

Genética da Conservação

AULA 28

Meta da aula

Enumerar casos em que o estudo evolutivo foi útil na conservação das espécies.

objetivo

Esperamos que, após o estudo do conteúdo desta aula, você seja capaz de:

- Exemplificar aplicações práticas da genética para a conservação das espécies.

Pré-requisitos

Você compreenderá esta aula mais facilmente se revisar os vários tipos de marcadores moleculares disponíveis ao estudo da Evolução (Aula 8); a importância do tamanho efetivo de população na manutenção da variabilidade gênica (Aula 11) e a estruturação populacional (Aula 20).

INTRODUÇÃO

Na aula passada, você viu como o estudo da Evolução inclui e auxilia o estudo da Ecologia, com vários exemplos de aplicações bem-sucedidas de abordagens moleculares para o estudo da ecologia das espécies.

Nesta aula, veremos aplicações ainda mais específicas dos estudos evolutivos, desta vez na conservação da Natureza. Esta aula é baseada no capítulo “Genética da Conservação” (SOLÉ-CAVA, 2000), o livro *Genética molecular e evolução* (MATIOLI, 2000), uma das poucas publicações na área de Genética Evolutiva escrita totalmente por autores brasileiros, e que recomendamos que você leia.

Vamos começar pelo começo. O que queremos conservar quando falamos em conservação? Normalmente, as respostas para esta pergunta são: “a Natureza” ou, mais formalmente, “a biodiversidade”. Então, vamos colocar mais uma questão: O que é biodiversidade? Procure pensar nos vários níveis de diversidade que podemos querer conservar e escreva-os em uma folha de papel antes de descobrir a resposta.



Apesar de ser muito popular hoje, a expressão diversidade biológica começou a ser usada na literatura há pouco tempo. O termo biodiversidade é mais recente ainda, tendo sido usado pela primeira vez em 1985, por W.G. Rosen, para uma reunião do Foro Nacional de Biodiversidade, em Washington (EUA). Desde sua origem, a expressão diversidade biológica já trazia a idéia do conjunto da variabilidade nominal (as espécies que existem em um ambiente), ecológica (as suas interações) e genética (diversidade de alelos nos vários locos de uma espécie). Nos trabalhos científicos resultantes do encontro da Organização das Nações Unidas sobre o Meio Ambiente, em 1992, no Rio de Janeiro, reconheceu-se que o componente genético da biodiversidade era fundamental, pois é a variação nos genes que fornece o material básico para a seleção natural e, portanto, para a evolução de todas as espécies (HEYWOOD e WATSON, 1995).

Com o aumento da população humana e o desenvolvimento industrial, a biodiversidade do planeta sofreu modificações profundas. A sociedade humana consome atualmente 40% de toda a produção primária terrestre do

planeta. Nunca uma única espécie consumiu uma proporção tão grande de todos os recursos naturais. Além disso, as modificações causadas por nossa espécie nas demais são, em geral, no sentido da redução da biodiversidade. A destruição da biodiversidade do planeta, devido ao nosso desenvolvimento, não tem precedentes na história da Terra.

Atualmente, calcula-se que existam cerca de 12 milhões de espécies no planeta (algumas estimativas sugerem até 100 milhões, levando-se em conta uma possível megadiversidade de bactérias e fungos marinhos). Dessas espécies, só conhecemos, até 2004, menos de dois milhões. Como a taxa de descoberta de espécies novas (19 mil por ano) é inferior à taxa de extinção (25 mil por ano), mais da metade das espécies estará extinta antes mesmo de ter sido conhecida pela Ciência (Figura 28.1)!

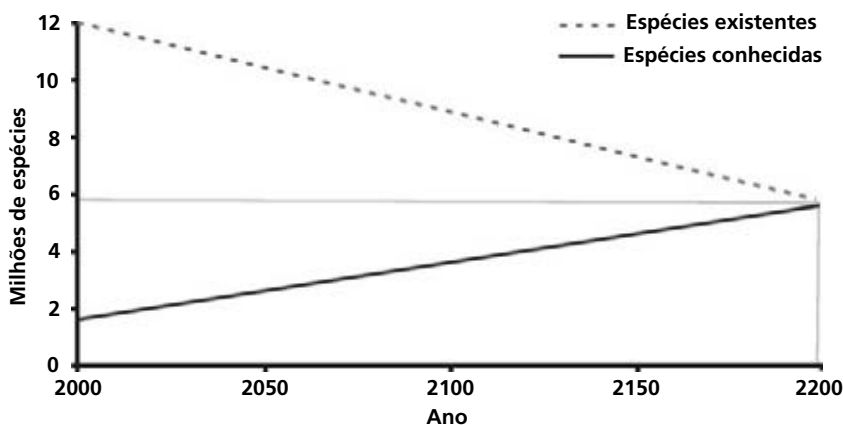


Figura 28.1: Número de espécies existentes no mundo e número de espécies conhecidas no mundo.

Além de provocar o desaparecimento de espécies, o desenvolvimento humano também contribui no florescimento de algumas outras. Que espécies aumentaram em número devido à atividade humana? Veja se você consegue enumerar o maior número possível, e tente classificá-las quanto à sua relação com nossa espécie.



As espécies que se beneficiaram com o crescimento da nossa são poucas. Elas podem ser classificadas em:

a) aquelas que nos servem de alimento (como vacas, galinhas, trigo etc.);

b) as que nos servem de meio de transporte ou carga (como cavalos, burros etc.);

c) as que nos servem de companhia ou proteção (como gatos, cachorros etc.);

d) as que nos usam como alimento (como bactérias, mosquitos, pulgas, vermes etc.);

e) as que nos usam como meio de transporte (como as bioinvasoras, que veremos mais adiante na aula de hoje);

f) as que são comensais da sociedade humana (como baratas, ratos, pombos etc.).

O objetivo central da Genética da Conservação é o estudo da biodiversidade molecular nas populações naturais das espécies sob impacto antropogênico, com a finalidade de minimizar esse impacto.

