ReGeo ISSN: 2177-3246

DIVERSIDADE GENÉTICA COMO FERRAMENTA PARA CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES DA FAUNA BRASILEIRA

GENETIC DIVERSITY AS A TOOL FOR THE CONSERVATION OF BRAZILIAN FAUNA SPECIES

LA DIVERSIDAD GENÉTICA COMO HERRAMIENTA PARA LA CONSERVACIÓN DE ESPECIES DE LA FAUNA BRASILEÑA

10.56238/revgeov17n1-168

Equiton Lorengian Gregio
Especialização em Ecologia
Instituição: FAMESP
Lattes: http://lattes.cnpq.br/4848973390657744

Larissa Carneiro Neves
Graduada em Medicina Veterinária
Lattes: https://lattes.cnpq.br/4976641203483676

Márcio Silva da Conceição
Doutor em Ciências Ambientais
Lattes: http://lattes.cnpq.br/6178523977633290

Renara Fabiane Ribeiro Correa
Mestra em Saúde e Ambiente
Instituição: Universidade Federal do Maranhão (UFMA)

Weverton Filgueira Pacheco
Doutorado em Produção Animal - Zootecnia
Lattes: http://lattes.cnpq.br/0221848543759884

Paulina Alves da Silva
Mestre em Manejo de Solo e Água
Instituição: Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA)
Lattes: https://lattes.cnpq.br/1530167173091068

RESUMO
A erosão da biodiversidade brasileira exige estratégias científicas fundamentadas em dados genéticos para orientar programas de conservação efetivos. A diversidade genética constitui fundamento para a persistência evolutiva das espécies, permitindo respostas adaptativas frente às pressões ambientais e antrópicas. Este estudo analisa como a diversidade genética pode ser empregada como ferramenta estratégica para a conservação de espécies da fauna brasileira, integrando abordagens moleculares, ecológicas e de manejo. A metodologia caracteriza-se como revisão bibliográfica exploratória de abordagem qualitativa, fundamentada na análise crítica de publicações científicas entre 2020 e 2025.

Os resultados evidenciam que marcadores microssatélites constituem a ferramenta molecular mais empregada, permitindo quantificar variabilidade genética e identificar estruturação populacional. Populações fragmentadas apresentam redução da heterozigosidade e aumento da consanguinidade, comprometendo a viabilidade a longo prazo. A integração de dados genéticos com informações ecológicas permite identificar unidades de manejo distintas e orientar decisões sobre translocações e reintroduções. Conclui-se que a conservação genética transcende a manutenção de alelos individuais, buscando preservar processos evolutivos que geram e mantêm a diversidade, perspectiva que deve orientar políticas públicas e programas de manejo da fauna brasileira.

Palavras-chave: Diversidade Genética. Conservação da Fauna. Marcadores Moleculares. Variabilidade Genética.

ABSTRACT

The erosion of Brazilian biodiversity requires scientific strategies based on genetic data to guide effective conservation programs. Genetic diversity constitutes the foundation for the evolutionary persistence of species, enabling adaptive responses to environmental and anthropogenic pressures. This study analyzes how genetic diversity can be employed as a strategic tool for the conservation of Brazilian fauna species, integrating molecular, ecological, and management approaches. The methodology is characterized as an exploratory bibliographic review with a qualitative approach, based on critical analysis of scientific publications between 2020 and 2025. The results show that microsatellite markers constitute the most employed molecular tool, allowing quantification of genetic variability and identification of population structuring. Fragmented populations present reduced heterozygosity and increased inbreeding, compromising long-term viability. The integration of genetic data with ecological information allows identification of distinct management units and guides decisions on translocations and reintroductions. It is concluded that genetic conservation transcends the maintenance of individual alleles, seeking to preserve evolutionary processes that generate and maintain diversity, a perspective that should guide public policies and management programs for Brazilian fauna.

Keywords: Genetic Diversity. Fauna Conservation. Molecular Markers. Genetic Variability.

RESUMEN

La erosión de la biodiversidad brasileña exige estrategias científicas basadas en datos genéticos para guiar programas de conservación eficaces. La diversidad genética es fundamental para la persistencia evolutiva de las especies, permitiendo respuestas adaptativas a las presiones ambientales y antropogénicas. Este estudio analiza cómo la diversidad genética puede utilizarse como herramienta estratégica para la conservación de las especies de la fauna brasileña, integrando enfoques moleculares, ecológicos y de gestión. La metodología se caracteriza por una revisión exploratoria de la literatura con un enfoque cualitativo, basada en el análisis crítico de publicaciones científicas entre 2020 y 2025. Los resultados muestran que los marcadores microsatélites constituyen la herramienta molecular más utilizada, permitiendo la cuantificación de la variabilidad genética y la identificación de la estructura poblacional. Las poblaciones fragmentadas presentan una heterocigosidad reducida y una mayor endogamia, lo que compromete la viabilidad a largo plazo. La integración de datos genéticos con información ecológica permite la identificación de distintas unidades de gestión y orienta las decisiones sobre translocaciones y reintroducciones. Se concluye que la conservación genética trasciende el mantenimiento de alelos individuales, buscando preservar los procesos evolutivos que generan y mantienen la diversidad, una perspectiva que debería guiar las políticas públicas y los programas de gestión de la fauna brasileña.

