

Genética



Capítulo

Genética

Louis Bernard Klaczko¹
Roberto Donizete Vieira¹

INTRODUÇÃO

Toda a diversidade dos seres vivos baseia-se em última instância na diversidade genética que está codificada nos genes, segmentos de moléculas de DNA. Em eucariotos (organismos com células verdadeiras) estas moléculas são encontradas no núcleo – associadas a proteínas em estruturas chamadas cromossomos – e em determinadas organelas. Nos animais as organelas com DNA são as mitocôndrias, e nas plantas são as mitocôndrias e os cloroplastos.

A Genética como disciplina estuda a transmissão, as alterações e a expressão dos genes, determinando as características fenotípicas. Ela, também, investiga a diversidade genética encontrada nas populações e nas espécies, e seu destino ao longo do tempo, isto é, sua evolução. É interessante notar que desde o início do século, pouco tempo depois da redescoberta das Leis de Mendel, a Genética já estava preocupada com a origem e manutenção da diversidade (Chetverikov, 1926; Fisher, 1930; Haldane, 1932; Wright, 1931, 1932).

A Genética pode ser dividida didaticamente em cinco subdisciplinas ou áreas, de acordo com as abordagens usadas e com o material investigado. A Citogenética focaliza os cromossomos e sua morfologia. A Genética Molecular (ou Biologia Molecular) analisa diretamente o DNA. A Genética Bioquímica estuda as variações protéicas, sobretudo de enzimas (isozimas). A Genética Quantitativa e a de Populações pesquisam as características de distribuição contínua (como, por exemplo, a altura) e as variações descontínuas (como, por exemplo, os diferentes padrões de coloração encontrados em espécies de mariposas, no melanismo industrial).

É importante notar que é necessária a existência de variabilidade para que seja possível utilizar as técnicas tradicionais da Genética – mendeliana e quantitativa – (Lewontin, 1974). Esta variabilidade pode ter origem natural (vinda de alguma população) ou ter sido induzida por algum mutagênico. Sem variantes genéticas não há como determinar o padrão de herança para qualquer caráter. Apenas por meio de técnicas e métodos citológicos (Citogenética), bioquímicos (isozimas) e moleculares que o estudo de caracteres invariantes é possível.

Ainda que o conhecimento da diversidade genética seja importante, ele não é necessariamente o objetivo primário do trabalho do geneticista. Frequentemente ele deseja estudar a adaptação de determinada população ao

¹ Departamento de Genética e Evolução, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas – UNICAMP.

ambiente (por exemplo, por intermédio das correlações de variáveis genéticas e variáveis ambientais); a estruturação de populações de uma dada espécie; a explicação dos mecanismos evolutivos de manutenção da diversidade; a comparação de espécies para detectar diferenças e(ou) para fazer inferências filogenéticas etc. Em conseqüência, quando um determinado táxon é estudado o conhecimento que se obtém sobre ele não é cumulativo, isto é, não se estuda primeiro a Citogenética com descrição de cariótipos, bandeamento, depois isozimas, até o seqüenciamento de fragmentos de DNA. Em geral, são utilizadas as técnicas mais poderosas à disposição dos pesquisadores para responder às questões de sua pesquisa, os limites normalmente são o custo e o domínio ("know-how") das metodologias pelos pesquisadores. Entretanto, há certa tendência dos geneticistas em permanecer trabalhando com um determinado táxon durante muito tempo e ir usando técnicas cada vez mais refinadas e(ou) modernas.

Portanto, uma avaliação do estado atual do conhecimento da biodiversidade genética do Brasil não pode ser um inventário de todos os dados publicados envolvendo cada uma das muitas técnicas e métodos sobre cada grupo de animais e plantas. O próprio trabalho da Genética não se desenvolve desta maneira. A análise da metodologia e dos objetivos que estão sendo usados pelos diversos grupos de pesquisa fornece um melhor diagnóstico da situação de seu desenvolvimento e do estado atual do conhecimento de uma determinada área. Além do mais, ao que tudo indica a informação que os pesquisadores estão interessados em transmitir e em recuperar é a que se gera *atualmente* nos vários grupos, e não a que se gerou. Quando iniciamos a preparação dos formulários, pareceu-nos que os informantes dificilmente viriam a dar o histórico de seu trabalho, mas que mencionariam, principalmente, os resultados mais recentes. E, de fato, foi o que ocorreu.

METODOLOGIA

Considerando que há milhares de genes por espécie e milhões de espécies de seres vivos e o exposto acima, estabelecemos alguns critérios para desenvolver o presente trabalho. Em primeiro lugar, só incluímos dados de animais e plantas silvestres (não-domésticas) brasileiras. E, mais importante, este trabalho não é – nem se propõe a ser – uma revisão bibliográfica exaustiva com dados sobre todas aquelas espécies. O objetivo é tentar diagnosticar o estado atual do conhecimento de diversidade genética no Brasil, fazendo uma amostragem das pesquisas em andamento no país, verificando os principais táxons que vêm sendo estudados, os objetivos destes estudos e os métodos em uso. Sobretudo, tentando categorizá-los em função do tipo de informação que geram e(ou) grau de complexidade. Com isto, podemos inferir o limite de trabalho de cada grupo e ter subsídios – sobre recursos de análise e de pessoal disponível – que nos auxiliem no planejamento de uma política científica.

Em função disto, para realizar esta avaliação, foi elaborado um formulário estruturado com sete fichas. Com a primeira ficha objetivou-se coletar dados sobre o pesquisador, membros da equipe e instituição (endereços, titulação, vínculo empregatício etc.), E com a última listar as referências bibliográficas do trabalho do grupo (autores, ano, revista etc.). As demais corresponderam a cada uma das cinco subdisciplinas da Genética.

Nas cinco fichas referentes às áreas da Genética havia espaços para citar os táxons estudados; identificação de sua família e ordem; localidades estudadas; *habitats*; citação das referências relevantes (completadas na última

ficha), e uma breve descrição dos principais resultados e conclusões (uma a três frases). Além disto, havia dois campos para obter informações mais dirigidas, isto é, onde o informante deveria selecionar as respostas entre uma série apresentada (naturalmente, havia sempre espaço para *outras* respostas). Os objetivos e métodos eram específicos para cada área, devendo servir de ferramentas para a classificação dos trabalhos. Desta forma pudemos tentar detectar as lacunas da situação brasileira no que tange a três aspectos fundamentais: organismos, áreas e técnicas e métodos usados em cada uma das áreas da Genética.

AMOSTRAGEM

Resumos do 42º Congresso da Sociedade Brasileira de Genética

Para a coleta dos dados utilizamos, inicialmente, os Resumos publicados do 42º Congresso da Sociedade Brasileira de Genética (SBG) realizado em Caxambu em 1996, cujo tema foi Biodiversidade Genética. Depois de examinar cada um, os resumos relevantes relacionados à biodiversidade genética de espécies nativas de animais e plantas foram selecionados. Deles foram retiradas as informações para preencher 242 fichas no total, como discriminadas na Tabela 1.

Tabela 1. Número de fichas preenchidas, para cada uma das cinco áreas da Genética (e porcentagem do total), a partir dos Resumos do 42º Congresso da Sociedade Brasileira de Genética, Caxambu, 1996. Cada ficha preenchida corresponde a um resumo diferente.

	Área	Nº	%
Ficha 2	Citogenética	142	58,7
Ficha 3	Isozimas	34	14,0
Ficha 4	Molecular	40	16,5
Ficha 5	C. Quantitativos	22	9,1
Ficha 6	Polimorfismos	4	1,7
TOTAL		242	

O objetivo deste conjunto de dados era testar o formulário e também obter uma amostra que não tivesse o viés do sistema de consulta-resposta. Isto é, todos os trabalhos relevantes foram incluídos, independentemente do tamanho e importância do grupo de pesquisa, bem como da disponibilidade em responder a uma consulta.

Consulta a Pesquisadores

Depois de testar o formulário usando os Resumos do Congresso, ele foi enviado a 80 pesquisadores, líderes de grupos de pesquisa no País, com uma carta de encaminhamento explicando seu preenchimento bem como os objetivos do projeto e o uso a ser feito das informações coletadas. A lista de pesquisadores foi elaborada a partir do trabalho prévio com os Resumos verificando os pesquisadores com contribuição na área. Além disto, foram pesquisados os Bancos de Dados: "Diretório dos Grupos de Pesquisa no Brasil – versão 2.0" e "Diretório Prossiga", ambos do CNPq.

Os pesquisadores que não responderam de imediato devolvendo os formulários foram contatados uma segunda vez por correspondência eletrônica, reiterando o pedido. No total dos 80 pesquisadores consultados, 33 responderam preenchendo os formulários. Naturalmente, em função de seu tipo de pesquisa, alguns pesquisadores responderam preenchendo apenas uma ficha enquanto outros preencheram várias. Os números totais de fichas preenchidos em função das áreas da Genética estão mostrados na Tabela 2.

Tabela 2. Número (e porcentagem do total) de fichas, para cada uma das cinco áreas da Genética, preenchidas pelos 33 pesquisadores que responderam entre os 80 consultados.

	Área	Nº	%
Ficha 2	Citogenética	42	40
Ficha 3	Isozimas	17	16
Ficha 4	Molecular	24	23
Ficha 5	C. Quantitativos	20	19
Ficha 6	Polimorfismos	3	3
Total		106	

Na Tabela 3 encontram-se por estado do País, os números e porcentagens de pesquisadores a quem foram enviados os formulários, os números e porcentagens dos que responderam e as origens dos Resumos do 42º Congresso da Sociedade de Genética. Existem disparidades entre os três conjuntos. Mas, de forma geral, São Paulo é o Estado mais representado, tanto nos formulários recebidos quanto nos resumos (61% e 46%, respectivamente), os demais estados do Sudeste têm 12 e 15% (formulários recebidos e resumos, respectivamente), os estados do Sul apresentam valores de 15 e 17% e os estados das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste agrupados têm 12% dos formulários e 22% dos resumos.

As discrepâncias observadas, na verdade, são bem menores entre os pesquisadores a quem foram enviados os formulários e os resumos. Assim, as proporções nestes dois conjuntos de dados para São Paulo são, respectivamente, 44 e 46%. Para os estados do Norte, Nordeste e Centro-Oeste são 21 e 22%, respectivamente. É interessante notar que a participação de São Paulo aumenta quase 20% nos formulários devolvidos (passa de 44% para 61%), o que significa uma taxa de retorno de 57%. Isto se dá, em parte, à custa de uma baixa taxa de retorno de formulários dos pesquisadores das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste. Passam de 22% do total a 12%, devido a uma taxa de retorno de apenas 24% (4 pesquisadores, entre 17 consultados, responderam).

Tabela 3. Quadro comparativo da participação de cada Estado (#: número e %: porcentagem do total) entre os pesquisadores a quem os formulários foram enviados; entre os pesquisadores que devolveram os formulários; e entre autores dos Resumos do 42º Congresso da Sociedade Brasileira de Genética.

Estados	Enviados		Devolvidos		Resumos	
	#	%	#	%	#	%
São Paulo	35	43,8	20	60,6	143	45,7
Rio Grande do Sul	12	15,0	4	12,1	29	9,3
Paraná	7	8,8	1	3,0	23	7,3
Amazonas	6	7,5	2	6,1	13	4,2
Rio de Janeiro	4	5,0	2	6,1	17	5,4
Minas Gerais	4	5,0	2	6,1	28	8,9
Pernambuco	4	5,0	0	0	18	5,6
Distrito Federal	3	3,8	2	6,1	7	2,2
Goiás	2	2,5	0	0	6	1,9
Pará	2	2,5	0	0	19	6,1
Santa Catarina	1	1,3	0	0	2	0,6
Tocantins					1	0,3
Paraíba					5	1,6
Maranhão					1	0,3
Bahia					1	0,3
Total	80		33		313	

CITOGENÉTICA

Ainda que na maioria das espécies o número cromossômico seja constante, há várias espécies em que isto não ocorre. Normalmente, a variação numérica, quando encontrada, é fruto da fusão (ou fissão) de cromossomos por seus centrômeros – chamada de fusão Robertsoniana – que gera heterozigotos equilibrados (com todo o conjunto cromossômico) e viáveis. Isto gera um polimorfismo balanceado com a presença na mesma população de indivíduos com um ou dois cromossomos a mais que aqueles com menor número (representando, respectivamente, os heterozigotos para a translocação, e o homozigoto para os cromossomos separados); entretanto, isto não é obrigatório. Evidentemente, há variações de número entre espécies, além das causadas por fusões e fissões Robertsonianas. Entre elas podem-se destacar as que são múltiplas do complemento básico de uma espécie (autopoliploidia) ou múltiplas da soma dos complementos de duas espécies (alopoliploidia). Deve-se notar que a poliploidia é um importante mecanismo de especiação entre angiospermas.

Além das alterações de número, há as alterações de estrutura. Podem-se destacar as deficiências ou deleções (perdas de pedaço), as duplicações, as translocações (troca de pedaços entre cromossomos não homólogos) e as inversões (segmentos do cromossomo que estão invertidos). Em diversos organismos foi encontrada variação nas populações naturais quanto a inversões, isto é, a presença de dois ou mais arranjos cromossômicos em frequências ponderáveis. Naturalmente, para que se possa detectar a presença de inversões é necessário que o cromossomo apresente marcadores ao longo de seu comprimento. Isto, em geral, ocorre quando se dispõe de material e(ou) técnica favoráveis (cromossomos politênicos ou bandeamento).

Análise dos Objetivos

Para a citogenética foram pré-definidas as seguintes opções de objetivos:

1. Caracterização do padrão da(s) espécie(s);

2. Descrição da variação intrapopulacional;
3. Comparações entre populações;
4. Caracterização da variação geográfica;
5. Ocorrências de clines e(ou) correlações com o ambiente;
6. Correlação de variáveis genéticas com variáveis morfológicas ou fisiológicas;
7. Comparações interespecíficas;
8. Inferências filogenéticas;
9. Outros (especifique).

Os itens 1 a 6 correspondem a um aumento progressivo de complexidade na caracterização da variabilidade genética intraespecífica, partindo da pura descrição pela variação do padrão geral da espécie, até a tentativa de interpretação ou busca de significado adaptativo. Os itens 1, 7 e 8 são também uma seqüência de aumento de complexidade, no estudo da variação interespecífica. Desde a caracterização de cada espécie até as comparações entre espécies – em geral de natureza apenas descritiva – alcançando as inferências filogenéticas.

Métodos

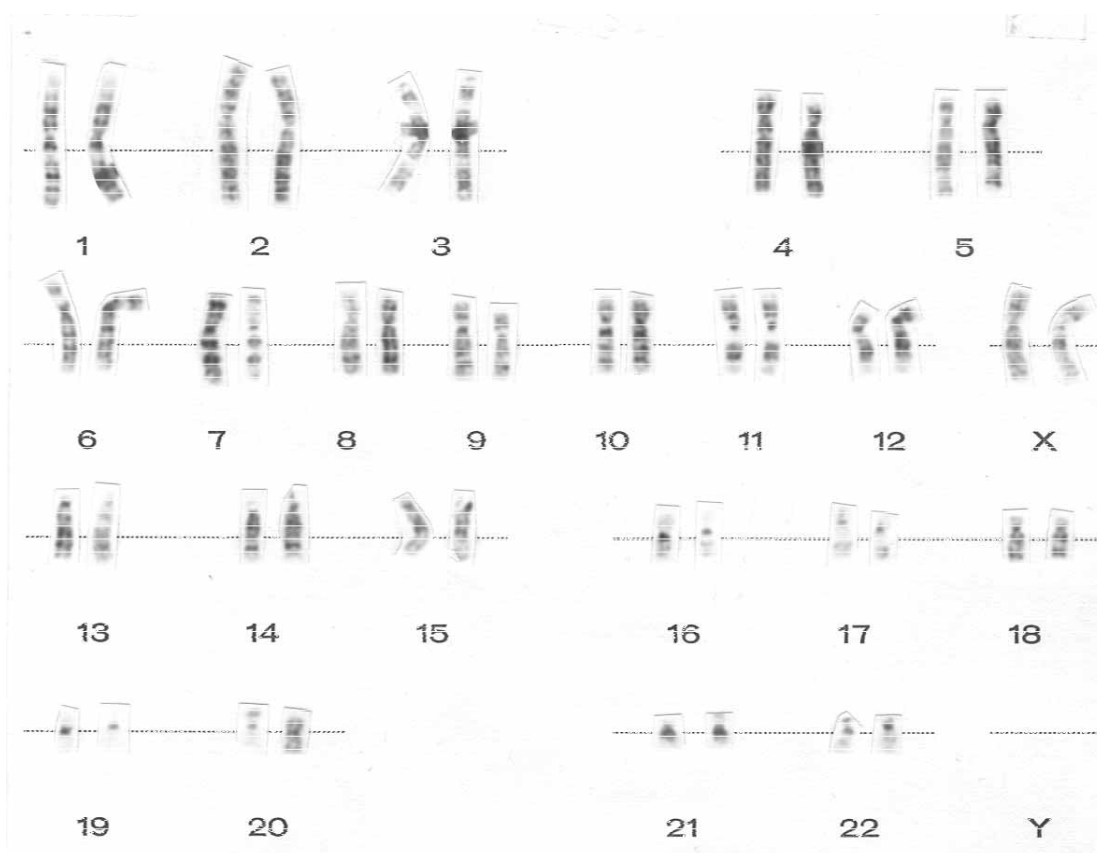
Na citogenética foram sugeridos alguns métodos para serem selecionados:

1. Apenas contagem de cromossomos;
2. Cariótipo simples;
3. Banda C;
4. Banda G;
5. Fluorocromos A/T específicos (DA/DAPI);
6. Fluorocromos G/C específicos (CMA, MM);
7. Região organizadora do nucléolo (NOR);
8. Hibridização *in situ*;
9. Cromossomos Politênicos;
10. Outros (especifique):

Estes métodos podem ser divididos em três categorias de complexidade e(ou) quantidade de informação. Em primeiro lugar, os itens 1 e 2 representam a obtenção de informação mais simples. A confecção do cariótipo pode ser muito informativa, sobretudo, para estudos com objetivos de comparações interespecíficas. Normalmente, examinam-se o número, o tamanho e a forma dos cromossomos – posição do centrômero e(ou) presença e posição de constrições – buscando encontrar diferenças e semelhanças. A técnica é relativamente simples; parte-se de material apropriado rico em divisões celulares, mitóticas ou meióticas (por exemplo, gânglio cerebral de dípteros; testículos; medula óssea em roedores; ponta da raiz ou anteras em plantas). Este material pode ser tratado com colchicina para enriquecimento do número de células em divisão e é, apropriadamente, corado, esmagado e analisado ao microscópio.

Quando os cromossomos são tratados com ácido e a seguir corados com Giemsa, há o aparecimento de um padrão de bandas claras e escuras ao longo dos cromossomos que é consistente intraespecificamente – as bandas formadas passaram a ser chamadas Bandas G (Figura 1). Este padrão é o resultado da

ligação preferencial do corante a algumas regiões do cromossomo. Acreditava-se, neste caso específico, que as diferenças entre bandas claras e escuras eram devidas à proporção relativa de bases (ricas em G/C para as regiões claras, ou A/T para escuras). No entanto, atualmente, pensa-se que provavelmente é devido ao padrão de condensação do material cromossômico. Além do Giemsa, outros corantes têm o mesmo comportamento, ligando-se preferencialmente a regiões diversas dos cromossomos. Há a quinacrina (bandas Q) e há também fluorocromos que são específicos para regiões ricas em A/T (DA/DAPI) e outros para regiões ricas em G/C (CMA, MM). Há ainda coloração utilizando prata, que permite evidenciar a região organizadora do nucléolo (NOR). Todas estas técnicas de bandeamento permitem subdividir o cromossomo em várias regiões, acrescentando, portanto um grau maior de informação ao cariótipo.



