

RESUMO - CIENTÍFICO - BIODIVERSIDADE NO ANTROPOCENO

MODELAGEM PRELIMINAR DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES DE BAUNILHAS DE INTERESSE ECONÔMICO NO BRASIL

Joana Paula Da Silva Oliveira (joanapaulasoliveira@edu.unirio.br)

Rodrigo Tardin (rhtardin@gmail.com)

Introdução

A baunilha, extraída de orquídeas do gênero *Vanilla*, é uma das especiarias mais valiosas globalmente, com mercado projetado em USD 724,5 milhões em 2025. Predominantemente cultivada em regiões não nativas como Madagascar, enfrenta vulnerabilidades como monoculturas e mudanças climáticas. Parentes silvestres de culturas (CWRs) no Brasil, como *V. cribbiana*, *V. chamissonis*, *V. bahiana* e *V. phaeantha*, oferecem diversidade genética para resiliência, resistência a doenças e perfis aromáticos únicos, superando cultivares comerciais em vanilina. Essas espécies, restritas a biomas fragmentados como Mata Atlântica e Cerrado, enfrentam riscos de extinção por desmatamento e sobreexploração. A modelagem de distribuição de espécies (SDM) é essencial para identificar hotspots de biodiversidade, avaliar fatores ambientais e guiar conservação in situ e uso sustentável, preenchendo lacunas em estudos sul-americanos focados em Mesoamérica.

Material e Métodos

Registros de ocorrência (1970-2025) foram compilados de plataformas como GBIF, SpeciesLink e Re flora para as quatro espécies, com limpeza via CoordinateCleaner e rarefação espacial (10 km). A área acessível (M) foi

definida por convex hull com buffer de 50 km. Preditores ambientais incluíram variáveis climáticas (WorldClim), edáficas (SoilGrids), topográficas, vegetação (NDVI) e nuvem, selecionadas por correlação Pearson ($|r| < 0.7$) e VIF < 5 . Modelos foram ajustados com BIOMOD2 usando seis algoritmos (GLM, GAM, GBM, RF, MaxEnt, XGBoost), pseudo-ausências (10.000 por réplica) e validação cruzada (70/30%). Ensembles foram baseados em TSS ≥ 0.7 , com projeções binárias e contínuas sobre M.

Resultados

Os modelos apresentaram alto desempenho (AUC médio 0.93-0.98, TSS 0.76-0.87), com ensembles superando modelos individuais. Fatores chave variaram: *V. cribbiana* prefere baixa elevação e alta radiação solar; *V. chamissonis*, solos ácidos e moderada precipitação seca; *V. bahiana*, baixa precipitação seca e vento moderado; *V. phaeantha*, moderada precipitação úmida e areia. Hotspots totalizaram 67.646 km² para *V. cribbiana* (concentrados em BA, AP, PA), 1.072.894 km² para *V. chamissonis* (MS, SP, MG), 85.808 km² para *V. bahiana* (BA, ES, RJ) e 1.047.117 km² para *V. phaeantha* (MG, BA, GO). Sobreposição com áreas protegidas foi baixa (7-37%), com apenas 11,5% de hotspots de riqueza cobertos, destacando gaps na Bahia sul.

Discussão

Os resultados complementam estudos mesoamericanos, revelando viés sul-americano e potencial aromático brasileiro. Debates taxonômicos, como sinonímia entre *V. bahiana* e *V. phaeantha*, foram abordados separadamente, revelando nichos distintos apesar de sobreposições bioclimáticas. Hotspots desprotegidos enfatizam a necessidade de agroflorestas sustentáveis, integrando *Vanilla* com florestas nativas para preservar biodiversidade e serviços ecossistêmicos, alinhando com estratégias globais contra perda de habitat e mudanças climáticas. Modelos de consenso mitigaram sobreajuste, melhorando a precisão em 13-43% sobre modelos únicos.

Conclusão

Esta modelagem preliminar identifica hotspots prioritários para conservação e cultivo sustentável de *Vanilla* CWRs no Brasil, promovendo resiliência e novos caminhos para a cadeia global de baunilha. Recomenda-se análises filogenéticas, validações de campo e expansão de áreas protegidas para resolver incertezas taxonômicas e dependências polinizadoras, fomentando bioeconomia e agrobiodiversidade.

Palavras-chave: vanilla; modelagem de distribuição; conservação; hotspots.