

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS**  
Centro de Ciências Biológicas e da Saúde  
Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular

**Desenvolvimento e aplicação de ferramentas bioinformáticas para  
a biologia da conservação**

**Karla Verónica Chávez Rodríguez de Congrains**

São Carlos – SP

Fevereiro de 2018

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS**  
Centro de Ciências Biológicas e da Saúde  
Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular

**TESE DE DOUTORADO**

**Desenvolvimento e aplicação de ferramentas bioinformáticas para  
a biologia da conservação**

**Karla Verónica Chávez Rodríguez de Congrains**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular do Centro de Ciências Biológicas e da Saúde da Universidade Federal de São Carlos, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciências com área de concentração em Genética Evolutiva e Biologia Molecular.

**Orientador: Dr. Pedro Manoel Galetti Junior**

São Carlos – SP

Fevereiro de 2018



# UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

Centro de Ciências Biológicas e da Saúde  
Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular

---

## Folha de Aprovação

---

Assinaturas dos membros da comissão examinadora que avaliou e aprovou a Defesa de Tese de Doutorado da candidata Karla Verônica Chávez Rodríguez de Congrains, realizada em 26/02/2018:



---

Prof. Dr. Pedro Manoel Galetti Junior  
UFSCar



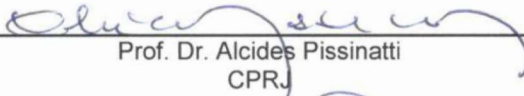
---

Prof. Dr. Caio Cesar de Melo Freire  
UFSCar



---

Prof. Dr. Evandro Marsola de Moraes  
UFSCar



---

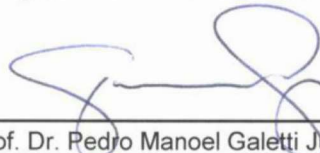
Prof. Dr. Alcides Pissinatti  
CPRJ



---

Prof. Dr. Valeria Fagundes  
UFES

Certifico que a defesa realizou-se com a participação à distância do(s) membro(s) Evandro Marsola de Moraes, Valeria Fagundes e, depois das arguições e deliberações realizadas, o(s) participante(s) à distância está(ão) de acordo com o conteúdo do parecer da banca examinadora redigido neste relatório de defesa.



---

Prof. Dr. Pedro Manoel Galetti Junior

A o meu esposo, pais e irmão.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar ao meu orientador, Prof. Pedro Manoel Galetti Junior, por me aceitar como sua aluna sete anos atrás, pela sua confiança e por acreditar nas minhas ideias e propostas, me dando total liberdade para explorar diferentes áreas de pesquisa.

Sou especialmente grata ao meu esposo, Carlos Congrains, por todo o suporte e amor durante este período, e, é claro, pelas longas conversas, ajuda e conselhos em programação que contribuíram de maneira decisiva para a realização deste trabalho.

À Profa. Patrícia Freitas pelas discussões sobre conservação de primatas.

À Emanuelle Gustani, pelas longas discussões sobre programação em R.

À Fernanda Lima e o Bruno Saranholi, pela amizade de longa data e especialmente pela ajuda na revisão de português desta tese.

A meus pais e irmão, os quais a pesar da distância sempre estão me brindando com seus conselhos e apoio.

Aos membros do Laboratório de Biodiversidade Molecular e Conservação (LabBMC) pelas discussões e amizade.

Ao Peter Galbusera e Dominic Wormell pelas informações fornecidas.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudos concedida.

*“C'est une triste chose de songer que la nature  
parle et que le genre humain n'écoute pas”*

“É triste pensar que a natureza fala e que o  
gênero humano não a ouve”

Victor Hugo

## RESUMO

A análise conjunta de dados demográficos e genéticos é recomendada para o sucesso dos programas de conservação *ex situ*. Integrar estes dois tipos de dados com o intuito de gerar diretrizes que permitam estabelecer populações autossustentáveis e que retenham a maior quantidade de diversidade genética é um dos maiores objetivos dos programas de conservação. No entanto, ferramentas de análise livres e de fácil uso desenvolvidos para fins conservacionistas são escassas. O desenvolvimento de linguagens de programação de alto nível como Python e R permite que pesquisadores, fora da área da computação, criem seus próprios programas. Com isso em mente, o presente trabalho desenvolveu três ferramentas computacionais: STRR, PedmineR e HetRank. Esses programas visam auxiliar os estudos de preservação da biodiversidade, nas análises de dados genéticos e demográficos. De tal modo, STRR avalia a qualidade do painel de marcadores microssatélites, fazendo uma filtragem diferente que depende da finalidade do conjunto de dados. PedmineR facilita a estimativa de parâmetros demográficos e genéticos baseados em dados de pedigree, e permite a incorporação de marcadores microssatélites para uma análise conjunta deles. HetRank utiliza dados genéticos para estimar a mediana da heterozigosidade individual para a possível prole de potenciais casais reprodutivos, sendo uma ferramenta útil para a tomada de decisões de programas de reprodução em cativeiro. Para testar a aplicabilidade destas ferramentas em programas de conservação, foram utilizados dados genéticos e demográficos de indivíduos em cativeiro de Mico-leão-de-cara-dourada (*Leontopithecus chrysomelas*), espécie em perigo de extinção. Os resultados produzidos nesta espécie mostraram o fácil uso destes programas e sugerem que a metodologia delineada neste trabalho pode ser repetida no estudo de outras espécies.

## ABSTRACT

The analysis of demographic and genetic data is recommended for the success of conservation programs. The integration of this information to generate guidelines for establishing self-sustaining populations and retain the greatest amount of genetic diversity is one of the major objectives of *ex situ* conservation programs. However, the lack of free and easy-to-use programs developed for conservation purposes are rare. The development of high-level programming languages such as Python and R allows researchers, outside the area of computing, to create their own programs. In this work, three computational tools were developed: STRR, PedmineR, and HetRank. These programs aim to assist in studies of biodiversity conservation. They were designed to aid in the analysis of genetic and demographic data. In such a way, STRR evaluates the quality of the panel of microsatellite markers, and brings a filtering makes indications about the possible use of it. PedmineR facilitates the estimation of demographic and genetic parameters based on pedigree data allowing the incorporation of the panel of microsatellite markers. HetRank predicts individual heterozygosity for the offspring of reproductive mates, been a useful tool for captive breeding programs. The use of these tools in the study of the captive population of the golden-faced lion tamarin (*Leontopithecus chrysomelas*) shows the applicability and easy use of them, having outlined a methodology that can be repeated in the study of other species.



## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

<b>Figura 1.</b> Mico-leão-de-cara-dourada ( <i>Leontopithecus chrysomelas</i> ) mantido em cativeiro no Parque Zoológico de Paris.....	7
<b>Figura 2.</b> Visão geral das funcionalidades do STRR.....	20
<b>Figura 3.</b> Curva da riqueza alélica das amostras de 50 indivíduos das duas populações simuladas.....	22
<b>Figura 4.</b> Coeficientes de correlação entre as heterozigosidades dos <i>loci</i> microssatélites.....	22
<b>Figura 5.</b> Visão geral de todas as funções disponíveis no PedmineR.....	31
<b>Figura 6.</b> Interface do programa HetRank.....	37
<b>Figura 7.</b> Visão geral do funcionamento do programa HetRank.....	38
<b>Figura 8.</b> Fluxograma das análises realizadas pelo programa HetRank.....	41
<b>Figura 9.</b> Curva de sobrevivência populacional e individual.....	52
<b>Figura 10.</b> Estimadores de risco para os indivíduos em cativeiro de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> e <i>Leontopithecus chrysopygus</i> .....	53
<b>Figura 11.</b> Curvas de riqueza alélica das populações de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> .....	67

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Caracterização dos <i>loci</i> microssatélites das amostras de 50 indivíduos das duas populações simuladas.....	21
<b>Tabela 2.</b> Heterozigosidades individuais e MoSI calculados para uma família de ursos de óculos ( <i>Tremarctos ornatus</i> ).....	42
<b>Tabela 3.</b> Parâmetros utilizados na análise de viabilidade populacional dos indivíduos cativos das espécies <i>Leontopithecus chrysomelas</i> e <i>Leontopithecus chrysopygus</i> .....	49
<b>Tabela 4.</b> <i>Loci</i> microssatélites utilizados na genotipagem das populações em cativeiro de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> .....	62
<b>Tabela 5.</b> Caracterização dos <i>loci</i> microssatélites das populações de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> da Fundação Parque Zoológico de São Paulo e do Centro de Primatologia do Rio de Janeiro.....	66
<b>Tabela 6.</b> Casais de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> da Fundação Parque Zoológico de São Paulo com valores de IR-MoSI menores ou iguais a 3.....	68
<b>Tabela 7.</b> Casais de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> do Centro de Primatologia do Rio de Janeiro com valores de IR-MoSI iguais a 3.....	69
<b>Tabela 8.</b> Casais de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> formados por indivíduos da Fundação Parque Zoológico de São Paulo e do Centro de Primatologia do Rio de Janeiro com valores de IR-MoSi iguais a 2.....	69
<b>Tabela 9.</b> Coeficiente de endogamia dos machos de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> das populações da Fundação Parque Zoológico de São Paulo e do Centro de Primatologia do Rio de Janeiro.....	70
<b>Tabela 10.</b> Número de vezes que machos e fêmeas de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> reproduziram em cativeiro.....	71
<b>Tabela 11.</b> Casais de <i>Leontopithecus chrysomelas</i> que retiveram a maior quantidade de diversidade genética e aumentaram a probabilidade de sobrevivência da progênie.....	72

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

**CBD** - Convenção sobre Diversidade Biológica (*Convention on Biological Diversity*).

**CPRJ** - Centro de Primatologia do Rio de Janeiro.

**Dam<sub>(A)</sub>** - Idade da mãe.

**Dam<sub>(F)</sub>** - Coeficiente de endogamia da mãe.

**Dam<sub>(P)</sub>** - Experiência da mãe.

**HR** – Estimadores de risco (*Hazard risks*).

**F** - Coeficiente de endogamia de heredograma.

**FPZSP** - Fundação Parque Zoológico de São Paulo.

**Ind<sub>(F)</sub>** - Coeficiente de endogamia do indivíduo.

**Ind<sub>(L)</sub>** - Tamanho da ninhada.

**Ind<sub>(S)</sub>** - Sexo do indivíduo.

**Ind<sub>(Z)</sub>** - Zoológico.

**IR** - Parentesco interno (*Internal relatedness*)

**ISIS** - *International Species Information System*.

**MoSI** – *Molecular Suitability Index*.

**MoSI - IR** – MoSI calculado com o parentesco interno.

**MoSI - PHt** – MoSI calculado com a proporção de *loci* heterozigóticos de um indivíduo.

**MSI** - *Mate Suitability Index*.

**P<sub>(ID)</sub>** - Probabilidade de Identidade.

**P<sub>(ID)sib</sub>** - Probabilidade de Identidade entre irmãos (*Probability of Identity between sibs*).

**PCR** – Reação em cadeia da polimerase (*Polymerase chain reaction*).

**PHt** - Proporção de *loci* heterozigóticos de um indivíduo.

**PIC** - Conteúdo de Informação Polimórfica (*Polymorphism Information Content*).

**PVA** - Análise da Viabilidade Populacional (*Populational Viability Analysis*).

**RA** - Riqueza Alélica.

**Sire<sub>(A)</sub>** - Idade do pai.

**Sire<sub>(F)</sub>** - Coeficiente de endogamia do pai.

**Sire<sub>(E)</sub>** - Experiência do pai.

**SPARKS** - *Population Analysis and Records Keeping System*.

**S.D.** – Desvio padrão

**IUCN** – *International Union for Conservation of Nature*.

## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	1
<b>Biologia da conservação</b> .....	1
<b>Conservação da biodiversidade</b> .....	2
<b>Conservação <i>in situ</i></b> .....	3
<b>Conservação <i>ex situ</i></b> .....	4
<b>OBJETIVOS</b> .....	10
<b>Objetivo Geral</b> .....	10
<b>Objetivos Específicos</b> .....	10
<b>PARTE I - DESENVOLVIMENTO DE FERRAMENTAS INFORMÁTICAS PARA BIOLOGIA DA CONSERVAÇÃO</b> .....	11
<b>CAPÍTULO I – STRR: Uma função para avaliação de <i>loci</i> tipo microssatélites no R</b> .....	12
<b>RESUMO</b> .....	12
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	13
<b>MÉTODO</b> .....	16
Implementação .....	16
Dados de entrada .....	16
Funcionalidade .....	16
Dados simulados .....	19
Análises dos dados microssatélites .....	19
<b>RESULTADO</b> .....	20
<b>DISCUSSÃO</b> .....	23
<b>CONCLUSÃO</b> .....	24
<b>CAPÍTULO II - PEDMINER: Um pacote do R para mineração de dados de pedigree e análises genéticas</b> .....	25
<b>RESUMO</b> .....	25
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	26
<b>MÉTODOS</b> .....	28
Implementação .....	28
Dados de entrada .....	28
Funcionalidade .....	29
<b>RESULTADOS</b> .....	30

CONCLUSÃO .....	32
<b>CAPÍTULO III - HETRANK: Um programa para classificar casais reprodutores baseado na heterozigosidade individual predita para a prole.....</b>	<b>33</b>
RESUMO .....	33
INTRODUÇÃO .....	34
MÉTODOS .....	36
Implementação e Interface.....	36
Dados de entrada .....	36
Funcionalidade .....	37
Resultado .....	40
TESTANDO A VERACIDADE DAS PREDIÇÕES DE HETRANK.....	41
CONCLUSÕES .....	42
<b>PARTE II – APLICAÇÃO DAS FERRAMENTAS INFORMÁTICAS EM ESTUDOS DE CASO .....</b>	<b>43</b>
<b>CAPÍTULO IV – Fatores de risco para a mortalidade de populações em cativeiro de duas espécies vulneráveis de <i>Leontopithecus</i> (Primata): Implicações para o manejo da conservação.....</b>	<b>44</b>
RESUMO .....	44
INTRODUÇÃO .....	45
MATERIAL E MÉTODOS.....	48
Coleta das informações dos indivíduos cativos.....	48
Número de alelos letais equivalentes.....	48
Análises de viabilidade populacional .....	49
Análises de sobrevivência e risco de morte.....	50
RESULTADOS.....	51
DISCUSSÃO .....	53
CONCLUSÃO .....	57
<b>CAPÍTULO V – Seleção de casais reprodutivos na população cativa de <i>Leontopithecus chrysomelas</i>.....</b>	<b>58</b>
RESUMO .....	58
INTRODUÇÃO .....	59
MATERIAL E MÉTODOS.....	62
Coleta dos dados moleculares .....	62
Seleção dos loci microsatélites .....	63
Coleta dos dados demográficos .....	63