Fonte: Denise Pontes Cavalcanti

Figura 1. Cariótipo humano com bandas G.

Em dípteros, por exemplo, em *Drosophila*, em *Sciara*, ou em mosquitos, ocorrem cromossomos politênicos. Eles estão presentes em células em intérfase e são o fruto de muitas duplicações do DNA sem as divisões celulares correspondentes, isto é, sem a separação das cromátides. À medida que este processo avança, o número de réplicas de DNA aumenta e os cromossomos vão se tornando cada vez mais avolumados e com maior diâmetro. Quando eles são corados e observados ao microscópio, verifica-se que apresentam um padrão de bandas típico (Figura 2). Apesar de ser uma técnica muito simples e barata, o número de bandas dos cromossomos politênicos é muito maior que o obtido com as técnicas de bandeamento mencionadas acima.

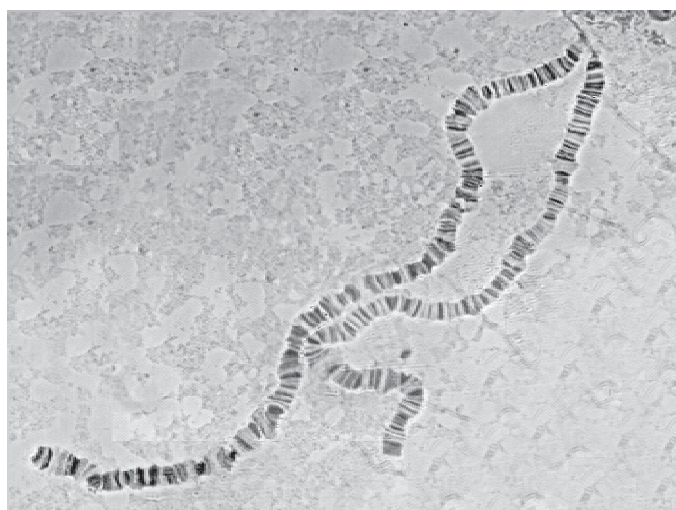


Figura 2. Cromossomos Politênicos de *Drosophila mediopunctata* (cromossomos II e IV)
(Fonte: Galina Ananina & Louis B. Klaczko).

O método de análise mais sofisticado da Citogenética – constituindo a terceira categoria – é a hibridização *in situ*. Aqui se toma uma sonda de um segmento de DNA conhecido e apropriadamente marcado (por fluorescência ou com isótopo radioativo). A sonda é colocada em contato com uma preparação em que os cromossomos estão levemente desnaturados. O tratamento adequado do material garante a ligação específica entre a sonda e o gene correspondente *in situ*. A revelação permite a identificação do local onde o gene se encontra no cromossomo. Quando se usa a fluorescência, a técnica é chamada de “fluorescent in situ hybridization” (FISH).

Dados do Congresso da Sociedade Brasileira de Genética

Analisando o banco de dados criado com os Resumos do Congresso da SBG, encontramos: 7 fichas usando hibridização *in situ*; 2 analisando cromossomos politênicos; 16 com bandeamento com fluorocromos e 3 com bandeamento por enzimas de restrição; 58 com algum outro tipo de bandeamento (G, NOR, etc.); 40 com cariótipo simples; e 11 com apenas contagem dos cromossomos; 4 com alguma outra metodologia e 28 não-informativas. Desta forma, podemos dizer que entre as respostas válidas 36% correspondem a trabalhos em que se está obtendo a informação mais simples; 57% com técnicas envolvendo bandeamento (ou similares) que fornecem um grau maior de informação, e 6% técnicas que têm grau máximo de definição.

Quanto aos objetivos, encontramos 33 resumos ligados ao estudo da variação interespecífica, sendo que 12 buscaram fazer inferências filogenéticas e os 21 restantes, apenas comparações entre espécies. O estudo da variação intraespecífica ficou caracterizado em 25 resumos, dos quais 18 descrevem a variação intrapopulacional e fazem comparações entre populações, 3 caracterizam a variação geográfica e 4 buscam por clines. No total, 73 resumos tinham por objetivo apenas descrever o padrão de uma dada espécie; houve ainda 8 resumos com outros objetivos (associação com elementos de transposição, entre outros). Portanto, 52% dos trabalhos têm objetivo estritamente descritivo e 17% têm objetivos interpretativos. As famílias e ordens estudadas de plantas e de animais estão respectivamente nas Tabelas 4 e 5.

Tabela 4. Famílias e Ordens de Plantas nos Resumos na Área de Citogenética.

Divisão Classe	Ordem	Família
ANGIOSPERMAE <i>Dicotyledoneae</i>	<i>Urticales</i>	<i>Moraceae</i>
		<i>Cannabaceae</i>
	<i>Fabales</i>	<i>Fabaceae</i>
	<i>Geraniales</i>	<i>Euphorbiaceae</i>
	<i>Rutales</i>	<i>Malpighiaceae</i>
	<i>Sapindales</i>	<i>Sapindaceae</i>
	<i>Violales</i>	<i>Passifloraceae</i>
	<i>Cucurbitales</i>	<i>Cucurbitaceae</i>
	<i>Myrtales</i>	<i>Rhizophoraceae</i>
	<i>Gentianales</i>	<i>Apocynaceae</i>
	<i>Scrophulariales</i>	<i>Convolvulaceae</i>
		<i>Solanaceae</i>
ANGIOSPERMAE <i>Monocotyledoneae</i>	<i>Liliales</i>	<i>Iridaceae</i>
	<i>Arales</i>	<i>Araceae</i>

Dados de Respostas dos Pesquisadores

Analisando o banco de dados criado com as fichas preenchidas e devolvidas pelos pesquisadores encontramos: 16 (38%) que usam hibridização *in situ*; 6 (14%) que analisam cromossomos politênicos; 4 (10%) usam bandeamento com fluorocromos e 12 (29%), com algum outro tipo de bandeamento (G, NOR, C, R) e 5 (12%) fazem uso de cariótipo simples ou apenas de contagem de cromossomos.

Quanto aos objetivos, 37 fichas estavam ligadas ao estudo da variação interespecífica, dos quais 30 (81%) buscaram fazer inferências filogenéticas e as 7 (19%) restantes apenas comparações entre espécies. O estudo da variação intraespecífica ficou caracterizado em 5 fichas, sendo que 2 descreveram variação intrapopulacional e fizeram comparações entre populações, e outras 3 buscaram clines ou interpretações para o significado biológico da variação encontrada.

As famílias e ordens de animais que os pesquisadores relataram estudar estão na Tabela 6.

Tabela 5. Famílias e Ordens de Animais nos Resumos na Área de Citogenética.

FILO Classe	Ordem	Família
PLATYHELMINTHES <i>Turbellaria</i>	<i>Tricladida</i>	<i>Rhynchodemidae</i>
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Orthoptera</i>	<i>Gryllidae</i>
		<i>Romaleidae</i>
		<i>Phalangopsidae</i>
	<i>Neuroptera</i>	<i>Chrysopidae</i>
		<i>Myrmeleontidae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Gelechiidae</i>
		<i>Heliconiidae</i>
		<i>Nymphalidae</i>
		<i>Pyralidae</i>
	<i>Diptera</i>	<i>Culicidae</i>
		<i>Drosophilidae</i>
		<i>Sarcophagidae</i>
		<i>Sciaridae</i>
		<i>Tephritidae</i>
	<i>Coleoptera</i>	<i>Bruchidae</i>
<i>Curculionidae</i>		
<i>Loxoscelidae</i>		

(continua)

Tabela 5 (continuação).

FILO <i>Classe</i>	Ordem	Família
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Hymenoptera</i>	<i>Anthophoridae</i>
		<i>Apidae</i>
		<i>Eurytomidae</i>
		<i>Formicidae</i>
		<i>Vespidae</i>
ARTHROPODA <i>Chelicerata</i>	<i>Araneae</i>	<i>Sicariidae</i>
CHORDATA <i>Osteichthyes</i>	<i>Anguilliformes</i>	<i>Muraenidae</i>
	<i>Characiformes</i>	<i>Characidae</i>
		<i>Characidiinae</i>
		<i>Curimatidae</i>
		<i>Parontidae</i>
		<i>Prochilodontidae</i>
	<i>Gymnotiformes</i>	<i>Gymnotidae</i>
<i>Siluriformes</i>	<i>Pimelodidae</i>	
	<i>Trichomycteridae</i>	
CHORDATA <i>Amphibia</i>	<i>Anura</i>	<i>Antennaridae</i>
		<i>Brachycephalidae</i>
		<i>Bufo</i>
		<i>Hylidae</i>
		<i>Leptodactylidae</i>
CHORDATA <i>Reptilia</i>	<i>Sauria</i>	<i>Gekkonidae</i>
		<i>Gymnophthalmidae</i>
	<i>Squamata</i>	<i>Polychrotidae</i>
CHORDATA <i>Aves</i>	<i>Passeriformes</i>	<i>Emberizidae</i>
	<i>Psittaciformes</i>	<i>Psittacidae</i>
	<i>Tinamiformes</i>	<i>Tinamidae</i>
	CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Marsupialia</i>
<i>Marmosidae</i>		
<i>Chiroptera</i>		<i>Mossolidae</i>
		<i>Phyllostomidae</i>
		<i>Mormoopidae</i>
<i>Primates</i>		<i>Atelidae</i>
<i>Rodentia</i>		<i>Caviidae</i>
		<i>Cricetidae</i>
		<i>Dasyproctidae</i>
		<i>Erethizontidae</i>
		<i>Octodontidae</i>
		<i>Sigmodontinae</i>
		<i>Carnivora</i>
<i>Sirenia</i>		<i>Trichechidae</i>
<i>Artiodactyla</i>	<i>Tayassuidae</i>	

Tabela 6. Famílias e ordens de animais mencionadas pelos pesquisadores nos estudos em Citogenética.

FILO <i>Classe</i>	Ordem	Família
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Diptera</i>	<i>Drosophilidae</i>
		<i>Tephritidae</i>
	<i>Hymenoptera</i>	<i>Apidae</i>
CHORDATA <i>Osteichthyes</i>	<i>Characiformes</i>	<i>Sphecidae</i>
		<i>Anostomidae</i>
		<i>Characidae</i>
		<i>Curimatidae</i>
		<i>Gasteropelecidae</i>
		<i>Prochilodontidae</i>
		<i>Serrasalminidae</i>
	<i>Perciformes</i>	<i>Cichlidae</i>
		<i>Sciaenidae</i>

(continua)

Tabela 6 (Continuação).

FILO Classe	Ordem	Família
CHORDATA <i>Osteichthyes</i>	<i>Gymnotiformes</i>	<i>Gymnotidae</i>
		<i>Sternopygidae</i>
	<i>Siluriformes</i>	<i>Callichthyidae</i>
		<i>Loricariidae</i>
		<i>Pimelodidae</i>
CHORDATA <i>Reptilia</i>	<i>Squamata</i>	<i>Gekkonidae</i>
		<i>Gymnophthalmidae</i>
		<i>Tropiduridae</i>
CHORDATA <i>Aves*</i>	<i>Passeriformes</i>	<i>Emberizidae</i>
	<i>Tinamiformes</i>	<i>Tinamidae</i>
	<i>Psittaciformes</i>	<i>Psittacidae</i>
CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Rodentia</i>	<i>Cricetidae</i>
		<i>Echimyidae</i>
		<i>Muridae</i>
	<i>Chiroptera</i>	<i>Molossidae</i>
		<i>Phyllostomidae</i>
	<i>Artiodactyla</i>	<i>Tayassuidae</i>

*Um pesquisador consultado relatou estudar todas as ordens de Aves.

ISOZIMAS

A partir da década de 1960 a eletroforese de proteínas passou a ser utilizada na Genética com o objetivo de detectar variabilidade genética em populações (Harris, 1966; Hubby & Lewontin, 1966; Lewontin & Hubby, 1966). O princípio básico da eletroforese é colocar uma mistura de proteínas que se quer analisar num suporte apropriado – papel, acetato de celulose, gel de amido, gel de acrilamida – e submetê-la a um campo elétrico. Em função de sua carga elétrica, as proteínas vão migrar em direção a um dos eletrodos (Figura 3). Sua migração será tanto mais rápida quanto maior for sua carga elétrica, menor seu tamanho e mais compacta sua conformação. Assim, na medida em que as proteínas apresentam diferenças nestas características elas migram diferencialmente e, ao final de algum tempo, é possível separá-las.

Depois da migração o gel é corado ou revelado. Se a proteína estiver em grande quantidade, como por exemplo, a albumina no soro de mamíferos, um corante geral para proteínas permite identificar sua localização no gel. No entanto, no caso de enzimas que estão em baixa concentração no material usado a estratégia é diferente. Coloca-se o gel numa solução que contém o(s) substrato(s) da reação que a enzima catalisa. Colocam-se, também, corantes que se ligam a um dos produtos da reação e que precipitam. Assim, a presença da enzima pode ser detectada pelo aparecimento de uma mancha no gel, que é o resultado da precipitação do corante no local onde ocorreu a reação (veja revisão em Alfenas, 1998). Com esta técnica foi possível verificar que há grande variabilidade genética, isto é, para a mesma enzima ocorrem formas com diferentes mobilidades eletroforéticas que são chamadas isozimas (Figura 4).

Para as isozimas foram fornecidas as mesmas opções dadas no formulário de Citogenética, acrescidas apenas de "Caracterização da estrutura populacional".

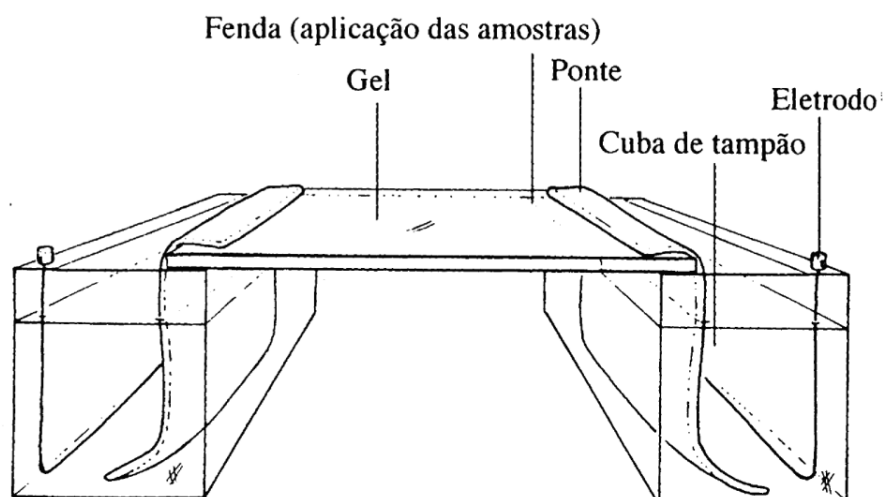


Figura 3. Esquema descrevendo o procedimento de eletroforese (veja texto)

Fonte: Solferini & Selivon, 2001



Figura 4. Isozimas: Isocitrato desidrogenase de *Cochliomyia hominivorax*.

Fonte: M. I. Infante-Malachias & V. N. Solferini

Métodos

Atualmente, há um número muito grande de técnicas à disposição. No formulário, além do espaço para acrescentar outras, damos opção para as seguintes proteínas: proteínas totais; adenosina deaminase, aspartato amino transferase (glutamato oxalo acetato transaminase); fosfatase ácida; aconitase; álcool desidrogenase; aldolase; aldeído oxidase; amilase; catalase; esterase; fumarase; galactose desidrogenase; glicero-3-fosfato desidrogenase; glicose 6 fosfato desidrogenase; hidroxibutírico desidrogenase; hexoquinase; isocitrato desidrogenase; leucino amino peptidase; lactato desidrogenase; malato desidrogenase; manose 6 fosfato isomerase; enzima málica; octanol desidrogenase; peptidase; peroxidase; 6 fosfogluconato desidrogenase; fosfo glico isomerase; fosfoglucomutase; superóxido dismutase; transferrinas; xantina desidrogenase.

Uma enzima não é necessariamente mais informativa que a outra. Há diferenças de custo e também algumas enzimas (por exemplo, esterases) tendem a ser mais variáveis, apresentando muitas bandas condicionadas por vários locos nos mais diversos organismos.

Pedimos, também, os seguintes números: total de sistemas analisados; total de locos; total de indivíduos; mínimo e máximo de indivíduos por população. Avise (1994), fazendo uma revisão de dados de heterozigiosidade (variabilidade genética) publicados sobre 1803 espécies de plantas e animais, encontrou uma média de 20 locos por trabalho. Portanto, pode-se considerar que, para trabalhos que pretendam medir variabilidade genética, um bom número de locos estudado seja superior a 20. Entre 10 e 20 pode ser visto como razoável e menor do que 10, pequeno. Da mesma forma, pode-se admitir que um número de sistemas enzimáticos acima de 20 é excelente; entre 10 e 20, bom; entre 5 e 10, razoável; e até 5, pequeno.

Dados do Congresso da Sociedade Brasileira de Genética

Num total de 34 formulários com respostas válidas foi relatado o uso de 132 sistemas, dos quais os mais usados foram estão na Tabela 7.

Dos 34 resumos, 11 tinham por objetivo estudar a variação interespecífica, dos quais apenas 4 pretendiam fazer inferências filogenéticas. Dos 22 resumos restantes, 5 tinham por objetivo a comparação de populações e todos os demais (representando 72%) são apenas descritivos.

O número de sistemas usado por trabalho foi em média 8,1, sendo que 9 (36%) com menos de 5 sistemas; 9 (36%) entre 5 e 10; 6 (24%) usando entre 10 e 20; e apenas 1 (4%) mais de 20. O número médio de locos estudados por trabalho foi de 12,1 sendo 8 (42%) trabalhos analisando menos de 10; 6 (32%) entre 10 e 20 locos; e 5 (26%) mais de 20 locos. Em média foram analisados 340 indivíduos, sendo que este número variou de 13 a 2.120. O número médio de locos analisados por trabalho, isto é, o produto "número total de indivíduos" x "número de locos" foi 3.551 e variou de 78 a 19.646.

Tabela 7. Porcentagens em que os vários sistemas de isozimas foram empregados nos Resumos do Congresso e nas respostas dadas pelos pesquisadores.

	Resumos	Pesquisadores
Proteínas totais	3	0
Aspartato amino transferase (glutamato oxalo acetato transaminase)	4	9
Fosfatase ácida	5	9
Álcool desidrogenase	4	7
Esterase	16	14
Galactose desidrogenase	3	4
Glicero-3-fosfato desidrogenase	4	3
Glicose 6 fosfato desidrogenase	5	5
Hexoquinase	0	5
Isocitrato desidrogenase	12	13
Leucino aminopeptidase	6	10
Lactato desidrogenase	4	2

(continua)

Tabela 7 (Continuação).

