  
32 capturou sete indivíduos em seis meses enquanto Medici (2010), na Mata Atlântica,  
33 capturou 35 indivíduos em aproximadamente nove anos. Portanto, a aplicação da



1 amostragem não invasiva permite um rápido acesso ao patrimônio genético das populações  
2 desta espécie elusiva, como descrito para outras espécies (Bellemain *et al.* 2005). As  
3 amostras não invasivas podem ser utilizadas também para estudos de recaptura na  
4 Amazônia. Os marcadores usados neste estudo foram suficientemente polimórficos,  
5 amostras do mesmo indivíduo foram coletadas em um curto espaço de tempo e estavam  
6 próximas, o que aumenta a probabilidade de ser realmente uma recaptura.

7 Além disso, a amostragem que realizamos teve grande parte das coletas em água e  
8 não em terra, demonstrando que essas amostras podem ser usadas com sucesso para obter  
9 informações genéticas. Pudemos perceber que a procura ativa focada nas bordas das ilhas  
10 demandou menos tempo para encontrar amostras viáveis. A falta de correnteza no lago de  
11 Balbina e realização das excursões de campo nos meses pouco chuvosos permitiram um  
12 maior tempo de integridade das fezes. Esta constatação aumenta as possibilidades de coleta  
13 de fezes em áreas de estudo que abrangem rios de pouca correnteza ou lagos e,  
14 conseqüentemente, potencializa o encontro de amostras. Vale ressaltar que uma amostra  
15 trazida pelo vento pode ser diferenciada de uma defecada no local de coleta através de sua  
16 aparência, quantidade e padrão de agrupamento das bolotas.

17 Nossos resultados indicam que há apenas uma unidade genética na paisagem do  
18 reservatório de Balbina, aparentemente o aumento da largura do rio Uatumã não atuou  
19 como barreira ao fluxo gênico. Todavia o tempo de represamento (24 anos) não foi  
20 suficiente para influenciar significativamente a distribuição espacial da variabilidade  
21 genética (*e.g.*, Holzhauer *et al.* 2006). Isso se deve à expectativa de vida de antas em  
22 cativeiro é 30 anos (Barongi 1993) e o tempo de geração de aproximadamente 11 anos  
23 (Medici 2010). Ou seja, as estimativas de fluxo gênico e de diversidade genética são  
24 referentes a quando não havia barragem e podem ser utilizadas em futuros estudos que  
25 objetivam avaliar as alterações causadas pela construção da barragem.

26 No entanto, se assumirmos uma tabela de vida típica para mamíferos (Caughley  
27 1966), com alta mortalidade de juvenis e de adultos em idade mais avançada, a proporção  
28 de indivíduos que é tão velha quanto à barragem é provavelmente menor que 5%. Além  
29 disso, a expectativa de vida de mamíferos na natureza é geralmente menor que a de  
30 cativeiro. Neste contexto nos sentimos seguros em concluir que alguns dos 19 casos de  
31 meio-irmãos localizados em margens opostas sejam de gerações após o enchimento do  
32 reservatório. Essa hipótese é reforçada pela observação em campo, de um indivíduo  
33 juvenil ( $\approx 100\text{kg}$ ) na margem oeste que é meio-irmão de três indivíduos na margem leste.

1 Portanto, existem evidências da movimentação de antas entre margens, mesmo após o  
 2 enchimento do lago. É possível que as três ilhas situadas no centro do leito do rio principal  
 3 atuem como *stepping stones* ou as antas estão atravessando ativamente o rio, já que são  
 4 excelentes nadadoras e a estação seca facilita a travessia.

5 A população que consideramos ser anterior a construção da barragem possui baixos  
 6 valores de  $F_{IS}$  e  $F_{ST}$ . De Thoisy *et al.* (2006) encontraram os mesmos resultados para uma  
 7 área aproximadamente 100 vezes maior. Logo, ainda não sabemos quais são as barreiras  
 8 artificiais ou naturais que limitam o fluxo gênico em *T. terrestris* e por isso incentivamos  
 9 estudos que abranjam maiores escalas e incluam potenciais grandes barreiras, como por  
 10 exemplo o rio Amazonas. Ainda, a heterozigiosidade média observada e a diversidade  
 11 alélica estimadas neste estudo estão entre as maiores reportadas para mamíferos de grande  
 12 porte (Norton *et al.* 2004). De Thoisy *et al.* (2006) encontraram valores semelhantes aos do  
 13 presente estudo e Gonçalves da Silva *et al.* (2010) valores levemente menores para antas  
 14 em cativeiro na Argentina (Tabela 3). Já para *T. bairdii* (Norton e Ashley 2004), estes  
 15 valores foram consideravelmente inferiores (Tabela 3), o que é esperado para populações  
 16 ameaçadas de extinção (IUCN 2008).