Cálculo dos coeficientes de endogamia.....	64
Seleção dos casais reprodutivos .....	64
Seleção dos pais baseada nos coeficientes de endogamia .....	65
Determinação dos casais prioritários para reprodução .....	65
<b>RESULTADO</b> .....	65
<b>DISCUSSÃO</b> .....	73
<b>CONCLUSÕES</b> .....	76
<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	78
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	81
<b>APÊNDICE A - Manual do STRR</b> .....	94
<b>APÊNDICE B - Manual do PedmineR</b> .....	97
<b>APÊNDICE C - Manual do HetRank</b> .....	97
<b>APÊNDICE D – Figuras e tabelas suplementares</b> .....	118

## INTRODUÇÃO GERAL

### **Biologia da conservação**

Ao longo dos anos as sociedades humanas têm se beneficiado do uso dos recursos naturais. A conservação dos mesmos foi iniciada quando nossas sociedades começaram a pensar que as futuras gerações também necessitarão desses recursos e para que isso se torna necessário a utilização deles de maneira ambientalmente sustentável. Porém, para que o uso dos recursos seja sustentável, os processos e funções naturais que produziram o recurso, como água limpa e solo fértil, devem continuar funcionando corretamente e, portanto, devem ser conservados ao longo do tempo (VAN DYKE, 2008). Com o passar dos anos, os humanos reconheceram que os recursos naturais, como florestas ou populações de animais, não poderiam produzir recursos suficientes para serem explorados por todos. A menos que essa exploração fosse limitada, o recurso se esgotaria. Apesar deste conhecimento, o homem continua abusando e degradando a natureza.

A importância de se conservar apresentou maior relevância no ano de 1978 quando o biólogo Michael Soulé revelou, na agora nomeada de *First International Conference on Conservation Biology*, que a taxa de extinção das espécies era a maior dos últimos 65 milhões de anos (GIBBONS, 1992). Lamentavelmente, a imprudência humana estava conseguindo exterminar a vida selvagem, provocando a extinção das espécies em taxas de 100 a 1000 vezes maiores que as naturais (PIMM et al., 1995). Isto tem ocasionado uma extinção em massa de espécies, as quais só poderiam ser substituídas em número, por processos evolutivos, que levariam milhões de anos (MYERS et al., 2000). Este



desequilíbrio entre a taxa de extinção e especiação, causado pelo homem, tem gerado um grande problema para o meio ambiente.

Entender que os humanos estão sendo responsáveis pela sexta extinção em massa fez com que a biologia da conservação começasse a ser reconhecida como uma “verdadeira ciência”, a qual carrega a grande responsabilidade de conservar a biodiversidade (VAN DYKE, 2008). Uma característica da biologia da conservação é que ela não tem como objetivo desenhar todas as suas teorias e modelos, ela na maioria das vezes se aproveita daqueles já existentes com o objetivo de fornecer princípios e ferramentas para a preservação da biodiversidade. Assim, a biologia da conservação consegue quebrar a dicotomia de ciência pura versus ciência aplicada (SOULÉ, 1985).

### **Conservação da biodiversidade**

A biodiversidade é a variação entre os organismos vivos e os complexos ecológicos dos quais fazem parte, isso inclui a diversidade dentro das espécies, entre as espécies, das populações, dos ecossistemas e a diversidade genética (FRANKHAM; BALLOU; BRISCOE, 2004a; HEYWOOD, 1995). Em um ponto de vista egoísta, os seres humanos deveriam preservar a biodiversidade pelos benefícios que a mesma os proporciona, conservando os recursos biológicos e os serviços ecossistêmicos empregados a nosso favor. Porém, além do motivo exposto acima, devemos conservar a biodiversidade por razões éticas, pelo simples fato de que a nossa espécie não tem o direito de extinguir as outras (FRANKHAM; BALLOU; BRISCOE, 2004a). Todo organismo tem um direito inerente a existir, independentemente de ser valioso ou não para os seres humanos.

Na Convenção sobre Diversidade Biológica (CBD - *Convention on Biological Diversity*) foi reconhecida a importância da conservação da biodiversidade. Isto impulsionou o comprometimento da maioria dos países em desenvolver e adequar estratégias, planos e programas para a conservação e a utilização sustentável da biodiversidade (CBD, 1993). Estratégias de conservação podem ser implementadas em duas condições *in situ* e *ex situ*, sendo elas complementares, e necessárias para evitar a extinção de espécies (CBD, 1993; CONWAY, 2011).

### **Conservação *in situ***

Uma estratégia de conservação *in situ* implica não só a conservação de uma espécie, ela possibilita a conservação de ecossistemas e habitats naturais, assim como a manutenção e recuperação de populações viáveis de várias espécies (CBD, 1993). Este tipo de estratégias apresenta três principais vantagens:

- Cobertura: a manutenção de áreas protegidas permite que um número significativo de espécies de diferentes táxons sejam protegidos, incluindo espécies raras e endêmicas que habitam nelas (BURLEY, 1988; PRENDERGAST et al., 1993).
- Viabilidade populacional: a seleção natural continua agindo sobre as populações e elas mantêm-se adaptadas ao seu habitat (CHRISTIE et al., 2012; SCHULTE-HOSTEDDE; MASTROMONACO, 2015).
- Viabilidade econômica: países que preservam áreas endêmicas conseguem armazenar material genético e bioquímico potencialmente valioso (REID et al., 1993; SIMPSON; SEDJO; REID, 1996).

Estratégias de conservação *in situ* são consideradas prioritárias (PRITCHARD et al., 2011). No entanto, fatores como mudanças climáticas, invasões, caça ilegal, queimadas e desmatamento diminuem a sua eficiência (HILL et al., 2015; LAURANCE, 2013; LAURANCE et al., 2012). Também é importante considerar que algumas espécies não podem ser mantidas no seu habitat pelo alto risco de serem extintas ou pela deterioração do mesmo, como é o caso de todas as espécies extintas na natureza (IUCN, 2017).

### **Conservação *ex situ***

Conservação *ex situ* significa a conservação de componentes da diversidade biológica fora de seus habitats naturais (CBD, 1993). Estratégias de conservação *ex situ* são consideradas complementares às *in situ*, sendo relegadas a um papel secundário nas políticas de conservação (CBD, 1993; PRITCHARD et al., 2011). Isto devido as desvantagens que apresentam para as populações cativas, como depressão endogâmica, perda de diversidade genética, acúmulo de mutações deletérias, adaptação ao cativeiro e mudanças comportamentais (MARSHALL; SPALTON, 2000; RALLS; BALLOU; TEMPLETON, 1988; ROLLINSON et al., 2014; SNYDER et al., 1996; WOODWORTH et al., 2002). No entanto, diversas medidas têm sido tomadas para remediar estes efeitos negativos, começando pelo enriquecimento ambiental e pela participação ativa dos zoológicos em uma ampla gama de atividades colaborativas para a criação e conservação de espécies (FRANKHAM; BALLOU; BRISCOE, 2004b; MAPLE; SEGURA, 2015; NEWBERRY, 1995).