A ciência da Genética da Conservação foi criada no final dos anos 1970, e os primeiros livros a rever o assunto foram feitos na década seguinte. Naquele momento, a Genética da Conservação se resumia praticamente a estimativas de variabilidade genética (heterozigosidade) e à sua extrapolação para a estimativa do tamanho efetivo de populações ameaçadas ou que haviam sofrido estrangulamentos populacionais (*bottlenecks*, em inglês, também chamados gargalos populacionais).

Por causa dessa limitação, a Genética da Conservação foi criticada, no final dos anos 1980, considerada um desperdício de dinheiro e esforços que poderiam ser mais bem utilizados na manutenção de parques e reservas ambientais. As questões demográficas – como o número absoluto de indivíduos e variações estocásticas nesses números – seriam mais importantes do que as questões genéticas, pelo menos da forma como eram apresentadas na época. No entanto, como os geneticistas entenderam melhor os problemas enfrentados pelos conservacionistas, que por sua vez compreenderam melhor o potencial que marcadores genéticos têm para a abordagem de seus problemas, criou-se uma interação positiva entre as duas ciências. Dessa forma, a Genética da Conservação voltou a se tornar uma ciência útil para cientistas e pessoas em geral interessadas na conservação ambiental.

Como dito anteriormente a Genética da Conservação pode ser usada como auxiliar para pesquisas em diferentes campos. Para esses estudos usamos marcadores moleculares, que são, como você viu na Aula 8, pedaços de genes ou seus produtos, que têm variabilidade alta dentro das populações, de modo que podemos usá-los para comparar e distinguir indivíduos, populações ou espécies (dependendo do nível de variabilidade de cada marcador).

Os marcadores moleculares podem ter várias aplicações na Genética da Conservação. Alguns exemplos são:

a) Estimar os níveis de heterozigosidade e relacioná-los com parâmetros importantes na sobrevivência das espécies, como eficiência reprodutiva e resistência a doenças.

b) Analisar estruturas familiares, os efeitos da reprodução assexuada na população e determinar o sexo de animais com pouco dimorfismo sexual externo.

c) Verificar a biodiversidade nominal e os níveis de endemismo e cosmopolitismo das espécies, por meio de estudos de sistemática molecular.

d) Identificar e acompanhar a dispersão de espécies bioinvasoras.

e) Identificar a origem de produtos industrializados para controlar a comercialização fraudulenta de espécies de venda proibida ou restrita.

Essas aplicações serão brevemente comentadas a seguir.

HETEROZIGOSIDADE E RISCO DE EXTINÇÃO

A variabilidade gênica de uma espécie depende de vários fatores (você viu uma discussão sobre esses fatores na Aula 16). Um dos fatores mais importantes na determinação da heterozigosidade de uma espécie é o tamanho populacional: quanto maior for a população, maior será a variabilidade gênica que ela contém (Figura 28.2).

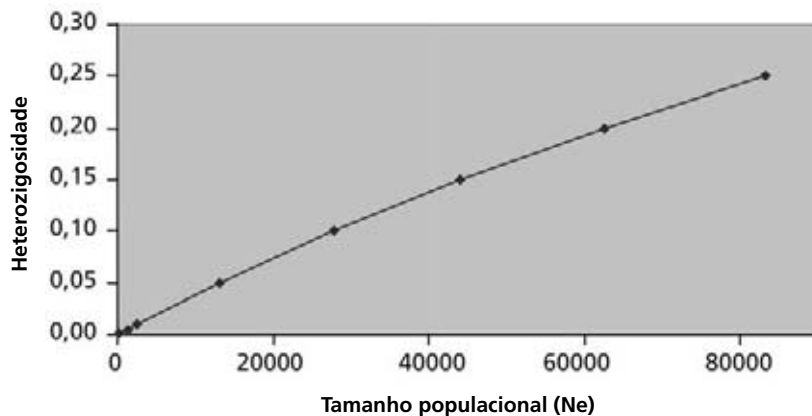


Figura 28.2: Relação entre tamanho efetivo de população (N_e) e heterozigosidade.

TAMANHO EFETIVO DE POPULAÇÃO

É o número de indivíduos de uma população idealizada (em Evolução, isso quer dizer em equilíbrio de Hardy-Weinberg), que perderia variabilidade gênica com a mesma velocidade que a população considerada. Em outras palavras, para que o tamanho efetivo seja igual ao número de indivíduos, é preciso que, na população, os cruzamentos sejam todos aleatórios, que todos os organismos estejam em idade reprodutiva, que a contribuição de cada casal para a geração seguinte seja a mesma, sem sobreposição de gerações, e não haja endocruzamento e seleção. Em geral, no entanto, o desvio que as populações têm dessa população ideal faz com que os tamanhos efetivos sejam bem menores que os tamanhos populacionais baseados na simples contagem de indivíduos.

No entanto, essa relação só vale para populações que não sofreram grandes variações nos seus tamanhos populacionais ao longo de suas histórias recentes. Sabemos que o **TAMANHO EFETIVO** de uma população pode ser bem diferente do total de indivíduos encontrados, sendo altamente influenciado por reduções populacionais (também chamada “estrangulamentos” ou “gargalos” populacionais).

O tamanho efetivo (N_e) de uma população após t gerações pode ser medido como a média harmônica dos tamanhos de cada uma dessas gerações (N_i), ou seja (fórmula 1):

$$N_e = \frac{t}{\sum_{i=1}^t \frac{1}{N_i}}$$

Você quer ver como essa média é fortemente influenciada pelos tamanhos populacionais pequenos? Digamos que uma população tenha um tamanho efetivo de 100 indivíduos na primeira geração ($N_1 = 100$), 10 indivíduos na segunda geração ($N_2 = 10$) e 100 indivíduos nas três gerações seguintes ($N_3 = N_4 = N_5 = 100$). Qual será o tamanho efetivo após as cinco gerações?



Se o tamanho efetivo fosse baseado na média aritmética, teríamos um tamanho efetivo médio de $(100 + 10 + 100 + 100 + 100)/5 = 82$. No entanto, usando a média harmônica, temos que $N_e = 5 / (1/100 + 1/10 + 1/100 + 1/100 + 1/100) = 5/0,15 = 33,3$.