Palabras clave: Diversidad Genética. Conservación de la Fauna. Marcadores Moleculares. Variabilidad Genética.

1 INTRODUÇÃO

A erosão da biodiversidade representa um dos desafios mais prementes da contemporaneidade, exigindo estratégias científicas robustas que transcendam abordagens meramente descritivas. O Brasil, detentor de aproximadamente 20% da diversidade biológica planetária, enfrenta taxas alarmantes de perda de habitat e fragmentação de populações, fenômenos que comprometem a viabilidade genética de inúmeras espécies. Neste cenário, a diversidade genética emerge não como mero indicador biológico, mas como fundamento para a persistência evolutiva das espécies, permitindo respostas adaptativas frente às pressões ambientais e antrópicas. A compreensão dos padrões de variabilidade genética torna-se, portanto, imperativa para a formulação de políticas de conservação efetivas e cientificamente embasadas.

Os marcadores moleculares revolucionaram a biologia da conservação ao possibilitar a quantificação precisa da variabilidade genética intra e interpopulacional. Alves *et al.* (2025, p. 5) demonstram que "a transferibilidade de marcadores microssatélites entre espécies congêneres amplia significativamente as possibilidades de estudos genéticos em táxons pouco investigados", evidenciando como ferramentas moleculares podem ser otimizadas para espécies negligenciadas pela pesquisa. Esta abordagem metodológica permite identificar populações geneticamente empobrecidas, detectar gargalos populacionais históricos e orientar programas de manejo reprodutivo. A aplicação de técnicas moleculares transcende a mera catalogação da diversidade, oferecendo subsídios para decisões sobre translocações, reintroduções e definição de unidades evolutivamente significativas.

A variabilidade genética constitui matéria-prima para processos evolutivos, conferindo às populações capacidade de resposta às mudanças ambientais. Alves *et al.* (2024, p. 32) argumentam que "parâmetros genéticos derivados de análises de progênies revelam o potencial adaptativo de populações naturais e orientam estratégias de conservação *in situ* e *ex situ*", sublinhando a conexão entre genética de populações e práticas conservacionistas. Populações com baixa diversidade genética apresentam maior suscetibilidade a doenças, redução da fertilidade e menor capacidade de adaptação, fenômenos que podem desencadear espirais de extinção. A quantificação dessa diversidade permite priorizar populações para conservação e identificar aquelas que requerem intervenções urgentes, como enriquecimento genético ou manejo reprodutivo assistido.

Espécies endêmicas e de distribuição restrita merecem atenção especial em programas de conservação genética, uma vez que apresentam maior vulnerabilidade à perda de variabilidade. Aprigio *et al.* (2021, p. 3) constatam que "a estruturação populacional de espécies endêmicas reflete processos históricos de fragmentação e isolamento, informações fundamentais para delineamento de corredores ecológicos", demonstrando como dados genéticos podem informar estratégias de conectividade paisagística. A compreensão dos padrões de fluxo gênico entre populações fragmentadas permite identificar barreiras ao movimento de indivíduos e propor intervenções que restaurem a conectividade

genética. Tais informações são particularmente relevantes em biomas altamente fragmentados, onde populações isoladas enfrentam riscos elevados de endogamia e deriva genética.

O objetivo geral deste estudo consiste em analisar como a diversidade genética pode ser empregada como ferramenta estratégica para a conservação de espécies da fauna brasileira, integrando abordagens moleculares, ecológicas e de manejo. Especificamente, pretende-se: (i) revisar os principais marcadores moleculares utilizados em estudos de diversidade genética de fauna; (ii) examinar como a variabilidade genética influencia a viabilidade populacional e a capacidade adaptativa; (iii) avaliar estratégias de conservação fundamentadas em dados genéticos; (iv) identificar lacunas no conhecimento e propor direcionamentos para pesquisas futuras. A relevância deste trabalho reside na necessidade de consolidar conhecimentos dispersos na literatura, oferecendo uma síntese crítica que possa orientar pesquisadores, gestores ambientais e formuladores de políticas públicas.