17 Tabela 3: Diversidade alélica (alelos/*locus*,  $\bar{A}$ ), heterozigiosidade média observada (HO média), número de  
 18 locos (Locus-N), número de indivíduos (N), material coletado e área de estudo de trabalhos que acessaram a  
 19 variabilidade genética de antas a partir de dados originados de marcadores microsatélites. Em todos os  
 20 estudos não houve diferença significativa entre a heterozigiosidade média observada e a esperada.

Espécie	$\bar{A}$	HO média	Locos- N	N	Material coletado	Área de estudo	Referências
<i>Tapirus terrestris</i>	6,6	0,77	5	32	Fezes	Amazônia Central	presente estudo
<i>Tapirus terrestris</i>	5,0	0,67	10	41	Sangue	Argentina	Gonçalves da Silva <i>et al.</i> 2010
<i>Tapirus terrestris</i>	8,0	0,76	5	37	Tecido	Guiana Francesa	de Thoisy <i>et al.</i> 2006
<i>Tapirus bairdii</i>	3,8	0,39	6	33	pêlo/tecido/sangue	América Central	Norton e Ashley 2004

21  
 22 O sistema de acasalamento sugerido por C.R. Foerster para *T. bairdii* é a poliginia  
 23 (Medici 2010). Na poliginia, um macho tem acesso a várias fêmeas, mas as fêmeas são  
 24 restritas a um macho, o que geraria uma proporção alta de meio-irmãos. No nosso estudo  
 25 nós encontramos uma alta proporção de meio-irmãos na população, o que pode indicar

1 poliginia ou poligamia, mas já exclui a possibilidade de monogamia. Tanto na poligamia  
2 quanto na poliginia existe uma alta sobreposição de áreas de vida entre indivíduos. Este  
3 padrão é encontrado para *T. terrestris* (Noss *et al.* 2003; Tobler 2008; Medici 2010) e não  
4 exclui nenhuma das duas estratégias reprodutivas. Todavia, em trabalhos com radio-  
5 telemetria, foram registradas sobreposições de áreas de vida entre machos e entre uma  
6 fêmea e dois machos (Noss *et al.* 2003; Tobler 2008; Medici 2010), o que sugere um  
7 sistema poligâmico. Além disso, nossa análise de modelos a partir da máxima  
8 verossimilhança demonstrou claramente que o modelo de poligamia para ambos os sexos  
9 foi o melhor explicado pelos nossos dados. Portanto, as evidências encontradas no nosso  
10 estudo juntamente com observações ecológicas suportam a hipótese de que o sistema de  
11 acasalamento de *T. terrestris* é poligâmico ou promíscuo.

12 Não encontramos suporte para a hipótese de que o reconhecimento entre indivíduos  
13 aparentados leva à maior tolerância em antas. A proporção de indivíduos aparentados na  
14 escala individual (0,21) não foi diferente que na escala de paisagem (0,18). Isto sugere que  
15 antas não possuem preferência por estar próximas aos parentes. No caso de um sistema em  
16 que existe filopatria e formação de grupos sociais por parte de um dos sexos, é esperado  
17 que a proporção de parentes próximos à área de vida de um indivíduo seja  
18 significativamente maior que a proporção na escala da paisagem. Sendo a probabilidade de  
19 captura de amostras de ambos sexos iguais, já que em populações naturais a razão sexual  
20 esperada é 1:1, espera-se uma proporção de 0,5 de aparentados na escala individual,  
21 representando o sexo filopátrico. Portanto, podemos interpretar este resultado como uma  
22 evidência de que provavelmente não há formação de grupos de cooperação por parte de  
23 indivíduos aparentados do mesmo sexo em *T. terrestris*. A filopatria natal e formação de  
24 grupos de cooperação entre fêmeas aparentadas já foram observadas por diversos trabalhos  
25 com mamíferos (*e.g.* Waser e Jones 1983; Archie *et al.* 2006; Wronski e Apio 2006).

26 Observamos indivíduos meio-irmãos geograficamente distantes entre si, sugerindo  
27 eventos de dispersão da prole ou do parental. Indivíduos adultos já foram observados  
28 saindo de suas áreas de vidas habituais em até 10 km para visitar barreiros (*i.e. mineral*  
29 *licks*) (Tobler 2008), logo é plausível que adultos façam excursões similares na procura  
30 pelo sexo oposto. Vinculado à idéia de dispersão de juvenis, Foerster & Vaughan (2002),  
31 estudando *T. bairdii*, observaram que a mãe agrediu as filhas e elas dispersaram da área.  
32 No mesmo estudo os autores observaram o nascimento de mais quatro filhotes que  
33 dispersaram da área após 3-4 anos, mas que, antes do episódio de dispersão,

1 permaneceram próximos da área de vida dos pais. Os pais, por sua vez, mantiveram a área  
2 sem a presença de outros adultos. Portanto é possível que os irmãos próximos entre si no  
3 presente estudo sejam indivíduos jovens junto a área de vida dos pais. Tais conclusões  
4 dificilmente seriam detectadas apenas com métodos não invasivos, a observação dos  
5 animais em campo é indispensável porque a diferença na distância geográfica entre os  
6 indivíduos aparentados seria dada pela idade. Logo, o estabelecimento de territórios pode  
7 estar associado ao período de cuidado parental, mas não se deve descartar a idéia de que  
8 talvez não haja territorialidade em antas ou que o parentesco em nada influencie nas  
9 relações de territorialidade e sim fatores ambientais. Barongi (1993) e Foerster e Vaughan  
10 (2002) atribuem a sobreposição de áreas de vida à época de frutificação, em que a maior  
11 disponibilidade de alimento pode promover a formação de grupos.