	Resumos	Pesquisadores
Malato desidrogenase	13	12
Enzima málica	9	9
Peptidase	0	7
Peroxidase	6	2
Fosfogluconato desidrogenase	2	6
Fosfoglicoisomerase	11	9
Fosfoglucomutase	14	13
Superóxido dismutase	4	2

As famílias e ordens de plantas e animais relatadas nos resumos estão nas Tabelas 8 e 9, respectivamente.

Tabela 8. Famílias e Ordens de Plantas nos Resumos para Isozimas.

Divisão Classe	Ordem	Família
ANGIOSPERMAE <i>Dicotyledoneae</i>	<i>Asterales</i>	<i>Asteraceae</i>
	<i>Cactales</i>	<i>Cactaceae</i>
	<i>Rosales</i>	<i>Leguminosae</i>
	<i>Rutales</i>	<i>Meliaceae</i>
	<i>Sapindales</i>	<i>Anacardiaceae</i>
	<i>Myrtales</i>	<i>Lecythidaceae</i>
		<i>Melastomataceae</i>
<i>Gentianales</i>	<i>Plocospermataceae</i>	
ANGIOSPERMAE <i>Monocotyledoneae</i>	<i>Graminales</i>	<i>Poaceae</i>

Tabela 9. Famílias e Ordens de Animais nos Resumos para Isozimas.

FILO Classe	Ordem	Família
MOLLUSCA <i>Gastropoda</i>	<i>Mesogastropoda</i>	<i>Littorinidae</i>
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Diptera</i>	<i>Culicidae</i>
		<i>Tephritidae</i>
	<i>Hymenoptera</i>	<i>Apidae</i>
		<i>Vespidae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Pieridae</i>
<i>Orthoptera</i>	<i>Acrididae</i>	
	<i>Romaleidae</i>	
CHORDATA <i>Osteichthyes</i>	<i>Characiformes</i>	<i>Anostomidae</i>
		<i>Characidae</i>
	<i>Siluriformes</i>	<i>Loricariidae</i>
		<i>Pimelodidae</i>
CHORDATA <i>Aves</i>	<i>Columbiformes</i>	
CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Rodentia</i>	<i>Cricetidae</i>

Dados de Respostas dos Pesquisadores

Num total de 17 formulários com respostas válidas foi relatado o uso de 180 sistemas, dos quais os mais usados estão na Tabela 7 (note que o número máximo possível é 17).

Dos 17 formulários recebidos, 10 tinham por objetivo estudar a variação interespecífica, dos quais metade pretendia fazer inferências filogenéticas e metade comparações entre espécies. Dos 7 restantes, 5 tinham por objetivo estudar a estrutura de populações, ou buscar clines, ou correlação com variáveis ambientais, enquanto apenas 2 eram apenas descritivos.

O número de sistemas usado por trabalho foi em média 11,3. Destes, 2 (11%) usaram até 5 sistemas; 5 (33%) entre 5 e 10; e 9 (50%) entre 10 e 20. O número médio de locos estudados por trabalho foi de 20, dos quais 9 trabalhos analisaram de 10 até 20 (inclusive), e 7 analisaram 20 ou mais locos. Em média, foram analisados 539 indivíduos, sendo que este número variou de 100 a 1.516. O número médio de locos analisados por trabalho, isto é, o produto "número total de indivíduos" x "número de locos" foi 9.016 e variou de 1.000 a 21.000.

As famílias e ordens de plantas e animais relatadas pelos pesquisadores nos estudos de isozimas estão nas Tabelas 10 e 11, respectivamente.

Tabela 10. Famílias e ordens de Plantas mencionadas pelos pesquisadores nos estudos em Isozimas.

Divisão Classe	Ordem	Família
ANGIOSPERMAE <i>Dicotyledoneae</i>	<i>Asterales</i>	<i>Asteraceae</i>
	<i>Cactales</i>	<i>Cactaceae</i>
	<i>Sapindales</i>	<i>Anacardiaceae</i>
ANGIOSPERMAE <i>Monocotyledoneae</i>	<i>Orchidales</i>	<i>Orchidaceae</i>

Tabela 11. Famílias e ordens de Animais mencionadas pelos pesquisadores nos estudos em Isozimas.

FILO Classe	Ordem	Família
MOLLUSCA <i>Gastropoda</i>	<i>Mesogastropoda</i>	<i>Littorinidae</i>
	<i>Archaeogastropoda</i>	<i>Patellidae</i>
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Diptera</i>	<i>Calliphoridae,</i>
		<i>Drosophilidae</i>
		<i>Oestridae,</i>
		<i>Muscidae</i>
	<i>Tephritidae</i>	
	<i>Homoptera</i>	<i>Aphididae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Nymphalidae</i>
CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Rodentia</i>	<i>Ctenomyidae</i>
	<i>Carnivora</i>	<i>Canidae</i>

GENÉTICA MOLECULAR

Praticamente todos os métodos da Genética Molecular empregam as enzimas de restrição. Cada uma destas enzimas reconhece um dado segmento de 4, 5 ou 6 bases do DNA (por exemplo, a enzima *EcoR1* reconhece a seqüência GAATTC) e corta-o num lugar específico. São estas duas propriedades, a localização e o corte específicos, que tornam as enzimas de restrição um poderoso instrumento nas técnicas de DNA recombinante.

Antes de ser propriamente analisado, o DNA precisa ser extraído e preparado. É possível analisar genes que estão representados em cópia única no genoma – ou em amostras de DNA heterogêneo – diretamente a partir das extrações de DNA, por meio da técnica de “Southern blot”. Porém, há atualmente, cada vez mais a tendência de usar outras duas abordagens bastante comuns. A primeira consiste na utilização de material que já se encontra em boa quantidade – porque está repetido no genoma – ou DNA que é relativamente fácil de isolar – por estar numa organela –, por exemplo, o rDNA e o DNA mitocondrial, respectivamente. A segunda consiste na amplificação do segmento que se deseja estudar (por exemplo, com a técnica de PCR), enriquecendo-o em relação ao restante do DNA da célula. Elas têm, sobretudo, a vantagem de permitir estudos com cada indivíduo isoladamente – mesmo que sejam de espécimes muito pequenos.

A técnica para a purificação do DNA mitocondrial (mtDNA) está descrita didaticamente em Avise (1994). Em primeiro lugar faz-se a dissecação e homogeneização dos tecidos dos quais se pretende obter o material. A seguir, este homogenato é centrifugado em baixa velocidade para remover os núcleos e restos celulares. Faz-se nova centrifugação, agora em velocidade mais alta, para isolar as mitocôndrias, que a seguir são lavadas e lisadas. Este material é centrifugado num gradiente de cloreto de céσιο e a banda de mtDNA é removida com cuidado. Este mtDNA purificado pode então ser utilizado para análise – com digestão por enzimas de restrição, marcação radioativa, eletroforese e revelação – ou para a preparação de sondas para a detecção de mtDNA em amostras heterogêneas. Há várias alternativas a este método que não serão discutidas aqui, sobretudo, no que tange à centrifugação em gradiente de cloreto de céσιο, que é um processo demorado.

Outro método que merece especial atenção é o **PCR** (“polymerase chain reaction” – reação em cadeia da polimerase) que tem por objetivo a amplificação de um segmento específico de DNA (ou um gene) a partir de uma mistura heterogênea – por exemplo, um isolado total do DNA de células de um organismo. Isto leva a um conseqüente enriquecimento do DNA desejado na mistura original. A descrição a seguir é um resumo e adaptação daquela dada por Matioli & Passos-Bueno (2001).

Na técnica de PCR (Figura 5), empregam-se uma mistura heterogênea de DNA da qual se deseja amplificar um segmento, e “primers”, seqüências de aproximadamente 20 a 30 nucleotídeos de comprimento, que têm similaridade com as regiões flangeadoras do segmento alvo. Os “primers” podem ter sido obtidos a partir de outro indivíduo da mesma espécie ou até de outra espécie próxima. O primeiro passo no PCR é o isolamento do DNA, que logo é desnaturado – separam-se as duas fitas complementares – por calor (Figura 5A). A seguir, baixando a temperatura, anelam-se os “primers” às regiões flangeadoras do segmento a ser amplificado (Figura 5B). A enzima *Taq* polimerase (que é termicamente estável) promove a extensão dos “primers” de forma complementar à região alvo (Figura 5C). Este processo de denaturação, anelamento, extensão é então repetido por vários ciclos (Figura 6). Em cada

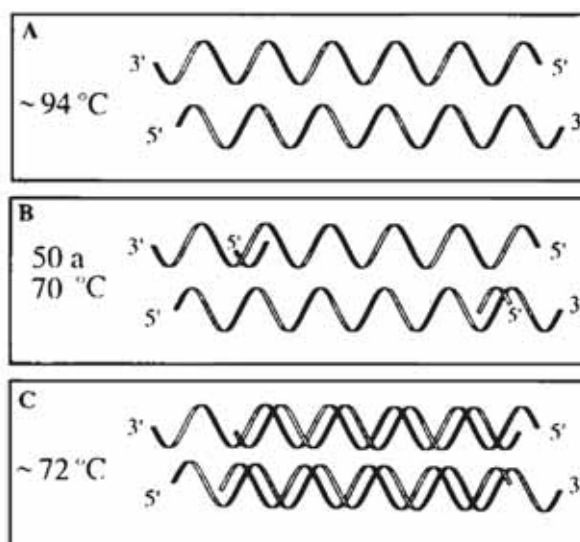


Figura 5. Técnica de PCR. A) Em primeiro lugar desnatura-se o DNA por calor, isto é, separam-se suas duas cadeias; B) baixada a temperatura, os "primers" se ligam especificamente ao DNA alvo; C) a enzima *Taq* polimerase alonga a cadeia de DNA a partir dos "primers"

(Fonte: Matioli e Passos-Bueno, 2001).

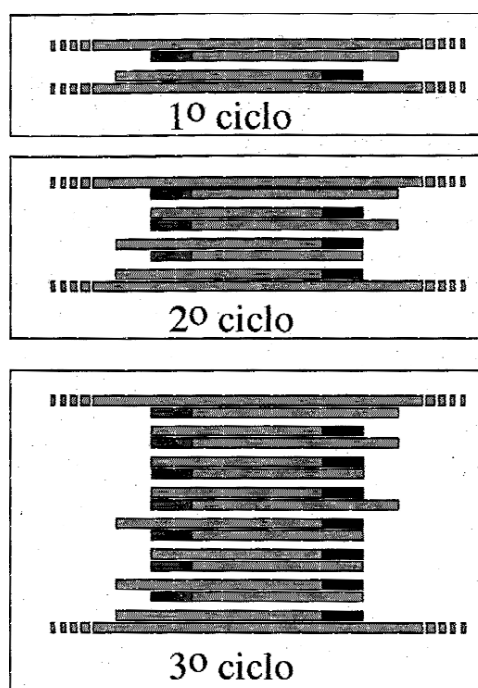


Figura 6. Técnica de PCR. Três primeiros ciclos da reação de PCR mostrando sua natureza exponencial. No primeiro ciclo a quantidade de DNA alvo é duplicada, no segundo é quadruplicada e no terceiro ciclo há oito vezes mais DNA alvo.

(Fonte: Matioli e Passos-Bueno, 2001).

ciclo o segmento alvo é aproximadamente duplicado. Ao final de 20 ciclos, o produto envolve uma quantidade com esmagadora maioria do segmento de DNA que se queria amplificar. Este material pode então ser analisado.

O **RAPD** ("random amplified polymorphic DNA") é uma técnica que usa estratégia semelhante à do PCR. Entretanto, aqui se tomam "primers" pequenos, em que não se conhecem *a priori* os segmentos que os flanqueiam. Assim, são gerados segmentos de tamanho variável que podem ser visualizados como bandas polimórficas em géis de eletroforese.

A técnica de análise mais informativa, sem dúvida, é o seqüenciamento do DNA. Atualmente, já há automação e seu custo está razoavelmente baixo. Existem dois métodos disponíveis: Maxam-Gilbert e Sanger. Este último, no entanto, é o mais usado – por isto só ele será descrito (Figura 7). O segmento de DNA que se quer seqüenciar é desnaturado em fita simples e misturado a um “primer” que se sabe ser homólogo. Esta mistura é dividida em 4 subamostras. Em cada uma delas há uma enzima (a DNA polimerase) que promoverá a extensão dos “primers” usando os 4 deoxinucleotídeos acrescentados, sendo um deles marcado radioativamente para posterior revelação. Mas, há também um tipo (diferente em cada uma das subamostras) de dideoxiribonucleotídeo (ddATp, ddCTp, ddGTp, ddTTP) que devido a sua estrutura química interrompe a extensão. A técnica baseia-se na idéia de que a extensão vai se dando até que ocorre a incorporação – aleatória – de um dinucleotídeo, quando ela é interrompida. Ao fim da reação são gerados fragmentos de DNA de diversos tamanhos, correspondendo aos locais onde foram incorporados cada dideoxiribonucleotídeo – que é diferente em cada uma das subamostras. Uma eletroforese posterior colocando as quatro subamostras lado a lado permite ver onde as reações foram interrompidas e, por extensão, a seqüência do DNA.

Para o seqüenciamento automático (Figura 8) usa-se a mesma estratégia, porém o fragmento a ser seqüenciado é inserido num plasmídeo (m13), e por isto pode-se usar o “primer” universal M13 em cada uma das reações. Além disto, acrescentam-se nucleotídeos ou dideoxinuclétídeos marcados com fluorocromos que emitem luzes de cores diferentes quando excitados por um feixe de laser. Assim os produtos das quatro reações podem correr numa única raia. Depois de submetidos à eletroforese passam diante de uma fonte de raios laser, e a luz que emitem é detectada por um fotomultiplicador, podendo ser analisada e interpretada pelo computador que a traduzirá na forma de seqüência.

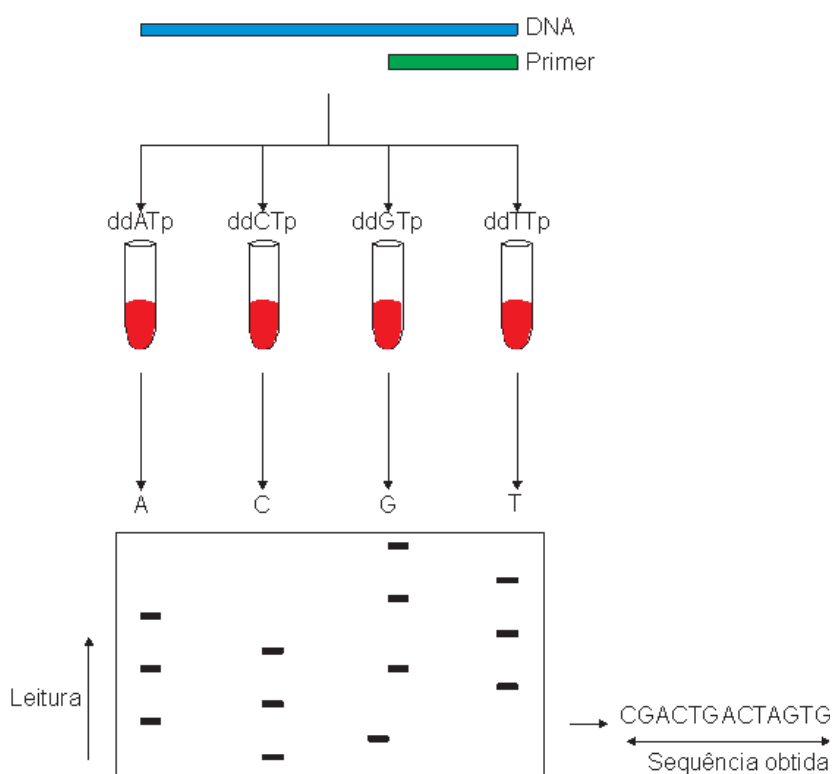


Figura 7. Esquema descrevendo a técnica de seqüenciamento de DNA.

Fonte: Dra. Enilza Maria Espreafico, Apostila da disciplina “Genética Molecular e Tecnologia do DNA recombinante” do curso de Medicina da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto – USP.

Disponível em: <http://morpheus.fmrp.usp.br/td/>

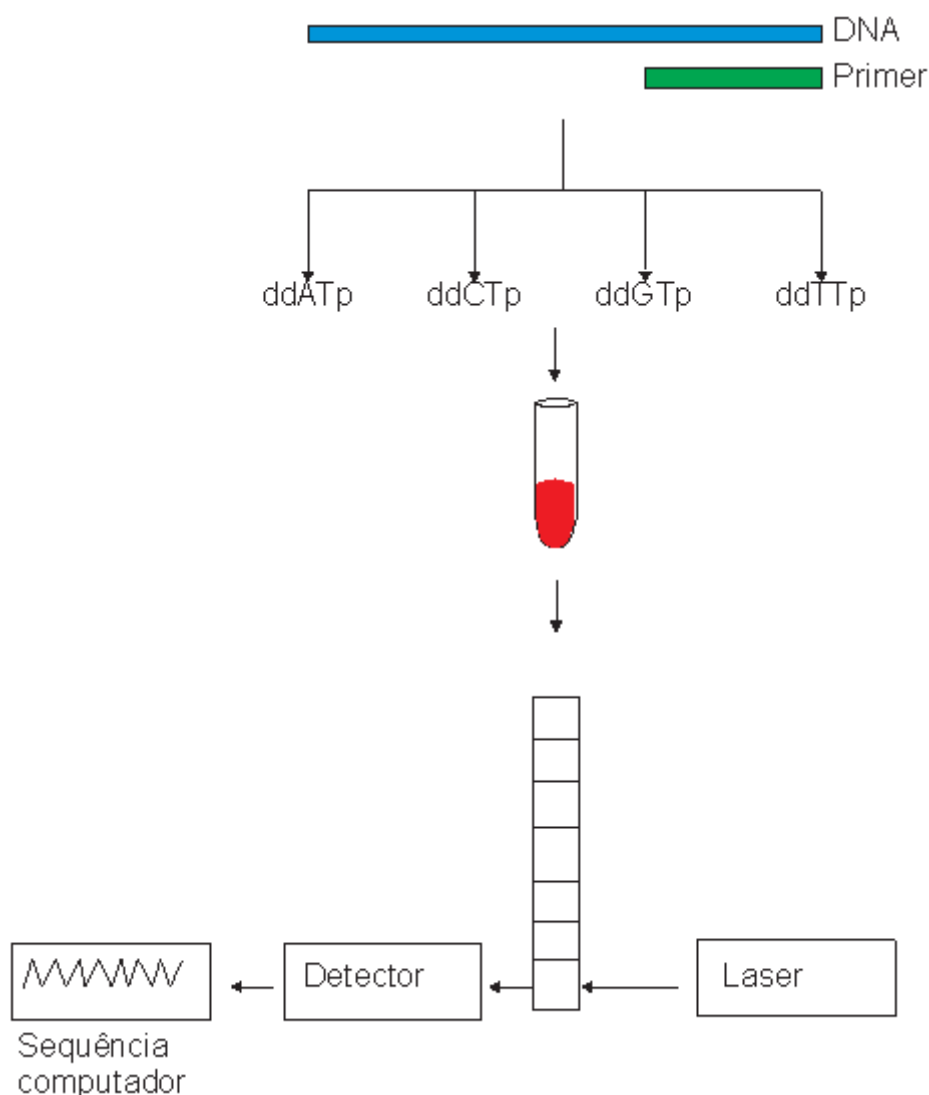


Figura 8. Esquema descrevendo a técnica de seqüenciamento automático de DNA. As reações com os diferentes dideoxinucléotídeos são realizadas em um plasmídeo M13, no qual se encontra clonado o fragmento de DNA a ser seqüenciado. Cada uma das misturas de reação contém o "primer" universal M13 marcado com um fluorocromo diferente. Os produtos de reação são agrupados e submetidos à eletroforese em uma única raia de gel de seqüenciamento, no seqüenciador automático. À medida que os fragmentos passam pelo feixe de laser, os fluorocromos são excitados e a luz emitida é detectada por um fotomultiplicador. Esta informação é traduzida na forma de seqüência através de um computador.

