



BIODIVERSIDADE

MAIS DO QUE UM CATÁLOGO

Códigos de barras de DNA identificam novas espécies e contribuem para estudos de ecologia e evolução

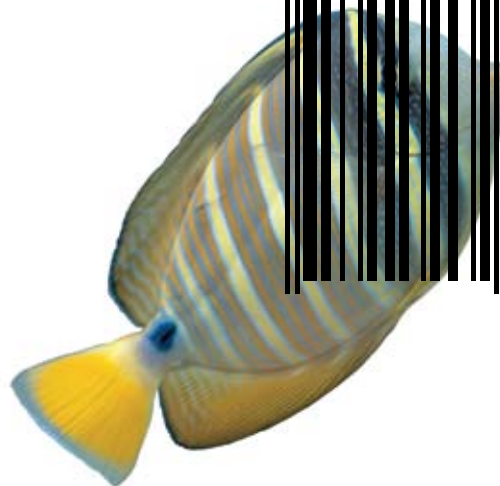
MARIA GUIMARÃES

Imagine um mundo em que você possa saber o nome de qualquer animal, qualquer planta, qualquer fungo, qualquer organismo – no local, num instante, em qualquer lugar do nosso planeta. Essa é a promessa contida no folheto de apresentação do Projeto Internacional do Código de Barras da Vida (iBOL, na sigla em inglês), sediado na Universidade de Guelph, no Canadá. E foi a proposta que Paul Hebert, diretor científico do iBOL, trouxe ao Simpósio Internacional sobre DNA Barcoding do programa Biota-FAPESP, nos dias 4 e 5 de dezembro.

Hebert é conhecido como o “inventor” dos códigos de barras de DNA, trechos curtos (cerca de 650 pares de bases) do genoma mitocondrial que permitem distinguir espécies diferentes. Na palestra de abertura do simpósio, o pesquisador mostrou como um banco de dados disponível pela internet, que integre informações genéticas e ecológicas, pode cumprir o propósito de catalogar e identificar toda a diversidade biológica do planeta. O Brasil, detentor de uma

MIGUEL BOYAVAN





diversidade biológica invejável, é parceiro cobiçado por iniciativas internacionais, como o iBOL e o Consórcio para o Código de Barras da Vida (CBOL). Tanto que David Schindell, secretário executivo do consórcio, veio de Washington para dar sua palestra e voltou no mesmo dia.

Mas os pesquisadores brasileiros presentes demonstraram que a colaboração não se limitará a enviar amostras de material genético para o exterior. David Oren, pesquisador do Museu Paraense Emílio Goeldi e coordenador de biodiversidade da rede Geoma, que reúne vários institutos do Ministério da Ciência e Tecnologia, ressaltou a necessidade de se instituir um programa nacional de *barcoding* e ao mesmo tempo depositar espécimes da biodiversidade nativa nos museus brasileiros. “Não podemos perder esse bonde”, disse. É por falta de uma organização central que reúna os esforços que, apesar da riqueza biológica, o Brasil está só em 11º lugar entre os países que forneceram dados para o banco de dados internacional Barcode of Life Data Systems (Bold).

Além da ausência de uma coordenação nacional, o processo de inventário no Brasil promete ser infinitamente mais laborioso do que no Canadá. O botânico Alberto Vicentini, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (Inpa), usou um pedacinho da Floresta Amazônica como exemplo: a reserva Ducke, próxima a Manaus, uma das regiões mais bem conhecidas da Amazônia. Ali em 1990 se estimava que haveria 825 espécies de plantas vasculares – árvores e arbustos. Com trabalho constante de inventários, em 1994 esse número subiu para 1.199, e em 1999 para 2.175, praticamente triplicando em uma década. Os levantamentos da flora demoram muito a serem feitos não só porque a diversidade é gigantesca, mas também porque se conhece tão pouco dela. O resultado são pilhas de amostras sem especialistas que possam identificá-las. Para Vicentini, sequenciar o código de barras e fazer um diagrama com o parentesco entre essas árvores não resolveria o problema, já que as plantas continuariam sem nome. “A Amazônia é uma região continental, com uma enorme diversidade e provavelmente muita diversificação recente com variação molecular insuficiente para que se possam distinguir as espécies”, disse.

Mas já é um começo. O código de barras ajuda a triar a variedade e classificá-la de alguma maneira. Quanto mais da diversidade estiver representada – e identificada – no banco de dados, mais rápido avança o processo de inventário. O uso possível da técnica vai muito além de catalogar a diversidade. Os pesquisadores estrangeiros e brasileiros que apresentaram seus resultados no simpósio mostraram que é um método inovador e importante para se iniciarem estudos de evolução e ecologia: inferir quando as espécies surgiram

O método vem se mostrando útil para identificar peixes e comparar comunidades de espécies de bacias diferentes



Biodiversidade faz do Brasil um parceiro cobiçado pelas iniciativas internacionais de catalogação

e se elas são duradouras, comparar a diversidade entre áreas diferentes e muito mais.