12 Neste estudo geramos informações sobre a ecologia comportamental de *T.*  
13 *terrestris* e sobre o uso de material não invasivo para identificação individual em florestas  
14 tropicais. Demonstramos que mesmo no Bioma Amazônico, representado por florestas  
15 extremamente úmidas e quentes, a amostragem não invasiva se mostrou útil e permitiu um  
16 rápido acesso ao patrimônio genético de espécies elusivas. Ainda, evidenciamos a utilidade  
17 de amostras em água para análise genética, o que aumenta as possibilidades de coleta para  
18 outros estudos. Quanto à ecologia de *T. terrestris*, sugerimos um sistema de acasalamento  
19 promíscuo e um comportamento de dispersão da prole ou de adultos. Além disso, ao  
20 menos alguns indivíduos atravessaram o leito do rio principal utilizando as ilhas centrais  
21 como *stepping stones* ou nadando ativamente. De acordo com nossos resultados, a  
22 tolerância entre indivíduos não é influenciada pelo parentesco entre eles, pois observamos  
23 uma alta proporção de indivíduos não aparentados próximos geograficamente. As  
24 conclusões sobre os métodos geradas neste estudo podem ser aplicadas a mamíferos de  
25 médio e grande porte e os aspectos levantados da ecologia de *T. terrestris* podem ser  
26 aplicados ou sugeridos para as outras espécies do mesmo gênero (*T. bairdii*, *T. indicus* e *T.*  
27 *pinchaque*), que encontram-se ameaçadas de extinção (IUCN 2008).

28

## 29 **AGRADECIMENTOS**

30

31 Agradecemos à Reserva Biológica Uatumã pela receptividade e apoio logístico. Ao  
32 INPA pela oportunidade. Ao CNPq pela concessão da bolsa de mestrado e ao IDEA WILD  
33 pela concessão de equipamentos. Ao pesquisador Tomas Hrbek, pelas ajudas teóricas e aos

1 membros do Laboratório de Evolução e Genética Animal pelo companheirismo e ajuda  
2 durante a fase laboratorial do projeto.

3

#### 4 **REFERÊNCIAS**

5

6 Archie, E. A.; Moss, C. J.; Alberts, S. C. 2006. The ties that bind: genetic relatedness  
7 predicts the fission and fusion of social groups in wild African elephants. *Proceedings of*  
8 *the Royal Society B*, 273: 513-522.

9 Ayala, G.M.C. 2003. Monitoreo de *Tapirus terrestris* en el Izozog (Cerro Cortado)  
10 mediante el uso de telemetria como base para un plan de conservación. *Dissertação de*  
11 *Mestrado, Universidad Mayor de San Andres, Santa Cruz, Bolivia*. 90pp.

12 Barongi, R.A. 1993. Husbandry and conservation of tapirs. *International Zoo Yearbook*  
13 32:7-15.

14 Bellemain, E.; Swenson, J.E.; Tallmon, D.; Brunberg, S. ; Taberlet, P. 2005. Estimating  
15 population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: Four methods  
16 for brown bears. *Conservation Biology*, 19: 150-161.

17 Blouin, M.S. 2003. DNA-based methods for pedigree reconstruction and kinship analysis  
18 in natural populations. *Trends in Ecology and Evolution*, 18:503-511.

19 Brinkman, T.J.; Schwartz, M.K. ; Person, D.K.; Pilgrim, K.L. ; Hundertmark, K.J. 2010.  
20 Effects of time and rainfall on PCR success using DNA extracted from deer fecal pellets.  
21 *Conservation Genetics*, 11:1547–1552.

22 Broquet, T.; Ménard, N.; Petit, E. 2006. Noninvasive population genetics: a review of  
23 sample source, diet, fragment length and microsatellite motif effects on amplification  
24 success and genotyping error rates. *Conservation Genetics*, 8: 249-260.

25 Caughley, G. 1966. Mortality patterns in mammals. *Ecology*, 47: 906–918.

26 Dalecky, A.; Chauvet, S.; Ringuet, S.; Claessens, O. ; Judas, J. ; Larue, M. ; Cosson, J.  
27 2002. Large mammals on small islands : Short term effects of forest fragmentation on the  
28 large mammal fauna in French Guiana. *Rev. Écol. (Terre Vie)*, 57.