Fonte: Dra. Enilza Maria Espreafico, Apostila da disciplina "Genética Molecular e Tecnologia do DNA recombinante" do curso de Medicina da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - USP.
Disponível em: <http://morpheus.fmrp.usp.br/td/>)

Análise dos Objetivos e Métodos

A ficha para a Genética Molecular continha as mesmas opções de objetivos que a ficha de isozimas.

Em relação aos métodos eram oferecidas as seguintes alternativas (além de espaço para outros):

1. RFLP;
2. PCR-RFLP;
3. RAPD;

4. Microssatélites;
5. Seqüenciamento.

O formulário solicitava também a descrição da origem do material, se mtDNA; cpDNA; ou DNA genômico; e deixava espaço para (caso pertinente) indicar o gene, ou a região de DNA, analisados.

Dados do Congresso da Sociedade Brasileira de Genética

Dos 38 resumos com respostas informativas, 20 (53%) usaram como método o seqüenciamento, a técnica mais informativa; 4 (13%) trabalharam com RFLP ou microssatélites; 4 com outras técnicas e 9 (24%) com RAPD, a menos informativa das técnicas. Dos 40 trabalhos, um usou DNA mitocondrial e nuclear, 25 só nuclear, 13 DNA mitocondrial e 1 DNA de cloroplasto. Dos 20 trabalhos de seqüenciamento, 7 usaram o gene da citocromo oxidase da mitocôndria.

A análise dos objetivos dos trabalhos revelou que 23 se propunham a estudar a variação interespecífica, sendo 19 (83%) para inferências filogenéticas; 7 caracterizaram a estrutura de populações ou buscaram correlação com variáveis ambientais (ou outras); 10 (25%) tinham objetivos mais descritivos. As famílias e ordens de plantas e animais mencionadas estão nas Tabelas 12 e 13.

Tabela 12. Famílias e Ordens de Plantas nos Resumos de Genética Molecular.

Divisão Classe	Ordem	Família
ANGIOSPERMAE <i>Dicotyledoneae</i>	<i>Rosales</i>	<i>Leguminosae</i>
	<i>Geraniales</i>	<i>Euphorbiaceae</i>
	<i>Sapindales</i>	<i>Anacardiaceae</i>
	<i>Violales</i>	<i>Passifloraceae</i>
ANGIOSPERMAE <i>Monocotyledoneae</i>	<i>Liliales</i>	<i>Iridaceae</i>

Tabela 13. Famílias e Ordens de Animais nos Resumos de Genética Molecular.

FILO Classe	Ordem	Família
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Diptera</i>	<i>Calliphoridae</i>
		<i>Drosophilidae</i>
	<i>Hymenoptera</i>	<i>Apidae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Nymphalidae</i>
ARTHROPODA <i>Chelicerata</i>	<i>Acari</i>	<i>Tenuipalpidae</i>
CHORDATA <i>Osteichthyes</i>	<i>Characiformes</i>	<i>Anostomidae</i>
		<i>Characidae</i>
CHORDATA <i>Aves</i>	<i>Psittaciformes</i>	
CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Primates</i>	<i>Atelidae</i>
		<i>Callitrichidae</i>
		<i>Cebidae</i>
	<i>Rodentia</i>	<i>Caviidae</i>
		<i>Cricetidae</i>
		<i>Dasyproctidae</i>
		<i>Echimyidae</i>
		<i>Erethizontidae</i>

Dados de Respostas dos Pesquisadores

Dos 24 formulários retornados, 17 (74%) usaram o seqüenciamento; 4 (17%) RFLP ou microssatélites; 2 outras técnicas e 1 (4%) apenas RAPD. Do total de 24 trabalhos, 7 usaram DNA mitocondrial e nuclear, 12 apenas DNA mitocondrial e 5 somente nuclear, ou seja, mitocondrial em 19 vezes (79%) e nuclear 12 vezes (50%). Dos 17 trabalhos de seqüenciamento, 6 (35%) usaram o gene do citocromo B da mitocôndria.

Os objetivos expressos nos formulários preenchidos pelos pesquisadores eram: 18 (75%) sobre variação interespecífica, sendo todos para inferências filogenéticas; 2 (8%) para caracterização de estrutura de populações ou correlação com variáveis ambientais ou outros; e 4 (17%) com objetivos mais descritivos.

As famílias e ordens dos animais relatados pelos pesquisadores nos estudos de Genética Molecular estão na Tabela 14. Para as plantas, apenas a família Cactaceae foi citada.

CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS

Quanto mais nos aproximamos do fenótipo, mais nos afastamos do genótipo. A seleção natural atua sobre o fenótipo, mas só é efetiva em proporção direta à variância genética.

A maior parte da variação fenotípica é de natureza contínua, normalmente determinada por muitos fatores – genéticos e ambientais. Estas características são freqüentemente chamadas de quantitativas, ou de determinação multifatorial ou poligênica. Mas, há também as características fenotípicas que apresentam variação qualitativa ou descontínua: são aquelas que tipicamente deram origem à Genética Mendeliana. Quando numa população encontramos duas ou mais formas de uma característica, ela é chamada de polimórfica. Os caracteres não-moleculares polimórficos são minoria quando comparados aos de determinação multifatorial. No entanto, a distinção entre as duas categorias é muitas vezes difícil ou quase arbitrária. Fizemos uma ficha diferente para cada caso. Como esperado, as respostas para polimorfismo foram em número muito menor. Além disto, houve vezes que os pesquisadores responderam na ficha de polimorfismo o que nos parecia estudos de caracteres quantitativos ou em Citogenética – o que nós mesmos tentamos corrigir. Isto sugere que as instruções para o preenchimento destas fichas não foram suficientemente claras.

Tabela 14. Famílias e ordens de animais mencionadas pelos pesquisadores nos estudos de Genética Molecular.

FILO Classe	Ordem	Família
PLATYHELMINTHES <i>Cestoda</i>	<i>Cyclophyllidea</i>	<i>Taeniidae</i>
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Diptera</i>	<i>Calliphoridae</i>
		<i>Drosophilidae</i>
		<i>Oestridae</i>
		<i>Muscidae</i>
		<i>Tephritidae</i>
	<i>Hymenoptera</i>	<i>Apidae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Nymphalidae</i>
CHORDATA <i>Osteichthyes</i>	<i>Characiformes</i>	<i>Characidae</i>
		<i>Erithrynidae</i>
		<i>Prochilodontidae</i>
		<i>Serrasalminidae</i>

(continua)

Tabela 14 (Continuação).

FILO <i>Classe</i>	Ordem	Família
CHORDATA <i>Reptilia</i>	<i>Squamata</i>	<i>Viperidae</i>
CHORDATA <i>Aves</i>	<i>Ciconiiformes</i>	<i>Threskiornithidae</i>
	<i>Pelecaniformes</i>	<i>Sulidae</i>
	<i>Psittaciformes</i>	<i>Psittacidae</i>
	<i>Galliformes</i>	<i>Cracidae</i>
	<i>Piciformes</i>	<i>Ramphastidae</i>
CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Marsupialia</i>	<i>Didelphidae</i>
	<i>Rodentia</i>	<i>Echimyidae</i>
	<i>Primates</i>	<i>Callitrichidae</i>

Para as características quantitativas é importante determinar a herdabilidade – a proporção da variabilidade fenotípica que é genética – visto que a resposta à seleção é diretamente proporcional a ela. A herdabilidade pode ser estimada usando-se o grau de correlação entre aparentados. Por exemplo, o coeficiente angular da reta de regressão do valor da média dos filhos sobre os valores médios de seus pais estima a herdabilidade de uma característica numa população.

Há outras formas de fazer estimativas da herdabilidade, entre elas a seleção artificial. Neste caso, porém, uma vez conseguidas estirpes que diferem muito – divergiram muito – no valor do caráter, pode-se também estimar o número mínimo de fatores genéticos (genes) que o determinam.

Com auxílio das técnicas da Genética Molecular revelou-se uma enorme variedade genética nas populações. Isto teve a conseqüência prática de colocar à disposição de pesquisadores um sem-número de marcadores genéticos. Obtendo-se estirpes que estejam muito diferenciadas para um determinado caráter, é possível situar os locos responsáveis por sua determinação (**QTL**: “quantitative trait loci”). Para isto, realizam-se cruzamentos apropriados entre as estirpes e faz-se uma análise simultânea do caráter e de marcadores genéticos. Este é provavelmente o objetivo mais sofisticado da moderna Genética Quantitativa. Mais que isto, ele permite unir dois campos que até recentemente estavam separados: a Genética Molecular e a Genética Quantitativa.

As características quantitativas são tipicamente influenciadas pelo genótipo e pelo ambiente. Assim, a determinação da influência de fatores ambientais torna-se importante na compreensão da variação encontrada. A forma mais simples – mas não a única – de alcançar este objetivo é efetuar a análise de estirpes endocruzadas em experimentos sob condições ambientais controladas.

Alguns dos usos mais diretos das características quantitativas são: a análise da variação geográfica e as comparações interespecíficas buscando a simples descrição de diferenças ou fazendo inferências filogenéticas e estudos de híbridos. Nestes casos, normalmente, utilizam-se vários caracteres simultaneamente. Para resumir, condensar ou tornar possível a análise usam-se métodos estatísticos multivariados. Dentre eles podem-se destacar a análise de componentes principais (**PCA**) e a análise discriminante.

Análise dos Objetivos

No formulário de Caracteres Quantitativos os seguintes itens foram colocados como opção para os objetivos do trabalho:

1. Determinar herdabilidade;

2. Estimar número de fatores que determinam padrão de herança;
3. QTLs;
4. Influência de fatores ambientais;
5. Caracterizar variação intrapopulacional;
6. Estudar variação geográfica;
7. Comparações entre espécies;
8. Inferências filogenéticas e estudos de híbridos.

Métodos

As seguintes opções de métodos foram apresentadas na ficha para caracteres quantitativos:

1. Correlações entre aparentados;
2. Seleção artificial;
3. Correlação com marcadores genéticos;
4. Análise de estirpes endocruzadas;
5. Análises estatísticas multivariadas (PCA, discriminante, etc.);
6. Experimentos em condições ambientais controladas;
7. Correlação com variáveis ambientais.

Além disso, o formulário solicitava que fosse mencionado o tipo de caráter: morfológico; comportamental; fisiológico; (outros). Solicitava também a listagem dos caracteres estudados.

Dados do Congresso da Sociedade Brasileira de Genética

Nos Resumos do Congresso da SBG encontramos 22 dedicados à análise de caracteres quantitativos. Destes, 3 tinham por objetivo determinar a herdabilidade; 4 caracterizar a variação intrapopulacional; 2 estudar a variação geográfica; 2 realizar comparações entre espécies; 2 fazer inferências filogenéticas; e 3 determinar a influência de fatores ambientais.

Entre os resumos examinados, 11 (50%) usaram análises estatísticas multivariadas, 4 fizeram experimentos em condições ambientais controladas e 2 realizaram a análise de estirpes endocruzadas. Os caracteres estudados foram: 15 morfológicos (incluindo medidas da asa em insetos ou tamanho de plantas); 8 fisiológicos, incluindo componentes da tabela de vida (velocidade de desenvolvimento, fecundidade, viabilidade) e aspectos diversos da biologia do organismo.

As famílias e ordens relatadas de plantas e animais nos resumos estão nas tabelas 15 e 16, respectivamente.

Tabela 15. Famílias e Ordens de Plantas nos Resumos na Área de Características Quantitativas.

Divisão Classe	Ordem	Família
ANGIOSPERMAE <i>Dicotyledoneae</i>	<i>Rosales</i>	<i>Leguminosae</i>
	<i>Sapindales</i>	<i>Anacardiaceae</i>
	<i>Malvales</i>	<i>Sterculiaceae</i>
	<i>Scrophulariales</i>	<i>Bignoniaceae</i>

Tabela 16. Famílias e Ordens de Animais nos Resumos na Área de Características Quantitativas.

FILO Classe	Ordem	Família
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Coleoptera</i>	<i>Cantharidae</i>
	<i>Diptera</i>	<i>Sciaridae</i>
		<i>Drosophilidae</i>
		<i>Phoridae</i>
		<i>Tephritidae</i>
		<i>Apidae</i>
	<i>Hymenoptera</i>	<i>Chalcididae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Nymphalidae</i>

Dados de Respostas dos Pesquisadores

Nas 20 fichas preenchidas pelos pesquisadores consultados, 10 relataram ter como objetivo a análise interespecífica, sendo 7 para inferência filogenética e estudo de híbridos e 3 para comparação entre espécies. Das outras 10 relacionadas a estudos intraespecíficos, 4 pretendiam estimar a herdabilidade; 5 eram descritivas (variação intrapopulacional ou geográfica); e 1 pretendia estudar o significado biológico.

Dos métodos relatados, 9 eram de correlação entre aparentados, seleção artificial ou uso de marcadores; 4 eram análises de estirpes ou experimentos em condições controladas ou correlações com variáveis ambientais. Finalmente, 12 trabalhos usaram análise multivariada. Dos caracteres estudados, 17 eram morfológicos, 1 comportamental e 2 fisiológicos.

A lista das famílias e ordens de animais estudados está na Tabela 17. Para as plantas apenas a família *Anacardiaceae* foi relatada.

Tabela 17. Ordens e Famílias de Animais Relatadas pelos Pesquisadores nos Estudos de Características Quantitativas.

FILO Classe	Ordem	Família
ARTHROPODA <i>Insecta</i>	<i>Diptera</i>	<i>Drosophilidae</i>
		<i>Tephritidae</i>
	<i>Homoptera</i>	<i>Aphididae</i>
	<i>Hymenoptera</i>	<i>Apidae</i>
	<i>Lepidoptera</i>	<i>Nymphalidae</i>
MOLLUSCA <i>Gastropoda</i>	<i>Mesogastropoda</i>	<i>Littorinidae</i>
CHORDATA <i>Aves</i>	<i>Psittaciformes</i>	<i>Psittacidae</i>
CHORDATA <i>Mammalia</i>	<i>Rodentia</i>	<i>Sigmodontinae</i>
		<i>Echimyidae</i>

POLIMORFISMOS

Quando se estuda um polimorfismo, em geral, a primeira questão que se tenta responder é o modo de herança, por meio dos cruzamentos apropriados.

Análise dos Objetivos e Métodos

Para caracterizar os estudos de polimorfismos a ficha solicitava resposta aos objetivos e métodos simultaneamente, com os seguintes itens:

1. Determinação do modo de herança;
2. Influência de fatores ambientais;
3. Distribuição geográfica e comparações entre populações;
4. Ocorrências de clines e(ou) correlações com o ambiente;
5. Correlação com variáveis genéticas, morfológicas ou fisiológicas;
6. Determinação de possível significado biológico;
7. Comparações e(ou) diferenças entre espécies.

Além disto, solicitamos a menção do caráter estudado.

Nos Resumos do Congresso da SBG encontramos 4 ligados ao estudo de polimorfismo sendo que todos pretendiam determinar modo de herança; 1 à influência de fatores ambientais; 1 à distribuição geográfica e comparação entre populações; e 2 cujo objetivo é determinar o possível significado biológico do polimorfismo. Os caracteres envolviam a determinação sexual e padrões de cores.

Entre as fichas preenchidas pelos pesquisadores, 7 no total, 3 pretendiam determinar o modo de herança, 1 estudar a influência de fatores ambientais, 1 determinar o possível significado biológico e 2 verificar diferenças entre espécies.

As características estudadas foram: proporção sexual; tamanho do cromômero; e parâmetros morfológicos para o dimorfismo sexual. Os estudos foram realizados com insetos das Ordens Diptera (Sciaridae) e Hymenoptera (Meliponinae, abelhas sem ferrão) e com aves (Ramphastidae, tucanos).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O desenvolvimento de um trabalho como este encontra naturalmente dificuldades. A primeira delas é obter uma boa taxa de retorno dos formulários enviados. Desde o início delineamos o trabalho levando isto em conta. Assim, utilizamos os Resumos do Congresso como uma fonte complementar. Para melhorar a taxa de retorno, enviamos primeiro por correio o material de consulta aos pesquisadores e, quando necessário, tornamos a enviá-lo por correio eletrônico. No final conseguimos obter um retorno de 33 dos 80 formulários enviados (41%). Esta taxa de retorno é bastante satisfatória para este tipo de consulta – freqüentemente consegue-se algo em torno de 10%.

Finalmente, para suprir falhas e melhorar o grau de certeza de que as grandes lacunas encontradas eram reais e não devidas à insuficiência de dados, consultamos o Biological Abstracts (1998 e 1999) e o Zoological Record (vols. 122 a 135). Fizemos um levantamento bibliográfico para os principais grupos de plantas e animais usando palavras-chaves apropriadas para a detecção de pesquisas em biodiversidade genética no Brasil.

A maior dificuldade que encontramos foi a caracterização das informações do ponto de vista biogeográfico. As informações que conseguimos foram muito heterogêneas e pouco completas ou imprecisas (por exemplo, alguns pesquisadores responderam "América Latina" ou "Brasil" como localidades de coleta). Isto impede qualquer tentativa de quantificação e quase impossibilita a análise. Ainda assim é possível examinar os dados qualitativamente, considerando os estados do Brasil de forma global, com cautela quanto às conclusões.

Desta forma podemos apontar São Paulo, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, Mato Grosso do Sul, Rio de Janeiro e Pará como os estados mais estudados. Semelhantemente, avaliamos, de maneira geral, o litoral (Mata Atlântica, rios costeiros, bacia do Paraná), a região amazônica (Floresta e Bacia Amazônicas), e o Cerrado – em São Paulo, Minas Gerais e Mato Grosso do Sul – como melhor estudados. Há trabalhos no Pantanal, mas são esparsos. Finalmente, as regiões que nos parecem ser menos estudadas – ainda que sejam citadas – são a Caatinga e, principalmente, a região central, Goiás, Mato Grosso e Tocantins.

Examinando o conjunto geral dos dados, resumos e respostas dos pesquisadores, vemos que os táxons mais estudados entre os animais são: os insetos – principalmente os dípteros e himenópteros –, os peixes, os mamíferos – em especial, os roedores e os primatas – e as aves. Nas plantas há uma clara concentração em dicotiledôneas (com ênfase em orquídeas e cactos).

As maiores lacunas entre as plantas são as briófitas (musgos e hepáticas), as pteridófitas (samambaias) e as gimnospermas (pinheiros, entre outras) que não estão citadas em nenhum dos conjuntos de dados (resumos ou consulta a pesquisadores). Da mesma forma, a pesquisa bibliográfica no Biological Abstracts é infrutífera na detecção de trabalhos sobre biodiversidade genética no Brasil nestes táxons.