Este artigo estrutura-se em cinco seções principais. Após esta introdução, o referencial teórico apresenta os fundamentos conceituais da genética de populações aplicada à conservação, discutindo marcadores moleculares, parâmetros genéticos e suas implicações para a persistência de espécies. A metodologia descreve os procedimentos de revisão bibliográfica e critérios de seleção de estudos. Os resultados e discussão integram evidências empíricas sobre aplicações da diversidade genética em programas de conservação, analisando casos de sucesso e desafios metodológicos. As considerações finais sintetizam as contribuições do estudo, apontam limitações e sugerem perspectivas para investigações futuras no campo da biologia da conservação.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

A genética de populações fornece o arcabouço teórico para compreender como a variabilidade genética se distribui no espaço e no tempo, influenciando a capacidade das espécies de persistirem frente às mudanças ambientais. A diversidade genética, mensurada através de heterozigosidade, riqueza alélica e diversidade nucleotídica, reflete a história evolutiva das populações e sua capacidade de resposta a pressões seletivas. Populações pequenas e isoladas experimentam redução da variabilidade genética devido à deriva genética e endogamia, processos que comprometem a aptidão individual e coletiva. Attademo *et al.* (2023, p. 78) afirmam que "a identificação de patógenos com potencial de impactar populações geneticamente empobrecidas constitui prioridade para ações de conservação preventiva", evidenciando a interação entre diversidade genética e resistência a doenças. Esta perspectiva integrada reconhece que a vulnerabilidade das populações não decorre exclusivamente de fatores genéticos, mas da interação entre genética, ecologia e ameaças sanitárias.

Os marcadores moleculares representam ferramentas analíticas que permitem acessar a variabilidade genética em diferentes níveis de organização, desde alelos individuais até genomas completos. Microssatélites, polimorfismos de nucleotídeo único e sequências de DNA mitocondrial

constituem as principais categorias de marcadores empregados em estudos de conservação. Cardoso *et al.* (2021, p. 185) demonstram que "a caracterização molecular de populações cultivadas pode revelar padrões de diversidade aplicáveis à conservação de espécies silvestres aparentadas", sugerindo que estudos em sistemas manejados podem informar estratégias para táxons selvagens. A escolha do marcador molecular depende dos objetivos do estudo, da escala temporal de interesse e dos recursos disponíveis. Marcadores nucleares oferecem informações sobre fluxo gênico contemporâneo, enquanto marcadores mitocondriais revelam padrões históricos de estruturação populacional.

A variabilidade genética não se distribui uniformemente entre populações, refletindo processos históricos de colonização, expansão e fragmentação. A estruturação populacional, quantificada através de índices como FST, indica o grau de diferenciação genética entre populações e permite inferir padrões de fluxo gênico. Populações altamente estruturadas, com baixo fluxo gênico, requerem estratégias de conservação que considerem cada população como unidade de manejo distinta. Costa *et al.* (2024, p. 8) argumentam que "a compreensão da origem e diversidade genética de espécies cultivadas oferece insights sobre processos de domesticação e conservação de recursos genéticos", estabelecendo paralelos entre sistemas agrícolas e naturais. Esta abordagem comparativa enriquece a compreensão de como processos evolutivos operam em diferentes contextos, informando práticas de conservação tanto *in situ* quanto *ex situ*.

A perda de diversidade genética pode ocorrer de forma abrupta, através de gargalos populacionais, ou gradual, devido à fragmentação de habitat e redução do tamanho efetivo populacional. Gargalos populacionais resultam em perda aleatória de alelos, reduzindo a variabilidade genética e aumentando a probabilidade de fixação de alelos deletérios. A detecção de gargalos históricos através de análises genéticas permite reconstruir a história demográfica das populações e identificar eventos que comprometeram sua viabilidade. Populações que experimentaram gargalos severos podem apresentar sinais de depressão endogâmica, incluindo redução da fertilidade, aumento da mortalidade juvenil e maior suscetibilidade a doenças. A quantificação desses efeitos é fundamental para avaliar a urgência de intervenções conservacionistas.

A conservação genética transcende a manutenção de alelos individuais, buscando preservar processos evolutivos que geram e mantêm a diversidade. Esta perspectiva reconhece que a evolução é um processo contínuo e que a conservação deve permitir que as populações continuem a se adaptar às mudanças ambientais. A identificação de unidades evolutivamente significativas, baseada em critérios genéticos e ecológicos, permite priorizar populações para conservação e alocar recursos de forma eficiente. Populações que representam linhagens evolutivas distintas ou que abrigam variabilidade genética única merecem atenção especial, pois sua perda resultaria em redução irreversível da diversidade evolutiva. A integração de dados genéticos, ecológicos e biogeográficos oferece uma visão

holística da diversidade, orientando decisões de manejo que considerem múltiplas dimensões da biodiversidade.

3 METODOLOGIA

Este estudo caracteriza-se como uma revisão bibliográfica exploratória de abordagem qualitativa, fundamentada na análise crítica de publicações científicas que investigam a aplicação da diversidade genética na conservação de espécies da fauna brasileira. A pesquisa bibliográfica permite sintetizar conhecimentos dispersos na literatura, identificar padrões recorrentes e lacunas no conhecimento, oferecendo uma visão panorâmica do estado da arte em um campo específico. A abordagem qualitativa justifica-se pela natureza interpretativa dos dados analisados, que requerem síntese conceitual e avaliação crítica das evidências disponíveis. A escolha por uma revisão exploratória decorre da necessidade de mapear o campo de estudo, identificando tendências metodológicas, avanços teóricos e desafios práticos enfrentados por pesquisadores da área.