Nos últimos anos, os zoológicos têm mostrado sua relevância nos programas de conservação. Primeiro, porque a perda da biodiversidade continua aumentando, mesmo com maior número de programas *in situ* tem-se observado a extinção de populações dentro de

áreas protegidas (MAPLE; SEGURA, 2015; PRITCHARD et al., 2011; WOODROFFE, 1998). E segundo porque os zoológicos têm gerado registros com valiosas informações dos animais em cativeiro, como o pedigree e história de vida de todos os indivíduos. Informações que ajudam no gerenciamento das populações e fornecem dados para estudos genéticos e demográficos (CONDE et al., 2011; FRANKHAM; BALLOU; BRISCOE, 2004b; MAPLE; SEGURA, 2015; SHERWEN et al., 2015).

Os *studbooks*, registros dos animais em cativeiro, têm sido usados por Ralls e colaboradores (1988) para determinar o número de alelos letais de 38 espécies de mamíferos, os quais apresentaram uma mediana de 31; valor utilizado para os estudos de viabilidade populacional de diversas espécies em cativeiro e de vida livre (LACY, 1993). Um estudo que avaliou os registros de 119 populações de 88 espécies mantidas em cativeiro mostrou que apesar das melhoras das estratégias *ex situ* a depressão endogâmica continua sendo um problema comum nos zoológicos (BOAKES; WANG; AMOS, 2007). No entanto, a atual disponibilidade de marcadores genéticos altamente polimórficos tem promovido um número crescente de pesquisas sobre depressão endogâmica e exogâmica em populações cativas (BILSKI; PIE; PASSOS, 2013; CHARLESWORTH; WILLIS, 2009; ROLLINSON et al., 2014).

As principais recomendações, obtidas das pesquisas com dados moleculares, para o manejo das populações cativas é minimizar o número de fundadores, os quais não devem estar relacionados, novos fundadores devem ser integrados sucessivamente na população cativa e estas populações devem manter o tamanho mínimo necessário (WITZENBERGER; HOCHKIRCH, 2011). Adicionalmente, estas populações devem ser capazes de reter a maior quantidade de variabilidade genética com a finalidade de aumentar as chances de sucesso das futuras reintroduções (FRANKHAM; BALLOU; BRISCOE, 2004b). Lamentavelmente,

estas recomendações não chegam a ser o suficientemente precisas para ser implementadas e em momentos parecem contraditórias entre elas. Em poucas oportunidades é explicado que ao se manter populações pequenas o efeito da deriva genética é maior o que leva à perda de diversidade genética, mas diferentes populações podem perder e reter diferentes alelos. Isso permite que ao analisar todas as populações em cativeiro se tenha retido uma maior diversidade que si se tivesse mantido uma única população de maior tamanho. Esta falta de interpretação e explicação é um exemplo da falta da quebra da dicotomia de ciência pura e ciência aplicada proposta por Soulé (1985).

Os estudos das populações em cativeiro têm continuamente mostrado resultados divergentes. Como é o caso da espécie *Chrysocyon brachyurus*, a qual apresenta um valor de custo de endogamia negativo (calculado para  $F=0,25$ ), indicando que sua sobrevivência é maior em indivíduos com altos coeficientes de endogamia (RALLS; BALLOU; TEMPLETON, 1988). No mesmo estudo foi observado que o número de alelos letais de duas espécies irmãs não é similar, por exemplo o *Lemur fulvus* apresentou um valor de 19,5 e *Lemur macaco* 5,6. Estas divergências originadas pela história de vida das espécies, assim como do *background* genético de cada uma delas, impossibilitam estabelecer medidas conservacionistas que possam ser aplicadas em todas elas. Portanto, o estabelecimento de diretrizes para o manejo de uma população em cativeiro deve depender do conhecimento demográfico e genético que se tenha dela.

Integrar as informações demográficas e genéticas para o manejo das populações cativas não é uma tarefa trivial. Programas de fácil uso desenvolvidos para fins conservacionistas são escassos, podendo dificultar a interpretação dos diferentes tipos de dados. Isto demonstra que ainda existe uma barreira entre pesquisadores e tomadores de decisões. Barreira que deve ser derrubada a fim de incrementar o sucesso dos programas de

conservação e sobre tudo pela recuperação das espécies, como a do mico-leão-da-cara-dourada (*Leontopithecus chrysomelas*), espécie atualmente catalogada como em perigo de extinção (KIERULFF et al., 2008).

### **O mico leão da cara dourada (*Leontopithecus chrysomelas*)**

O mico leão da cara dourada (*Leontopithecus chrysomelas*) (Figura 1) é um primata de pequeno porte endêmico da Mata Atlântica (KIERULFF et al., 2008; KLEIMAN; RYLANDS, 2002). Originalmente, a distribuição de *L. chrysomelas* se estendia entre o Rio de Contas (limite norte) e o rio Pardo (limite sul) no sul da Bahia (COIMBRA-FILHO; MITTERMEIER, 1977). O desmatamento desta região por interesses madeireiros e agrônômicos tem levado a restrição das populações a pequenos fragmentos no estado da Bahia (KIERULFF et al., 2008), porém pequenas populações têm sido encontradas ao sul do Rio Pardo, na fronteira entre os estados da Bahia e Minas Gerais; provavelmente como resultado da busca de novos habitats devido à destruição da floresta e ao assoreamento do Rio Pardo (KIERULFF et al., 2008; RYLANDS; SANTOS; MITTERMEIER, 1991).



**Figura 1.** Mico leão da cara dourada (*Leontopithecus chrysomelas*) mantido em cativeiro no Parque Zoológico de Paris. Fonte: Cedricguppy. Licença: Creative Commons Attribution-Share Alike 4.0.

A inícios dos anos 1980 contava-se com uma única colônia de *L. chrysomelas* em cativeiro, a qual tinha sido mantida no Banco Biológico da Tijuca e posteriormente no Centro de Primatologia do Rio de Janeiro (CPRJ) (KLEIMAN; RYLANDS, 2002). A apreensão de indivíduos ilegalmente exportados fez com que novas colônias fossem estabelecidas na Europa, Estados Unidos, Japão e Brasil (MALLINSON, 1987a, 1989). Com a finalidade de manter o registro reprodutivo dos indivíduos destas colônias foi elaborado o primeiro *studbook* da espécie, publicado no ano de 1987 (MALLINSON, 1987b).

A análise conjunta do atual *studbook* da espécie (LUDWIG; GALBUSERA, 2012) e dados moleculares têm mostrado a existência de uma correlação positiva entre a contribuição individual para o crescimento populacional e a heterozigosidade individual na população mantida no CPRJ (OREFICE, 2015), não existindo correlação entre estas variáveis para a população da Fundação Parque Zoológico de São Paulo (FPZSP). Já que em cativeiro os acasalamentos não são ao acaso, esse resultado deve ser examinado com cuidado. Como

explica a autora, esta correlação pode estar relacionada a escolha preferencial de indivíduos com maior heterozigosidade para reprodução no CPRJ. Ao separar a contribuição individual para o crescimento populacional nos seus componentes sobrevivência e fecundidade (COULSON et al., 2006), se observou que não existia correlação entre a heterozigosidade e a sobrevivência.