29 De Thoisy, B.; Gonçalves da Silva, A.; Ruiz-García, M.; Tapia, A.; Ramirez, O.; Arana,  
30 M.; Quse, V.; Paz-y-Miño, C.; Tobler, M.; Pedraza, C.; Lavergne, A. 2010. Population  
31 history, phylogeography, and conservation genetics of the last Neotropical mega-  
32 herbivore, the lowland tapir (*Tapirus terrestris*). *BioMed Central Evolutionary Biology*,  
33 10:278.

- 1 De Thoisy, B.; Richard-Hansen, C.; Catzefflis, F.; Lavergne, A. 2006. Population  
2 Dynamics and DNA Microsatellite Survey in the Lowland Tapir. *Tapir Conservation*, 20:  
3 14-16.
- 4 DeWoody, J. A.; Schupp, J.; Kenefic, L.; Busch, J.; Murfitt, L.; Keim, P. 2004. Universal  
5 method for producing ROX-labeled size standards suitable for automated genotyping.  
6 *Biotechniques*, 37: 348-352.
- 7 Eisenberg, J. F.; Thorington, R. W. J. 1973. A preliminary analysis of a neotropical  
8 mammal fauna. *Biotropica*, 5 (3): 150-161.
- 9 ESRI. 2008. ArcGis 9.3. ESRI, Redland
- 10 Excoffier L.; Lischer, H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to  
11 perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology*  
12 *Resources*, 10: 564-567.
- 13 Farrell, L.E.; Roman, J.; Sunquist, M.E. 2000. Dietary separation of sympatric carnivores  
14 identified by molecular analysis of scats. *Molecular Ecology*, 9: 1583-1590.
- 15 Foerster, C.R.; Vaughan, C. 2002. Home range, habitat use, and activity of Baird's tapir in  
16 Costa Rica. *Biotropica*, 34: 423-437.
- 17 Frankham, R.; Ballou, J.R.; Briscoe, D.A. 2002. Introduction to Conservation Genetics.  
18 Cambridge University Press, Cambridge, England.
- 19 Garnier, J.; Bruford, M.; Goossens, B. 2001. Mating system and reproductive skew in the  
20 black rhinoceros. *Molecular Ecology*, 10: 2031-2041.
- 21 Gonçalves da Silva, A.; Lalonde, D. R.; Russello, M. A. 2009. Isolation and  
22 characterization of microsatellite loci in a Neotropical ungulate, the lowland tapir (*Tapirus*  
23 *terrestris*). *Conservation Genetics Resources*, 1: 39-41.
- 24 Gonçalves da Silva, A.; Lalonde, D.R.; Quse, V.; Shoemaker, A.; Russello, M.A. 2010.  
25 Genetic Approaches Refine Ex Situ Lowland Tapir (*Tapirus terrestris*) Conservation.  
26 *Journal of Heredity*, 101(5): 581-590.
- 27 Holzhauer, S.I.J.; Ekschmitt, K.; Sander, A.C.; Dauber, J.; Wolters, V. 2006. Effect of  
28 historic landscape change on the genetic structure of the bush-cricket *Metrioptera roeseli*.  
29 *Landscape Ecology*, 21: 891-899.
- 30 Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis, 1997. Plano  
31 de manejo fase 1: Reserva Biológica do Uatumã. Eletronorte/Ibama, Brasília.
- 32 IUCN. 2008. Red List of Threatened Species. [www.iucnredlist.org](http://www.iucnredlist.org)