Vejam como aumenta lentamente o tamanho efetivo após um estrangulamento populacional. Consideremos uma população que era muito grande (tamanho efetivo = 1.000) e que sofreu uma redução populacional, ficando reduzida a 25 machos e 25 fêmeas (tamanho efetivo = 50), posteriormente aumentando para 1.000 indivíduos novamente, permanecendo nesse tamanho populacional por mais 10 gerações. Aplicando-se a fórmula do tamanho efetivo após estrangulamentos, vemos que, mesmo após 10 gerações de um tamanho populacional alto, o tamanho efetivo de população não havia recuperado sequer 50% de seu tamanho original (Figura 28.3).

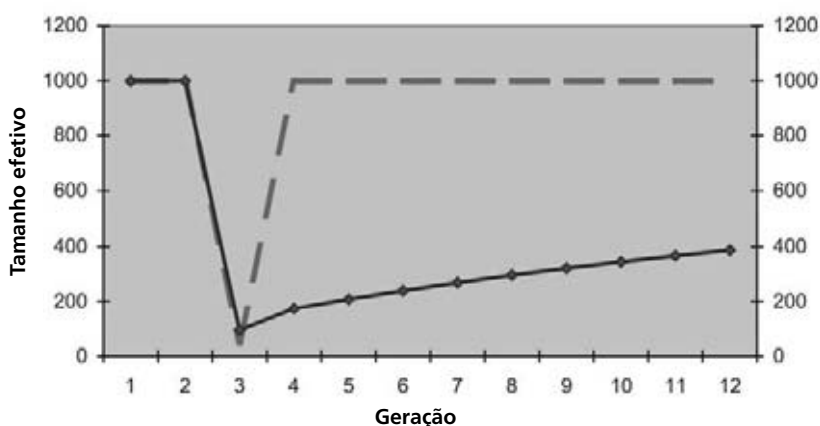


Figura 28.3: Efeito de estrangulamentos na recuperação do tamanho efetivo de população. A linha cheia representa o tamanho efetivo da população, a linha pontilhada representa o total de indivíduos em idade reprodutiva.

Será que isso acontece mesmo na Natureza? Vejamos o exemplo das espécies de elefantes-marinhos (Figura 28.4): *Mirounga angustirostris* (da costa do Pacífico da América do Norte) e *Mirounga leonina* (do sul da Argentina): A espécie *M. angustirostris* foi fortemente caçada no século XIX nos Estados Unidos, de modo que, no final do século,

foi considerada extinta. No entanto, felizmente havia sobrevivido uma pequena colônia, de cerca de 50 casais, em uma ilha desconhecida dos caçadores, por ficar mais distante da costa da Califórnia. Quando essa colônia foi descoberta, passou a ser imediatamente protegida e, até hoje, é proibida a caça dessa espécie. Como consequência da alta capacidade de reprodução da espécie e da sua proteção, as populações desse elefante-marinho aumentaram enormemente, de modo que, no final do século XX, já chegavam a mais de 30.000 indivíduos. Como a variabilidade gênica depende do tamanho efetivo de população que, por sua vez, é altamente influenciado por gargalos populacionais, espera-se que a população de *M. angustirostris*, apesar de muito grande hoje em dia, tenha um tamanho efetivo de população pequeno e, conseqüentemente, uma variabilidade gênica baixa.



Figura 28.4: *Mirounga angustirostris*.

De fato, ao analisarem-se os genes dos elefantes-marinhos da América do Norte, observou-se uma baixíssima heterozigosidade ($H < 0,2\%$), quando comparada, por exemplo, com os elefantes-marinhos da Argentina ($H = 10\%$), que nunca haviam sofrido reduções populacionais.

Uma outra informação importante que obtemos da genética de populações, e que é útil para quem trabalha com conservação, é que o tamanho efetivo da população não depende somente do número de indivíduos, mas também da proporção sexual da população. Isso acontece porque, se tivermos uma população com predominância de um dos sexos, os alelos dos indivíduos daquele sexo estarão representados em excesso na próxima geração, diminuindo, assim, a variabilidade que a população poderia ter com o mesmo número de indivíduos, se esta tivesse metade de machos e metade de fêmeas.

Imagine, por exemplo, que você tivesse espaço, em um parque natural, para 50 elefantes. Como as fêmeas despendem muito mais energia que os machos na reprodução (pois ficam grávidas por um ano), poderia parecer uma boa idéia ter 49 fêmeas e apenas um macho, que facilmente cruzaria com todas elas. No entanto, se fizéssemos esta escolha, estaríamos fazendo com que, na próxima geração, todos os filhotes fossem irmãos por parte de pai. Para cada loco gênico, o máximo de alelos que a população de filhotes poderia ter seria reduzido, pois o pai deles todos estaria contribuindo, no máximo, com dois alelos para a próxima geração. A fórmula que usamos para calcular o tamanho efetivo de população em função da proporção de machos (N_M) e de fêmeas (N_F) é (fórmula 2):

$$N_e = \frac{4N_M N_F}{N_M + N_F}$$

Então, determine o tamanho efetivo de uma população com um touro e 50 vacas.



Usando a fórmula, temos $N_e = (4 \times 1 \times 50) / (1 + 50) = 200 / 51 = 3,92$. Ou seja, do ponto de vista evolutivo, isso equivale, basicamente, a ter dois touros e duas vacas (Figura 28.5).