Seguindo as recomendações dadas para o manejo de populações *ex situ*, reter a maior quantidade de variabilidade genética, ao manter elevados valores de heterozigosidade individual, deve ser uma prioridade para *L. chrysomelas*, esteja ou não a variável correlacionada com a sobrevivência das populações. No entanto é importante determinar quais variáveis aumentam as probabilidades de sobrevivência dos indivíduos. E considerando que as populações devem manter um tamanho mínimo para diminuir os efeitos negativos do cativeiro é primordial determinar quais são os melhores casais para reprodução. De tal modo, este trabalho tem por objetivo determinar quais casais retêm a maior quantidade de variabilidade genética e aumentam as probabilidades de sobrevivência da progênie, os quais devem ser considerados prioritários para a reprodução. Entendendo que este tipo de análise é importante não só para *L. chrysomelas*, e que deveria ser reproduzido em outras espécies nos propomos a desenvolver programas de fácil uso e com um foco conservacionista. Com isto visa-se cumprir a premissa de Soulé (1985), derrubando a barreira entre pesquisadores e tomadores de decisões, conseguindo quebrar a dicotomia de ciência pura e ciência aplicada.



## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Um problema comumente atribuído às políticas conservacionistas é que o uso das diversas teorias e modelos ecológicos e genéticos, assim como a grande quantidade de dados gerados ao longo de vários anos de pesquisas só tem um pequeno efeito nelas (DWIGHT; OELSCHLAEGER, 1996; MASCIA et al., 2003; MEFFE; VIEDERMAN, 1995). Todo trabalho feito no âmbito da biologia da conservação e que não é refletido no gerenciamento das espécies pode ser considerado como perdido (MEFFE; VIEDERMAN, 1995). É equivocado pretender que a extinção de espécies será evitada pela simples aquisição de conhecimentos (DWIGHT; OELSCHLAEGER, 1996). Portanto, fornecer princípios e ferramentas para a preservação da biodiversidade é prioritário na biologia da conservação (SOULÉ, 1985). Neste trabalho foram desenvolvidas três ferramentas computacionais que visam auxiliar aos programas de conservação, facilitando o uso e interpretação de dados de pedigree e de marcadores moleculares tipo microssatélite.

Tendo em consideração a necessidade de programas de fácil manuseio e que economize o tempo dos pesquisadores foi desenvolvida a função STRR. Ela permite caracterizar e avaliar a qualidade do painel de microssatélites escolhido em um único passo, fornecendo, adicionalmente que tipo de análises podem ser realizadas com eles. Apesar da existência de vários programas que permitem calcular o número de alelos por *loci*, os alelos raros, o conteúdo de informação polimórfica, a probabilidade entre irmãos, a curva de riqueza alélica e a correlação de Spearman, nenhum deles calcula todos estes parâmetros ao mesmo tempo, o que obriga a criação de diferentes arquivos de entrada em diferentes formatos dificultando as análises. Assim, STRR visa ante todo, facilitar o uso de marcadores

genéticos e gerar diretrizes para os profissionais que incursionam na área da genética da conservação.

Um painel de microssatélites informativos permite a estimação de parâmetros genéticos, os quais podem ser analisados em conjunto com parâmetros demográficos, como os inferidos a partir de dados de pedigrees e registros tipo *studbooks*. Com esta finalidade foi desenvolvido o pacote para R, PedmineR. Ele infere diferentes parâmetros demográficos a partir da identificação do indivíduo, data de nascimento, data de morte, sexo, identificação dos parentais, *status* (vivo ou morto), identificação da população e coeficiente de endogamia. No entanto, seu funcionamento não está restrito à totalidade destas variáveis. Entendendo a dificuldade de obter todas estas informações é possível usar algumas das funções do PedmineR sem ter o painel completo de dados. Finalmente, o programa permite a incorporação de dados moleculares ao calcular a heterozigosidade individual a partir dos genótipos fornecidos.

A terceira ferramenta apresentada neste trabalho é o HetRank, o qual permite inferir a heterozigosidade individual de possíveis casais reprodutivos. Assim, este programa visa auxiliar aos programas de reprodução em cativeiro na seleção de indivíduos que maximizem a retenção da diversidade genética. Apesar da existência de ferramentas computacionais que estimam diversos parâmetros de diversidade genética com base em dados moleculares, nenhum deles oferece um resultado de fácil aplicação e interpretação para os programas de reprodução em cativeiro. Por esse motivo o HetRank além de calcular a diversidade genética traduz os resultados em um ranking de 1 até 7. Casais com valores próximos a um têm maiores chances de originar progênes mais heterozigóticas. O qual ajuda no objetivo de manter altos níveis de diversidade genética nas populações.

As três ferramentas têm sido utilizadas no estudo da população em cativeiro de *Leontopithecus chrysomelas*. Com elas tem sido possível analisar dados de pedigree e moleculares, tipo microssatélite. O uso delas junto com outras ferramentas bioinformáticas tem permitido identificar como as diferentes variáveis afetam a sobrevivência dos indivíduos mantidos em cativeiro, observando-se que o tamanho da ninhada, experiência dos parentais e o coeficiente de endogamia do pai influenciam no aumento ou diminuição das probabilidades de sobrevivência das populações cativas. O uso de estes resultados junto aos valores inferidos de heterozigosidade individual permitem determinar os casais reprodutivos que maximizam a retenção de diversidade genética e a probabilidade de sobrevivência da progênie.

A metodologia utilizada nas análises da população em cativeiro de *L. chrysomelas* pode ser repetido em outras espécies. Pesquisas futuras sobre as variáveis que afetam diferentes medidas de *fitness* nas espécies, assim como a determinação do perfil genético dos indivíduos serão de grande importância. No entanto, estas pesquisas devem incluir recomendações práticas para o manejo das populações, e assim finalmente poder desfazer a desconexão entre o conhecimento biológico gerado e o sucesso das medidas conservacionistas (MASCIA et al., 2003).

