

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA (INPA)

CARGO 13: PESQUISADOR ADJUNTO – ESPECIALIDADE P13 ÁREA DE ATUAÇÃO: GENÉTICA MOLECULAR E SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA DE PEIXES (GMSFP)

Prova Discursiva – Questão 1

Aplicação: 24/03/2024

PADRÃO DE RESPOSTA DEFINITIVO

Nos itens 1 e 2, espera-se que o(a) candidato(a) discorra sobre as estratégias que adotaria para gerar resultados robustos e satisfatórios, construindo um objetivo geral associado a um trabalho com genética da conservação, a partir de um estudo com genética de populações.

No item 3, espera-se que ele(a) (i) selecione o marcador de DNA mais adequado para esta finalidade (poderia ser microssatélites ou SNPs); (ii) faça um planejamento de amostragem com coletas em ambiente natural ao longo de toda a área de distribuição da espécie, com coleta de no mínimo 20 exemplares em cada ponto amostral; (iii) preveja a possibilidade de hibridização em ambiente natural e, por isso, deverá mencionar a padronização de um marcador molecular para identificar indivíduos puros e híbridos; (iv) preveja também a identificação molecular da espécie; (v) identifique áreas com maior variabilidade genética para a espécie, que seriam as áreas protegidas por algum período estratégico; e (vi) inclua análises para avaliação de fluxo gênico e conectividade genética, a fim de identificar possíveis estoques e/ou diversidade críptica e incluir análises de demografia histórica.

No item 4, o(a) candidato(a) deve traçar um planejamento para proteção da espécie, a partir dos resultados obtidos, apresentando os produtos e tendo respondido a todos os objetivos propostos.

QUESITOS AVALIADOS

QUESITO 2.1 Estratégias e objetivo principal

Conceito 0 – Não apresentou objetivo geral ou apresentou objetivo geral não relacionado ao tema.

Conceito 1 – Apresentou objetivo geral com abordagem de genética de populações, mas não identificou a meta.

Conceito 2 – Apresentou objetivo geral com abordagem de genética de populações e identificou como principal meta avaliar a estrutura genética das populações dessa espécies, níveis de conectividade genética, variabilidade e as implicações para conservação.

QUESITO 2.2 Seleção do marcador de DNA mais adequado para a finalidade (poderia ser microssatélites ou SNP)

Conceito 0 – Não selecionou marcador ou selecionou um marcador molecular sem variabilidade suficiente, dominante.

Conceito 1 – Selecionou um marcador com variabilidade, mas não tão robusto e atual para análises populacionais e filogeográficas (ex.: região controle mitocondrial).

Conceito 2 – Selecionou marcadores microssatélites, no mínimo 14 loci, ou marcadores SNP, no mínimo uma varredura de milhares de SNPs.

QUESITO 2.3 Planejamento de amostragem com coletas em ambiente natural ao longo de toda a área de distribuição da espécie, com coleta de no mínimo 20 exemplares em cada ponto amostral

Conceito 0 – Não apresentou planejamento de coleta ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Apresentou planejamento de coleta em apenas uma localidade, de poucos indivíduos.

Conceito 2 – Apresentou planejamento de coleta em vários pontos muito próximos um do outro.

Conceito 3 – Apresentou planejamento de coleta em diversos pontos, representando toda a área de distribuição da espécie, com no mínimo 20 indivíduos por localidade.

QUESITO 2.4 Previsão da possibilidade de hibridização em ambiente natural e menção da padronização de um marcador molecular para a identificação de indivíduos puros e híbridos

Conceito 0 – Não previu a possibilidade de coletar indivíduos híbridos.

Conceito 1 – Previu a possibilidade de coletar indivíduos híbridos, mas não selecionou um marcador molecular adequado para identificá-los.

Conceito 2 – Previu a possibilidade de coletar indivíduos híbridos e padronizou um marcador molecular do genoma nuclear adequado para identificá-los, para visualizar as mutações do híbrido.

QUESITO 2.5 Previsão da identificação molecular da espécie

Conceito 0 – Não previu a identificação molecular da espécie.