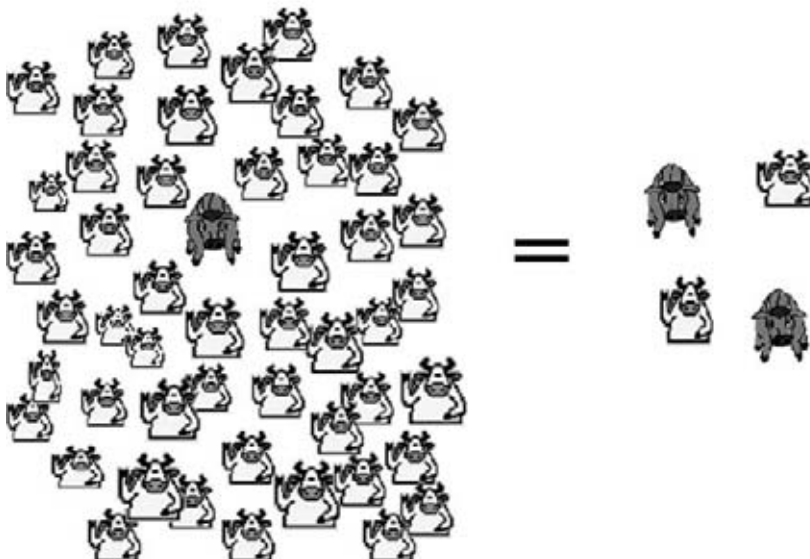


Figura 28.5: O tamanho efetivo de população é altamente dependente da proporção sexual. Um touro com 50 vacas corresponde, do ponto de vista evolutivo, a dois touros e duas vacas.

Assim, os administradores de populações ameaçadas de extinção devem levar em conta não somente as capacidades reprodutivas das espécies que vão ser preservadas, mas também sua proporção sexual, de maneira a otimizar o tamanho populacional. É verdade que, no caso dos elefantes, uma proporção de 25 machos e 25 fêmeas não seria a melhor, pois, de fato, teríamos também como prioridade aumentar a população como um todo (para torná-la mais resistente a problemas demográficos, como enchentes ou mortalidades não específicas). Mas, por outro lado, o número de machos que deveríamos manter não poderia ser baixo demais, para que o tamanho efetivo permanecesse razoável. A maneira de estimar esse número mínimo é simular, com várias proporções sexuais, o tamanho populacional efetivo resultante (usando a fórmula 2), e comparar o benefício reprodutivo de ter mais fêmeas do que machos (= mais filhotes) com o benefício evolutivo de ter uma proporção igual de machos e fêmeas (= maior variabilidade gênica). Na **Figura 28.6** vemos uma simulação desse tipo. Se assumirmos que cada fêmea gera apenas um filhote, vemos que a proporção ideal de machos e fêmeas será por volta de 13 machos para 37 fêmeas.

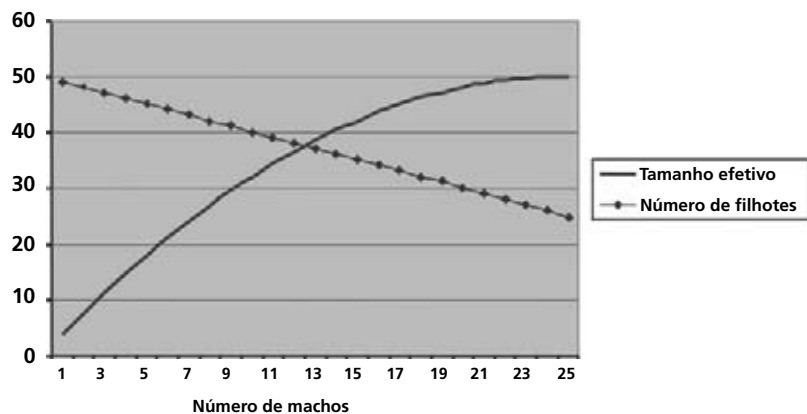


Figura 28.6: Tamanho efetivo e número de filhotes em várias proporções sexuais em um total de 50 elefantes.

Mas estamos falando tudo isso considerando que a variabilidade gênica é uma coisa boa para a conservação das espécies. Por que é assim? Por que você acha que é importante manter a variabilidade gênica das populações?



A variabilidade gênica é importante, pois ela é a matéria bruta da seleção natural. Sem variabilidade gênica não há o que selecionar, não é? Mesmo que uma espécie tenha encontrado os genes ideais para um dado ambiente, se ela não tiver variabilidade gênica, não terá como se adaptar a modificações que possam vir a acontecer nesse ambiente. A correlação necessária entre o potencial evolutivo de uma espécie (medido como a capacidade que uma espécie tem de aumentar seu valor adaptativo) e a heterozigiosidade é conhecida como Teorema Fundamental da Seleção Natural, de Fisher (1930).

Um exemplo de como a variabilidade gênica pode ser importante foi observado recentemente com populações do guepardo (*Acinonyx jubatus jubatus*). O guepardo é um felino conhecido mundialmente por ser o mais veloz animal terrestre (pode correr a 114km/h) e pela beleza de sua pele (Figura 28.7). Essa espécie já foi muito populosa na África, mas, de 1900 até 1980, 90% de sua população foi destruída (de 100.000 para 10.000), de modo que vários zoológicos e parques foram feitos, em todo o mundo, para tentar preservá-la.

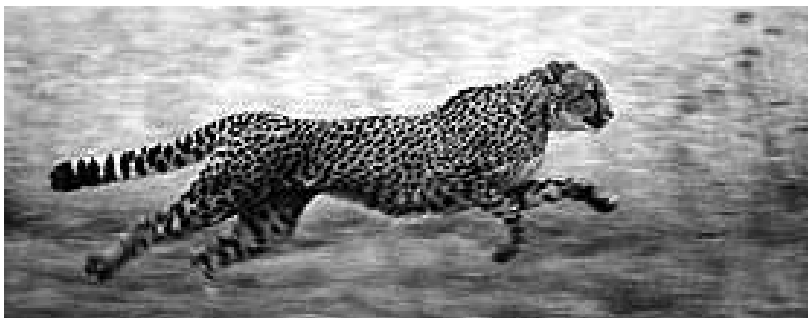


Figura 28.7: O guepardo é o animal terrestre mais veloz do planeta.