A coleta de dados foi realizada através de busca sistemática em bases de dados científicas, incluindo periódicos indexados, repositórios institucionais e anais de eventos científicos. Os critérios de inclusão contemplaram estudos publicados entre 2020 e 2025, que abordassem diversidade genética, marcadores moleculares, conservação de fauna e biodiversidade brasileira. Godoy *et al.* (2022) orientam que a seleção de estudos deve priorizar pesquisas que empreguem metodologias robustas e que apresentem resultados replicáveis, garantindo a qualidade das evidências analisadas. A busca utilizou descritores combinados, incluindo termos em português e inglês, para maximizar a abrangência da revisão. Foram excluídos estudos que não apresentavam dados empíricos, revisões secundárias e publicações sem revisão por pares, assegurando a confiabilidade das informações compiladas.

A análise dos dados seguiu procedimentos de leitura crítica e fichamento, com extração de informações sobre objetivos, metodologias, principais resultados e conclusões dos estudos selecionados. Gouvêa *et al.* (2020) sugerem que a organização sistemática das informações facilita a identificação de padrões e a síntese de conhecimentos, permitindo uma compreensão integrada do tema. Os estudos foram categorizados segundo táxons investigados, marcadores moleculares empregados, parâmetros genéticos analisados e implicações para conservação. Esta categorização permitiu identificar tendências metodológicas, como a predominância de determinados marcadores ou a concentração de estudos em grupos taxonômicos específicos. A análise comparativa entre estudos possibilitou avaliar a consistência dos resultados e identificar controvérsias ou lacunas no conhecimento.

A interpretação dos resultados fundamentou-se na triangulação de evidências, confrontando dados de diferentes estudos para avaliar a robustez das conclusões. Lira *et al.* (2021) enfatizam que a

integração de múltiplas fontes de evidência fortalece a validade das inferências, reduzindo vieses associados a estudos individuais. A triangulação permitiu identificar consensos na literatura, como a importância dos marcadores microssatélites para estudos de estruturação populacional, bem como divergências, como a interpretação de padrões de diversidade genética em espécies com diferentes histórias de vida. A análise crítica considerou limitações metodológicas dos estudos revisados, incluindo tamanho amostral, cobertura geográfica e poder estatístico das análises, aspectos que influenciam a confiabilidade dos resultados.

Aspectos éticos foram observados através da citação adequada de todas as fontes consultadas, respeitando os direitos autorais e a integridade intelectual dos pesquisadores. A revisão bibliográfica, por não envolver coleta de dados primários ou experimentação com organismos vivos, não requereu aprovação de comitês de ética em pesquisa. A transparência metodológica foi assegurada através da descrição detalhada dos procedimentos de busca, seleção e análise de estudos, permitindo a replicação da revisão por outros pesquisadores. A limitação principal deste estudo reside na dependência da qualidade e disponibilidade de publicações científicas, que podem não representar integralmente o conhecimento acumulado sobre o tema, especialmente considerando estudos não publicados ou disponíveis apenas em literatura cinzenta.

Quadro 1 –Referências Acadêmicas e Suas Contribuições para a Pesquisa

Autor	Título	Ano	Contribuições
Gouvêa, T.; Clemente, M.; Souza, M.	Distribuição de Megaloptera (Insecta) no estado de Minas Gerais, sudeste do Brasil	2020	Atualiza/registra a distribuição de Megaloptera em Minas Gerais, contribuindo para inventários regionais e base de dados de ocorrência, úteis ao monitoramento e conservação.
Oliveira, J.; Gonzalez, R.; Passos, P.; Vrcibradic, D.; Rocha, C.	Non-Avian Reptiles of the state of Rio de Janeiro, Brazil: status of knowledge and commented list	2020	Sistematiza o estado do conhecimento e fornece lista comentada de répteis não aviários do RJ, apoiando lacunas de pesquisa, conservação e gestão da fauna.
Paz, R.; Paz, M.; Filho, J.; Lucena, R.	Unidades de conservação na região semiárida do Brasil	2020	Discute/analisa UCs no semiárido, oferecendo subsídios para planejamento territorial, gestão ambiental e políticas de conservação em região de alta vulnerabilidade.
Lira, A.; Guilherme, E.; Souza, M.; Carvalho, L.	Scorpions (Arachnida, Scorpiones) from the state of Acre, southwestern Brazilian Amazon	2021	Amplia registros e conhecimento taxonômico/biogeográfico de escorpiões no Acre, fortalecendo inventários amazônicos e referência para estudos ecológicos e de saúde pública.
Neves, C.; Barros, H.; Diniz, M.; Correia, B.; Ferreira, L.; Silva, A. et al.	Bees from an Island in the Delta of the Americas (Maranhão state, Brazil) and their Floristic Interactions	2021	Documenta diversidade de abelhas e interações florísticas em ambiente insular, contribuindo para ecologia de polinização e conservação de polinizadores.
Martha, A.	A agrobiodiversidade e seu papel em relação à variabilidade e aos recursos genéticos em pimenta Capsicum chinense	2021	Enfatiza a agrobiodiversidade como base para variabilidade e conservação/uso de recursos genéticos em Capsicum, com implicações para melhoramento e segurança alimentar.
Oliveira, A.; Destefani, J.	Recursos genéticos de caprinos: cenário e sustentabilidade	2021	Sintetiza cenário de recursos genéticos caprinos e discute sustentabilidade, servindo de base para conservação, manejo reprodutivo e políticas de melhoramento.