Conceito 1 – Previu a identificação molecular para confirmar a taxonomia de todos os indivíduos, mas selecionou um marcador não adequado (por exemplo, marcador com muita variação intraespecífica)

Conceito 2 – Previu a identificação molecular para confirmar a taxonomia de todos os indivíduos, utilizando um marcador com mutações espécie-específicas, capazes de discriminar e identificar de forma inequívoca as espécies.

QUESITO 2.6 Identificação de áreas com maior variabilidade genética para a espécie, que seriam as áreas protegidas por algum período estratégico

Conceito 0 – Não previu avaliação de variabilidade genética.

Conceito 1 – Previu a avaliação dos níveis de variabilidade genética ao longo da distribuição da espécie.

QUESITO 2.7 Análises para avaliação de fluxo gênico e conectividade genética, a fim de identificar possíveis estoques e/ou diversidade críptica e incluir análises de demografia histórica

Conceito 0 – Não incluiu análises para a verificação de fluxo gênico e níveis de conectividade, nem análises de demografia histórica.

Conceito 1 – Incluiu análises para a verificação de fluxo gênico e níveis de conectividade, e análises de demografia histórica.

QUESITO 2.8 Planejamento para a proteção da espécie, a partir dos resultados obtidos, com a apresentação dos produtos e resposta a todos os objetivos propostos

Conceito 0 – Não traçou nenhum plano de proteção da espécie e não conseguiu responder a nenhum dos objetivos.

Conceito 1 – Traçou um plano, mas não alcançou todos os objetivos.

Conceito 2 – Traçou um plano de manejo baseado nos dados gerados, apresentando as áreas prioritárias para conservação e todos os resultados a partir de todos os objetivos propostos.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA (INPA)

CARGO 13: PESQUISADOR ADJUNTO – ESPECIALIDADE P13 ÁREA DE ATUAÇÃO: GENÉTICA MOLECULAR E SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA DE PEIXES (GMSFP)

Prova Discursiva – Questão 2

Aplicação: 24/03/2024

PADRÃO DE RESPOSTA DEFINITIVO

A Bacia Amazônica é a região do mundo que abarca a maior riqueza taxonômica de peixes de água doce. Na região, são registradas 18 ordens de peixes. Desses, os pertencentes ao clado Otophysi (reconhecidos por apresentar um aparelho de Weber completo, fruto da modificação das costelas e outros ossos associados às quatro ou cinco vértebras mais anteriores, e que fornece uma ligação direta da bexiga natatória ao ouvido interno), são os que apresentam a maior biodiversidade em termos taxonômicos, compondo pouco mais de 80% das espécies catalogadas na bacia amazônica.

Tradicionalmente, quatro ordens são alocadas em Otophysi: Cypriniformes, Characiformes, Siluriformes e Gymnotiformes, mas apenas as três últimas (Characiformes, Siluriformes e Gymnotiformes) apresentam representantes amazônicos.

Dos Otophysi amazônicos, Characiformes e Siluriformes são dominantes em riqueza taxonômica, representando juntas aproximadamente duas mil espécies, ou 75% de toda a diversidade de peixes conhecida na região. Estas são seguidas por Perciformes, Cyprinodontiformes e Gymnotiformes que representam 10%, 6% e 6% da diversidade de peixes conhecidos na bacia amazônica (terceira, quarta e quinta ordem em termos de riqueza taxonômica, respectivamente). Por fim, as 13 ordens restantes representam apenas algo em torno de 3% das espécies de peixes amazônicos quando somadas, o que evidencia a dominância em termos taxonômicos dos Characiformes e Siluriformes.

