GABARITO DA PROVA DE CONHECIMENTOS ESPECÍFICOS – DOUTORADO (2024)
Respostas destacadas em vermelho.

1. A sistemática biológica ou taxonomia é uma ciência teórico-prática responsável pela delimitação e nomeação das entidades biológicas e inserção dessa biodiversidade em um sistema de nomes de referência, fundamentado na presença de espécimes físicos que representam cada uma das espécies descritas. Naturalmente, ao longo de mais de 250 anos de descrições de espécies, os taxonomistas têm enfrentado dificuldades com a catalogação e inserção de toda a biodiversidade dentro do sistema. O artigo "Is it time to describe new species without diagnoses? – A comment on Sharkey et al. (2021)" aborda de maneira sucinta os novos métodos de delimitação e descrição de espécies e os seus impactos na sistemática biológica. Com base no artigo e nos seus conhecimentos sobre sistemática e nomenclatura zoológica, responda os itens A, B e C.

A) Como o surgimento do DNA barcoding relaciona-se com a Crise da Biodiversidade?

Resposta esperada: Espera-se que a resposta do(a) candidato(a) descreva o cenário atual de estudo da biodiversidade apontando dificuldades, desafios, lacunas de conhecimentos e eventos climáticos que caracterizam esse período que chamamos de crise da biodiversidade. Em outras palavras, um período em que atestamos a nossa própria ignorância acerca da biodiversidade, que vem sendo extinta com uma velocidade muito maior que a nossa capacidade de conhece-la e descreve-la. Esse momento relaciona-se diretamente com o surgimento de ferramentas que possam acelerar o conhecimento da biodiversidade e o uso do DNA barcoding, que é um fragmento do gene do citocromo oxidase I, relacionado ao processo de respiração celular, é um dessas novas ferramentas. Essa metodologia surgiu em 2003 com a promessa de funcionar como um código universal para cada espécie, pois cada espécie teria uma única sequência de nucleotídeos do referido gene. Portanto, o(a) candidato(a) deveria fazer a associação entre a necessidade de descrição da biodiversidade em contexto de crise e o surgimento do DNA barcoding e a sua proposta para acelerar a descrição e descoberta de espécies.

B) Discuta os impactos de uma descrição de espécie baseada exclusivamente em dados moleculares (um único fragmento de genes ou combinação de mais genes) e sem a disponibilização de uma diagnose morfológica para o estudo da biodiversidade.

Resposta esperada: Espera-se que o(a) candidato(a) faça uma avaliação sobre a relevância de uma descrição e/ou diagnose morfológica de um táxon e como isso é usado para inferir e construir uma hipótese sobre os limites e as diferenças entre as entidades biológicas. Por mais de 250 anos de sistemática biológica, as espécies e demais táxons têm sido descritos, quase que exclusivamente, com base em dados morfológicos e isso permitiu a construção de um sistema de classificação e de referência de nomes baseado na comparação de atributos morfológicos. Assim, o estudo da biodiversidade, com a identificação e delimitação dos táxons, é baseado na comparação de atributos morfológicos que forem elencados como diagnósticos. Temos condições, portanto, de coletar um exemplar hoje e, usando o conhecimento morfológico

disponível, concluir se tal exemplar é uma espécie já descrita ou é uma espécie distinta. No contexto de uma espécie descrita apenas com dados moleculares e sem uma diagnose morfológica, a comparação com o que já existia não pode ser feita, pois não temos, na maioria dos casos, dados moleculares para as espécies já descritas e, ao mesmo tempo, não temos a descrição dos atributos morfológicos para as espécies descritas com todos moleculares. Isso cria, possivelmente, uma taxonomia paralela, como discutida no artigo de Ahrens et al. (2021). Nesse sentido, o(a) candidato(a) deveria entender esse contexto e discutir os diversos impactos, como: (i) dificuldade para entender o tamanho real de espécies descritas de um grupo, pois não há clareza se as espécies com base em dados moleculares já foram descritas anteriormente; (ii) assim como nos atributos morfológicos, há também variação genética dentro de uma mesma espécie e, portanto, o uso da sequência de um único exemplar pode trazer resultados enganosos; (iii) dificuldades no estudo de um determinado grupo, já que parte das espécies foram descritas com dados moleculares e não foram comparadas àquelas já descritas; (iv) aumento na quantidade de problemas taxonômicos e nomenclaturais, pois muitas espécies serão sinônimos de outras; (v) possível aumento artificial no número de espécies de um grupo ao usar distâncias genéticas pré-estabelecidas como linha de corte para delimitação de espécie, sem uma avaliação da variação genética intraespecífica; dentre outros.