## REFERÊNCIAS

- ALLENDORF, F. W. Delay of adaptation to captive breeding by equalizing family size. **Conservation Biology**, v. 7, n. 2, p. 416–419, 1993.
- ALLENDORF, F. W.; LEARY, R. F. Heterozygosity and fitness in natural populations of animals. **Conservation biology: the science of scarcity and diversity**, p. 57–76, 1986.
- ALLENDORF, F. W.; LUIKART, G.; AITKEN, S. N. **Conservation and the genetic of populations**. 2nd. ed. West Sussex: John Wiley & Sons, Inc., 2013.
- ALROY, J. Limits to captive breeding of mammals in zoos. **Conservation Biology**, v. 29, n. 3, p. 926–931, 2015.
- AMOS, W. et al. The influence of parental relatedness on reproductive success. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 268, n. 1480, p. 2021–2027, 2001.
- AMOS, W.; BALMFORD, A. When does conservation genetics matter? **Heredity**, v. 87, n. 3, p. 257–265, 2001.
- APARICIO, J. M.; ORTEGO, J.; CORDERO, P. J. What should we weigh to estimate heterozygosity, alleles or loci? **Molecular Ecology**, v. 15, n. 14, p. 4659–4665, 2006.
- ARMITAGE, P.; COLTON, T. **Encyclopedia of Biostatistics**. 2nd. ed. New Jersey: John Wiley & Sons, Inc., 2005.
- ARPONEN, A. Prioritizing species for conservation planning. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 4, p. 875–893, 2012.
- ARRHENIUS, O. Species and Area. **Journal of Ecology**, v. 9, n. 1, p. 95–99, 1921.
- BAIRRÃO RUIVO, E. **EAZA husbandry guidelines for the callitrichidae**. Beauval: ZooParc de Beauval, 2010.
- BAKER, A. J. **Evolution of the social system of the golden lion tamarin (Leontopithecus rosalia): Mating system, group dynamics, and cooperative breeding**. [s.l.] University of Maryland, College Park, 1991.
- BAKER, A. J.; BALES, K.; DIETZ, J. M. Mating System and Group Dynamics in Lion Tamarins. In: KLEIMAN, D. G.; RYLANDS, A. B. (Eds.). **Lion Tamarins: Biology and Conservation**. Washington DC: Smithsonian Institution Press, 2002. p. 188–212.
- BALLOU, J. D. et al. History, management, and conservation role of the captive lion tamarin populations. In: KLEIMAN, D. G.; RYLANDS, A. B. (Eds.). **Lion tamarins: biology and conservation**. Washington DC: Smithsonian Institution Press, 2002. p. 95–114.

- BALLOUX, F. EASYPOP (Version 1.7): A Computer Program for Population Genetics Simulations. **Journal of Heredity**, v. 92, n. 3, p. 301–302, 2001.
- BARRETT, R. D. H.; SCHLUTER, D. Adaptation from standing genetic variation. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 23, n. 1, p. 38–44, 2008.
- BILLING, A. M. et al. Evidence of inbreeding depression but not inbreeding avoidance in a natural house sparrow population. **Molecular Ecology**, v. 21, n. 6, p. 1487–1499, 2012.
- BILSKI, D. R.; PIE, M. R.; PASSOS, F. C. Variable inbreeding effects across life-history stages in a captive carnivorous mammal population. **Animal Conservation**, v. 16, n. 6, p. 633–640, 2013.
- BIRDLIFE INTERNATIONAL. *Gymnogyps californianus*. **The IUCN Red List of Threatened Species 2017**, v. e.T2269763, p. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2017-3.RLTS.T226>, 2017.
- BLOUIN, M. S. DNA-based methods for pedigree reconstruction and kinship analysis in natural populations. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 18, n. 10, p. 503–511, 2003.
- BOAKES, E. H.; WANG, J.; AMOS, W. An investigation of inbreeding depression and purging in captive pedigreed populations. **Heredity**, v. 98, n. 3, p. 172–182, 2007.
- BOTSTEIN, D. et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American journal of human genetics**, v. 32, n. 3, p. 314–31, 1980.
- BOWCOCK, A. M. et al. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. **Nature**, v. 368, n. 6470, p. 455–457, 1994.
- BROQUET, T.; PETIT, E. Quantifying genotyping errors in noninvasive population genetics. **Molecular Ecology**, v. 13, n. 11, p. 3601–3608, 2004.
- BRZESKI, K. E. et al. Inbreeding and inbreeding depression in endangered red wolves (*Canis rufus*). **Molecular Ecology**, v. 23, n. 17, p. 4241–4255, set. 2014.
- BURLEY, F. W. Monitoring Biological Diversity for Setting Priorities in Conservation. In: WILSON, E. O. (Ed.). **Biodiversity**. Washington DC: National Academy Press, 1988. p. 227–230.
- CARNES, B. A.; RIESCH, R.; SCHLUPP, I. The delayed impact of parental age on offspring mortality in Mice. **Journals of Gerontology - Series A Biological Sciences and Medical Sciences**, v. 67 A, n. 4, p. 351–357, 2012.
- CAROLAN, M. The graying of the obstetric population: implications for the older mother. **Journal of obstetric, gynecologic, and neonatal nursing**, v. 32, n. 1, p. 19–27, 2003.
- CARSON, E. W. et al. Retention of ancestral genetic variation across life-stages of an endangered, long-lived iteroparous fish. **Journal of Heredity**, v. 107, n. 6, p. 567–572, 2016.
- CBD. **Convention on biological diversity. ATS 32/1760 UNTS 79/31 ILM 818**

- [1992]Convention on biological diversity. ATS 32/1760 UNTS 79/31 ILM 818, 1993. Disponível em: <<http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf>>
- CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J. H. The genetics of inbreeding depression. **Nature reviews. Genetics**, v. 10, n. 11, p. 783–96, 2009.
- CHRISTIE, M. R. et al. Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 1, p. 238–242, 2012.
- COIMBRA-FILHO, A. F.; MITTERMEIER, R. A. Conservation of the Brazilian lion tamarins. In: PRINCE RAINIER III OF MONACO, H. S. S.; BOURNE, G. H. (Eds.). . **Primate Conservation**. New York: Academic Press, 1977. p. 59–94.
- COLETTI, M. **Efeito fundador em populações de cativeiro: o caso do urso de óculos (Tremarctos ornatus Cuvier, 1825) e seu significado para o manejo e futura conservação ex situ**. [s.l.] Universidade Federal de São Carlos, 2015.
- COLTMAN, D. W. et al. Undesirable evolutionary consequences of trophy hunting. **Nature**, v. 426, n. 6967, p. 655–658, 2003.
- COLWELL, R. K.; CODDINGTON, J. A. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. **Philosophical Transactions of the Royal Society**, v. B 345, p. 101–118, 1994.
- CONDE, D. A. et al. An emerging role of zoos to conserve biodiversity. **Science**, v. 331, n. March, p. 1390–1391, 2011.
- CONWAY, W. G. Buying time for wild animals with zoos. **Zoo Biology**, v. 30, n. 1, p. 1–8, 2011.
- COPE, R. C. et al. Development and testing of a genetic marker-based pedigree reconstruction system “PR-genie” incorporating size-class data. **Molecular Ecology Resources**, v. 14, n. 4, p. 857–870, jul. 2014.
- CORANDER, J.; SIRÉN, J.; ARJAS, E. Bayesian spatial modeling of genetic population structure. **Computational Statistics**, v. 23, n. 1, p. 111–129, 2008.
- COSTER, A. **Pedigree: Pedigree functions. R package version 1.4.**, 2012. Disponível em: <<http://cran.r-project.org/package=pedigree>>
- COULON, A. Genhet: An easy-to-use R function to estimate individual heterozygosity. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 1, p. 167–169, 2010.
- COULSON, T. et al. Estimating individual contributions to population growth: evolutionary fitness in ecological time. **Proceedings. Biological sciences / The Royal Society**, v. 273, n. 1586, p. 547–555, 2006.
- DAIGLE, C. L. et al. Multi-institutional survey of social, management, husbandry and environmental factors for the SSP African lion *Panthera leo* population: Examining the effects of a breeding moratorium in relation to reproductive success. **International Zoo Yearbook**, v. 49, n. 1, p. 198–213, 2015.