- 1 Jones, O.R.; Wang, J. 2010. COLONY: a program for parentage and sibship inference  
2 from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, 10: 551–555.
- 3 Jordan, N. R.; Cherry, M.I.; Manser, M.B. 2007. Latrine distribution and patterns of use by  
4 wild meerkats: implications for territory and mate defence. *Animal Behaviour*, 73(4): 613-  
5 622.
- 6 Kass, R.; Raftery, A. 1995. Bayes Factors. *Journal of the American Statistical Association*,  
7 90: 773–795.
- 8 Kitchen, A. M.; Gese, E. M.; Waits, L.P.; Karki, S. M.; Schauster, E. R. 2005. Genetic and  
9 spatial structure within a swift fox population. *Journal of Animal Ecology*, 74: 1173-  
10 1181.
- 11 Longmire, J. L.; Maltbie, M.; Baker, R. J. 1997. Use of “lysis buffer” in DNA isolation  
12 and its implication for museum collections. *Occasional Papers*, Museum of Texas Tech  
13 University, 163: 1-3.
- 14 Lucchini, V., Fabbri, E., Marucco, F., Ricci, S., Boitani, L., and Randi, E. 2002.  
15 Noninvasive molecular tracking of colonizing wolf (*Canis lupus*) packs in the western  
16 Italian Alps. *Molecular Ecology*, 11: 857-868.
- 17 McEachern, M. B.; Eadie, J. M.; Vuren, D. H. 2007. Ecology Graduate Group Local  
18 genetic structure and relatedness in a solitary mammal, *Neotoma fuscipes*. *Behavioural*  
19 *Ecology and Sociobiology*, 61: 1459–1469.
- 20 Medici, E.P. 2010. *Assessing the Viability of Lowland Tapir Populations in a*  
21 *Fragmented Landscape*. Tese de doutorado, Durrell Institute of Conservation and Ecology/  
22 University of Kent Canterbury, Reino Unido. 276 pp.
- 23 Melnick, D. J.; Hoelzer G. A. 1992. Differences in male and female macaque dispersal  
24 lead to contrasting distributions of nuclear and mitochondrial DNA variation. *International*  
25 *Journal of Primatology*, 13 (4): 379-393.
- 26 Moraes, A. A.; Novelle, S. M. H.; Silva, J. V. C.; Giangarelli, D. C.; Monteiro, G. T. 2003.  
27 Padrões de deslocamento de *Tapirus terrestris* (Linnaeus, 1758) entre a área do parque  
28 estadual mata dos Godoy-PR e fragmentos adjacentes. *VI Congresso de Ecologia do Brasil -*  
29 *Ecossistemas Brasileiros - Manejo e Conservação*, Fortaleza.
- 30 Noss, A. J.; Cuéllar, R. L.; Barrientos, J.; Maffei, L.; Cuéllar, E.; Arispe, R.; Rómiz, D.;  
31 Rivero, K. 2003. A camera Trapping and Radio Telemetry Study of Lowland Tapir  
32 (*Tapirus terrestris*) in Bolivian Dry Forests. *Tapir Conservation*, 12 (1): 24-31.

- 1 Norton, J.E.; Ashley, M.V. 2004. Genetic variability and population structure among wild  
2 Baird's tapirs. *Animal Conservation*, 7: 211-220.
- 3 Paetkau, D.; Calvert, W.; Stirling, I.; Strobeck, C. 1995. Microsatellite analysis of  
4 population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, 4: 347-354.
- 5 Pritchard, J. K.; Stephens, M. J.; Donnelly, P. 2000. Inference of population structure  
6 using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- 7 Ralls, K. 1971. Mammalian scent marking. *Science*, 171: 443-449.
- 8 Rice, W.R. 1989. Analyzing tables of statistical test. *Evolution*, 43: 223-225.
- 9 Roper, T.J.; Conradt, L.; Butler, J.; Christian, S.E.; Ostler, J.; Schmid, T.K. 1993.  
10 Territorial marking with faeces in badgers (*Meles Meles*): a Comparison of Boundary and  
11 Hinterland Latrine Use. *Behaviour*, 127: 289-307.
- 12 Rostain, R.R.; Ben-David, M.; Groves, P.; Randall, J.A. 2004. Why do river otters scent-  
13 mark? An experimental test of several hypotheses. *Animal Behaviour*, 68(4): 703-711.
- 14 Salas, L.A. 1996. Habitat use by lowlands tapirs (*Tapirus terrestris* L) in the Tabaro River  
15 valley, Southern Venezuela. *Canadian Journal of Zoology*, 74: 1452-1458.
- 16 Sanches, A; Figueiredo, M. G.; Hantanaka, T.; Fonseca, F. P. P.; Silveira, L.; Jácomo, A.  
17 T. A.; Galleti Junior, P. M. 2009. Microsatellite loci isolated from the lowland tapir  
18 (*Tapirus terrestris*), one of the largest mammal. *Conservation Genetics Resources*, 1: 115-  
19 117.
- 20 Schuelke, M. 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments.  
21 *Nature Biotechnology*, 18: 233-234.
- 22 Taberlet, P.; Waits, L.P.; Luikart, G. 1999. Noninvasive genetic sampling: look before you  
23 leap. *Trends in Ecology and Evolution*, 14(8): 323-327.
- 24 Tautz, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic  
25 DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17: 6463-6471.
- 26 Tobler, M. W. 2008. The Ecology of the Lowland Tapir in Madre de Dios, Peru: Using  
27 New Technologies to Study Large Rainforest Mammals. Tese de Doutorado, Texas A&M  
28 University, Texas: 132 pp.
- 29 Tófoli, C. F. 2006. Frugivoria e dispersão de sementes por *Tapirus terrestris* (Linnaeus,  
30 1758) na paisagem fragmentada do Pontal do Parapanema, São Paulo. Dissertação de  
31 Mestrado, Universidade de São Paulo, São Paulo (SP).
- 32 Van De Castele, T.; Galbusera, P.; Matthysen, E. 2001. A comparison of microsatellite-  
33 based pairwise relatedness estimators. *Molecular ecology*, 10 (6):1539-1549.