Já para os animais, as grandes lacunas são os equinodermas (ouriços e estrelas-do-mar); anelídeos (minhocas) e os cefalópodes e pelecípodes entre os gastrópodes. Mas, mesmo entre táxons bem estudados como os mamíferos nota-se a ausência de estudos sobre felídeos (gatos em geral)². Para todos estes grupos, nenhum trabalho se encontra referenciado no Zoological Record sobre biodiversidade genética no Brasil. Finalmente, entre os insetos não encontramos em nossos dados, citação aos hemípteros (percevejos), ainda que no Zoological Record haja muitas referências a trabalhos com reduviídeos (a família dos barbeiros).

O processo de coleta de informações para a preparação deste trabalho foi duplo: a utilização de resumos de Congresso da SBG e a consulta a pesquisadores. É difícil estabelecer *a priori* qual dos dois conjuntos de dados melhor representa a comunidade científica brasileira e, sobretudo em que medida, refletem o estado atual do conhecimento sobre biodiversidade genética. Cada um deles terá o seu viés.

Uma fonte de viés que nosso trabalho deixa clara é a taxa de resposta dos pesquisadores das diferentes regiões do País. Isto provavelmente tem um interesse que vai além do puro artefato estatístico. Ainda que seja uma especulação, cremos que vale a pena refletir se o que estamos detectando é um reflexo de diferentes graus de profissionalismo nas comunidades científicas. Os pesquisadores paulistas estão acostumados a lidar com entidades financiadoras como a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) que têm prazos e exigências, mas que também os apóiam sistematicamente. Talvez isto lhes faça responder prontamente e dar maior valor à divulgação de seu próprio trabalho.

² (Nota do organizador): Isto se deve talvez à ausência de resposta por alguns grupos de pesquisa, combinada com as buscas que não detectaram alguns trabalhos realizados internacionalmente com a colaboração de geneticistas brasileiros. Veja-se por exemplo:

Eizirik, E., Bonatto, S.L., Johnson, W.E., Crawshaw, P.G., Vie, J.C., Brousset, D.M., O'Brien, S.J., & Salzano, F.M. (1998) Phylogeographic patterns and evolution of the mitochondrial DNA control region in two neotropical cats (Mammalia, Felidae). *Journal of Molecular Evolution*, **47**: 613-624.
Johnson, W.E., Slattery, J.P., Eizirik, E., Kim, J.H., Raymond, M.M., Bonacic, C., Cambre, R., Crawshaw, P., Nunes, A., Seuanez, H.N., Moreira, M.A.M., Seymour, K.L., Simon, F., Swanson, W., & O'Brien, S.J. (1999) Disparate phylogeographic patterns of molecular genetic variation in four closely related South American small cat species. *Molecular Ecology*, **8**: S79-S94.

Outra fonte de viés foi o fato dos pesquisadores consultados serem o que há de melhor no País. Assim, estes dados superestimam a qualidade do que se faz. No entanto, eles estarão sinalizando provavelmente nosso limite superior.

Quando comparamos os resultados dos dois conjuntos de dados, verificamos que é isto que de fato ocorre. Na Citogenética, apenas 6% dos Resumos da SBG mostrou empregar técnicas de hibridização *in situ* ou cromossomos politênicos, enquanto 36% eram cariótipo simples ou apenas contagem de cromossomos, isto é, as técnicas mais simples são mais usadas que as mais sofisticadas. Nas respostas dos pesquisadores este padrão está invertido: 52% e 12% para as duas técnicas, respectivamente. De qualquer forma, a maior parte dos trabalhos já usa técnicas com algum grau de sofisticação – ao menos algum tipo de bandeamento.

Semelhantemente, a maioria dos resumos tinha objetivos estritamente descritivos (52%) enquanto que este número se reduz nas fichas preenchidas pelos pesquisadores (30%). Mais que isto, a proporção de trabalhos buscando fazer inferências filogenéticas – ao invés da simples comparação entre espécies – na análise da variação interespecífica, aumenta de 36% para 81% nos dois conjuntos de dados.

Nos estudos de isozimas o mesmo padrão aparece: nos resumos da SBG o número médio de locos analisado é 12,1; sendo que 42% dos trabalhos analisaram menos de 10 locos. Nas respostas dadas pelos pesquisadores o número médio de locos analisado é 20 – aliás, este é exatamente o mesmo valor para o número médio de locos na revisão feita por Avise (1994)! – e todos relataram usar pelo menos 10 locos.

Para a Genética Molecular, 50% dos resumos da SBG relataram o uso de seqüenciamento, número que sobe para 74% entre as respostas dadas pelos pesquisadores. Em relação aos objetivos, nos estudos sobre variação interespecífica, nos resumos 83% são para inferências filogenéticas, enquanto que nas respostas dos pesquisadores são todos. Isto mostra que provavelmente este é o campo da Genética que está utilizando as metodologias mais modernas a sua disposição. Além disto, parece menor a diferença entre resumos e respostas de pesquisadores.

Os dados de estudos dos caracteres quantitativos nos Resumos da SBG são um conjunto até certo ponto heterogêneo. Uma proporção pequena (18%) esteve dedicada aos estudos interespecíficos; e 27% tinham objetivos apenas descritivos. Nos dados dos pesquisadores, de 10 respostas relacionadas à variação interespecífica, 7 buscavam fazer inferências filogenéticas. Deve-se notar, no entanto, que em ambos os casos, nenhuma das respostas acusava o objetivo de estudar QTLs e poucas faziam correlações com variáveis genéticas. E estes são justamente os tópicos mais modernos no campo.

Levando em conta todos os dados apresentados e as considerações feitas acima, acreditamos que podemos dizer que o Brasil se encontra numa posição razoável/boa. Para os grupos taxonômicos mais bem estudados (insetos – dípteros, himenópteros; mamíferos – roedores e primatas; peixes e aves), para as áreas da genética que estão mais avançadas (isozimas e genética molecular) e para os grupos de pesquisa mais bem preparados, o trabalho em andamento não deixa a desejar. No entanto, há muito a fazer, há grandes lacunas.

A tarefa do estudo da biodiversidade genética é gigantesca em qualquer país do mundo. Não há lugar onde se possa dizer que se sabe o suficiente, sequer que se sabe muito! Somente nos últimos 20 anos é que as ferramentas mais importantes da Genética foram desenvolvidas e, apenas, na última década

é que seu preço vem se tornando acessível. Portanto, o Brasil não é exceção. Há muitíssimo a ser feito, em todos os grupos, inclusive nos mais estudados. Aliás, estes têm o papel de modelo experimental para o trabalho a ser feito com os demais grupos de organismos.

Há também as grandes lacunas do conhecimento da biodiversidade genética no Brasil. Elas são de três tipos: quanto ao táxon, quanto à região geográfica e quanto à área da Genética. Em síntese, podemos dizer que os anelídeos, os equinodermas, os moluscos (cefalópodes e pelecípodes) e os felídeos são animais que precisam urgentemente ser estudados. Destes talvez a ausência mais estarrecedora seja a dos felídeos. A importância ecológica da onça – e de outros gatos selvagens – bem como o fato desta espécie estar ameaçada de extinção e, também, de suas populações estarem quase, certamente, sofrendo forte ação da deriva genética, fazem-na um material e uma oportunidade ímpar para o estudo da manutenção de diversidade genética nas populações naturais. Dentre as plantas, as briófitas, as pteridófitas e as gimnospermas são aquelas em que há falta **total** de informações. O Centro-Oeste é a região do Brasil que mais necessita de estudos. Finalmente, uma análise genética moderna de características quantitativas no contexto do estudo da biodiversidade genética é uma lacuna importante a ser preenchida. Notadamente, na busca da caracterização de **QTLs**, que representam a síntese desejada entre fenótipo e genótipo.

POSFÁCIO

O trabalho realizado teve início no ano de 1997, quando foram elaborados os questionários e as listas de pesquisadores que foram consultados. Para estas listas utilizamos como base de dados para coleta de nomes de pesquisadores-líderes e respectivos endereços, os Resumos do 42º Congresso de Genética (realizado em 1996), o Diretório Prossiga do CNPq e o Diretório dos Grupos de Pesquisa no Brasil – versão 2.0 (base de dados que reflete o ano de 1995). A coleta de questionários foi realizada no primeiro semestre do ano de 1998. Passados alguns anos, pode-se perguntar se as principais conclusões obtidas ainda são relevantes. De forma geral, parece que sim, mas houve algum progresso na situação do conhecimento.

Fizemos um levantamento dos grupos por unidade da Federação que trabalham com linhas de pesquisa ligadas à Biodiversidade Genética (ironicamente, não é possível usar a expressão biodiversidade como palavra-chave, pois poucos grupos a utilizam). Para o levantamento desses dados, utilizamos o Censo 2002 dos Grupos de Pesquisa do CNPq, que está atualizado até 15 de julho de 2002. É notável o progresso na capacidade de construção de banco de dados e seu processamento pelo CNPq, e ao mesmo tempo a grande adesão que ocorreu à Plataforma Lattes pela comunidade científica brasileira. Desta forma, sua consulta ficou bem mais fácil e permite fazer uma boa avaliação da distribuição dos recursos humanos pelas unidades da Federação.

Os números de grupos, pesquisadores com e sem doutorado, e estudantes para cada unidade da Federação estão no Anexo C, Tabela 19. Aproximadamente metade dos grupos de pesquisa do País (88) está concentrada nos Estados do Rio Grande do Sul, Rio de Janeiro e São Paulo, sendo que este último tem cerca de um quarto (46) dos grupos do Brasil.

Classificamos os Estados em cinco categorias em função do número de grupos. Para formar a primeira categoria, utilizamos como critério a ausência

de qualquer grupo, e para constituir as demais categorias utilizamos os intervalos que foram observados na distribuição. Com estes dados produzimos a Figura 9, também no Anexo C. Deve-se notar que a composição das categorias não se altera se ao invés de usarmos número de grupos de pesquisa por unidade da Federação, usarmos como indicador o número de pesquisadores com doutorado. A observação da figura deixa claro que há uma faixa com número baixo de grupos (ou pesquisadores com doutorado) que corta o Brasil transversalmente, a partir dos Estados do Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e vai até o Nordeste passando por Goiás e Tocantins. Por outro lado, a maior concentração dos recursos humanos está nos Estados de São Paulo, Rio Grande do Sul, Rio de Janeiro, Paraná, Santa Catarina, Amazonas, Pará, Pernambuco, Bahia, Minas Gerais, Rio de Janeiro e Distrito Federal. Todas estas unidades estão representadas, tanto nos Resumos da SBG quanto no grupo dos pesquisadores, a quem foi enviado os formulários para respostas. A exceção é o Estado da Bahia. Talvez, o fato de a maioria dos grupos que trabalha com biodiversidade genética, neste Estado, ter sido fundada depois de 1996, explique esta omissão no trabalho prévio. Por outro lado, isto aponta para um progresso da pesquisa na Bahia em relação aos outros Estados.

Em relação às maiores lacunas de grupos estudados entre as plantas continuamos sem encontrar pesquisas sobre biodiversidade genética – mesmo usando a base de dados de 2003, que estava em fase de testes – em briófitas e gimnospermas. Para Pteridófitas, há dois grupos de pesquisa, ambos em Pernambuco, trabalhando com Citogenética, liderados pelos Profs. Marcelo S. Guerra Filho, Iva C. L. Barros e Eliana A. Simabukuro.

Para os animais, os equinodermos, os anelídeos, os cefalópodes e pelecípodes (entre os gastrópodes), e os hemípteros (excetuando reduvídeos) continuam sem ser estudados do ponto de vista da biodiversidade genética. Já em 2002 foi formado um grupo na UNESP liderado pelos Profs. Edislane B. Souza e Carlos C. Alberts que vem fazendo estudos de filogenia molecular entre os felinos.

Para as áreas da genética que trabalham com plantas e animais há atualmente oito grupos que estudam **QTLs**, porém todos estão voltados para a agronomia, à exceção de um grupo na UFRJ, liderado pelos Profs. Antonio B. Carvalho e Blanche C. Bitner-Mathé que investiga **QTL** em *Drosophila*, notando-se que este grupo é constituído por ex-alunos do autor sênior do presente trabalho.

AGRADECIMENTOS

É um prazer agradecer a Carlos A. C. Andrade e Luciane Hatadani que leram o texto fazendo sugestões importantes. A D^{ra}. Anete Pereira de Souza que leu a parte de Genética Molecular e a Julia Klaczko que nos auxiliou com a Taxonomia de peixes. A D^{ra}. Denise Pontes Cavalcanti, D^{ra} Denise Selivon, D^{ra} Enilza Maria Espreadico, D^{ra} Galina Ananina, D^{ra} Maria E. Infante-Malachias, D^{ra} Maria Rita Passos-Bueno, D^{ra}Vera Solferini e ao Dr. Sergio Matioli que nos autorizaram a usar as figuras; o mesmo se dando com os Dr. Dalton Amorim e D^{ra}. Judite N. Guagnoni, da Holos Editora. É importante ressaltar que este trabalho só foi possível graças às respostas dadas pelos pesquisadores. Vários pesquisadores indicaram outros que não haviam sido contatados e até mesmo redistribuíram os formulários, entre eles destacamos os Dr. Aldo M. Araujo e Dr. Andre Perondini. Quando elaboramos o formulário, pensamos que respondê-lo seria muito rápido, não mais de dez minutos, porém vários colegas relataram que gastaram mais de meia hora. A todos agradecemos o tempo dedicado e a confiança expressa em sua ajuda.

REFERÊNCIAS

- ALFENAS, A.C. (Ed.). **Eletroforese de isozimas e proteínas afins**. Fundamentações e aplicações em plantas e microorganismos. Viçosa: Ed.U.F. Viçosa, 1998.
- AVISE, J.C. **Molecular markers, Natural History and evolution**. New York: Chapman & Hall, 1994.
- CHETVERIKOV, I. On certain aspects of the evolutionary process from the standpoint of modern genetics. **Proc. Amer. Phil. Soc.**, v. 105, p. 167-195, 1926. [tradução para o inglês: M. Barker, 1966].
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. London, UK: Longman Group Ltd., 1996. 464 p.
- FISHER, R.A. **The genetical theory of natural selection**. Oxford: Clarendon Press, 1930.
- HALDANE, J.B.S. **The causes of evolution**. New York: Harper and Brothers, 1932.
- HARRIS, H. Enzyme polymorphism in man. **Proc. Royal Soc. (London) Ser. B**, v. 164, p. 298-310, 1966.
- HARTL, D. **A primer of population genetics**. 3rd ed. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc., 2000. 221 p.
- HUBBY, J.L.; LEWONTIN, R.C. A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations: I. **Genetics**, v. 54, p. 527-554, 1966.
- LEWONTIN, R.C. **The genetic basis of the evolutionary process**. New York: Columbia University Press, 1974.
- LEWONTIN, R.C.; HUBBY, J.L. A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations: II. **Genetics**, v. 54, p. 595-605, 1966.
- MANLY, B.F.J. **Multivariate statistical methods a primer**. 2nd. ed. London, UK: Chapman & Hall, 1994. 215 p.
- MATIOLI, S.R.; PASSOS-BUENO, M.R.S. Métodos baseados em PCR para análise de polimorfismos de ácidos nucléicos. In: MATIOLI, S.R. **Biologia molecular e evolução**. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001.
- SOLFERINI, V.N.; SELIVON, D. Polimorfismos de enzimas. In: MATIOLI, S.R. **Biologia molecular e evolução**. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001.
- WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, v. 16, p. 97-159, 1931.
- _____. The roles of mutation, inbreeding, crossbreeding and selection in evolution. Proc. VI Intern. Congr. **Genetics**, v. 1, p. 356-366, 1932.

ANEXOS

Anexo A: Pesquisadores que preencheram os formulários, áreas da genética em que atuam e ordens e famílias que estudam

Os pesquisadores que preencheram os formulários nas diferentes áreas têm seus nomes mostrados na Tabela 18, bem como as Ordens e Famílias das plantas e animais que estudam.

Tabela 18. Pesquisadores que preencheram os formulários das áreas da Genética e Ordens e Famílias de Plantas e Animais que estudam. Os respectivos endereços institucionais estão no rodapé. **CIT:** Citogenética; **ISO:** Isozimas; **GM:** Genética Molecular; **CQ:** Caracteres Quantitativos; **POL:** Polimorfismos.

PESQUISADOR	CIT	ISO	GM	CQ	LPO	ORDEM	FAMÍLIA
ALDO MELLENDER DE ARAÚJO ¹		X	X	X		Lepidoptera	Nymphalidae
ALICE KALISZ DE OLIVEIRA ¹		X		X		Homoptera	Aphididae
ANA MARIA L. AZEREDO-ESPIN ²		X	X			Diptera	Oestridae Muscidae Calliphoridae
ANDRE LUIZ P. PERONDINI ³					X	Diptera	Sciaridae
ANITA WAJNTAL ³			X			Psittaciformes	Psittacidae
						Galliformes	Cracidae
						Piciformes	Ramphastidae
						Ciconiiformes	Threskiornithidae
Pelecaniformes	Sulidae						
ANTONIO MATEO SOLÉ CAVA ⁴			X			Pelecypoda	Mytilidae
						Chondrosida	Chondrillidae
CARLOS RIBEIRO VILELA ³	X			X		Diptera	Drosophilidae
DENISE SELIVON ³	X	X		X	X	Diptera	Tephritidae
ELIANA FELDEBERG ⁵	X		X			Characiformes	Anostomidae
						Perciformes	Curimatidae
						Siluriformes	Serrasalminidae Cichlidae Sciaenidae Callichthyidae
ELIANA MORIELLE VERSUTE ⁶	x					Chiroptera	Phyllostomidae Molossidae
EUCLEIA PRIMO BETIOLI CONTEL ⁷		X				Carnivora	Canidae
FÁBIO DE MELO SENE ⁷	X	X	X	X	X	Diptera	Drosophilidae
GUARACY TADEU ROCHA ⁸	X		X		X	Artiodactyla	Tayassuidae
						Aves (todas as ordens)	
						Tinamiformes	Tinamidae
						Passeriformes	Emberizidae
						Ciconiformes	Threskiornithidae
Piciformes	Ramphastidae						
KAREN LUISA HAAG ¹			X			Cyclophyllidea	Taeniidae
LOUIS BERNARD KLACZKO ²	X			X	X	Diptera	Drosophilidae
LURDES FORESTI DE ALMEIDA TOLEDO ³	X					Gymnotiformes	Gymnotidae Sternopyoidae
						Characiformes	Characidae
						Siluriformes	Loricariidae Pimelodidae Callichthyidae
LYRIA MORI ³	X		X			Diptera	Drosophilidae
MARIA DA GRAÇA SALOMÃO ⁹			X			Squamata	Viperidae
MARIA DE FÁTIMA P. S. MACHADO ¹⁰		X	X			Cactales	Cactaceae
MARIA DE NAZARÉ K. GUIMARÃES ¹¹		X				Carnivora	Canidae
MARIA HELENA LARTIGAU PEREIRA FRANCO ¹²		X				Rodentia	Ctenomyidae Cricetidae

(continua)

Tabela 18 (Continuação).