De um ponto de vista filogenético, hipóteses tradicionais (isto é, com base em dados morfológicos) reconhecem o monofiletismo das três ordens de Otophysi que possuem representantes amazônicos: Characiformes, Siluriformes e Gymnotiformes. Essas hipóteses agrupam Siluriformes e Gymnotiformes em um clado, e este seria grupo irmão de Characiformes. Contudo, hipóteses moleculares já obtiveram todos os resultados possíveis para as relações dessas três ordens: 1) Characiformes como grupo irmão de Gymnotiformes, e este clado irmão dos Siluriformes; 2) Characiformes + Siluriformes, e este irmão dos Gymnotiformes; e 3) Siluriformes mais Gymnotiformes, e este clado como irmão de Characiformes (esta última similar à hipótese morfológica). Ademais, hipóteses mais recentes têm indicado o não monofiletismo de Characiformes, que são separados em duas linhagens: uma denominada Citharinoidei, e outra nomeada de Characoidei.

QUESITOS AVALIADOS

QUESITO 2.1 Nome do clado de peixes com aparelho de Weber completo e contextualização com peixes amazônicos

Conceito 0 – Não respondeu ao questionamento ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Respondeu corretamente o nome do agrupamento em questão — Otophysi —, mas não desenvolveu o assunto.

Conceito 2 – Respondeu corretamente o nome do agrupamento em questão — Otophysi —, desenvolvendo e contextualizando o assunto.

QUESITO 2.2 Número e nome de todas as ordens alocadas no clado de peixes com aparelho de Weber completo, e lista daquelas que apresentam representantes na Amazônia

Conceito 0 – Não respondeu ao questionamento ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Mencionou apenas uma das ordens presentes na Amazônia (Characiformes, Siluriformes ou Gymnotiformes), e não respondeu sobre a ordem sem registro na Amazônia (Cypriniformes).

Conceito 2 – Mencionou duas das ordens presentes na Amazônia (Characiformes, Siluriformes ou Gymnotiformes), mas não respondeu sobre a ordem sem registro na Amazônia (Cypriniformes).

Conceito 3 – Mencionou todas as três ordens presentes na Amazônia (Characiformes, Siluriformes e Gymnotiformes), mas não respondeu sobre a ordem sem registro na Amazônia (Cypriniformes).

Conceito 4 – Mencionou todas as três ordens presentes na Amazônia (Characiformes, Siluriformes e Gymnotiformes) acrescentando o nome da ordem sem registro na Amazônia (Cypriniformes).

QUESITO 2.3 Diversidade taxonômica das ordens de peixes que apresentam um aparelho de Weber completo com ocorrência na Amazônia e contextualização com as demais linhagens de peixes amazônicos

Conceito 0 – Não respondeu ao questionamento ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Afirmou que a riqueza taxonômica de Characiformes e Siluriformes é discrepante quando comparada às demais ordens de peixes amazônicos, mas sem citar ou contextualizar a riqueza taxonômica de Gymnotiformes.

Conceito 2 – Afirmou que a riqueza taxonômica de Characiformes e Siluriformes é discrepante quando comparada às demais ordens de peixes amazônicos, mencionando também que a riqueza de Gymnotiformes não rivaliza com aquela encontrada em Characiformes e Siluriformes.

Conceito 3 – Afirmou que a riqueza taxonômica de Characiformes e Siluriformes é discrepante quando comparada às demais ordens de peixes amazônicos, citando a riqueza de Gymnotiformes, mencionando que a riqueza de Gymnotiformes não rivaliza com aquela encontrada em Characiformes e Siluriformes, e colocando todos os dados em contexto com as demais ordens de peixes amazônicos.

QUESITO 2.4 Relações filogenéticas entre as ordens de peixes que apresentam um aparelho de Weber completo com ocorrência na Amazônia; e congruências e discrepâncias entre hipóteses tradicionais (morfológicas) e hipóteses recentes, por meio de dados moleculares

Conceito 0 – Não respondeu ao questionamento ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Mencionou de forma superficial que, tradicionalmente, Characiformes é tido como grupo irmão de Siluriformes e Gymnotiformes, e que todas as três ordens são monofiléticas, mas não comentou que hipóteses pautadas em dados moleculares apresentam resultados discrepantes, não apresentou as hipóteses alternativas, nem comentou sobre o possível não monofiletismo de Characiformes.