- DE VOS, J. M. et al. Estimating the normal background rate of species extinction. **Conservation Biology**, v. 29, n. 2, p. 452–462, 2015.
- DI FONZO, M. M. I. et al. The population growth consequences of variation in individual heterozygosity. **PLoS ONE**, v. 6, n. 5, 2011.
- DIGBY, L. Infant care, infanticide, and female reproductive strategies in polygynous groups of common marmosets (*Callithrix jacchus*). **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v. 37, n. 1, p. 51–61, 1995.
- DWIGHT, B.; OELSCHLAEGER, M. Conservation biology, values, and advocacy. **Conservation Biology**, v. 10, n. 3, p. 904–911, 1996.
- EL MOUSADIK, A.; PETIT, R. J. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L. Skeels)] endemic to Morocco. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 92, p. 832–836, 1996.
- EVETT, I. W.; WEIR, B. S. **Interpreting DNA Evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists**. Massachusetts: Sinaur Associates Inc., 1998.
- FAUST, L. J. et al. **PopLink**ChicagoLincoln Park Zoo, , 2012.
- FAUST, L. J.; THOMPSON, S. D. Birth Sex Ratio in Captive Mammals : Patterns , Biases , and the Implications for Management and Conservation. **Zoo Biology**, v. 19, n. 2000, p. 11–25, 2000.
- FOULLEY, J. L.; OLLIVIER, L. Estimating allelic richness and its diversity. **Livestock Science**, v. 101, n. 1–3, p. 150–158, 2006.
- FOX, C. W.; BUSH, M. L.; WALLIN, W. G. Maternal age affects offspring lifespan of the seed beetle, *Callosobruchus maculatus*. **Functional Ecology**, v. 17, n. 6, p. 811–820, 2003.
- FRANK; HARRELL JR. **Hmisc: Harrell Miscellaneous. R package version 4.1-1**, 2018. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=Hmisc>>
- FRANKHAM, R. Genetics and extinction. **Biological Conservation**, v. 126, n. 2, p. 131–140, 2005.
- FRANKHAM, R. Genetic adaptation to captivity in species conservation programs. **Molecular ecology**, v. 17, n. 1, p. 325–33, jan. 2008.
- FRANKHAM, R. Where are we in conservation genetics and where do we need to go? **Conservation Genetics**, v. 11, n. 2, p. 661–663, 2010.
- FRANKHAM, R. et al. Predicting the probability of outbreeding depression. **Conservation Biology**, v. 25, n. 3, p. 465–475, 2011.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **A Primer of Conservation Genetics**. New York: Cambridge University Press, 2004a.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. Captive breeding and reintroduction. In: **A Primer of Conservation Genetics**. First edit ed. Cambridge, UK: Cambridge

University press, 2004b. p. 145–167.

FRANKHAM, R.; RALLS, K. Inbreeding leads to extinction. **Nature**, v. 392, n. April, p. 441–442, 1998.

GALBUSERA, P. H. A.; GILLEMOT, S. Polymorphic microsatellite markers for the endangered golden-headed lion tamarin, *Leontopithecus chrysomelas* (Callitrichidae). **Conservation Genetics**, v. 9, n. 3, p. 731–733, 2008.

GANDON, S. Kin competition, the cost of inbreeding and the evolution of dispersal. **Journal of Theoretical Biology**, v. 200, n. 4, p. 345–364, 1999.

GIBBONS, A. Conservation biology in the fast lane. **Science**, v. 255, p. 20–22, 1992.

GLATSTON, A. R. Relevance of studbook data to the successful captive management of grey mouse lemurs. **International Journal of Primatology**, v. 22, n. 1, p. 57–69, 2001.

GOODNIGHT, K. F.; QUELLER, D. C. Computer software for performing likelihood tests of pedigree relationship using genetic markers. **Molecular Ecology**, v. 8, n. 7, p. 1231–1234, 1999.

GOTELLI, N.; COLWELL, R. Estimating species richness. **Biological Diversity. Frontiers in Measurement and Assessment**, n. 2, p. 39–54, 2011.

GOUDET, J. Computer Note. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, p. 485–486, 1995.

GUTIERREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, n. 3, p. 172–176, jun. 2005.

HEDRICK, P. W.; KALINOWSKI, S. T. Inbreeding depression in conservation biology. **Annual review of ecology and systematics**, v. 31, n. 1, p. 139–162, 2000.

HENDRY, A. P. et al. Evolutionary principles and their practical application. **Evolutionary Applications**, v. 4, n. 2, p. 159–183, 2011.

HEYWOOD, V. H. **Global Biodiversity Assessment**. Cambridge: Cambridge University Press, 1995.

HILL, R. et al. Why biodiversity declines as protected areas increase: the effect of the power of governance regimes on sustainable landscapes. **Sustainability Science**, p. 357–369, 2015.

HOAGE, R. J. Parental care in *Leontopithecus rosalia rosalia*: Sex and age differences in carrying behavior and the role of prior experience. In: KLEIMAN, D. G. (Ed.). **Biology and Conservation of the Callitrichidae**. Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press, 1975. p. 293–305.

HOAGE, R. J. **Social and Physical Maturation in captive lion tamarins, *Leontopithecus rosalia rosalia* (Primates: Callitrichidae)**. Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press, 1982.



HOMBERGER, B. et al. Food unpredictability in early life increases survival of captive grey partridges (*Perdix perdix*) after release into the wild. **Biological Conservation**, v. 177, p. 134–141, 2014.

IUCN. **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2017.

IUCN/SSC. **IUCN Species Survival Commission Guidelines on the Use of Ex Situ Management for Species Conservation. Version 2**. Gland, Switzerland: IUCN Species Survival Commission, 2014.

JANSSON, M.; STÅHL, I.; LAIKRE, L. mPed: a computer program for converting pedigree data to a format used by the PMx-software for conservation genetic analysis. **Conservation Genetics Resources**, v. 5, n. 3, p. 651–653, 19 set. 2013.

JOHNSON, L. D.; PETTO, A. J.; SEHGAL, P. K. Factors in the Rejection and Survival of Captive Cotton Top Tamarins (*Saguinus-Oedipus*). **American Journal of Primatology**, v. 25, n. 2, p. 91–102, 1991.

JURKE, M.; PRYCE, C. **Parent and infant behaviour during early periods of infant care in Goeldi Monkey Callaminc Goeldii** *Animal Behaviour*, 1994.

KALINOWSKI, S. T. HP-RARE 1.0: A computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 1, p. 187–189, 2005.

KALINOWSKI, S. T.; TAPER, M. L.; MARSHALL, T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molecular Ecology**, v. 16, n. 5, p. 1099–1106, 2007.

KIERULFF, M. C. M. et al. *Leontopithecus chrysomelas*. **The IUCN Red List of Threatened Species 2008**, v. e.T40643A1, 2008.

KING, S. R. B. et al. *Equus ferus ssp. przewalskii* (errata version published in 2016). **The IUCN Red List of Threatened Species 2015**, v. e.T7961A97, p. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2015-2.RLTS.T796>, 2015.

KING, T.; CHAMBERLAN, C.; COURAGE, A. Assessing reintroduction success in long-lived primates through population viability analysis: western lowland gorillas *Gorilla gorilla gorilla* in Central Africa. **Oryx**, v. 48, n. 2, p. 1–10, 2013.