A queda nos tamanhos populacionais do guepardo resultou em uma redução radical de sua variabilidade gênica, de modo que várias estimativas de heterozigiosidade produzem valores menores que 0,01% de variabilidade. Os guepardos são geneticamente tão homogêneos que mesmo os genes – normalmente hipervariáveis – de seu sistema de histocompatibilidade (o chamado sistema MHC) são monomórficos, de modo que transplantes de pele de indivíduos não diretamente aparentados não são rejeitados (como você sabe, a rejeição é um fenômeno muito comum em transplantes em vertebrados, inclusive no homem). Isso provavelmente foi responsável pela dizimação da população de guepardos de um parque de criação nos Estados Unidos, onde uma epidemia do vírus da peritonite felina praticamente

eliminou uma população experimental nos anos 80, matando mais de 60% de toda a população e debilitando severamente os sobreviventes. Em outros felinos, como os gatos domésticos (que têm variabilidade normal no sistema MHC), as epidemias de peritonite costumam matar menos que 5% dos animais afetados.

A RAINHA VERMELHA E A EVOLUÇÃO DO SISTEMA MHC

As proteínas do sistema MHC são responsáveis pelo reconhecimento de peptídeos virais ou de outros patógenos e pela transmissão dessa mensagem aos linfócitos T, no processo de resposta imune às infecções. Assim, existe uma co-evolução constante entre os organismos patogênicos e o sistema de reconhecimento. Nesse processo, cada mutação que altera os peptídeos virais e diminui sua chance de reconhecimento pelo sistema imunológico é favorecida e, conseqüentemente, aumenta em frequência na população viral. Uma vez que tal peptídeo mutante passe a ser comum nesses vírus, cada mutação no sistema de reconhecimento que permita a detecção do novo peptídeo também é favorecida. Esse processo de ação e reação constante é também conhecido como a hipótese evolutiva da Rainha vermelha (Figura 28.8).



Figura 28.8: " – Aqui você deve correr o tempo todo para permanecer no mesmo lugar", disse a Rainha Vermelha para Alice.

A GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO E A DETERMINAÇÃO DO SEXO

Determinar o sexo dos animais pode ser importante como, por exemplo, para formar pares para reprodução em cativeiro ou para melhor se entender as estruturas familiares de espécies na Natureza. Em animais com pouco dimorfismo sexual externo, como papagaios e alguns golfinhos, essa determinação do sexo sem produção de estresse desnecessário pode ser difícil. Aí entram em cena os marcadores

moleculares! Essa determinação é feita geralmente com genes que se situam nos cromossomos sexuais. No caso das aves, os machos têm dois cromossomos Z e as fêmeas têm um cromossomo W e um cromossomo Z. No caso dos golfinhos, como nos demais mamíferos, os machos são XY e as fêmeas são XX. O procedimento é simples: são desenhados iniciadores de PCR (você estudou sobre PCR na Aula 8 de nosso curso) para genes dos cromossomos sexuais. Quando, após o PCR, temos um produto amplificado, significa que aquele indivíduo tinha aquele cromossomo sexual. Esse procedimento foi usado com sucesso, no Brasil, para determinar o sexo de papagaios, periquitos (MIYAKI *et al.*, 1998) e golfinhos (CUNHA e SOLÉ-CAVA, 2004).

Considere, por exemplo, o sistema do fator de determinação testicular (SRY), presente apenas nos machos, e as proteínas do dedo de zinco que, com iniciadores específicos, amplificam os fragmentos ZFX e ZFY nos cromossomos X e Y, respectivamente. O produto de PCR do gene SRY tem 170 nucleotídeos o ZFX tem 430 nucleotídeos e o ZFY tem 270 nucleotídeos. Foram coletadas amostras de sete golfinhos (PR135, 6/12/01, Sf11, Sf10, SF05, B3 e B4) do Rio de Janeiro e São Paulo (a espécie desse golfinho é *Sotalia fluviatilis*, comum na baía de Guanabara). Observe a **Figura 28.9**, preencha a **Tabela 28.1** e responda: qual o sexo desses golfinhos?

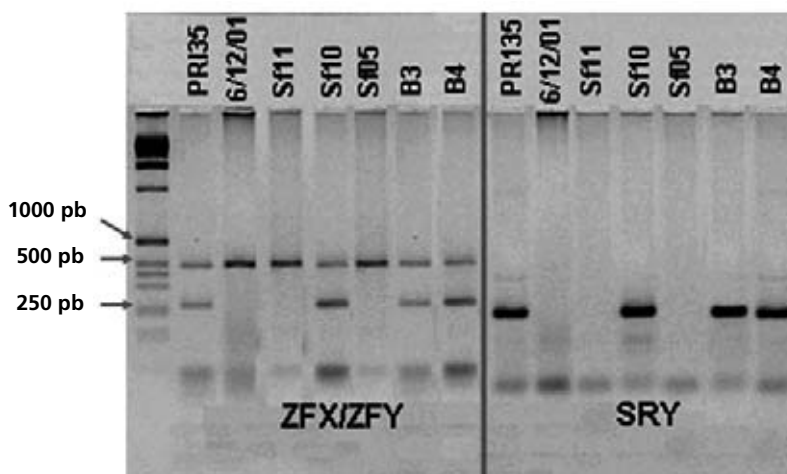


Figura 28.9: Padrão eletroforético de sete golfinhos após PCR com sistemas de iniciadores para os genes ZFX (presente apenas no cromossomo X) e ZFY e SRY (presentes apenas no cromossomo Y). A primeira coluna é um marcador de tamanho de DNA. As bandas com 1.000, com 500 e com 250 pares de bases (pb) de nucleotídeos estão indicadas.

Tabela 28.1. Como determinar o sexo de golfinhos? Marque as colunas ZFX, ZFY e SRY com um X quando a banda estiver presente, na **Figura 28.9**, em cada um dos indivíduos. Depois use essa informação para determinar o sexo dos indivíduos.

Golfinho	ZFX	ZFY	SRY	Sexo
PR135				
6/12/01				
Sf11				
Sf05				
B3				
B4				



Observando a **Figura 28.9** vemos, por exemplo, que o golfinho PR135 tem, no sistema ZFX/ZFY, duas bandas (uma com menos de 500 pb, outra com mais de 250 pb). Essas são as bandas ZFX e ZFY, respectivamente. No sistema SRY, ele apresentou uma banda. Como ele tem as bandas ZFX e ZFY, é XY; portanto, um macho. Isso é confirmado pela presença da banda do fator de determinação testicular SRY.