Conceito 2 – Mencionou de forma parcialmente adequada que, tradicionalmente, Characiformes é tido como grupo irmão do clado composto por Siluriformes mais Gymnotiformes, e que todas as três ordens são monofiléticas, comentando brevemente que hipóteses pautadas em dados moleculares apresentam resultados discrepantes, mas não apresentou as hipóteses alternativas, nem comentou sobre o possível não monofiletismo de Characiformes.

Conceito 3 – Mencionou de forma adequada que, tradicionalmente, Characiformes é tido como grupo irmão do clado composto por Siluriformes mais Gymnotiformes, e que todas as três ordens são monofiléticas, comentando brevemente que hipóteses pautadas em dados moleculares apresentam resultados discrepantes e apresentando as hipóteses alternativas, comentando sobre o possível não monofiletismo de Characiformes contudo, mas não listou todas as três hipóteses de relacionamento possíveis nem acrescentou que, nessas novas hipóteses, Characiformes é ocasionalmente não monofilético, e dividido em Characoidei e Citharinoidei.

Conceito 4 – Mencionou de forma adequada que, tradicionalmente, Characiformes é tido como grupo irmão do clado composto por Siluriformes mais Gymnotiformes, e que todas as três ordens são monofiléticas. Comentou de maneira adequada que novas hipóteses com base em dados moleculares têm indicado relações alternativas em que todos os arranjos são obtidos: 1) Characiformes como grupo irmão de Gymnotiformes, e este clado irmão dos Siluriformes; 2) Characiformes e Siluriformes formando um clado, e este irmão dos Gymnotiformes; e 3) Siluriformes mais Gymnotiformes, e este clado como irmão de Characiformes (similar à hipótese morfológica). Acrescentou ainda que, em algumas dessas novas hipóteses, Characiformes não é monofilético, e dividido em Characoidei e Citharinoidei.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA (INPA)

CARGO 13: PESQUISADOR ADJUNTO – ESPECIALIDADE P13 ÁREA DE ATUAÇÃO: GENÉTICA MOLECULAR E SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA DE PEIXES (GMSFP)

Prova Discursiva – Questão 3

Aplicação: 24/03/2024

PADRÃO DE RESPOSTA DEFINITIVO

1. Entende-se por marcador molecular todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de gene expresso, como as proteínas, ou segmento específico de DNA, sendo estes últimos, os mais amplamente utilizados, já podem ser aplicados com êxito para solucionar diferentes problemáticas associadas a biodiversidade mundial. Para peixes, um dos grupos mais diversos de vertebrados, é possível realizar inferências em diferentes níveis, por exemplo, para identificar/discriminar uma espécie, investigar diversidade críptica, analisar a estrutura genética das populações e, até mesmo, reconstruir a história evolutiva de diferentes grupos. Isso é possível porque diferentes regiões do genoma possuem características específicas, por exemplo, a taxa de evolução/mutação. É possível utilizar marcadores tanto do genoma nuclear, como do genoma mitocondrial. A molécula de DNA circular, que representa o genoma mitocondrial, é geralmente compacta, sem íntrons e sem mecanismos de reparo e/ou recombinação gênica. Isso possibilita uma taxa mutacional mais elevada que os marcadores do genoma nuclear.
2. Para investigar a diversidade de peixes, os marcadores mais utilizados são fragmentos do genoma mitocondrial, especialmente a porção Barcode, que corresponde à primeira metade do gene citocromo oxidase C, subunidade I (COI). Marcadores espécie-específicos devem possuir variação interespecífica suficiente para separar os táxons, sempre superior aos maiores valores de variação intrapopulacional. Isso é que chamamos de *barcode gap*. Marcadores mitocondriais, que possuem acentuado nível de Barcode gap para diferentes grupos de peixes, são: genes rDNA 12S, rDNA16S, ND4, ND2, COI e Cytb.
3. Já para inferências populacionais, devemos utilizar marcadores mais variáveis, com bastante polimorfismo, e de preferência, codominantes, para que seja possível diferenciar homocigotos e heterocigotos. Para esta abordagem, marcadores nucleares são mais eficientes e robustos, especialmente os marcadores microssatélites (SSR) e marcadores de polimorfismo único, os SNPs. É possível utilizar, dada a carência de recursos financeiros, marcador mitocondrial, como a Região controladora (Dloop) e alguns íntrons do genoma nuclear, analisados após sequenciamento de Sanger. Para filogenias, quanto mais *loci* amostrados melhor. Podemos utilizar íntrons, combinados com marcadores mitocondriais, em análises *multilocus*.
4. As técnicas disponíveis para geração desses dados são inúmeras, variando desde o sequenciamento com o método Didesoxi (método de Sanger), ao sequenciamento de nova geração, ou NGS. O que geralmente tem-se utilizado muito é a análise de sequências de DNA, utilizando o método de Sanger, e a análise de fragmentos, ou genotipagem, também utilizando plataformas de Sanger. Esta etapa precisa ser antecedida pela reação em cadeia da polimerase, ou PCR, que possibilita a amplificação de uma região específica do genoma. Para os SNPs, podemos usar sequenciamento de nova geração em Plataformas Illumina ou Ion Torrent.