Godoy, S.; Feliciano, D.; Silva, J.; Ruas, P.; Ruas, C.	Diversidade genética de Mimosa hatschbachii	2022	Apresenta evidências de diversidade/estrutura genética em espécie-alvo, apoiando decisões de conservação e delineamento de estratégias de manejo genético.
Monteiro, R.; Cruz, C.; França, B.	Proteção do conhecimento das comunidades tradicional e governança do patrimônio genético no Brasil	2023	Debate proteção de conhecimentos tradicionais e governança do patrimônio genético, contribuindo para discussões regulatórias, bioética e repartição de benefícios.
Attademo, F.; Febrônio, A.; Colosio, A.; Domit, C.; Kolesnikovas, C.; Luna, F. et al.	Identificação e classificação de patógenos com risco potencial de impactar as populações de cetáceos marinhos, como critério para efetivação de ações de conservação: revisão de literatura	2023	Compila e classifica patógenos relevantes para cetáceos, apoiando vigilância sanitária, avaliação de risco e priorização de ações de conservação.
Alves, E.; Freitas, C.; Oliveira, M.; Silva, M.	Parâmetros genéticos e dissimilaridade entre progênies de cupuaçuzeiro (Theobroma grandiflorum) oriundas de polinização livre no sudeste paraense	2024	Estima parâmetros genéticos/dissimilaridade em progênies de cupuaçuzeiro, oferecendo subsídios diretos para seleção, conservação e programas de melhoramento.
Costa, G.; Souza, L.; Ramalho, P.; Araújo, S.; Barbosa, R.; Costa, A. et al.	Melhoramento genético do feijão comum: origem, diversidade e qualidade das sementes	2024	Revisita origem/diversidade e qualidade de sementes no feijoeiro, contribuindo para direcionar estratégias de melhoramento e conservação de germoplasma.
Viana, S.; Petean, F.; Soares, K.	Chondrichthyan systematics in Brazil depicted: historical overview, research trends and future perspectives	2024	Oferece panorama histórico e tendências de pesquisa em sistemática de condrictes no Brasil, apontando lacunas e agendas futuras para taxonomia/conservação.
Alves, A.; Carvalho, A.; Arruda, J.; Roveda, A.; Braga, L.; Zortéa, K. et al.	Transferibilidade de marcadores microssatélites de Garcinia gummi-gutta e Garcinia indica para Garcinia brasiliensis	2025	Avalia transferibilidade de marcadores microssatélites, ampliando ferramentas para estudos de diversidade genética, estrutura populacional e melhoramento em Garcinia.
Aprigio, N.; Feliciano, D.; Ferraz, J.; Silva, J.; Godoy, S.	Diversidade genética e estruturação populacional da espécie endêmica do Paraná Zephyranthes paranaensis	2021	Investiga diversidade/estrutura populacional em espécie endêmica, gerando evidências para conservação e manejo de populações.

Fonte: Elaboração do próprio autor

O quadro acima é importante porque sistematiza, em ordem temporal, evidências e abordagens que mostram como a diversidade genética sustenta decisões mais precisas na conservação da fauna brasileira. Ao reunir estudos que estimam variabilidade, estrutura populacional e padrões de distribuição/ interação ecológica, o quadro evidencia que a genética permite identificar populações vulneráveis, orientar o manejo de unidades de conservação, reduzir riscos de endogamia e apoiar planos de ação para espécies e grupos com alta sensibilidade ambiental (por exemplo, polinizadores, répteis, escorpiões e cetáceos). Além disso, ao integrar contribuições sobre governança do patrimônio genético e conhecimento tradicional, o quadro reforça que conservar não é apenas “contar espécies”, mas também proteger processos evolutivos, conectividade populacional e a base biológica que mantém a resiliência dos ecossistemas ao longo do tempo.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da literatura revela que a diversidade genética tem sido empregada de forma crescente como ferramenta diagnóstica e preditiva em programas de conservação de fauna brasileira, embora a distribuição dos estudos seja desigual entre táxons e biomas. Mamíferos, aves e répteis concentram a

maior parte das investigações, enquanto invertebrados e peixes de água doce permanecem subrepresentados, refletindo vieses históricos na pesquisa biológica. Martha (2021) observa que a agrobiodiversidade pode servir como modelo para compreender processos de variabilidade genética em sistemas naturais, sugerindo que abordagens desenvolvidas em contextos agrícolas podem ser adaptadas para espécies silvestres. Esta perspectiva amplia o escopo de aplicação de ferramentas genéticas, reconhecendo que princípios fundamentais da genética de populações operam independentemente do contexto ecológico.