Golfinho	ZFX	ZFY	SRY	Sexo
PR135	X	X	X	M
6/12/01	X			F
Sf11	X			F
Sf05	X	X	X	M
B3	X	X	X	M
B4	X	X	X	M

VERIFICANDO AS ESPÉCIES PARA CONSERVAÇÃO

As políticas de conservação, em geral, apenas dão *status* de “ameaçada de extinção” às espécies. Outros níveis hierárquicos, como populações, variedades, híbridos e subespécies, não são, normalmente,

oficialmente importantes para a conservação. Nos Estados Unidos, isso é particularmente claro, pois existe uma lei (a chamada *Species Act*) que define precisamente que somente espécies ou ecossistemas podem ser alvo de políticas de conservação. Assim, definir se um grupo de organismos ameaçados de extinção pertence a uma espécie distinta de outros grupos torna-se fundamental para sua proteção.

O problema é que, freqüentemente, os sistematistas discordam sobre o que seja uma espécie, e esses debates, ainda que muito interessantes do ponto de vista científico, podem ser prejudiciais aos programas de conservação. A Genética tem maneiras eficazes de delimitar espécies ao usar genes que possuem taxas evolutivas conhecidas e que são caracteres evolutivamente independentes dos caracteres morfológicos, que podem não ter sido suficientes para a separação dessas espécies. O uso de marcadores moleculares para a identificação das espécies e para a formulação de propostas filogenéticas chama-se sistemática molecular.

A sistemática molecular já foi usada, com sucesso, para ajudar a resolver questões importantes de conservação. Por exemplo, a tartaruga marinha Ridley era considerada uma variedade rara da tartaruga-oliva, *Lepidochelys olivacea*.

Um estudo com seqüenciamento de DNA mitocondrial revelou que o nível de diferenciação genética entre as tartarugas Ridley e as tartarugas-oliva era tão grande quanto o observado entre outras tartarugas reconhecidas de espécies diferentes (BOWEN *et al.*, 1991). Assim, ficou claro que as tartarugas Ridley, na verdade, pertenciam a uma espécie nova, chamada *Lepidochelys kempi*. Essa espécie, assim que foi descoberta, passou a receber *status* oficial de ameaçada de extinção. Se as pesquisas genéticas não houvessem descoberto que as tartarugas Ridley eram uma espécie nova, essas tartarugas estariam, hoje em dia, provavelmente extintas. Existem inúmeros exemplos de casos em que a sistemática molecular permitiu detectar novas espécies e, assim, ajudar a preservá-las. Você pode ver vários desses exemplos em Solé-cava (2001).

Um fato recente que pode influenciar fortemente as políticas de conservação, neste caso não das espécies, mas de ecossistemas, foi a descoberta, por meio da sistemática molecular, que as espécies de corais dos recifes do Brasil e do Caribe formam, ao contrário do que se pensava, um grupo evolutivo original e bem diferenciado dos recifes do oceano Pacífico. Até então, pensava-se que os recifes do oceano Atlântico eram apenas uma derivação – um pequeno ramo – da árvore filogenética dos corais do planeta, e que a região principal para conservação dos corais seria o oceano Pacífico. De fato, no Pacífico é onde se encontra a maior diversidade de corais do mundo. No entanto, muitas das espécies dos recifes do Atlântico, apesar de morfologicamente muito semelhantes às do Pacífico, têm divergido desses há muito mais tempo do que se pensava, como pode ser observado pelas altas diferenças nas seqüências de DNA mitocondrial e nuclear dos corais das duas regiões (FUKAMI *et al.*, 2004).

Uma conseqüência imediata disso é que, para que se possa preservar a diversidade evolutiva dos corais da Terra, os programas mundiais de conservação de corais deverão, agora, preservar com mais cuidado os corais do Atlântico – inclusive os do Brasil.

EVOLUÇÃO, CONSERVAÇÃO E BIOINVASÕES

As espécies mais intimamente associadas à nossa espécie, como nossos parasitas e comensais, têm distribuição tão cosmopolita quanto nós, de modo que podemos encontrar, por exemplo, piolhos, camundongos e ácaros das mesmas espécies distribuídos desde as regiões equatoriais até os círculos polares. O mesmo se observa com os animais e plantas domesticados, que atualmente têm distribuições completamente cosmopolitas. No entanto, existem outras espécies que se beneficiam de nós para sua dispersão, de maneira mais ocasional, ocupando *habitats* naturais e, freqüentemente, afetando-os de maneira negativa. Essas espécies são chamadas bioinvasoras.

As fontes principais de bioinvasões no mundo, no momento, são o transporte de produtos agrícolas, a aquicultura, a água de lastro e o casco dos navios. Para você entender o poder desses meios de transporte para levar, de um lado para outro, espécies invasoras, veja o exemplo da água de lastro. Cada navio cargueiro pode carregar até 150 mil

toneladas de água do mar de um lugar para o outro, como lastro. Essa água pode estar cheia de larvas ou mesmo de pequenos organismos, que podem invadir locais às vezes a milhares de quilômetros de distância. Em 1998, foram observados, no Havaí, presos ao casco de um navio da marinha dos EUA, alguns mexilhões do gênero *Mytilus*, de espécie indeterminada (o gênero *Mytilus* não ocorria no Havaí). No mês seguinte, apareceram filhotes desses mexilhões dentro do tanque de lastro de um dos submarinos americanos ancorados no mesmo porto. Para tentar identificar qual seria a espécie (e, quem sabe, determinar de onde teria vindo a invasão), foi feito um experimento com a amplificação de um íntron do gene de uma proteína (a proteína adesiva polifenólica, que serve para prender o mexilhão às rochas). Esse íntron tem tamanho diferente, de acordo com a espécie de mexilhão. Observe a **Figura 28.10** e responda: qual a espécie do mexilhão invasor do Havaí?