QUESITOS AVALIADOS

QUESITO 2.1 Caracterização dos marcadores moleculares

Conceito 0 – Não conceituou marcadores moleculares.

Conceito 1 – Limitou-se ao conceito de marcadores moleculares.

Conceito 2 – Conceituou marcadores moleculares e deu exemplos e aplicações.

QUESITO 2.2 Marcadores do genoma mitocondrial e do genoma nuclear

Conceito 0 – Não mencionou marcadores do genoma mitocondrial e nuclear.

Conceito 1 – Caracterizou apenas um dos grupos.

Conceito 2 – Mencionou e caracterizou os marcadores do genoma mitocondrial e nuclear, sem exemplificar.

Conceito 3 – Mencionou e caracterizou os marcadores do genoma mitocondrial e nuclear e deu exemplos práticos com peixes.

QUESITO 2.3 Taxa evolutiva e variabilidade dos Marcadores

Conceito 0 – Não mencionou a variação dos marcadores nem taxa evolutiva.

Conceito 1 – Mencionou as diferenças nas taxas evolutivas de diferentes marcadores e deu exemplos.

Conceito 2 – Mencionou as diferenças nas taxas evolutivas de diferentes marcadores e deu exemplos e as correlacionou com as diferentes aplicações, considerando cada tipo de marcador.

QUESITO 2.4 Marcadores de DNA espécie-específicos do genoma mitocondrial e Ferramenta global de bioidentificação – DNA Barcode

Conceito 0 – Não citou nenhum marcador espécie-específico.

Conceito 1 – Apenas citou os marcadores mais usados para identificar peixes.

Conceito 2 – Citou os marcadores, deu exemplos e caracterizou o DNA *barcode*.

QUESITO 2.5 Genes nucleares ou Íntrons do genoma nuclear para Filogenias e Mitogenomas para Filogenias

Conceito 0 – Não abordou nenhum marcador nuclear para filogenias.

Conceito 1 – Explicou a característica mais importante para um marcador possuir sinal filogenético, sendo adequado para filogenias.

Conceito 2 – Explicou a característica mais importante para um marcador possuir sinal filogenético, sendo adequado para filogenias, e deu exemplos práticos com peixes.

QUESITO 2.6 Marcadores com polimorfismo para análises de genética de populações – Microssatélites e SNP (polimorfismo de nucleotídeo único)

Conceito 0 – Não mencionou marcadores para análises de genética de populações.

Conceito 1 – Mencionou os marcadores microssatélites.

Conceito 2 – Mencionou os marcadores microssatélites e SNP para genética de populações e explicou por que de serem os mais adequados.

QUESITO 2.7 Técnicas para geração dos dados: mencionar e caracterizar PCR, Sequenciamento de Sanger; Genotipagem de alelos de microssatélites, Sequenciamento de nova geração para mapeamento de SNP

Conceito 0 – Não mencionou nenhuma técnica.

Conceito 1 – Mencionou e descreveu corretamente apenas a PCR.