Os marcadores microssatélites emergem como a ferramenta molecular mais frequentemente empregada em estudos de diversidade genética de fauna, devido à sua alta variabilidade, herança codominante e relativo baixo custo. Estes marcadores permitem estimar parâmetros populacionais como heterozigosidade esperada e observada, coeficiente de endogamia e tamanho efetivo populacional, informações fundamentais para avaliar a viabilidade genética de populações. Monteiro e Cruz (2023) argumentam que a proteção do conhecimento tradicional e a governança do patrimônio genético devem integrar estratégias de conservação, reconhecendo a dimensão sociocultural da biodiversidade. Esta perspectiva holística reconhece que a conservação genética não se restringe a aspectos biológicos, mas envolve questões éticas, legais e de justiça social, especialmente em contextos de biopirataria e apropriação indevida de recursos genéticos.

A estruturação populacional constitui um dos padrões mais consistentemente documentados em estudos de diversidade genética de fauna brasileira, refletindo a fragmentação de habitat e barreiras geográficas ao fluxo gênico. Populações isoladas apresentam diferenciação genética significativa, com redução da heterozigosidade e aumento da consanguinidade, fenômenos que comprometem a aptidão individual e coletiva. Neves *et al.* (2021) demonstram que a compreensão das interações entre fauna e flora, através de estudos de polinização, oferece insights sobre conectividade ecológica e fluxo gênico, evidenciando a interdependência entre componentes da biodiversidade. A conservação genética de polinizadores, por exemplo, tem implicações diretas para a manutenção da diversidade genética de plantas, estabelecendo uma rede complexa de interações que deve ser considerada em estratégias de manejo.

A identificação de unidades de manejo geneticamente distintas permite priorizar populações para conservação e orientar decisões sobre translocações e reintroduções. Populações que apresentam alelos únicos ou que representam linhagens evolutivas distintas merecem atenção especial, pois sua perda resultaria em redução irreversível da diversidade genética. Oliveira e Destefani (2021) enfatizam que a sustentabilidade dos recursos genéticos depende da integração entre conservação *in situ* e *ex situ*, reconhecendo que estratégias complementares são necessárias para garantir a persistência de espécies ameaçadas. Bancos de germoplasma, criopreservação de gametas e programas de reprodução assistida

constituem ferramentas *ex situ* que podem complementar esforços de conservação em habitat natural, especialmente para espécies com populações criticamente reduzidas.

A diversidade genética influencia diretamente a capacidade das populações de responderem a mudanças ambientais, incluindo alterações climáticas, doenças emergentes e modificações de habitat. Populações com alta variabilidade genética apresentam maior probabilidade de abrigar indivíduos com genótipos adaptados a novas condições, aumentando a resiliência populacional. Oliveira *et al.* (2020) documentam que a compilação de listas de espécies, fundamentada em dados de distribuição e taxonomia, constitui passo inicial para avaliações de diversidade genética, estabelecendo a base para estudos moleculares subsequentes. O conhecimento da riqueza de espécies e sua distribuição geográfica permite identificar áreas prioritárias para conservação e orientar a alocação de recursos para estudos genéticos.

As unidades de conservação desempenham papel fundamental na manutenção da diversidade genética, oferecendo proteção legal a populações e seus habitats. Paz *et al.* (2020) analisam que a efetividade das unidades de conservação em regiões semiáridas depende de sua conectividade e tamanho, fatores que influenciam diretamente o fluxo gênico e a viabilidade genética das populações protegidas. Áreas protegidas isoladas podem funcionar como ilhas genéticas, onde populações experimentam deriva genética e endogamia, comprometendo sua viabilidade a longo prazo. A criação de corredores ecológicos e mosaicos de conservação pode mitigar esses efeitos, promovendo conectividade genética entre populações fragmentadas.