- 1 Van Oosterhout, C.; Hutchinson, W.F.; Wills, D.P.; Shipley, P. 2004. MICRO-  
2 CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite  
3 data. *Molecular Ecology Notes*, 4: 535–538.
- 4 Waits, L.P.; Paetkau, D. 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists:  
5 A review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of*  
6 *Wildlife Management*, 69 (4): 1419-1433.
- 7 Waldman, B. 1988. The Ecology of Kin Recognition. *Annual Review of Ecology and*  
8 *Systematics*, 19: 543-571.
- 9 Waser, P.; Jones, W. 1983. Natal Philopatry Among Solitary Mammals. *The Quarterly*  
10 *Review of Biology*, 58: 355–390.
- 11 Weir, B.S. 1996. *Genetic Data Analysis II: Methods for discrete population genetic data*.  
12 Sinauer Associates. Sunderland, MA
- 13 Wilkinson, L. 1998. SYSTAT, the system for statistics. Systat, Evanston.
- 14 Wright, S. 1969. Evolution and the Genetics of Populations. v. 2. *The Theory of*  
15 *Gene Frequencies*. University of Chicago Press. Chicago, IL.
- 16 Wronski, T; Apio, A. 2006. Home-range overlap, social vicinity and agonistic interactions  
17 denoting matrilineal organisation in bushbuck, *Tragelaphus scriptus*. *Behavioral Ecology*  
18 *and Sociobiology*, 59: 819–828.

## CONCLUSÕES

1. A amostragem não invasivas realizada na Amazônia permitiu um rápido acesso ao patrimônio genético da população de *T. terrestris* e possibilitou a recaptura de indivíduos;
2. Amostras de fezes encontradas submersas foram genotipadas com sucesso e por isso não devem ser ignoradas para análise genética em laboratório;
3. Os indivíduos coletados nas ilhas de Balbina pertencem a uma população panmítica que possui uma alta diversidade genética quando comparada à relatos para outros mamíferos de grande porte;
4. O alargamento do rio Uatumã causado pela barragem não atua como barreira para a movimentação de indivíduos de *T. terrestris*;
5. A dispersão da prole e/ou do parental provavelmente são eventos recorrentes em *T. terrestris* e são necessários futuros estudos para o entendimento do padrão de dispersão da espécie;
6. Nosso estudo suporta a hipótese de um sistema de acasalamento em que ambos sexos são promíscuos ou poligâmicos para a anta-brasileira (*Tapirus terrestris*).

# ANEXOS<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Pareceres emitidos pelas bancas examinadoras da aula de qualificação, da versão escrita da dissertação e da defesa pública, respectivamente.



## AULA DE QUALIFICAÇÃO

### PARECER

Aluno(a): GABRIELA MEDEIROS DE PINHO  
 Curso: ECOLOGIA  
 Nível: MESTRADO  
 Orientador(a): EDUARDO VENTICINQUE  
 Co-Orientador(a): IZENI PIRES FARIAS  
 Co-Orientador(a): ANDERS GONÇALVES DA SILVA

#### Título:

“Padrões de movimentação e ocupação de antas (Tapirus terrestris) em fragmentos insulares, Amazônia Central”.

#### BANCA JULGADORA:

##### TITULARES:

Paulo Bobrowiec (INPA)  
 Cíntia Cornelius (INPA)  
 Mario Cohn-Haft (INPA)

##### SUPLENTES:

Bruce Nelson (INPA)  
 Camila Ribas (INPA)

EXAMINADORES	PARECER	ASSINATURA
Paulo Bobrowiec (INPA)	<input checked="" type="checkbox"/> Aprovado	<input type="checkbox"/> Reprovado <i>Paulo Bobrowiec</i>
Cíntia Cornelius (INPA)	<input checked="" type="checkbox"/> Aprovado	<input type="checkbox"/> Reprovado <i>Cíntia Cornelius</i>
Mario Cohn-Haft (INPA)	<input checked="" type="checkbox"/> Aprovado	<input type="checkbox"/> Reprovado <i>Mario Cohn-Haft</i>
Bruce Nelson (INPA)	<input type="checkbox"/> Aprovado	<input type="checkbox"/> Reprovado _____
Camila Ribas (INPA)	<input type="checkbox"/> Aprovado	<input type="checkbox"/> Reprovado _____

Manaus(AM), 29 de março de 2010

OBS: \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA TROPICAL E RECURSOS NATURAIS – PIPG BTRN  
 PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA PPG-ECO/INPA

Av. Efigênio Sales, 2239 – Bairro: Adrianópolis – Caixa Postal: 478 – CEP: 69.011-970, Manaus/AM.  
 Fone: (+55) 92 3643-1909  
 site: <http://pg.inpa.gov.br>

Fax: (+55) 92 3643-1909  
 e-mail: [pgeco@inpa.gov.br](mailto:pgeco@inpa.gov.br)

### Avaliação de dissertação de mestrado

Título: **COMPORTAMENTO SOCIAL E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ANTAS (*Tapirus terrestris*): RELAÇÕES DE PARENTESCO EM UMA PAISAGEM FRAGMENTADA**