C) Discuta, brevemente, as vantagens e desvantagens do uso da ferramenta de DNA barcoding para a sistemática.

Resposta esperada: É esperado que o(a) candidato(a) tenha uma compreensão básica sobre o funcionamento, os usos e potencialidades e as deficiências da ferramenta de DNA barcoding. Inicialmente, essa ferramenta prometia, por meio do sequenciamento do mesmo fragmento do gene do citocromo oxidase I de todas as espécies, disponibilizar essa informação genética única de cada espécie, que seria um código universal para cada espécie. Dessa maneira, idealmente, um espécime não identificado teria a informação genética capturada e essa informação seria comparada com uma base de dados genética para fornecer a identificação. Em larga escala, todos os espécimes seriam sequenciados, comparados com uma base de dados de espécimes já sequenciados e identificados e, rapidamente, teríamos nomes e descrições para todas as espécies. Esse cenário não se concretizou, o DNA barcoding não substituiu a taxonomia tradicional baseada em morfologia e outros atributos, mas ele é uma ferramenta adicional para a compreensão e descrição da biodiversidade. Hoje podemos acessar mais rapidamente a informação genética das espécies e o DNA barcoding mostra-se muito útil em cenários em que a morfologia enfrenta dificuldades, como: i) na associação de machos e fêmeas; ii) na associação de adultos e imaturos; iii) na identificação de tecidos ou restos de organismos; iv) na separação de espécies crípticas; e, mais recentemente, v) em etapas de processamento de amostras de insetos, possibilitando a separação dos espécimes em famílias, gêneros e até, possivelmente, espécies. Dentre os principais problemas da ferramenta, destacam-se: i) o uso indiscriminado de distâncias genéticas pré-estabelecidas para delimitar espécies em todos os grupos de animais; ii) o uso exclusivo de dados moleculares para descrever e delimitar os táxons; iii) falta de base de dados completas que permitam a comparação entre sequências; e iv) a falsa noção de

simplicidade que o método, ao usar um único gene, gera sobre a delimitação de táxons e compreensão da biodiversidade.

2. Considerando-se as informações apresentadas no artigo da seleção [De Marco Jr. et al. 2023; Science (380) 298-301] e seus conhecimentos prévios acerca de **planejamento de áreas prioritárias para conservação** (discussão *SLOSS* por exemplo) e **recuperação de áreas degradadas**, responda às seguintes perguntas:
A) Considerando-se as seguintes possibilidades de estabelecimento de áreas protegidas e remanescentes de áreas originais, escolha e justifique a melhor solução de conservação pensando-se em **manutenção de populações de espécies** e áreas potenciais de recuperação:

1 Reserva grande *vs.* Reserva pequena **2**

Justifique: Reservas grandes têm menos área de borda, diminuindo o efeito de borda. Têm mais área central, possibilitando a manutenção de características ambientais originais dos hábitats antes do processo de antropização no entorno. Reservas pequenas tem mais área de borda e (quase) nenhuma área central com características ambientais originais.

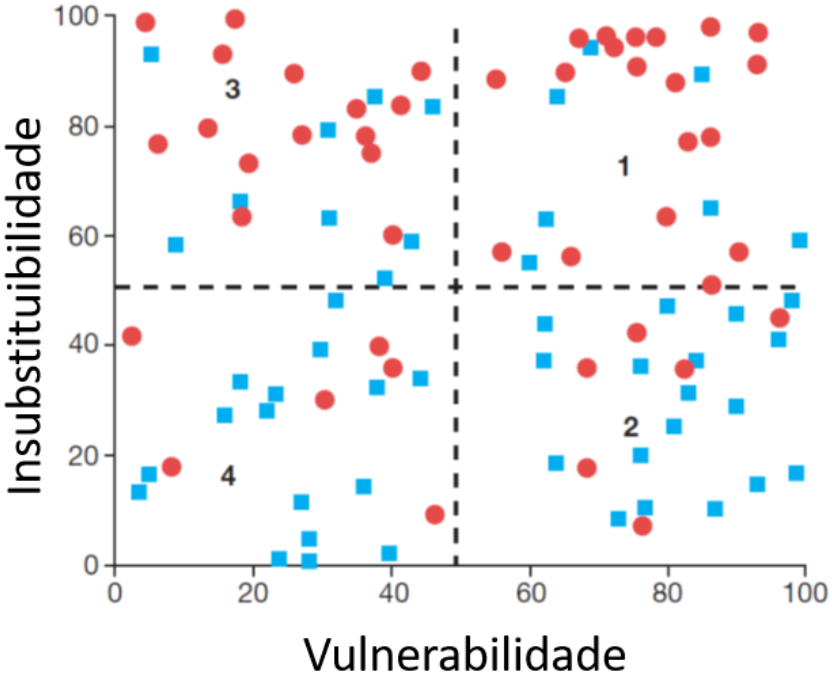
3 Hábitats menos contíguos (linear) *vs.* Hábitat contíguo **4**