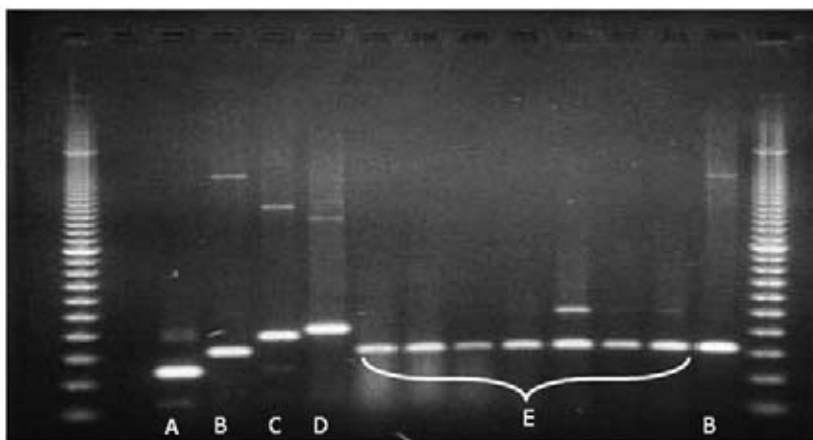


Figura 28.10: Padrão eletroforético dos produtos de PCR de um fragmento do gene da proteína adesiva polifenólica de mexilhões. A – *Mytilus trossolus*; B – *M. galloprovincialis*; C – *M. edulis* 1; D – *M. edulis* 2; E – Amostras de espécie desconhecida, do Havaí. A primeira e a última colunas do gel são marcadores de peso molecular (de baixo para cima, a primeira banda tem 100 nucleotídeos, a segunda tem 200 nucleotídeos etc.).



Se você respondeu que a espécie foi *Mytilus galloprovincialis*, parabéns! Todos os indivíduos invasores analisados tinham um íntron do mesmo tamanho que o dessa espécie. Essa espécie é típica do mar Mediterrâneo, e o navio não havia passado por lá. No entanto, ao se

estudar o percurso que o navio havia feito, observou-se que, próximo à região do estado de Washington, onde o navio ficara ancorado por uma semana, havia uma fazenda de cultivo de mexilhões da espécie *M. galloprovincialis*. Portanto, não só se identificou a origem provável da contaminação, como também se demonstrou que os mexilhões do cultivo estavam escapando para a Natureza (APTE *et al.*, 2000).

Aliás, o mexilhão mais comum no estado do Rio de Janeiro, o mexilhão-preto *Perna perna*, que vemos preso às pedras ao longo de toda a nossa costa (e também em outros estados da região Sudeste), também parece ser um invasor. Essa espécie é comum na África, onde é consumido há milhares de anos, como pode ser comprovado pela observação dos sambaquis (montes feitos, basicamente, de conchas vazias, produtos da alimentação de humanos). No Brasil, o estudo de sambaquis revelou que os mexilhões da espécie *Perna perna* estão ausentes nas camadas mais profundas, e só começam a aparecer nas camadas superficiais. Isso indica que essa espécie não existia no Brasil e chegou aqui possivelmente presa aos cascos dos navios negreiros.

Qual a melhor estratégia evolutiva para que uma espécie seja uma boa invasora? Essa pergunta parece ter diversas respostas. Por exemplo, a chamada “alga assassina” do Mediterrâneo (*Caulerpa taxifolia*) invadiu, em 1984, a região de Mônaco e, em menos de 10 anos, já havia ocupado as costas da Itália, França, Tunísia e Espanha. Estudos genéticos revelaram que as populações em todas as regiões estudadas eram praticamente idênticas. Isso indica que essa alga invasora tinha uma grande capacidade de aclimação às várias condições ambientais e que se dispersava, por meio da reprodução assexuada, de um lugar para o outro.

Por outro lado, o mexilhão zebra, *Dreissena polymorpha*, invadiu o nordeste dos Estados Unidos em 1989, e em menos de uma década havia ocupado rios ao longo de todo o território norte-americano, causando enormes prejuízos (mais de cem milhões de dólares por ano) às indústrias que dependiam de água para refrigeração (como as centrais nucleares). Um estudo genético desse mexilhão revelou que as populações são diferentes em cada rio. Nessa espécie, a colonização de novas regiões se dá por adaptação seletiva, com genes diferentes selecionados em locais diferentes.

Temos, então, duas estratégias bem distintas: a *Caulerpa* apresenta um genótipo generalista, aclimatável a vários locais; o *Dreissena* apresenta uma alta variabilidade gênica, de modo que, em locais diversos, alelos diferentes são selecionados durante a invasão.

Observe a **Figura 28.11**. Qual das duas estratégias (A ou B) representa a estratégia da *Caulerpa*? E qual representa a estratégia do *Dreissena*?

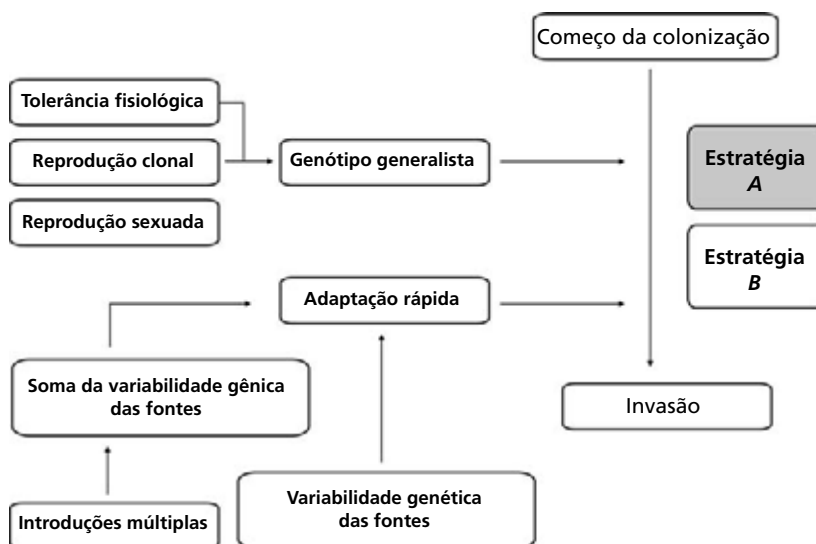


Figura 28.11: Estratégias evolutivas da bioinvasão.