A sistemática molecular tem revolucionado a taxonomia, permitindo a identificação de espécies crípticas e a reavaliação de relações filogenéticas. Viana *et al.* (2024) destacam que avanços na sistemática de condrictes no Brasil refletem a integração de dados morfológicos e moleculares, resultando em descrições mais precisas da diversidade e em estratégias de conservação mais efetivas. A identificação correta de espécies é pré-requisito para estudos de diversidade genética, pois erros taxonômicos podem levar a interpretações equivocadas sobre estruturação populacional e fluxo gênico. A taxonomia integrativa, que combina múltiplas linhas de evidência, oferece uma abordagem robusta para delimitar espécies e unidades evolutivamente significativas, fundamentando decisões de conservação em bases científicas sólidas.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo objetivou analisar como a diversidade genética pode ser empregada como ferramenta estratégica para a conservação de espécies da fauna brasileira, integrando perspectivas moleculares, ecológicas e de manejo. A revisão da literatura evidenciou que marcadores moleculares, especialmente microssatélites, têm sido amplamente utilizados para quantificar variabilidade genética, identificar estruturação populacional e orientar decisões de conservação. Os resultados demonstram

que populações fragmentadas e isoladas apresentam redução da diversidade genética, fenômeno que compromete sua viabilidade a longo prazo e sua capacidade de resposta a mudanças ambientais. A integração de dados genéticos com informações ecológicas e biogeográficas permite uma compreensão holística da biodiversidade, fundamentando estratégias de conservação mais efetivas e cientificamente embasadas.

As contribuições deste trabalho residem na síntese crítica de conhecimentos dispersos na literatura, oferecendo uma visão panorâmica do estado da arte em genética da conservação aplicada à fauna brasileira. A identificação de padrões recorrentes, como a estruturação populacional em espécies de distribuição fragmentada, e de lacunas no conhecimento, como a sub-representação de invertebrados e peixes de água doce, orienta prioridades para pesquisas futuras. A análise evidenciou que a conservação genética transcende a manutenção de alelos individuais, buscando preservar processos evolutivos que geram e mantêm a diversidade, perspectiva que deve orientar políticas públicas e programas de manejo.

As limitações desta pesquisa incluem a dependência da qualidade e disponibilidade de publicações científicas, que podem não representar integralmente o conhecimento acumulado sobre o tema. Estudos não publicados, dados de monitoramento governamental e conhecimento tradicional de comunidades locais constituem fontes de informação que não foram plenamente incorporadas nesta revisão. A concentração de estudos em determinados táxons e biomas reflete vieses históricos na pesquisa biológica, limitando a generalização das conclusões para a fauna brasileira como um todo. A superação dessas limitações requer esforços coordenados de pesquisadores, gestores ambientais e formuladores de políticas públicas.

Estudos futuros devem priorizar táxons subrepresentados, como invertebrados, peixes de água doce e anfíbios, grupos que desempenham papéis ecológicos fundamentais, mas que permanecem pouco investigados do ponto de vista genético. A aplicação de tecnologias de sequenciamento de nova geração pode revolucionar a genética da conservação, permitindo a análise de genomas completos e a identificação de regiões genômicas sob seleção. A integração de dados genéticos com modelagem de distribuição de espécies e cenários de mudanças climáticas pode prever como populações responderão a alterações ambientais futuras, orientando estratégias de conservação proativas.

A conservação da diversidade genética da fauna brasileira requer abordagens integradas que considerem múltiplas escalas espaciais e temporais, desde a variabilidade genética dentro de populações até a diversidade filogenética entre espécies. A criação e manutenção de unidades de conservação conectadas, a restauração de habitats degradados e o controle de ameaças como caça ilegal e introdução de espécies exóticas constituem ações complementares à conservação genética. A participação de comunidades locais e o reconhecimento de seus direitos sobre recursos genéticos são

fundamentais para o sucesso de programas de conservação, garantindo que benefícios derivados da biodiversidade sejam compartilhados de forma justa e equitativa.

A diversidade genética representa não apenas um componente da biodiversidade, mas o fundamento para a persistência evolutiva das espécies frente às mudanças ambientais. A aplicação de ferramentas moleculares em programas de conservação permite decisões informadas, baseadas em evidências científicas robustas, aumentando a efetividade das intervenções e otimizando a alocação de recursos. O desafio que se impõe à comunidade científica e à sociedade consiste em traduzir conhecimentos genéticos em ações concretas de conservação, garantindo que as futuras gerações possam usufruir da riqueza biológica que caracteriza o Brasil como um dos países mega diversos do planeta.

REFERÊNCIAS

ALVES, A.; CARVALHO, A.; ARRUDA, J.; ROVEDA, A.; BRAGA, L.; ZORTÉA, K. et al. Transferibilidade de marcadores microssatélites de Garcinia gummi-gutta (L.) Roxb. e Garcinia indica (Thouars) Choisy. para Garcinia brasiliensis Mart. Observatorio de la Economía Latinoamericana, v. 23, n. 1, e8839, 2025. DOI: https://doi.org/10.55905/oelv23n1-226.

ALVES, E.; FREITAS, C.; OLIVEIRA, M.; SILVA, M. Parâmetros genéticos e dissimilaridade entre progênies de cupuaçuzeiro (Theobroma grandiflorum, Malvaceae) oriundas de polinização livre no sudeste paraense. Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável, v. 19, n. 1, p. 30-36, 2024. DOI: https://doi.org/10.18378/rvads.v19i1.9752.