PESQUISADOR	CIT	OIS	GM	CQ	LPO	ORDEM	FAMÍLIA
MARIA NAZARETH FERREIRA DA SILVA ¹²	X		X			Rodentia	Muridae Echimyidae
						Marsupialia	Didelphidae
						Primates	Callitrichidae
MARIO JORGE IGNACIO BRUM ¹³	X					Perciformes	Pomadasyidae Serranidae Blenniidae Cichlidae Pomacentridae
						Clupeiformes	Clupeidae
						Scorpaeniformes	Scorpaenidae
MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES ¹⁴		X		X		Sapindales	Anacardiaceae
MAURA HELENA MANFRIN ¹⁵		X				Diptera	Drosophilidae
OSMAR MALASPINA ¹⁶				X		Hymenoptera	Apidae
PEDRO MANOEL GALETTI JR ¹⁷	X		X			Characiformes	Anostomidae Curimatidae Prochilodontidae Characidae Gasteropelecidae
ROSANA TIDON-SKLORZ ¹⁸					X	Diptera	Drosophilidae
SÉRGIO FURTADO DOS REIS ¹⁹			X	X		Marsupialia	Didelphidae
						Rodentia	Echimyidae
SILVIA DAS GRAÇAS POMPOLO ²⁰	X					Hymenoptera	Apidae Sphecidae
VERA NISAKA SOLFERINI ²	X	X	X	X		Asterales	Asteraceae
						Orchidales	Orchidaceae
						Mesogastropoda	Littorinidae
						Arqueogastropoda	Patellidae
						Diptera	Tephritidae
WARWICK ESTEVAM KERR ²¹	X	X	X	X	X	Hymenoptera	Apidae Meliponinae
						Diptera	Drosophilidae
YATIYO YONENAGA-YASUDA ³	X			X		Squamata	Gekkonidae Gymnophthalmidae Tropiduridae
						Rodentia	Cricetidae Echimyidae

1. Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Instituto de Biociências, Depto. Genética, Porto Alegre. RS.
2. Universidade Estadual de Campinas, UNICAMP. Instituto de Biologia, Depto. Genética e Evolução, Campinas. SP.
3. Universidade do Estado de São Paulo, USP. Instituto de Biociências, Depto. Biologia, São Paulo. SP.
4. Universidade Federal do Rio de Janeiro. Instituto de Biologia, Depto. Genética, Rio de Janeiro. RJ.
5. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. Coordenação Pesq. Biologia Aquática, Lab. Citogenética Animal, Manaus. AM.
6. Universidade Estadual Paulista. Inst. Biociências, Letras e Ciências Exatas, Depto. Zoologia, S. José Rio Preto. SP. Citogenética.
7. Universidade do Estado de São Paulo, USP. Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Depto. Genética, Ribeirão Preto. SP.
8. Universidade Estadual Paulista. Instituto de Biociências, Depto. Genética, Botucatu. SP.
9. Instituto Butantan. Divisão Desenvolvimento Científico, Lab. Herpetologia, São Paulo. SP.
10. Universidade Estadual de Maringá. Centro de Ciências Biológicas, Depto. Biologia Celular e Genética, Maringá. PR.
11. Universidade de Brasília. Instituto de Ciências Biológicas, Depto. Genética e Morfologia, Brasília. DF.
12. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. Coordenação Pesquisas em Entomologia, Manaus. AM.
13. Universidade Federal do Rio de Janeiro. Instituto de Biologia, Depto. de Zoologia, Rio de Janeiro. RJ.
14. Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia - Campus Ilha Solteira, Depto. Fitotecnia, Economia e Sociologia Rural, Ilha Solteira. SP.
15. Universidade do Estado de São Paulo, USP. Faculdade Filosofia Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Depto. Biologia, Ribeirão Preto. SP.

16. Universidade Estadual Paulista. Instituto de Biociências de Rio Claro, Depto. Biologia, Rio Claro. SP.
17. Universidade Federal de São Carlos. Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Depto. Genética e Evolução, São Carlos. SP.
18. Universidade de Brasília. Instituto de Ciências Biológicas, Depto. Genética e Morfologia, Brasília. DF.
19. Universidade Estadual de Campinas UNICAMP. Instituto de Biologia, Depto. Parasitologia, Campinas, SP.
20. Universidade Federal de Viçosa. Centro Ciências Biológicas e da Saúde, Depto. Biologia Geral, Viçosa. MG.
21. Universidade Federal de Uberlândia. Centro de Ciências Biológicas e Médicas, Depto. Genética e Bioquímica, Uberlândia. MG.

Anexo B: Lista selecionada de referências bibliográficas fornecidas pelos pesquisadores

AGUILAR, C.T.; GALETTI JÚNIOR, P.M. Chromosomal studies in South Atlantic serranids (Pisces, Perciformes). **Cytobios**, v. 89, p. 105-114, 1997.

ALBERTANI, F.B.; MIYAKI, C.Y.; WAJNTAL, A. Extra-pair paternity in the Golden Conure (*Guaruba guarouba*) (Psittaciformes) detected in captive. **Ararajuba**, v. 5, n. 2, p. 135-139, 1997.

ALMEIDA-TOLEDO, L.F. Molecular and Immunocytogenetics in Brazilian fishes. **Ciência e Cultura**, v. 48, n. 5/6, p. 377-382, 1996.

ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; FORESTI, F.; TOLEDO, S.A. Constitutive heterochromatin and nucleolus organizer regions in the knifefish *Apteronotus albifrons* (Pisces, Apterontidae). **Experientia**, v. 37, p. 953-954, 1981.

_____. Complex sex chromosome system in *Eigenmannia* sp (Pisces, Gymnotiformes). **Genetica**, v. 64, p. 165-169, 1984.

_____. Spontaneous triploidy and NOR activity in *Eigenmannia* sp (Pisces, Sternopygidae) from the Amazon Basin. **Genetica**, v. 66, p. 85-88, 1985.

ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; FORESTI, F.; DANIEL, M.F.Z.; TOLEDO, S.A. Nucleolar chromosome variants in *Sternopygus macrurus* (Pisces, Sternopygidae) from three Brazilian river basins. **Caryologia**, v. 46, p. 53-61, 1993.

ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; FORESTI, F.; RAMOS, S.M.; ORMANEZZI, R.; CAROLSFELD, V.J.S.; TOLEDO S.A. Estudos citogenéticos de híbridos entre fêmeas de Pacu (*Piaracatus mesopotamicus*) e machos de Tambaqui (*Colossoma macropomum*). **Bol. Cepta**, v. 1, p. 11-17, 1988.

ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; STOCKER, A.J.; FORESTI, F.; TOLEDO-FILHO, S.A. Fluorescence *in situ* hybridization with rDNA probes on chromosomes of two NOR phenotypes of species of *Eigenmannia*. **Chromosome Research**, v. 4, p. 301-305, 1996.

ANDREATA, A.A.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; OLIVEIRA, C.; TOLEDO-FILHO, S.A. Cytogenetic studies in Hypoptomatinae (Pisces, Siluriformes, Loricariidae). **Caryologia**, v. 47, n. 1, p. 27-37, 1994.

BAIMAI, V.; SENE, F.M.; PEREIRA, M.A.Q.R. Heterochromatin and Karyotypic Differentiation of some Neotropical Cactus-Breeding Species of the *Drosophila repleta* Species Group. **Genetica**, v. 60, p. 81-92, 1983.

BANDOUK, A.C.; REIS, S.F. dos. Craniometric variation and subspecific differentiation in *Thrichomys operoides* in northeastern Brazil (Rodentia: Echimyidae). **Zeitschrift für Saugtierkunde**, v. 60, p. 176-185, 1995.

BANDOUK, A.C.; REIS, S.F. dos; BORDIN, B. Cranial differentiation and evolution in *Thrichomys apereoides* in northeastern Brazil (Rodentia: Echimyidae). **Journal of Zoology**, v. 239, p. 65-71, 1996.

BARKER, J.S.F.; SENE, F.M.; EAST, P.D.; PEREIRA, M.A.Q.R. Allozyme and chromosomal polymorphism of *Drosophila buzzatii* in Brazil and Argentina. **Genetica**, v. 67, p. 161-170, 1985.

- BERTOLLO, L.A.C.; MOREIRA FILHO, O.; GALETTI, P.M. Cytogenetics and Taxonomy: Considerations based on chromosome studies of freshwater fish. **Journal Fish Neology**, v. 28, p. 153-159, 1986.
- BERTOLOTTO, C.E.V.; RODRIGUES, M.T.; SKUK, G.; YONENAGA-YASSUDA, Y. Comparative cytogenetic analysis with differential staining in three species of *Liolaemus* (Squamata, Tropicuridae). **Hereditas**, v. 125, p. 257-264, 1996.
- BITNER-MATHÉ, B.C.; KLACZKO, L.B. Variation and heritability of arisal morphology in a natural population of *Drosophila mediopunctata*. **Hereditas (Sweden)**, v. 128, p. 67-71, 1998.
- BITNER-MATHÉ, B.C.; PEIXOTO, A.A.; KLACZKO, L.B. Morphological variation in a natural population of *Drosophila mediopunctata*: altitudinal cline, temporal changes and influences of chromosome inversions. **Heredity**, v. 75, p. 54-61, 1995.
- BRUM, M.J.I. A Citogenética dos Peixes Neotropicais, In: **Documentos da I Jornada de Ictiologia do Rio de Janeiro**. Museu Nacional da UFRJ, p. 9-16, 1996.
- _____. Cytogenetic studies in Brazilian marine fishes. **Genetic Brazilian Journal**, v. 19, n. 3, p. 423-427, 1996.
- BRUM, M.J.I.; CORREA, M.M.O.; OLIVEIRA, C.C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Chromosome studies in Perciformes *Orthopristis ruber* (Haemulidae) and *Scartella cristata* (Blenniidae). **Caryologia**, v. 48, n. 4, p. 309-318, 1995.
- BRUM, M.J.; OLIVEIRA, C.C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Cytogenetic studies of two puffer species (Sphoeroids, Tetraodontidae) from de Rio de Janeiro coast, Brazil. **Cytologia**, v. 60, p. 369-374, 1995.
- CARVALHO, A.B.; VAZ, S.C.; KLACZKO, L.B. Polymorphism for Y-linked suppressors of sex-ratio in two natural populations of *Drosophila mediopunctata*. **Genetics**, v. 146, p. 891-902, 1997.
- CARVALHO, A.B.; KLACZKO, L.B. Age and sex-ratio expression in *Drosophila mediopunctata*. **Genetica (Netherlands)**, v. 87, p. 107-111, 1992.
- _____. Autosomal suppressors of sex-ratio in *Drosophila mediopunctata*. **Heredity**, v. 71, p. 546-551, 1993.
- _____. Y-linked suppressors of the sex-ratio trait in *Drosophila mediopunctata*. **Heredity**, v. 73, p. 573-579, 1994.
- CARVALHO, A.B.; SAMPAIO, M.C.; VARANDAS, F.R.; KLACZKO, L.B. An experimental demonstration of Fisher's principle: evolution of sexual proportion by natural selection. **Genetics**, v. 148, p. 719-731, 1998.
- CARVALHO, G.A.; KERR, W.E.; NASCIMENTO, V.A. Sex determination in Bees. XXXIII, Decrease of XO heterolalleles in a finite population of *Melipona scutellaris* (Apidae, Meliponini). **Rev. Brasil. Genetica**, v. 18, n. 1, p. 13-16, 1995.
- CESTARI, M.M.; GALETTI JUNIOR, P.M. Chromosome studies of *Serrasalmus spilopheura* (Characidae, Serrasalminae) from the Parana-Paraguay rivers: evolutionary and cytotaxonomic considerations. **Copeia**, p. 108-112, 1992
- DA SILVA, M.N.F. Four new species of spiny rats of the genus *Proechimys* (Rodentia: Echimyidae) from the western Amazon of Brazil. **Proceedings of the Biological Society of the Washington**. 1998. No prelo.
- DA SILVA, M.N.F.; PATTON, J.L. Amazonian Phylogeography: mtDNA sequence variation in arboreal echimyid rodents (Caviomorpha). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 2, n. 3, p. 243-255, 1993.
- _____. Molecular Phylogeography and the Evolution and Conservation of Amazonian Mammals. **Journal of Molecular Ecology**, 1998. 38 p. No prelo.
- DINIZ, N.M.; SENE, F.M. Linkage disequilibrium between chromosomal inversions of *Drosophila mercatorum pararepleta* (Diptera, Drosophilidae). **Rev. Bras. Gen.**, v. 16, n. 4, p. 911-915, 1993.

- DINIZ-FILHO, J.A.F.; BUENO, O.C.; CHAUD-NETTO, J.; MALASPINA, O. Heritability of the number of ovarioles in honeybee workers (*A. mellifera*) (Hymenoptera, Apidae). **Rev. Bras. Genet.**, v. 16, n. 4, p. 65-72, 1993.
- DINIZ-FILHO, J.A.F.; MALASPINA, O. Evolution and population structure of africanized honey bees in Brazil: evidences from spatial analysis of morphometric data. **Evolution**, v. 49, n. 6, p. 1172-1179, 1995.
- _____. Geographic variation of africanized honey bees in Brazil: multivariate morphometrics and racial admixture. **Rev. Brasil. Genet.**, v. 19, n. 2, p. 217-224, 1996.
- ESTEBAN, M.R.; CAMPOS, M.C.C.; PERONDINI, A.L.P.; GODAY, C. Role of microtubules and microtubule organizing centers on meiotic chromosome elimination *Sciara ocellaris*. **Journal Cell Science**, v. 110, p. 721-730, 1997.
- FAGUNDES, V.; YONENAGA-YASSUDA, Y. The analysis of synaptonemal complex formation in *Trichomys apereoides* (Rodentia, Echimyidae) with detailed XY pairing. **Caryologia**, v. 49, n. 2, p. 183-192, 1996.
- FAGUNDES, V.; SCALZI-MARTIN, J.M., SIMS, K.; HOZIER, J.; YONENAGA-YASSUDA, Y. Zoo-FISH of a microdissection DNA library and G-banding patterns reveal the homology between the Brazilian rodents *Akodon cursor* and *A. montensis*. **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 78, p. 224-228, 1997.
- FAGUNDES, V.; VIANNA-MORGANTE, A.M.; YONENAGA-YASSUDA, Y. Telomeric sequences localization and G-banding patterns in the identification of a polymorphic chromosomal rearrangement in the rodent *Akodon cursor* (2n = 14, 15 and 16). **Chromosome Research**, v. 5, p. 228-232, 1997.
- FELDBERG, E.; PORTO, J.I.R.; NAKAYAMA, C.M.; BERTOLLO, L.A.C. Karyotype evolution in Curimatidae from the Amazon region: II Centric fission in the genus *Potamorhina*. **Genome**, v. 36, p. 372-376, 1993.
- FERNANDES-MATIOLI, F.M.C.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; TOLEDO-FILHO, S.A. Extensive nucleolus organizer region polymorphism in *Gymnotus carapo* (Gymnotoidei, Gymnotidae). **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 78, p. 230-236, 1997.
- FIGUEIREDO, V.L.C.; SENE, F.M. Chromosomal Variability in Brazilian Populations of *Drosophila buzzatii* (Diptera, Drosophilidae). **Rev. Bras. Biol.**, v. 52, n. 4, p. 600-608, 1992.
- FORESTI, F.; OLIVEIRA, C.; ALMEIDA TOLEDO, L.F.; GALETTI JUNIOR, P.M. Improved technique for synaptonemal complex studies in fish. **International Workshop on Fish Cytogenetic Techniques (Concarnean, França)** v. 1, p. 85-92, 1992.
- FORESTI, F.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; TOLEDO, S.A. polymorphic nature of nucleolus organizer regions in fishes. **Cytogen. Cell Genet.**, v. 31, p. 137-144, 1981.
- _____. Chromosome studies in *Gymnotus carapo* and *Gymnotus sp* (Pisces, Gymnotidae). **Caryologia**, v. 37, p. 141-146, 1984.
- FOWLER, I.R.; SALOMÃO, M.G. A new technique to distinguish between immature and adult snakes and males and females in six species of the Neotropical colubrid snakes *Philodryas*. **Studies on Neotropical Fauna and Environment**, v. 30, n. 3, p. 149-157, 1995.
- GALETTI JUNIOR, P.M.; CESAR, A.C.G.; VENERE, P.C. Heterochromatin and NORs variability in *Leporinus* fish (Anostomidae, Characiformes). **Caryologia**, v. 44, p. 287-292, 1991.
- GALETTI JUNIOR, P.M., BERTOLLO, L.A.C.; MOREIRA FILHO, O. Structure and variability of nucleolar organizing regions in Parodontidae fish. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, v. 26, n. 5, p. 564-568, 1984.
- GALETTI JUNIOR, P.M.; MESTRINER, C.A.; VENERE, P.C.; FORESTI, F. Heterochromatin and karyotype reorganization in the family Anostomidae (Characiformes). **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 56, p. 116-121, 1991.
- GALETTI JUNIOR, P.M.; RASCH, E.M. Chromosome studies in *Poecilia latipunctata* with NOR polymorphism as shown by silver nitrate and chromomycin A3 (Teleostei: Poeciliidae). **Ichthyological Exploration Freshwaters**, v. 4, p. 269-277, 1993.

GALETTI JUNIOR, P.M.; FORESTI, F. Evolution of the ZZ/ZW system in *Leporinus* (Pisces, Anostomidae). Role of constitutive heterochromatin. **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 43, p. 43-46, 1986.

GALETTI JUNIOR, P.M.; LIMA, N.R.W.; VENERE, P.C. A monophyletic ZW sex chromosome system in *Leporinus* (Anostomidae, Characiformes). **Cytologia**, v. 60, 375-382. 1995.

GALETTI JUNIOR, P.M.; MESTRINER, C.A.; MONACO, P.J.; RASCH, E.M. Post-zygotic modifications and intra and interindividual nucleolar organizing region variations in fish: report of a case involving *Leporinus friderici*. **Chromosome Research**, v. 3, p. 285-290, 1995.

GALETTI JUNIOR, P.M.; ESTEVES, K.E.; LIMA, N.R.W.; MESTRINER, C.A.; CAVALLINI, M.M.; CÉSAR, A.C.G.; MIYAZAWA, C.S. Aspectos comparativos da ictiofauna de duas lagoas marginais do rio Mogi-Guaçu (alto Paraná - Estação Ecológica do Itajaí, SP). Congresso Brasileiro de Limnologia (São Paulo, SP). **Acta Limnologica Brasiliensia**, v. 3, p. 865-885, 1990.

GALETTI JUNIOR, P.M.; BERTOLLO, L.C.; MOREIRA FILHO, O. Karyotypic studies of some species of family Parodontidae (Pisces, Cypriniformes). **Caryologia**, v. 38, n. 1, p. 47-55, 1985.

GALETTI JUNIOR, P.M.; SILVA, E.B.; CERMINARO, R.T. A multiple NOR system in the fish *Serrasalmus spilopleura* (Serrasalminae, Characidae). Brazil. **J. Genetics**, v. 8, n. 3, p. 479-484, 1985.

GALETTI JUNIOR, P.M.; FORESTI, F.; BERTOLLO, L.C.; MOREIRA FILHO, O. Heteromorphic sex chromosomes in three species of the genus *Leporinus* (Pisces, Anostomidae). **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 29, p. 138-142, 1981.

GALETTI JUNIOR, P.M.; FORESTI, F.; BERTOLLO, L.C.; MOREIRA FILHO, O. Karyotypic similarity in three genera (*Leporinus*, *Leporellus* and *Schizodon*) of the family Anostomidae (Pisces, Teleostei) Brazil. **J. Genetics**, v. 4, n. 1, p. 11-15, 1981.