O geneticista Fabrício Santos, da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), foi um dos primeiros pesquisadores a participar do consórcio internacional CBOL e a inserir dados no Bold. Em 2006, seu grupo mostrou que o código de barras de DNA é eficaz para identificar aves dos trópicos – quando o método falha é porque há problemas na classificação que precisam ser resolvidos por estudos mais detalhados. Em uma pincelada rápida de como vem usando a técnica, ele mostrou também que é possível distinguir as cinco espécies de tartarugas marinhas que ocorrem na costa brasileira, como relata artigo de 2009 na *Genetics and Molecular Biology*. E, em um estudo sobre morcegos publicado em 2008 na *Molecular Physiology and Evolution*, o grupo mineiro encontrou casos de espécies ocultas, em que duas ou mais espécies são erroneamente

consideradas uma única. O método vem se mostrando igualmente útil para identificar peixes e comparar as comunidades de espécies de bacias diferentes, como mostrou Cláudio Oliveira, da Universidade Estadual Paulista (Unesp) de Botucatu, e pererecas, segundo projeto piloto conduzido por Mariana Lyra, da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp).

Coexistência - Um bom exemplo de aplicação ecológica vem do laboratório de Eduardo Eizirik, da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS). Para entender a coexistência de duas espécies de gatos-do-mato na região central do estado gaúcho (*ver Pesquisa FAPESP nº 159*), sua equipe vem tentando, em colaboração com especialistas em roedores, identificar as espécies encontradas dentro do estômago dos felinos. A tarefa agora ficou bem mais fácil, com os marcadores genéticos. Por enquanto, os dados vêm confirmando as suspeitas de que cada espécie de gato-do-mato come presas diferentes, não exatamente o mesmo tipo de roedores. Os resultados também trouxeram surpresas para os especialistas em ratos: o DNA de espécies que não estão no banco de dados. Os gatos-do-mato provavelmente conhecem melhor a fauna de pequenos mamíferos do que os especialistas humanos.

Num exemplo mais próximo do cotidiano extrauniversitário, a geneticista Cristina Miyaki, da Universidade de São Paulo (USP) – uma das organizadoras do simpósio, junto com as colegas de

instituto Mariana Cabral de Oliveira e Lúcia Lohmann –, mostrou um caso de polícia. Um homem detido em 2003 no aeroporto de Recife vestia, por baixo da camisa, rolos feitos com meias femininas cheios de ovos que ele declarou serem de codorna. Não convencida, a polícia avançou com a investigação e pediu ajuda à especialista da USP. Eram 50 embriões, que a equipe de Cristina identificou serem da arara-canindé (*Ara ararauna*), do periquito sabiá-cica (*Triclaria malachitacea*), do papagaio-galego (*Alipiopsitta xanthops*) e de papagaios do complexo *Amazona aestiva/Amazona ochrocephala*. Para a sorte do traficante, nenhuma delas ameaçada de extinção, o que lhe valeu a liberdade depois de ficar detido alguns dias e pagar uma multa.

Preconceitos - O simpósio foi um rápido passeio por uma imensa riqueza que poderá ser revelada com o uso mais sistemático dos códigos de barras no Brasil. No entanto, o uso dessa ferramenta genômica ainda enfrenta preconceitos. Alguns pesquisadores não acreditam que analisar as sequências genéticas funcionará como foi prometido por Paul Hebert, o diretor científico do iBOL, sem que se conheça mais a fundo a biologia dos organismos. “Os códigos de barras vão ajudar a delimitar o que é uma espécie? Eles vão substituir a necessidade de dar nome às plantas?”, questionou Vicentini, do Inpa, em sua apresentação. Muitos discordam, por exemplo, do princípio usado pelo canadense para definir espécies diferentes: bastaria uma divergência de 2% entre os trechos de DNA analisados. A ideia não é considerada realista porque algumas espécies abrigam grande diversidade e mesmo assim funcionam como uma unidade evolutiva. O contrário também pode acontecer: duas espécies que se-

guem rumos evolutivos independentes mesmo com materiais genéticos muito semelhantes, talvez porque ainda não tenha passado tempo suficiente para que as diferenças se acumulassem.

De qualquer forma, parece haver um consenso entre os pesquisadores brasileiros que participaram do simpósio: muitos avanços no conhecimento estão à vista se todos os especialistas, das várias áreas, se reunirem em torno desse novo instrumento. “Seria preciso um financiamento amplo para se fazer um grande centro de investigação da biodiversidade por meio de códigos de barras”, diz Vi-

centini. “Um centro desse tipo pode impulsionar as atividades de inventário e descrição da biodiversidade brasileira, mas precisa estar atrelado ao fortalecimento da taxonomia e da sistemática e, principalmente, à formação de profissionais. O código de barras molecular deve ser visto como uma ferramenta adicional ao entendimento da diversidade biológica, e não como substituto das formas tradicionais de pesquisa em taxonomia e sistemática”, defende. ■