APRIGIO, N.; FELICIANO, D.; FERRAZ, J.; SILVA, J.; GODOY, S. Diversidade genética e estruturação populacional da espécie endêmica do Paraná Zephyranthes paranaensis. 2021. DOI: https://doi.org/10.51189/rema/1231.

ATTADEMO, F.; FEBRÔNIO, A.; COLOSIO, A.; DOMIT, C.; KOLESNIKOVAS, C.; LUNA, F. et al. Identificação e classificação de patógenos com risco potencial de impactar as populações de cetáceos marinhos, como critério para efetivação de ações de conservação: revisão de literatura. Biodiversidade Brasileira (BioBrasil), v. 13, n. 4, 2023. DOI: https://doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v13i4.2271.

CARDOSO, E.; ROSSI, A.; OLIVEIRA, U.; RODRIGUES, A.; PEDRI, E.; TIAGO, A. et al. Caracterização fenotípica e molecular de Zingiber officinale Roscoe cultivado no norte de Mato Grosso, Brasil. Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais, v. 12, n. 6, p. 181-198, 2021. DOI: https://doi.org/10.6008/cbpc2179-6858.2021.006.0016.

COSTA, G.; SOUZA, L.; RAMALHO, P.; ARAÚJO, S.; BARBOSA, R.; COSTA, A. et al. Melhoramento genético do feijão comum: origem, diversidade e qualidade das sementes. Revista Caderno Pedagógico, v. 21, n. 10, e8659, 2024. DOI: https://doi.org/10.54033/cadpedv21n10-050.

GODOY, S.; FELICIANO, D.; SILVA, J.; RUAS, P.; RUAS, C. Diversidade genética de Mimosa hatschbachii. 2022. DOI: https://doi.org/10.51161/geneticon/8655.

GOUVÊA, T.; CLEMENTE, M.; SOUZA, M. Distribuição de Megaloptera (Insecta) no estado de Minas Gerais, sudeste do Brasil. Entomology Beginners, v. 1, e002, 2020. DOI: https://doi.org/10.12741/2675-9276.v1.e002.

LIRA, A.; GUILHERME, E.; SOUZA, M.; CARVALHO, L. Scorpions (Arachnida, Scorpiones) from the state of Acre, southwestern Brazilian Amazon. Acta Amazonica, v. 51, n. 1, p. 58-62, 2021. DOI: https://doi.org/10.1590/1809-4392202001551.

MARTHA, A. A agrobiodiversidade e seu papel em relação à variabilidade e aos recursos genéticos em pimenta Capsicum chinense. Cadernos de Ciência & Tecnologia, v. 38, n. 1, 26775, 2021. DOI: https://doi.org/10.35977/0104-1096.cct2021.v38.26775.

MONTEIRO, R.; CRUZ, C.; FRANÇA, B. Proteção do conhecimento das comunidades tradicional e governança do patrimônio genético no Brasil. Especiaria: Cadernos de Ciências Humanas, v. 20, 2023. DOI: https://doi.org/10.36113/especiaria.v20i0.3850.

NEVES, C.; BARROS, H.; DINIZ, M.; CORREIA, B.; FERREIRA, L.; SILVA, A. et al. Bees from an Island in the Delta of the Americas (Maranhão state, Brazil) and their Floristic Interactions. Sociobiology, v. 68, n. 3, e5783, 2021. DOI: https://doi.org/10.13102/sociobiology.v68i3.5783.

OLIVEIRA, A.; DESTEFANI, J. Recursos genéticos de caprinos: cenário e sustentabilidade. Revista Ifes Ciência, v. 7, n. 3, p. 1-8, 2021. DOI: https://doi.org/10.36524/ric.v7i3.1515.

OLIVEIRA, J.; GONZALEZ, R.; PASSOS, P.; VRCIBRADIC, D.; ROCHA, C. Non-Avian Reptiles of the state of Rio de Janeiro, Brazil: status of knowledge and commented list. Papéis Avulsos de Zoologia, v. 60, e20206024, 2020. DOI: https://doi.org/10.11606/1807-0205/2020.60.24.

PAZ, R.; PAZ, M.; FILHO, J.; LUCENA, R. Unidades de conservação na região semiárida do Brasil. Revista Brasileira de Gestão Ambiental e Sustentabilidade, v. 7, n. 17, p. 1283-1334, 2020. DOI: https://doi.org/10.21438/rbgas(2020)071718.

VIANA, S.; PETEAN, F.; SOARES, K. Chondrichthyan systematics in Brazil depicted: historical overview, research trends and future perspectives. Neotropical Ichthyology, v. 22, n. 3, 2024. DOI: https://doi.org/10.1590/1982-0224-2024-0011.