Aluno: **GABRIELA MEDEIROS DE PINHO**

Orientador: **Eduardo M. Venticinque**

Co-orientadores: **Izeni P. Farias e**

**Anders Gonçalves da Silva**

Avaliador: **Haydée A. Cunha**

Por favor, marque a alternativa que considerar mais apropriada para cada item abaixo, e marque seu parecer final no quadro abaixo

	Muito bom	Bom	Necessita revisão	Reprovado
Relevância do estudo	( x )	( )	( )	( )
Revisão bibliográfica	( x )	( )	( )	( )
Desenho amostral/experimental	( )	( x )	( )	( )
Metodologia	( x )	( )	( )	( )
Resultados	( x )	( )	( )	( )
Discussão e conclusões	( x )	( )	( )	( )
Formatação e estilo texto	( x )	( )	( )	( )
Potencial para publicação em periódico(s) indexado(s)	( )	( x )	( )	( )

#### PARECER FINAL

( X ) **Aprovada** (indica que o avaliador aprova o trabalho sem correções ou com correções mínimas)

( ) **Aprovada com correções** (indica que o avaliador aprova o trabalho com correções extensas, mas que não precisa retornar ao avaliador para reavaliação)

( ) **Necessita revisão** (indica que há necessidade de reformulação do trabalho e que o avaliador quer reavaliar a nova versão antes de emitir uma decisão final)

( ) **Reprovada** (indica que o trabalho não é adequado, nem com modificações substanciais)

BIO DE JANEIRO  
Local

22/8/2011  
Data

[Assinatura]  
Assinatura

Comentários e sugestões podem ser enviados como uma continuação desta ficha, como arquivo separado ou como anotações no texto impresso ou digital da tese. Por favor, envie a ficha assinada, bem como a cópia anotada da tese e/ou arquivo de comentários por e-mail para [pgecologia@gmail.com](mailto:pgecologia@gmail.com) e [claudiakeller23@gmail.com](mailto:claudiakeller23@gmail.com) ou por correio ao endereço abaixo. O envio por e-mail é preferível ao envio por correio. Uma cópia digital de sua assinatura será válida.

Endereço para envio de correspondência:

Claudia Keller  
DCEC/CPEC/INPA  
CP 478  
69011-970 Manaus AM  
Brazil



Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - INPA  
Programa de Pós - graduação em Ecologia



### Avaliação de dissertação de mestrado

**Título:** COMPORTAMENTO SOCIAL E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ANTAS  
(*Tapirus terrestris*): RELAÇÕES DE PARENTESCO EM UMA PAISAGEM FRAGMENTADA  
**Aluno:** GABRIELA MEDEIROS DE PINHO  
**Orientador:** Eduardo M. Venticinque      **Co-orientadores:** Izeni P. Farias e  
Anders Gonçalves da Silva

**Avaliador:** José Manuel Vieira Fragoso

Por favor, marque a alternativa que considerar mais apropriada para cada item abaixo, e marque seu parecer final no quadro abaixo

	Muito bom	Bom	Necessita revisão	Reprovado
Relevância do estudo	( x )	( )	( )	( )
Revisão bibliográfica	( )	( )	( x )	( )
Desenho amostral/experimental	( )	( x )	( )	( )
Metodologia	( x )	( )	( )	( )
Resultados	( x )	( )	( )	( )
Discussão e conclusões	( )	( x )	( )	( )
Formatação e estilo texto	( x )	( )	( )	( )
Potencial para publicação em periódico(s) indexado(s)	( x )	( )	( )	( )

#### PARECER FINAL

( X ) **Aprovada** (Indica que o avaliador aprova o trabalho sem correções ou com correções mínimas)

( ) **Aprovada com correções** (Indica que o avaliador aprova o trabalho com correções extensas, mas que não precisa retornar ao avaliador para reavaliação)

( ) **Necessita revisão** (Indica que há necessidade de reformulação do trabalho e que o avaliador quer reavaliar a nova versão antes de emitir uma decisão final)

( ) **Reprovada** (Indica que o trabalho não é adequado, nem com modificações substanciais)

Brasília

16/8/2011

Local

Data

Assinatura

Comentários e sugestões podem ser enviados como uma continuação desta ficha, como arquivo separado ou como anotações no texto impresso ou digital da tese. Por favor, envie a ficha assinada, bem como a cópia anotada da tese e/ou arquivo de comentários por e-mail para [pgecologia@gmail.com](mailto:pgecologia@gmail.com) e [claudiakeller23@gmail.com](mailto:claudiakeller23@gmail.com) ou por correio ao endereço abaixo. O envio por e-mail é preferível ao envio por correio. Uma cópia digital de sua assinatura será válida.