GALETTI JUNIOR, P.M.; FORESTI, F.; BERTOLLO, L.C.; MOREIRA FILHO, O. Characterization of eight species of Anostomidae (Cypriniformes) fish on the basis of the nucleolar organizing regions. **Caryologia**, v. 37, n. 4, p. 401-406, 1984.

GUIMARÃES, I.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; OLIVEIRA, C.; FORESTI, F.; TOLEDO-FILHO, S.A. Cytogenetic studies in three species of Glandulocaudinae (Pisces, Characiformes, Characidae). **Rev. Brasil. Genet.**, v. 18, n. 2, p. 185-199, 1995.

HAAF, T.; SCHMID, M.; STEINFEIN, C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Organization and molecular cytogenetics of a satellite DNA family from *Hoplias malabaricus* (Pisces, Erythrinidae). **Caryologia**, v. 46, p. 115-125, 1993.

HAAG, K.L.; ARAÚJO, A.M. Inbreeding, Genetic load and morphometric variation in natural populations of *Dryas ivlia* (Lepid., Nymphalidae). **Revista Brasileira de Genética**, v. 17, p. 35-39, 1994.

HAAG, K.L.; ARAÚJO, A.M.; ZAHA, A. Genetic structure of natural populations of *Dryas ivlia* (Lepid., Nymph.) revealed by enzyme polymorphism and mtDNA RFLPs. **Biochemical Genetics**, v. 31, p. 449-460, 1993.

HAAG, K.L.; GOTTSTEIN, B.; ARAÚJO, A.M.; ZAHA, A. Identificação e caracterização de linhagens do parasito *Echinococcus granulosis* através de PCR-SSCP seguido de seqüenciamento. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, n. 3, p. 336, 1997.

HAAG, K.L.; ZAHA, A.; ARAÚJO, A.M.; GOTTSTEIN, B. Reduced genetic variability within coding and non-coding regions of the *Echinococcus multilocularis* genome. **Parasitology**, v. 115, p. 521-529, 1997.

INFANTE-VARGAS, M.E. **Análise da variabilidade genética do DNA mitocondrial via RFLP de populações de *Cochiomya hominovorax***. Campinas, 1994. Tese (Mestrado) – Biblioteca do Instituto de Biologia, Unicamp.

JORDANA, J.; PIEDRAFITA, J.; SANCHES, A. Variabilidad genética en diez razas caninas españolas. **Archivos de Zootecnia**, v. 40, p. 115-129, 1991.

- _____. Variabilidade y relaciones genéticas de cinco poblaciones de la raza canina "Gos D artura". **Investigacion Agraria**, v. 6, p. 211-223, 1991.
- KASAHARA, S.; PELLEGRINO, K.C.M.; RODRIGUES, M.T.; YONENAGA-YASSUDA, Y. Comparative cytogenetic studies of eleven species of the *Tropidurus torquatus* group (Sauria, Tropiduridae) with banding patterns. **Hereditas**, v. 125, p. 37-46, 1996.
- KERR, W.E.; CUNHA, R.A. Sex determination in bees. XXVI Masculinism of workers in the Apidae. **Rev. Bras. Gen.**, v. 13, n. 3, p. 479-489, 1990.
- KERR, W.E.; CARVALHO, G.A.; NASCIMENTO, V.A. **Urugu:** biologia e manejo. Belo Horizonte: Fundação Acangaú, 1996. 144 p.
- KERR, W.E.; MONTEIRO, S.G.; KERR, H.A.S. Sex determination in bees XXV. Adaptive value of the sex gene in its origin. **Rev. Bras. Gen.**, v. 11, n. 2, p. 469-473, 1988.
- KERR, W.E. Sex determination in honey bees (Apinae and Meliponinae) and its consequences. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, n. 4, p. 601-612, 1997.
- KLACZKO, L.B.; BITNER-MATHÉ, B.C. On the edge of a wing. **Nature**, v. 346, p. 321, 1990.
- KLACZKO, L.B. Population genetics of *Drosophila mediopunctata*. In: LEVINE, L. (Ed.). **Genetics of natural populations:** the continuing importance of Theodosius Dobzhansky. New York: Columbia University Press, 1995.
- KLACZKO, L.B.; OTTO, P.A.; PEIXOTO, A.A. Allele frequency estimates when only heterozygotes can be recognized: method of estimation and application in the case of chromosomal inversion polymorphisms in *Drosophila*. **Heredity**, v. 64, p. 263-270, 1990.
- KLAUTAU, M.; SOLÉ-CAVA, A.M.; BOROJEVIC, R. Biochemical systematics of sibling species of *Clathrina* (Porifera, Calcarea). **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 22, p. 367-375, 1994.
- KLAUTAU-GUIMARÃES, M.N.; MOREIRA, J.R.; PILLA, E.J.S.; CONTEL, E.P.B. Variabilidade Genética do lobo-guará em sua área de maior pressão antrópica. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, n. 3, p. 334, 1997.
- KOEHLER, M.R.; DEHM, D.; GUTTENBACH, M.; NANDA, I.; MOLINA, W.F.; GALETTI JUNIOR, P.M.; SCHMID, M. Cytogenetics of the genus *Leporinus* (Pisces, Anostomidae). 1. Karyotype analysis, heterochromatic distribution and sex chromosomes. **Chromosome Research**, v. 5, p. 12-22, 1997.
- KUHN, G.C.S.; RUIZ, A.; ALVES, M.A.R.; SENE, F.M. The metaphase and polytene chromosomes of *Drosophila seriema* (*repleta* group; *mulleri* subgroup). **Rev. Bras. Gen.**, v. 19, n. 2, p. 365-372, 1996.
- LARA, M.C.; PATTON, J.L.; DA SILVA, M.N.F. The simultaneous diversification of echimyid rodents (Caviomorpha): a star-phylogeny based on complete cytochrome b sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 5, n. 2, p. 403-413, 1996.
- LOBO, J.A.; KERR, W.E. Estimation of the number of matings in *Apis mellifera*; extensions of the model and comparison of different estimates. **Ethology Ecology & Evolution**, v. 5, p. 337-345, 1993.
- LUCCA, E.J.; ROCHA, G.T. Citogenética de Aves. **Bol. Mus. Pará. Emilio Goeldi, série Zool.**, v. 8, n. 1, p. 33-68, 1992.
- MACHADO, M.F.P.S.; PRIOLI, A.J.; MANGOLIN, C.A. Malate Dehydrogenase (MDH: EC 1.1.1.37) isozymes in Tissues and Callus Cultures of *Cereus peruvianus* (Cactaceae). **Biochemical Genetics**, v. 31, p. 167-172, 1993.
- MAISTRO, E.L.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, C.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F. Occurrence of macro B chromosomes in *Astyanax scabripinnis paranae* (Pisces, Characiformes). **Genetica**, v. 87, p. 101-106, 1992.
- MALASPINA, O. Peso da operária e influência do genótipo paterno na transmissão de caracteres em *Apis mellifera*. **Naturalia**, p. 86-89, 1992.

MALASPINA, O.; STORT, A.C.; BUENO, O.C. Análise de caracteres morfológicos e comportamentais em abelhas africanizadas, caucasianas e em descendentes dos seus cruzamentos. **Rev. Bras. Zool.**, v. 6, n. 1, p. 63-73, 1989.

MANGOLIN, C.A.; MACHADO, M.F.P.S. Isozyme extraction from shoot tissue of *Cereus peruvianus* (Cactaceae) for electrophoretic analysis. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, p. 327, 1997.

MANGOLIN, C.A.; PRIOLI, A.J.; MACHADO, M.F.P.S. Isozyme variability in plants regenerated from calli of *Cereus peruvianus* (Cactaceae). **Biochemical Genetics**, v. 35, p. 189-204, 1997.

_____. Isozyme patterns in Callus Cultures and in plants regenerated from calli of *Cereus peruvianus* (Cactaceae). **Biochemical Genetics**, v. 32, p. 237-247, 1994.

_____. Alcohol Dehydrogenase (EC 1.1.1.1.) Isozymes as Markers at 2,4. Dichloro-Phenoxyacetic Acid X Kinetin Combinations in Callus Cultures of *Cereus peruvianus*. **Biochemical Genetics**, v. 32, p. 191-199, 1994.

MATTOS, A.; SOLÉ-CAVA, A.M.; DECARLI, G.; BENCHIMOL, M. Fine structure and isozymic characterization of *Tritrichomonas suis*. **Journal of Parasitology**, v. 83, p. 290-295, 1997.

MELO, A.; MALASPINA, O.; DINIZ-FILHO, J.A.F. Heritability of sings characters in africanized honey bees. **J. Venom. Amim. Toxins**, v. 3, n. 2, p. 274-279, 1997.

MESTRINER, C.A.; BERTOLO, L.A.C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Chromosome banding and synaptonemal complexes in *Leporinus lacutris* (Pisces, Anostomidae): analysis of a sex system. **Chromosome Research**, v. 3, p. 440-443, 1995.

MIYAKI, C.Y.; DUARTE, M.B.; CAPARROZ, R.; NUNES, A.V.L.; WAJNTAL, A. Sex identification of South American Parrots (Psittacidae, Aves) using the Human minisatellite probe 33.15. **The Auk**, v. 114, n. 3, p. 516-520, 1997.

MIYAKI, C.Y.; HANOTTE, O.; WAJNTAL, A.; BURKE, T. DNA fingerprinting in the endangered parrot *Aratinga guarouba* and other *Aratinga* species. **Revista Brasileira de Genética**, v. 18, n. 3, p. 405-411, 1995.

MIYAKI, C.Y.; PEREIRA, S.L.; WAJNTAL, A. DNA fingerprinting applied to parrot captive breeding programs. **Ararajuba**, v. 5, n. 2, p. 127-133, 1997.

MIYAKI, C.Y.; WAJNTAL, A.; BURKE, T. Sex typing of *Aratinga* parrots using the human minisatellite probe 33.15. **Nucleic Acids Research**, v. 20, n. 19, p. 5235-5236, 1992.

MONTEIRO, F.A.; SOLÉ-CAVA, A.M.; THORPE, J.P. Extensive genetic divergence between populations of the common intertidal sea anemone *Actinia equina* from Britain, the Mediterranean and the Cape Verde Islands. **Marine Biology**, v. 129, p. 425-433, 1997.

MONTEIRO, S.G.; ALMEIDA, R.; DINIZ, N.M.; SENE, F.M. Identification of the Karyotype of *Drosophila zottii*: Metaphase Chromosomes. **Rev. Bras. Gen.**, v. 17, n. 3, p. 339-340, 1994.

MONTEIRO, S.G.; TIDON-SKLORZ, R.; SENE, F.M. Genetic basis of morphological differences between the aedeagi of *Drosophila seriema* and *D. koepferae* (Diptera, Drosophilidae). **Heredity**. No prelo.

MORAES, M.L.T. A técnica da eletroforese e a caracterização das isoenzimas: In: KAGEYAMA, P.Y.; REIS, M.S.; GANDARA, F.B. (Coord.). **Estimadores de variação genética e taxa de cruzamento em populações de espécies arbóreas**. Piracicaba, SP: Departamento de Ciências Florestais, Esalq/USP, p. 9-31, 1993.

MORAES, M.L.T.; ANDRADE, J.A.C.; KAGEYAMA, P.Y.; SIQUEIRA, A.C.M.F. Uso do coeficiente de caminhamento em populações de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.). **Revista Brasileira de Genética**, v. 18, n. 3, p. 270, 1995.

MORAES, M.L.T.; ANDRADE, J.A.C.; KAGEYAMA, P.Y. Variabilidade genética entre populações de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.) em consórcio com candiúba (*Trema micrantha* L.). **Revista Brasileira de Genética**, v. 19, n. 3, p.198, 1996.

- MORAES, M.L.T.; KAGEYAMA, P.Y.; SIQUEIRA, A.C.M.F.; KANO, N.K.; CAMBUIM, J. Variação genética em duas populações de aroeira (*Astronium urundeuva* Fr. All - Engl. Anacardiaceae). **Revista do Instituto Florestal, São Paulo**, v. 4, p. 1241-45, 1992.
- MORAES, M.L.T.; MORAES, S.M.B.; KAGEYAMA, P.Y. Estrutura genética de duas populações naturais de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.): em mata primária e pastagem abandonada. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, n. 3, p. 329, 1997.
- MOREIRA FILHO, O.; BERTOLLO, L.A.C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Evidences for a multiple sex chromosomes system with female heterogamety in *Apareiodon affinis* (Pices, Parodontidae). **Caryologia**, v. 33, n. 1, p. 83-91, 1980.
- _____. Distribution of sex chromosome mechanisms in neotropical fish and description of a ZZ/ZW system in *Parodon hilarii* (Parodontidae). **Caryologia**, v. 46, p. 115-125, 1993.
- MORI, L.; VILELA, C.R. Uma segunda espécie de *Drosophila* do subgrupo *repleta* em guano de morcego hematófago. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, n. 3, p. 304, 1997.
- MORI, L.; DESSEN, E.M.; PERONDINI, A.L.P. A gene that modifies the sex-ratio in a bisexual strain of *Sciara ocellaris*. **Heredity**, v. 42, p. 353-358, 1979.
- MORI, L.; PERONDINI, A.L.P. Errors in the elimination of X- chromosomes in *Sciara ocellaris*. **Genetics**, v. 94, p. 663-673, 1980.
- MORIELLE, E.; VARELLA-GARCIA, M. Variability of nucleolar organizer regions in Phyllostomid bats. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, p. 853-871, 1998.
- MORIELLE, E.; GOLONI-BERTOLLO, E.M.; VARELLA-GARCIA, M.; TADDEI, V.A. A chromosome banding study of *Eumops glaucinus* (Chiroptera, Molossidae). **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, p. 791-795, 1988.
- MORIELLE-VERSUTE, E.; VARELLA-GARCIA, M. Identification of common fragile sites in chromosomes of 2 species of bat. **Journal Genetics Selection Evolution**, v. 26, p. 81-89, 1994.
- MORIELLE-VERSUTE, E.; VARELLA-GARCIA, A.M.; TADDEI, V.A. Karyotypic patterns of seven species of molossid bats (Molossidae, Chiroptera). **Cytogenetics Cell Genetics**, v. 72, p. 26-33, 1996.
- MURICY, G.; SOLÉ-CAVA, A.M.; THORPE, J.P.; BOURY-ESNAULT, N. Genetic evidence for extensive cryptic speciation in the sponge *Plakina trilopha* (Porifera: Demospongiae: Homoscleromorpha) from the Western Mediterranean. **Marine Ecology, Progress Series**, v. 138, p. 181-187, 1996.
- NASCIMENTO, J.C.; OLIVEIRA, A.K. Ontogenetic development of *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae): isoenzyme patterns of isocitrate and alcohol dehydrogenases. **Comparative Biochemistry and Physiology**, v. 118, n. 3, p. 847-854, 1997.
- _____. The isozymatic pattern of alkaline phosphatase during cytogenetic development of *Anastrepha fraterculus* (Diptera, Ephritidae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, n. 2, p. 197-201, 1997.
- OLIVEIRA, C.; ALMEIDA-TOLEDO, L.A.; MORI, L.; TOLEDO, S.A. Cytogenetic and DNA content studies on armored catfishes of the genus *Corydoras* (Pisces, Siluriformes, Callichthyidae) from the southeast coast of Brazil. **Rev. Brasil. Genet.**, v. 16, n. 3, p. 617-629, 1993.
- OLIVEIRA, C.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; BRITSKI, H.A.; FORESTI, F.; TOLEDO-FILHO, S.A. Chromosome formulae of Neotropical freshwater fishes. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, n. 3, p. 577-624, 1988.
- OLIVEIRA, C.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F.; MORI, L.; TOLEDO FILHO, S.A. Cytogenetic and DNA content in six genera of the family Callichthyidae (Pisces, Siluriformes). **Caryologia**, v. 46, n. 2/3, p. 171-188, 1993.
- OLIVEIRA, R.C.; VASCONCELOS, S.M.; CAMPOS, A.P.S.; KERR, W.E.; GOULART-FILHO, L.R.; ROUBICK, D. Polimorfismo por marcadores RAPD em *Tetragonisca angustula* Latreille (1811) (Hymenoptera, Apidae, Meliponinae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, n. 3, p. 337, 1997.

ORTI, G.; PETRY, P.; PORTO, J.I.R.; JEGU, M.; MEYER, A. Patterns of nucleotide change in mitochondrial Ribosomal RNA genes and the phylogeny of Piranhas. **Journal of Molecular Evolution**, v. 42, p. 169-182, 1996.

PATTON, J.L.; REIS, S.F. dos; DA SILVA, M.N.F. Phylogenetic relationships in didelphid marsupials: Perspectives from mitochondrial DNA sequences. **Journal of Mammalian Evolution**, v. 3, p. 3-29, 1996.

PATTON, J.L.; DA SILVA, M.N.F.; MALCOLM, J.R. Gene genealogy and differentiation among arboreal spiny rats (Rodentia: Echimyidae) of the Amazon basin: A test of the riverine barrier hypothesis. **Evolution**, v. 48, n. 4, p. 1314-1323, 1994.

PATTON, J.L.; DA SILVA, M.N.F.; LAURA, M.C.; MUSTRANGI, M.A. Diversity, differentiation and the historical biogeography of non-volant small mammals of the Neotropical forests. In: LAURENCE, W.F.; BIERREGAARD JUNIOR, R.O.; MORITZ, C. (Ed.). **Tropical forest remnants, ecology management and conservation of fragmented communities**. Chicago, IL: University of the Chicago Press, p. 455-465, 1997.

PATTON, J.L.; DA SILVA, M.N.F.; MALCOLM, J.R. Hierarchical genetic structure and gene flow in three sympatric species of Amazonian rodents. **Journal of Molecular Ecology**, v. 5, p. 229-238, 1996.

PATTON, J.L.; REIS, S.F. dos; DA SILVA, M.N.F. Relationships among didelphid marsupials based on sequence variation in the mitochondrial cytochrome b gene. **Journal of Mammalian Evolution**, v. 3, n. 1, p. 3-29, 1996.

PEIXOTO, A.A.; KLACZKO, L.B. Linkage disequilibrium analysis of chromosomal inversion polymorphism in *Drosophila*. **Genetics**, v. 129, p. 773-777, 1991.

PELLEGRINO, K.C.M.; KASAHARA, S.; RODRIGUES, M.T.; YONENAGA-YASSUDA, Y. Pericentric inversion events in karyotypic distinction of Brazilian lizards of genus *Phyllotepelus* (Squamata, Gekkonidae) detected by chromosomal banding patterns. **Hereditas**, v. 127, n. 3, p. 255-262, 1997.

PEREIRA, S.L.; MIYAKI, C.Y.; WAJNTAL, A. DNA fingerprinting in the rare black-fronted Piping guan *Pipile jacutinga* (Cracidae, Aves). **Revista Brasileira de Biologia**, v. 56, n. 4, p. 783-791, 1996.

PERES, C.A.; DA SILVA, M.N.F.; PATTON, J.L. Riverine barriers and gene flow in Amazonian saddle-back tamarim monkeys. **Folia Primatologica**, v. 67, p. 113-124, 1996.

PERONDINI, A.L.P. On the transmission of the asymmetric polytene chromosome bands in *Sciara ocellaris*. **Caryologia**, v. 32, p. 365-372, 1979.

