

A identificação de organismos em nível de espécies é um aspecto fundamental de diversos tipos de estudos biológicos (p.ex. envolvendo questões ecológicas, epidemiológicas, biogeográficas e genéticas), bem como aplicações diretas a problemas práticos pertinentes à rotina de agências de fiscalização e monitoramento de atividades humanas (p.ex. contenção de espécies invasoras, monitoramento de pragas e controle de qualidade de alimentos).

Diversos métodos são utilizados para identificação de espécies, com base em aspectos morfológicos, comportamentais, fisiológicos ou moleculares, entre outros. Grande parte dos métodos clássicos (p.ex. baseados em morfologia) depende da atuação de taxonomistas muito especializados em um determinado grupo de organismos (p.ex. roedores, morcegos, himenópteros), envolvendo considerável alocação de tempo por parte destas pessoas a fim de identificar espécimes.

Além disso, muitos destes métodos requerem informação de boa qualidade (p.ex. espécimes adultos, com morfologia intacta), o que inviabiliza a identificação de exemplares juvenis ou fragmentados.

Estes três fatores (exigência de especialização taxonômica por parte do especialista; alocação de tempo; e necessidade de informação de boa qualidade) impedem que a identificação confiável em nível de espécie seja realizada em grande escala e de forma rotineira, para todas as atividades em que isto se faz necessário. Estas incluem inventários detalhados de fauna, flora e microbiotas, estudos ecológicos, relatórios de impacto ambiental, levantamentos rápidos de biodiversidade para o planejamento de estratégias de conservação (p.ex. identificação de áreas prioritárias para investigação aprofundada ou proteção), monitoramento de pragas, análises forenses (p.ex. crimes contra a fauna,

Códigos de Barra de DNA



apreensões de madeira ilegal), controle de qualidade de alimentos, entre outras.

Neste contexto, o uso de ferramentas moleculares tem crescido dramaticamente como uma alternativa adicional para a identificação rápida, padronizada e confiável de organismos em nível de espécie. Diversos esforços neste sentido vêm sendo conduzidos desde as décadas de 1980 e 1990, empregando diferentes tipos de marcadores. Estudos realizados neste período demonstraram que a aplicação de técnicas moleculares para identificação de espécies apresenta alta efetividade, permitindo a realização de análises em grande escala, padronizadas, reproduzíveis, e viáveis no contexto da rotina de laboratórios técnicos (p.ex. de agências governamentais focadas no monitoramento forense de tráfico de fauna ou qualidade de alimentos).

No âmbito desta tendência, a iniciativa dos códigos de barra de DNA (DNA barcodes) surgiu em 2003 com o intuito de fomentar a padronização dos métodos moleculares utilizados para identificar espécies de organismos vivos, e aumentar a escala com que identificações confiáveis possam ser realizadas. Os aspectos característicos desta iniciativa são os seguintes:

1. As seqüências de DNA utilizadas como referência (DNA barcodes) estão vinculadas a espécimes-testemunho, cuja identificação taxonômica é realizada por sistemas especializados. Há um forte estímulo para que todos os DNA barcodes usados como referência sejam associados a espécimes tombados em coleções científicas, permitindo sua continuada validação e reavaliação por parte da comunidade taxonômica. Assim, o DNA barcode acompanharia a taxonomia válida para o espécime ao qual estiver vinculado.

2. Há um forte estímulo ao uso de segmentos genômicos padronizados, a fim de que bases de dados internacionais comparativas, de livre acesso, possam ser estabelecidas e amplamente utilizadas. Para animais, há a recomendação de que um segmento padronizado do gene da subunidade I da Citocromo

Códigos de Barra de DNA



c oxidase (COI) seja utilizado como DNA barcode. Este segmento apresenta um ótimo potencial informativo para a identificação de espécies de diferentes grupos animais, conforme demonstrado por diversos estudos, e continua em constante avaliação à medida que novos táxons são investigados. É importante ressaltar que não há uma rejeição ao uso combinado de outros marcadores moleculares (p.ex. citocromo b), apenas um estímulo no sentido da padronização para viabilizar comparações em grande escala. Para outros organismos (p.ex. plantas) está ainda em discussão o conjunto de marcadores a serem empregados de forma padronizada como DNA barcodes, mas estudos recentes já identificaram segmentos genômicos adequados para este fim.

3. Houve o estabelecimento de uma base de dados integrada (Barcode of Life Data Systems – BOLD Systems) para abrigar e disponibilizar os códigos de barra de DNA e todas as informações associadas aos mesmos. Estas incluem os dados dos espécimes-testemunho, como medidas, imagens e localização do ponto de coleta, bem como os dados brutos de seqüência (eletroferogramas) para que se possa avaliar sua qualidade e confiabilidade, e outros marcadores associados (p.ex. outros genes utilizados no táxon em questão). Esta base de dados inclui ferramentas de busca para identificação de espécimes questionados (p.ex. em casos forenses), e pode também ser utilizada como plataforma de trabalho para redes de pesquisa em áreas dedicadas com normas de acesso protegido por senha.

É fundamental ressaltar que a identificação molecular de espécies (incluindo a iniciativa dos DNA barcodes) não é equivalente à sistemática molecular ou taxonomia molecular. Neste sentido, esta identificação depende da participação ativa da comunidade taxonômica (incluindo sistematas especialistas nos grupos e curadores de coleções científicas), pois apenas espécimes validados por sistematas estabelecidos (utilizando critérios morfológicos, moleculares, comportamentais ou outros) devem ser utilizados como referência para estabelecer os

caracteres diagnósticos de cada espécie, bem como a viabilidade de que os marcadores propostos efetivamente discriminem táxons.

Neste sentido, é importante salientar que este uso de marcadores moleculares para identificação não substitui nem reduz a relevância do trabalho de taxonomistas experientes e especializados nos diferentes grupos de organismos. Pelo contrário, estas identificações rotineiras só podem ser realizadas a partir do embasamento constantemente fornecido por estes pesquisadores, os quais permanecem sendo a fonte de informação confiável sobre o status taxonômico dos diferentes organismos do planeta. Além disto, o emprego destas análises moleculares rápidas deve liberar os taxonomistas destas tarefas de identificação de rotina, podendo então alocar seu tempo de forma mais plena para estudos científicos da biodiversidade, como descrição de espécies, filogenias, estudos biogeográficos, revisões taxonômicas, entre outros.

Notas:

1 - Professor adjunto da Faculdade de Biociências e coordenador do PPG em Biologia Celular e Molecular da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul.

2 - Professora doutora da Universidade de São Paulo.

3 - Professor Associado e pesquisador na área de Genética e Evolução na UFMG.