Endereço para envio de correspondência:

Claudia Keller  
DCEC/CPEC/INPA  
CP 478  
69011-970 Manaus AM  
Brazil



Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - INPA  
Programa de Pós - graduação em Ecologia



### Avaliação de dissertação de mestrado

**Título:** COMPORTAMENTO SOCIAL E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ANTAS  
(*Tapirus terrestris*): RELAÇÕES DE PARENTESCO EM UMA PAISAGEM FRAGMENTADA

**Aluno:** GABRIELA MEDEIROS DE PINHO

**Orientador:** Eduardo M. Venticinque      **Co-orientadores:** Izeni P. Farias e  
Anders Gonçalves da Silva

**Avaliador:** Alexandra Sanches

Por favor, marque a alternativa que considerar mais apropriada para cada item abaixo, e marque seu parecer final no quadro abaixo

	Muito bom	Bom	Necessita revisão	Reprovado
Relevância do estudo	( x )	( )	( )	( )
Revisão bibliográfica	( x )	( )	( )	( )
Desenho amostral/experimental	( x )	( )	( )	( )
Metodologia	( x )	( )	( )	( )
Resultados	( x )	( )	( )	( )
Discussão e conclusões	( x )	( )	( )	( )
Formatação e estilo texto	( x )	( )	( )	( )
Potencial para publicação em periódico(s) indexado(s)	( )	( x )	( )	( )

#### PARECER FINAL

( X ) **Aprovada** (Indica que o avaliador aprova o trabalho sem correções ou com correções mínimas)

( ) **Aprovada com correções** (Indica que o avaliador aprova o trabalho com correções extensas, mas que não precisa retomar ao avaliador para reavaliação)

( ) **Necessita revisão** (Indica que há necessidade de reformulação do trabalho e que o avaliador quer reavaliar a nova versão antes de emitir uma decisão final)

( ) **Reprovada** (Indica que o trabalho não é adequado, nem com modificações substanciais)

Rio Claro

23 de agosto de 2011

Local

Data

Assinatura

Comentários e sugestões podem ser enviados como uma continuação desta ficha, como arquivo separado ou como anotações no texto impresso ou digital da tese. Por favor, envie a ficha assinada, bem como a cópia anotada da tese e/ou arquivo de comentários por e-mail para [pgecologia@gmail.com](mailto:pgecologia@gmail.com) e [claudiakeller23@gmail.com](mailto:claudiakeller23@gmail.com) ou por correio ao endereço abaixo. O envio por e-mail é preferível ao envio por correio. Uma cópia digital de sua assinatura será válida.

Endereço para envio de correspondência:

Claudia Keller  
DCEC/CPEC/INPA  
CP 478  
69011-970 Manaus AM  
Brazil



ATA DA DEFESA PÚBLICA DA  
DISSERTAÇÃO DE MESTRADO DO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
ECOLOGIA DO INSTITUTO NACIONAL  
DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA.

Aos 25 dias do mês de novembro do ano de 2011, às 09:00 horas, no mini-auditório do Programa de Pós-Graduação em Entomologia - PPG ENTO/INPA, reuniu-se a Comissão Examinadora de Defesa Pública, composta pelos seguintes membros: o(a) Prof(a). Dr(a). **Albertina Pimentel Lima**, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, o(a) Prof(a). Dr(a). **Camila Cherem Ribas**, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia e o(a) Prof(a). Dr(a). **Paulo Estefano Dinelli Bobrowiec**, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia/CENBAM, tendo como suplentes o(a) Prof(a). Dr(a) Jorge Ivan Rebelo Porto, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia e o(a) Prof(a). Dr(a). Wilson Roberto Spironello, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, sob a presidência do(a) primeiro(a), a fim de proceder a arguição pública da **DISSERTAÇÃO DE MESTRADO de GABRIELA MEDEIROS DE PINHO**, intitulada "Comportamento social e estrutura populacional de antas (*Tapirus terrestris*): relações de parentesco em uma paisagem fragmentada", orientada pelo(a) Prof(a). Dr(a). Eduardo Martins Venticinque, da Universidade Federal do Rio Grande do Norte e co-orientada pelo(a) Prof(a). Dr(a). Izeni Pires Farias, da Universidade Federal do Amazonas e pelo(a) Prof(a). Dr(a) Anders Gonçalves da Silva, da CSIRO Marine and Atmospheric Research.

Após a exposição, o(a) discente foi arguido(a) oralmente pelos membros da Comissão Examinadora, tendo recebido o conceito final:

- APROVADO(A)                       REPROVADO(A)  
 POR UNANIMIDADE                       POR MAIORIA

Nada mais havendo, foi lavrada a presente ata, que, após lida e aprovada, foi assinada pelos membros da Comissão Examinadora.

Prof(a).Dr(a). Albertina Pimentel Lima

Albertina Pimentel Lima

Prof(a).Dr(a). Camila Cherem Ribas

Camila Cherem Ribas

Prof(a).Dr(a). Paulo Estefano Dinelli Bobrowiec

Paulo Bobrowiec

Maura Araújo  
Coordenação PPG-ECO/INPA