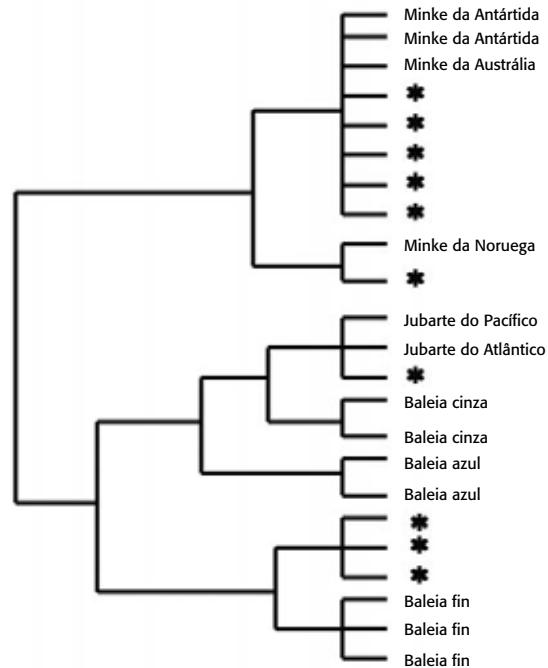


A estratégia A é generalista (um genótipo plástico, que permite aclimação a vários locais); portanto, é a estratégia da *Caulerpa*. A estratégia B (alta variabilidade, adaptação a cada local por genótipos diferentes) é a do *Dreissena*.

A EVOLUÇÃO AJUDANDO A POLÍCIA AMBIENTAL

Quando uma espécie é protegida por lei, não pode ser usada para consumo humano. No entanto, algumas pessoas inescrupulosas tentam burlar a lei, matando essas espécies protegidas e processando sua carne, de modo a dificultar a identificação correta da espécie pelas autoridades. Isso aconteceu, por exemplo, com as baleias. A caça da maior parte das espécies foi proibida, mas mantiveram permitida a caça de algumas (como a baleia Minke), consideradas mais abundantes.

Muitos baleeiros japoneses caçavam baleias de várias espécies – inclusive as proibidas – e as processavam a bordo, de modo que, ao chegarem ao porto, descarregavam apenas os filés. Estudos de sequenciamento de DNA, no entanto, permitiram identificar de qual espécie vinham os filés. Veja, por exemplo, a **Figura 28.13** e responda: todos os filés eram de baleias Minke?



Você pode ver que, apesar de a maioria das amostras se agruparem com as baleias Minke, cuja caça era permitida, várias delas pertenciam a baleias que eram de caça proibida.

Marcadores genéticos também foram usados para demonstrar que a carne das tartarugas supostamente de cultivo vendida em restaurantes de Porto Rico vinha, na verdade, de tartarugas da Natureza, cuja pesca era proibida (MOORE et al., 2003). Esses marcadores puderam ser usados pela justiça porto-riquenha para multar e prender os donos de nove restaurantes. Os mesmos marcadores também serviram para mostrar que 20% de toda a “carne de tartaruga de cultivo” vendida na Flórida era, de fato, carne de crocodilo (ROWAN e BOWEN, 2000)!

CONCLUSÃO

A conservação da Natureza é desafio fundamental para os biólogos e para a sociedade do século XXI. Durante a evolução da vida em nosso planeta, espécies surgiram e se extinguíram seguidamente, de modo que podemos dizer que a extinção das espécies é tão natural como é a própria evolução da vida. No entanto, nunca, na história do nosso planeta, se extinguíram espécies tão rapidamente. Você viu, ao longo de nosso curso, que a referência de tempo que mais usamos em Evolução são os milhões de anos. Fenômenos que acontecem em uma escala de dezenas de milhares de anos são considerados muito rápidos na Evolução. O que dizer, então, das taxas de extinção atuais, que, em menos de 100 anos, podem ter acabado, irreversivelmente, com quase 10% de toda a vida no planeta? Você, como futuro professor ou professora de Ciências e de Biologia, terá um papel importante na conscientização das pessoas sobre esse problema, particularmente no Brasil, que é um dos países com a maior biodiversidade do mundo.

RESUMO

A biodiversidade da Terra ainda é amplamente desconhecida e está se extinguindo numa velocidade nunca vista na evolução de nosso planeta. A Genética da Conservação procura ajudar a proteger as espécies em extinção de várias maneiras, como:

- a) por meio do acompanhamento da variabilidade genética existente nas populações ameaçadas;
- b) pela apresentação de estratégias de manutenção dessa diversidade;
- c) pela identificação de espécies escondidas em outras espécies;
- d) pela identificação e pelo acompanhamento de espécies invasoras;
- e) no controle judicial da exploração de espécies de uso proibido.

AUTO-AVALIAÇÃO

Esta aula tinha como objetivo familiarizar você com as várias aplicações que a Genética Evolutiva pode ter no auxílio da conservação da Natureza. Você entendeu os dois fatores mais importantes na determinação do tamanho efetivo de população (estabilidade do tamanho efetivo no tempo e proporção sexual)? Se não, volte para a parte inicial da aula e revise. Na verdade, a Genética aplicada à conservação é uma coisa bastante simples. Afinal, ela é apenas uma aplicação prática de tudo que você aprendeu ao longo de nosso curso! Para nós, o mais importante é que você tenha sentido como é urgente proteger a Natureza e de quantas maneiras diferentes a Genética pode ajudar nessa nossa missão.

INFORMAÇÕES SOBRE A PRÓXIMA AULA

Na próxima aula, veremos como explicações não-científicas da origem da vida na Terra têm procurado competir por espaço no ensino da Evolução nas escolas de vários países do mundo, principalmente nos EUA, mas também no Brasil. Exporemos os argumentos apresentados pelos chamados “criacionistas”, e debateremos suas teses à luz dos conhecimentos científicos atuais.