_____. Elimination of X-chromosome and the problem of sex determination in *Sciara ocellaris*. In: CHATTERJEE, R.N.; SANCHES, L. (Ed.). **Genome analysis in eukaryotes: developmental and evolutionary aspects**. New Delhi: Narosa Publ. House, p. 148-165, 1998.

PERONDINI, A.L.P.; DESSEN, E.M. The asymmetric bands of the polytene chromosomes of *Sciara ocellaris* (Diptera; Sciaridae). **Brazilian J. Genetics**, v. 11, p. 13-26, 1998.

PERONDINI, A.L.P.; OTTO, P.A.; TEMPLETON, A.; ROGATKO, A. Evidence for assortative mating systems related to the polytene chromosome band polymorphism in *Sciara ocellaris*. **Journal Heredity**, v. 74, p. 283-288, 1983.

PERONDINI, A.L.P.; OTTO, P.A. Evidences for selective differences in single polytene chromosome band polymorphism in *Sciara ocellaris*. **Journal Heredity**, v. 82, p. 275-281, 1991.

PESSÔA, L.M.; REIS, S.F. dos. Systematic implications of craniometric variation in *Proechimys iheringi* Thomas (Rodentia: Echimyidae). **Zoologischer Anzeiger**, v. 232, p. 181-200, 1994.

PESSÔA, L.M., REIS, S.F. dos; PESSÔA, M.F. Bacular variation and systematics of *Proechimys iheringi*, subgenus *Trinomys* (Rodentia: Echimyidae). **Studies on Neotropical Fauna and Environment**, v. 31, p. 129-132, 1996.

- PIRES, A.O.; VILELA, C.R. Cariótipos de espécies de *Drosophila* do grupo *Tripunctata* em uma mata semi-decídua. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, n. 3, p. 306, 1997.
- POMPOLO, S.G. Estudos Citogenéticos em Meliponinae. In: CRUZ-LANDIM, C. (Org.) **Anais do Encontro Brasileiro de Biologia de Abelhas e Outros Insetos Sociais**, p. 62-66, 1992.
- _____. Análise dos cariótipos de 19 Gêneros de abelhas da subfamília Meliponinae. **Anais do I Encontro sobre Abelhas**, v. 1, p. 143-146, 1994.
- POMPOLO, S.G.; CAMPOS, L.A.O. Karyotypes of two species of stingless bees, *Leurotrigona muelleri* and *Leurotrigona pusilla* (Hymenoptera, Meliponinae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 18, p. 181-184, 1995.
- PORTO, J.I.R.; FELDBERG, E. Comparative cytogenetic study of the armored catfishes of the genus *Hoplosternum* (Callichthyidae). **Rev. Brasil. Genet.**, v. 15, n. 2, p. 359-367, 1992.
- PORTO, J.I.R.; FELDBERG, E.; NAKAYAMA, C.M.; FALCÃO, J.N. A checklist of chromosome numbers and karyotypes of Amazonian freshwater fishes. **Rev. Hydrobiol. Trop.**, v. 25, n. 4, p. 287-299, 1992.
- PRIOLI, A.J.; MANGOLIN, C.A.; OLIVEIRA, S.A.; MACHADO, M.F.P.S. Isozymes as markers of the effect of growth regulator combinations on callus tissues from long-term cultures of *Cereus peruvianus*. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 18, p. 105-109, 1995.
- RANDI, E.; LUCCHINI, V.; FRANCISCI, F. Allozyme variability in the itacian wolf (*Canis lupus*) population. **Heredity**, v. 71, p. 516-522, 1993.
- REIS, S.F.; PESSÔA, L.M. *Proechimys albipinus minor*, a new subspecies of spiny rat from the state of Bahia, northeastern Brazil (Rodentia: Echimyidae). **Zeitschrift fur Saugetierkunde**, v. 60, p. 237-242, 1995.
- REIS, E.A.; MORI, L. DNA mitocondrial e ribossômico de espécies de *Drosophila* dos subgrupos *mercatorum* e *repleta*. **Revista Brasileira de Genética**, v. 17, n. 3, p. 304, 1994.
- _____. Análise molecular de 9 espécies de *Drosophila* dos subgrupos *mercatorum* e *repleta*. **Revista Brasileira de Genética**, v. 18, n. 3, p. 280, 1995.
- RESENDE, A.G.; OLIVEIRA-COLLET, S.A.; VIDIGAL, P.S.; MACHADO, M.F.P.S. Isoenzimas em variedades de *Manihot esculenta* Crantz cultivadas nas regiões noroeste e oeste do Estado do Paraná. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, p. 327, 1997.
- RUSSO, C.A.M.; SOLÉ-CAVA, A.M. Genetic variation and differentiation between populations of a tropical sea-anemone (*Bunodosoma caissarum* Correa). **Revista de Biologia Tropical**, v. 39, p. 41-46, 1991.
- RUSSO, C.A.M.; SOLÉ-CAVA, A.M.; THORPE, J.P. Population structure and genetic variation in two tropical sea anemones (Cnidaria, Actiniidae) with differing reproductive strategies. **Marine Biology**, v. 119, p. 267-276, 1994.
- SALOMÃO, M.G. Marcadores moleculares e seu papel nos estudos de sistemática, evolução, história natural e conservação. **Revista Universidade Guarulhos, Série Pós-Graduação**, v. 2, n. 1, p. 29-36, 1997.
- SALOMÃO, M.G.; PUORTO, G.; FURTADO, M.F.D.; SAWAYA, P. *Philodryas olfersii*: Morphological, histochemical studies of Duvernoy's glands. **Venom extraction. Mem. Inst. Butantan**, v. 52, p. 69, 1990.
- SELIVON, D.; MORGANTE, J.S. Reproductive isolation between *Anastrepha bistrigata* and *A. striata* (Diptera, Tephritidae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, p. 583-585, 1997.
- SELIVON, D.; PERONDINI, A.L.P. Evaluation of Techniques for C and ASG banding of the mitotic chromosomes of *Anastrepha* species (Diptera: Tephritidae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, p. 651-653, 1997.

_____. Extrusion of yolk masses by hybrid embryos of two cryptic species of *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, p. 253-256, 1997.

SELIVON, D.; MORGANTE, J.S.; PERONDINI, A.L.P. Egg size, yolk masses extrusion and hatching behavior in two cryptic species of *Anastrepha fraterculus*: (Diptera, Tephritidae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, p. 587-594, 1997.

SELIVON, D.; MORGANTE, J.S.; RIBEIRO, A.F.; PERONDINI, A.L.P. Extrusion of masses of yolk during embryony development of the fruit fly *Anastrepha fraterculus*. **Invertebrate Reproduction and Development**, v. 29, p. 1-7, 1996.

SENE, F.M. Geographic and Ecological Pattern of Chromosome Polymorphism in *Drosophila mercatorum pararepleta*. **Rev. Bras. Gen.**, v. 9, n. 4, p. 573-591, 1986.

SENE, F.M.; SANTOS, T.H.F. Chromosomal Variability in *Drosophila paranaensis* from Brazil, South America. **Evolución Biológica**, v. 2, p. 261-271, 1988.

SENE, F.M.; AMABIS, J.M.; CARSON, H.L.; CYRINO, T.H.F.S. Chromosome polymorphism in *Drosophila mercatorum pararepleta* in South America. **Rev. Bras. Genet.**, v. 4, p. 1-10, 1981.

SENE, F.M.; PEREIRA, M.A.Q.R.; VILELA, C.R. Evolutionary aspects of cactus Breeding *Drosophila* Species in South America. In: BARKER, J.S.F.; STARMER, W.T. (Ed.). **Ecological genetics and evolution**. Sydney, Australia: Academic Press, p. 97-106, 1982.

_____. Contrasting Patterns of Differentiation Inferred from Traditional Genetic Markers in the Process of Speciation. **Pacific Science**, v. 42, n. 1/2, p. 81-88, 1988.

SHOJI, A.H.; VILELA, C.R. Biologia de *Drosophila eleonora* proveniente de duas cavernas brasileiras. **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, n. 3, p. 306, 1997.

SILVA, A.F.G.; SENE, F.M. *Morphological Geographic Variability in Drosophila serido* (Diptera, Drosophilidae). **Rev Bras. Ent.**, v. 35, n. 2, p. 455-468, 1991.

SILVA, E.P.; SOLÉ-CAVA, A.M. Genetic variation and population structure in the tropical marine bivalve *Anomalocardia brasiliiana* (GMELIN, 1791) (Veneridae). In: BEAUMONT, A. (Ed.). **Genetics and evolution of aquatic organisms**. Londres: Chapman and Hall, p. 159-168, 1994.

SILVA, M.J.J.; YONENAGA-YASSUDA, Y. New karyotypes of two related species of *Oligoryzomys* genus (Cricetidae, Rodentia) involving centric fusion with loss of NORs and distribution of telomeric (TTAGGG)_n sequences. **Hereditas**, v. 127, n. 3, p. 217-229, 1997.

SOLÉ-CAVA, A.M.; THORPE, J.P. Evolutionary genetics of Marine Sponges. In: van SOEST, R.W.M.; VAKEMPEN, T.M.G.; BRAEKMAN, J.C. (Ed.). **Sponges in time and space**. Amsterdam: Balkema, p. 55-63, 1994.

SOLÉ-CAVA, A.M.; RUSSO, C.A.M.; ARAÚJO, M.E.; THORPE, J.P. Cladistic and phenetic analysis of allozyme data for nine species of anemones of the family Actiniidae (Cnidaria: Anthozoa). **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 52, p. 225-239, 1994.

SOLÉ-CAVA, A.M.; THORPE, J.P.; TODD, C.D. High genetic similarity between geographically distant populations in a sea anemone species with low dispersal capabilities. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, v. 74, p. 895-902, 1994.

SOLÉ-CAVA, A.M.; THORPE, J.P.; MANCONI, R. A new Mediterranean species of *Axinella* detected by biochemical genetic methods. In: REITNER, J.; KEUPP, H. (Ed.). **Fossil and Recent Sponges**. Berlin: Springer-Verlag, p. 313-321, 1991.

STORT, A.C.; MALASPINA, O.; NEVES, L.H.M. Genética do numero de estruturas sensoriais antenares e relação entre comportamento de coleta de alimento e a produção das coméias. **Naturalia**, (Número Especial) p. 148-152, 1992.

THORPE, J.P.; SOLÉ-CAVA, A.M. The use of electrophoresis in invertebrate systematics. **Zoologica Scripta**, v. 23, p. 3-18, 1994.

TIDON-SKLORZ, R.; VILELA, C.R.; SENE, F.M.; PEREIRA, M.A.Q.R. The genus *Drosophila* in the Serra do Cipó. **Revta. Bras. Ent.**, v. 38, n. 3/4, p. 627-637, 1994.

TIDON-SKLORZ, R.; SENE, F.M. Vertical and temporal distribution of *Drosophila* (Diptera, Drosophilidae) species in a wooded area in the state of São Paulo. Brazil. **Rev. Bras. Biol.**, v. 52, n. 2, p. 311-317, 1992.

_____. *Drosophila seriema*: A new member of the *Drosophila serido* (Diptera, Drosophilidae) superspecies taxon. **An. Entomol. Soc. Am.**, v. 88, n. 1, p. 139-142, 1995.

_____. Evolution of the *buzzatii* cluster (*Drosophila repleta* species group) in the Northeastern South America. **Evolucion Biologica**, v. 9, p. 71-85, 1995.

_____. Fauna of *Drosophila* (Diptera, Drosophilidae) in the "Cadeia do Espinhaço", states of Minas Gerais and Bahia, Brazil: biogeographical and ecological aspects. **Iheringia, Sér. Zool.**, v. 78, p. 85-94, 1995.

TORQUATO, E.F.B.; PRIOLI, A.J.; MACHADO, M.F.P.S. Differential Alcohol Dehydrogenase Isozyme expression in long-term callus tissue cultures of *Cereus peruvianus*. **Biochemical Genetics**, v. 33, p. 389-399, 1995.

TOSI, D.; SENE, F.M. Further Studies on Chromosomal Variability in *Drosophila serido* (Diptera, Drosophilidae). **Rev. Bras. Gen.**, v. 1, n. 4, p. 729-746, 1989.

VARELLA-GARCIA, A.M.; MORIELLE-VERSUTE, E.; TADDEI, V.A. A survey of cytogenetic data on Brazilian bats. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p. 761-793, 1989.

VARELLA-GARCIA, M.; TADDEI, V.A. Citogenética de quirópteros: métodos e aplicações. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 6, p. 297-323, 1989.

VASCONCELOS, S.M.; OLIVEIRA, R.C.; SORAGGI, A.P.C.; GOULART FILHO, L.R.; KERR, W.E. Divergência genética com marcadores RAPD em população de *Melipona rufiventris*. (Hymenoptera, Apidae, Meliponinae). **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, n. 3, p. 303, 1997.

VENERE, P.C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Multiple longitudinal bands in fish chromosomes: Comparison of structural G-banding and replication R bands among curimatids. **Cytobios**, v. 84, p. 71-78, 1995.

_____. Natural triploidy and chromosome B in the fish *Curimata modesta* (Curimatidae, Characiformes). Brazil. **J. Genetics**, v. 8, n. 4, p. 681-687, 1985.

WASKO, A.P.; VENERE, P.C.; GALETTI JUNIOR, P.M. Chromosome divergences between two sympatric characid fishes of the genus *Bryconamericus*. Brazil. **J. Genetics**, v. 19, n. 2, p. 225-230, 1996.

WUSTER, W.; THROPE, R.S.; PUORTO, G.; BBBSP – Butantan-British Bothrops Systematics Project: the main authors; FURTADO, M.F.D.; HOGE, S.A.; SALOMÃO, M.G.; THEAKSTON, R.D.G.; WARRELL, D.A. Systematics of the *Bothrops atrox* complex (Reptilia: Serpentes: Viperidae) in Brazil: A multivariate analysis. **Herpetologica**, v. 52, p. 263-271, 1996.

YONENAGA-YASSUDA, Y.; MORI, L.; CHU, T.H.; RODRIGUES, M.T. Chromosomal banding patterns in the eyelid-less microteiid radiation: *Procellosaurinus* and *Vanzosaura* (Squamata, Gymnophthalmidae). **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 74, p. 203-210, 1996.

Anexo C: Recursos humanos por estado

Na Tabela 19 estão mostrados os números de grupos de pesquisa por Unidade da Federação que trabalham com temas ligados à Biodiversidade Genética. Os dados foram extraídos do Diretório dos Grupos de Pesquisa do Brasil – Censo 2002 – corresponde a dados disponíveis na rede a partir de setembro de 2002, que refletem a situação da base de dados em 15 de julho de 2002 (<http://lattes.cnpq.br/censo2002/>).

Tabela 19. Grupos de Pesquisa que trabalham com Biodiversidade Genética por Unidade da Federação (UF): número de grupos de pesquisa, número de pesquisadores com doutorado, número de pesquisadores sem doutorado, e número de estudantes.

UF	GRUPOS	Pesquisadores		Estudantes
		com Doutorado	sem Doutorado	
Acre	1	10	6	0
Alagoas	0	0	0	0
Amapá	0	0	0	0
Amazonas	13	73	46	35
Bahia	10	56	32	52
Ceará	2	6	3	14
Distrito Federal	9	78	39	55
Espírito Santo	1	6	2	25
Goiás	4	14	5	9
Maranhão	3	11	13	14
Mato Grosso	3	11	7	35
Mato Grosso do Sul	2	18	11	19
Minas Gerais	10	68	12	100
Pará	7	55	14	81
Paraíba	2	6	0	3
Paraná	13	74	19	94
Pernambuco	7	36	13	61
Piauí	0	0	0	0
Rio de Janeiro	17	96	8	130
Rio Grande do Norte	1	2	1	4
Rio Grande do Sul	25	112	54	222
Rondônia	0	0	0	0
Roraima	1	7	3	6
Santa Catarina	7	26	1	59
São Paulo	46	199	21	274
Sergipe	0	0	0	0
Tocantins	1	4	0	2
TOTAIS	185	968	310	1.294

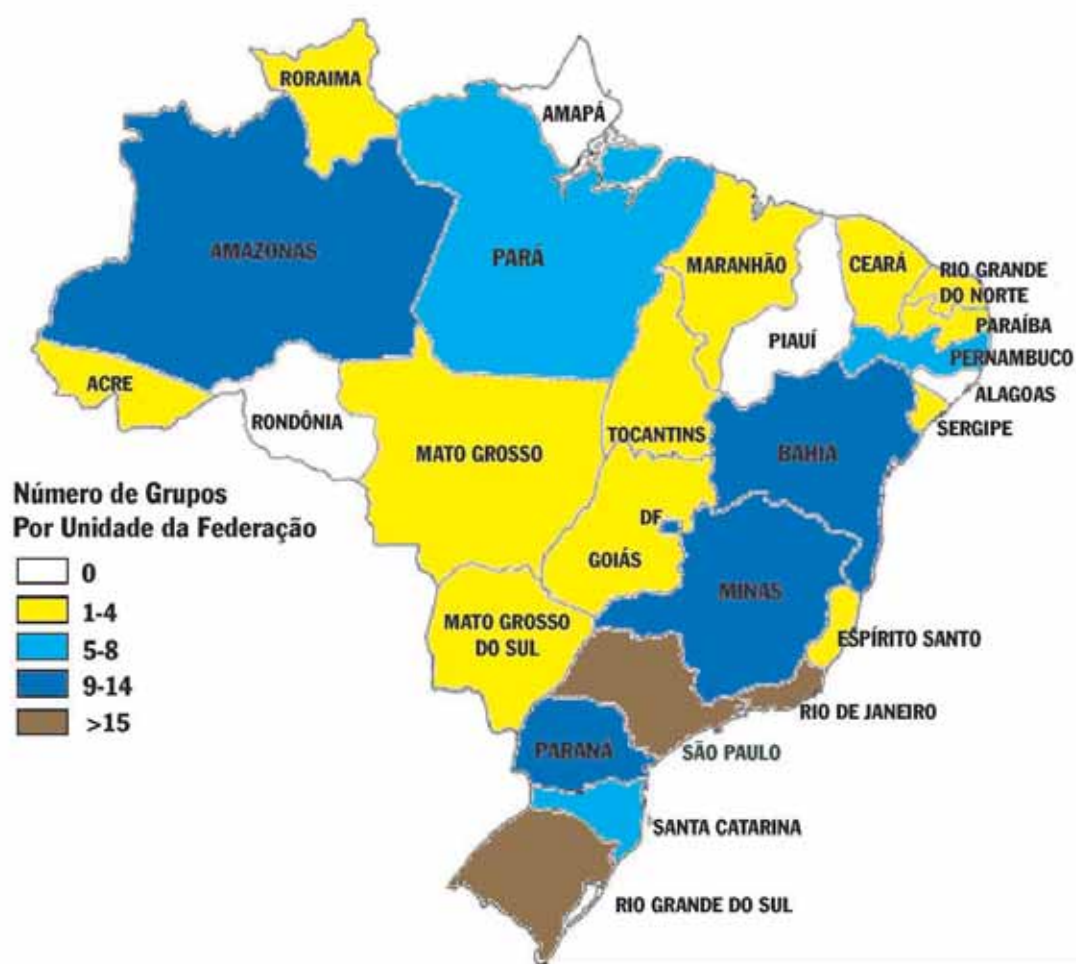


Figura 9. Grupos de pesquisa que trabalham com biodiversidade genética por unidade da Federação.