Justifique*:* Reservas em hábitat contíguo, mais próximas, garantem uma maior possibilidade de cruzamento do ambiente matriz pelas espécies que ocorrem dentro dos hábitats quando comparados a hábitats menos contíguos (lineares). Conservacionalmente falando, hábitats contíguos, num futuro, podem ser mais fáceis de recuperar em estratégias de recuperação ambiental, garantindo maior probabilidade de persistência das populações de espécies nestes ambientes, em comparação com hábitats menos contíguos (mais difíceis de serem cruzados).

5 Corredores *vs.* Sem corredores **6**

Justifique: Remanescentes de hábitat originais que sejam conectados entre si por corredores ecológicos (conectidade estrutural), garantem uma maior possibilidade de cruzamento das espécies entre fragmentos do que ambientes sem corredores. A opção com corredores também garante no futuro maior efetividade de práticas de conservação e recuperação de áreas degradadas do que áreas sem corredores. Ainda, sim, dependendo da(s) espécie(s), fragmentos sem corredores podem ser transponíveis caso exista conectiviade funcional entre os fragmentos de hábitat remanescentes na paisagem.

B) Algumas espécies nativas são naturalmente mais **vulneráveis** às atividades humanas no espaço geográfico, de modo que com a intensificação destas atividades, elas possam ser perdidas. Uma vez perdidas, seus papeis ecológico-funcionais nos ambientes que viviam, podem deixar de existir. Desta maneira, algumas espécies também são **insubstituíveis** uma vez que entrem em extinção. Considerando áreas conservadas em uma paisagem (quadrados) e áreas interessantes para a conservação (círculos) e baseando-se na **insubstituibilidade** de **vulnerabilidade** de espécies nos círculos indicados abaixo, ***ESTABELEÇA E JUSTIFIQUE*** um potencial gradiente de seleção de áreas prioritárias para a conservação (círculos) segundo os quadrantes da figura (p.ex.: gradiente de importância de áreas segundo a ordem: 4 > 1 > 2 > 3 dos quadrantes; "*Estabeleci tal gradiente pois...*").



Justifique*:* Considerando-se o gradiente de vulnerabilidade/insubstituibilidade, áreas vermelhas/círculos do quadrante 1 seriam as primeiras a serem consideradas em estratégias de conservação, uma vez que as espécies ali existentes são muito insubstituíveis e altamente vulneráveis. Em seguida, áreas verlhas/círculos do quadrante 3 seriam o segundo tipo de objetivo de conservação, uma vez que as espécies ali existentes são insubstituíveis, apesar de não estarem tão ameaçadas. Em terceiro nível

de prioridade de conservação, estão as áreas vermelhas/círculos do quadrante 3, que apesar de não serem muiinsubstituíveis, estão altamente vulneráveis às atividades antrópicas. Por fm, o último tipo prioritário de área a ser conservada são os círculos vermelhos do quadrante 4, uma vez que as espécies ali existentes são pouco vulneráveis e pouco insubstituíveis. Assim, o gradiente de seleção de áreas para conservação seria 1 > 3 > 2 > 4.

3. Considerando a Figura 2 do artigo de Merino *et al*. (2022) reproduzida abaixo, explique como o aumento da temperatura interfere na função espermática dos peixes.