Conceito 2 – Mencionou e descreveu corretamente a PCR e o sequenciamento de Sanger.

Conceito 3 – Mencionou todas as principais técnicas e descreveu corretamente a PCR, o sequenciamento de Sanger, a genotipagem e o sequenciamento de nova geração, correlacionando-os com o tipo de marcador gerado e a aplicação desse marcador.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA (INPA)

CARGO 13: PESQUISADOR ADJUNTO – ESPECIALIDADE P13 ÁREA DE ATUAÇÃO: GENÉTICA MOLECULAR E SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA DE PEIXES (GMSFP)

Prova Discursiva – Questão 4

Aplicação: 24/03/2024

PADRÃO DE RESPOSTA DEFINITIVO

O(A) candidato(a) deve apresentar em seu texto os conceitos básicos de genética de populações, demonstrando seu conhecimento de parâmetros como heterozigosidade observada e esperada, riqueza alélica, número efetivo populacional, F_{IS} , F_{ST} , e as ferramentas computacionais para calcular tais parâmetros. Nesse ponto, buscar-se-á verificar como o candidato poderá liderar e orientar um grupo de pesquisa no tema da conservação genética de peixes.

O(A) candidato(a) deverá discorrer também sobre as metodologias moleculares utilizadas para obter os resultados necessários para inferir padrões de estruturação e diversidade genética populacional. Nesse ponto, será importante demonstrar um conhecimento abrangente das metodologias.

O(A) candidato(a) deverá demonstrar sua compreensão sobre como os resultados dos estudos de genética de populações podem desempenhar um papel crucial na formulação de políticas e ações práticas de conservação e manejo sustentável, garantindo a preservação dessas espécies para as gerações futuras. Serão valorizados exemplos que demonstrem como a capacidade de transformar os resultados de laboratório em ações práticas no meio ambiente.

QUESITOS AVALIADOS

QUESITO 2.1. Conceitos básicos de genética de populações aplicados a conservação de peixes

Conceito 0 – Não apresentou nenhum conceito básico de genética de populações ou apresentou conceitos totalmente equivocados.

Conceito 1 – Mencionou, de forma precária, os conceitos de genética de populações, sem demonstrar adequadamente o domínio dos conceitos.

Conceito 2 – Apresentou os parâmetros, mas não explicou a importância deles nos estudos de genética de populações de peixes.

Conceito 3 – Apresentou os conceitos corretamente e demonstrou domínio do uso dos programas computacionais usados na estimativa dos parâmetros da genética de populações e suas aplicações.

QUESITO 2.2. Metodologias moleculares para avaliar a diversidade intra e interpopulacional da ictiofauna da Amazônia

Conceito 0 – Não mencionou nenhuma metodologia molecular ou demonstrou não conhecer o assunto.

Conceito 1 – Mencionou metodologias moleculares, mas não estabeleceu a relação com a avaliação da diversidade intra e interpopulacional da ictiofauna da Amazônia.

Conceito 2 – Mencionou metodologias moleculares, mas sem detalhar de forma clara as metodologias moleculares aplicadas ao estudo da genética de populações.

Conceito 3 – Abordou o quesito de forma clara e com bom desenvolvimento, apresentou o contexto no qual os marcadores moleculares foram e têm sido usados na genética de populações.

QUESITO 2.3. Como os resultados dos estudos da genética das populações de peixes são importantes para o estabelecimento de políticas de conservação e manejo sustentável desses peixes

Conceito 0 – Não abordou nenhum aspecto sobre as implicações dos estudos sobre genética de populações aplicados a conservação de espécies de peixes.

Conceito 1 – Mencionou a importância dos resultados dos estudos da genética das populações de peixes apenas de forma superficial.

Conceito 2 – Mencionou a importância dos resultados dos estudos da genética das populações de peixes sem exemplos que pudesse demonstrar o conhecimento sobre o tema.

Conceito 3 – Desenvolveu adequadamente o quesito, apresentando exemplos de como os resultados dos estudos da genética de populações de peixes podem auxiliar na condução e implantação de políticas conservacionistas.