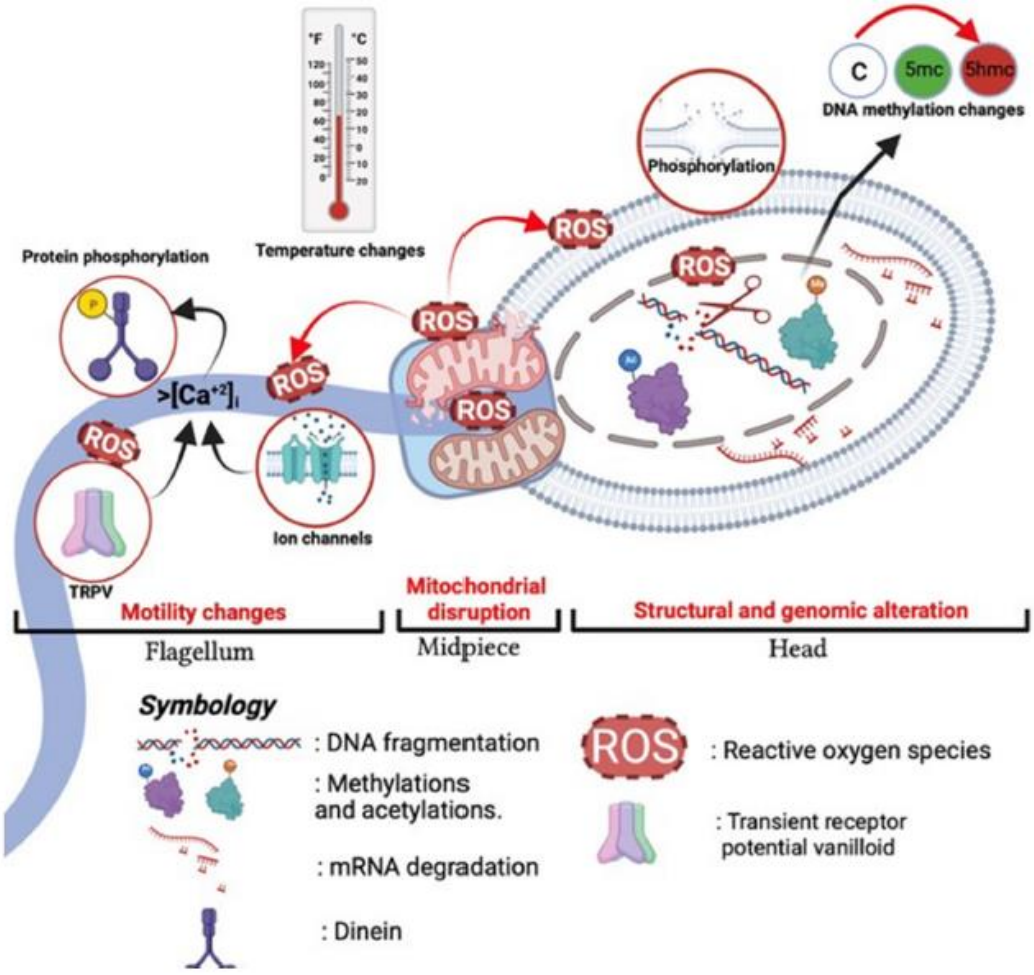


FIGURE 2 Effect of temperature at the cellular and molecular level on sperm function in fish.

Chave de resposta:

A resposta do candidato deve contemplar o aumento das espécies reativas de oxigênio (EROs ou ROS) e o estresse oxidativo associado, que pode promover danos lipídicos, proteicos, na organização dos nucleotídeos e de DNA. Estes, por sua vez, podem reduzir a motilidade espermática e a capacidade de fertilização dos espermatozoides. Em relação à questão energética, abordar o aumento do metabolismo celular, que aumentaria a atividade (motilidade) do espermatozoide, mas em detrimento da redução da duração

dessa atividade. Além do fato de que a temperatura altera as atividades enzimáticas que, por sua vez, podem afetar íons e co-substratos importantes para as vias de sinalização e ativação que aciona o movimento dos espermatozoides. Por exemplo, a temperatura pode induzir a abertura de canais iônicos ativados pela temperatura (e.g., TRPV) que hiperpolarizam a membrana plasmática e determinam a abertura de canais de cálcio, promovendo o fluxo de Ca^{2+} que, por sua vez, ativam a fosforilação das enzimas Ca^{2+}-dependentes. O aumento de Ca^{2+} provavelmente ativa a adenilato ciclase (AC) levando à fosforilação da proteína cAMP-dependente que, por sua vez, ativa o axonema. Após a fosforilação, a dineína ATPase é ativada e ocorre o deslizamento dos microtubulos, levando à geração do batimento flagelar.