KLEIMAN, D. G. et al. Golden Lion Tamarin working group summary. In: SEAL, U. S.; BALLOU, J. D.; VALLADARES-PADUA, C. (Eds.). **Leontopithecus: Population viability analysis workshop report**. Apple Valey, Minnesota: International Union for Conservation of Nature (IUCN), Species Survival Commission (SSC), Captive Breeding Specialist Group (CBSG), 1990. p. 17–21.

KLEIMAN, D. G.; RYLANDS, A. B. **Lion Tamarins: Biology and Conservation**. [s.l.] Smithsonian Institution Scholarly Press, 2002.

LACY, R. C. VORTEX: A computer simulation model for Population Viability Analysis. **Wildlife Research**, v. 20, p. 45–65, 1993.

LACY, R. C.; BALLOU, J. D.; POLLAK, J. P. PMx: software package for demographic

and genetic analysis and management of pedigreed populations. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 3, n. 2, p. 433–437, abr. 2012.

LACY, R. C.; POLLAK, J. P. **Vortex: a stochastic simulation of the extinction process**, 2014.

LAURANCE, W. F. et al. Averting biodiversity collapse in tropical forest protected areas. **Nature**, v. 489, n. 7415, p. 290–294, 2012.

LAURANCE, W. F. Does research help to safeguard protected areas? **Trends in Ecology and Evolution**, v. 28, n. 5, p. 261–266, 2013.

LEBERG, P. L. Estimating allelic richness: Effects of sample size and bottlenecks. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 2445–2449, 2002.

LEUS, K.; TRAYLOR-HOLZER, K.; LACY, R. C. Genetic and demographic population management in zoos and aquariums: Recent developments, future challenges and opportunities for scientific research. **International Zoo Yearbook**, v. 45, n. 1, p. 213–225, 2011.

LUDWIG, K.; GALBUSERA, P. **International Studbook**. [s.l.] Royal Zoological Society of Antwerp, 2012.

MAIA, O. B.; GOUVEIA, A. M. G. Birth and mortality of maned wolves *Chrysocyon brachyurus* (Illiger, 1811) in captivity. **Brazilian journal of biology = Revista brasleira de biologia**, v. 62, n. 1, p. 25–32, 2002.

MALLINSON, J. J. C. International efforts to secure a viable population of the golden-headed lion tamarin. **Primate Conservation**, v. 8, p. 124–125, 1987a.

MALLINSON, J. J. C. **A preliminary international studbook for golden-headed lion tamarin, *Leontopithecus chrysomelas***. Trinity, Jersey, Channel Islands: Jersey Wildlife Preservation Trust, 1987b.

MALLINSON, J. J. C. A summary of the work of the International Recovery and Management Committee for Golden-headed Lion Tamarin *Leontopithecus chrysomelas*, 1985—1990. **Dodo, Journal of the Jersey Wildlife Preservation Trust**, v. 26, p. 77–86, 1989.

MAPLE, T. L.; SEGURA, V. D. Advancing Behavior Analysis in Zoos and Aquariums. **Behavior Analyst**, v. 38, n. 1, p. 77–91, 2015.

MARGAN, S. H. et al. Single large or several small? Population fragmentation in the captive management of endangered species. **Zoo Biology**, v. 17, n. 6, p. 467–480, 1998.

MARSHALL, J. A. R. Group selection and kin selection: formally equivalent approaches. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 26, n. 7, p. 325–332, 2011.

MARSHALL, T. C. et al. Statistical confidence for likelihood-based paternity. **Mol. Ecol**, v. 7, p. 639–655, 1998.

MARSHALL, T. C.; SPALTON, J. A. Simultaneous inbreeding and outbreeding

depression in reintroduced Arabian oryx. **Animal Conservation**, v. 3, n. 3, p. 241–248, 2000.

MARTIN, M. S.; SHEPHERDSON, D. J. Role of familiarity and preference in reproductive success in ex situ breeding programs. **Conservation biology : the journal of the Society for Conservation Biology**, v. 26, n. 4, p. 649–56, 19 ago. 2012.

MASCIA, M. B. et al. Conservation and the Social Sciences The Society for Conservation Biology. **Conservation Biology**, v. 17, n. 3, p. 649–650, 2003.

MEFFE, G. K.; VIEDERMAN, S. Combining science and policy in conservation biology. **Wildlife Society Bulletin**, v. 23, n. 3, p. 327–332, 1995.

MERETSKY, V. J. et al. Demography of the California Condor: Implications for Reestablishment\nDemografía del Cóndor de California: Implicaciones para su Restablecimiento. **Conservation Biology**, v. 14, n. 4, p. 957–967, 2000.

MILIÁN-GARCÍA, Y. et al. Founded: Genetic Reconstruction of Lineage Diversity and Kinship Informs Ex situ Conservation of Cuban Amazon Parrots (*Amazona leucocephala*). **Journal of Heredity**, v. 106, n. S1, p. 573–579, 2015.

MIOOTTO, R. A. et al. Genetic diversity and population structure of pumas (*Puma concolor*) in southeastern Brazil: Implications for conservation in a human-dominated landscape. **Conservation Genetics**, v. 12, n. 6, p. 1447–1455, 2011.

MIOOTTO, R. A. et al. Monitoring a puma (*Puma concolor*) population in a fragmented landscape in southeast Brazil. **Biotropica**, v. 44, n. 1, p. 98–104, 2012.

MONDOL, S. et al. Evaluation of non-invasive genetic sampling methods for estimating tiger population size. **Biological Conservation**, v. 142, n. 10, p. 2350–2360, 2009.

MORÁN-LUIS, M. et al. Demographic status and genetic tagging of endangered Capercaillie in NW Spain. **PLoS ONE**, v. 9, n. 6, 2014.

MORRISSEY, M. B.; WILSON, A. J. Pedantics: An r package for pedigree-based genetic simulation and pedigree manipulation, characterization and viewing. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 4, p. 711–719, 2010.

MYERS, J. H.; SABATH, M. D. Genetic and phenotypic variability, genetic variance, and the success of establishment of insect introductions for the biological control of weeds. **In 5. International Symposium on Biological Control of Weeds**, v. Brisbane (, p. Commonwealth Scientific and Industrial Research Or, 1981.

MYERS, N. et al. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853–8, 2000.

NAVIDI, W.; ARNHEIM, N.; WATERMAN, M. S. A multiple-tubes approach for accurate genotyping of very small DNA samples by using PCR: statistical considerations. **American Journal of Human Genetics**, v. 50, n. 2, p. 347–359, 1992.

NEWBERRY, R. C. Environmental enrichment: Increasing the biological relevance of captive environments. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 44, n. 2–4, p. 229–243,

1995.

OHTA, T.; KIMURA, M. A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. **Genetics Research**, v. 89, n. 5–6, p. 367–370, 2008.

OREFICE, G. **Caracterização genética de populações ex situ de Leontopithecus chrysomelas (Kuhl, 1820) (Primata, Callithricidae)**. [s.l.] Universidade Federal de São Carlos, 2015.

OUBORG, N. J.; ANGELONI, F.; VERGEER, P. An essay on the necessity and feasibility of conservation genomics. **Conservation Genetics**, v. 11, n. 2, p. 643–653, 2010.

PAETKAU, D.; STROBECK, C. Microsatellite Analysis of Genetic-Variation in Black Bear Populations. **Molecular Ecology**, v. 3, n. 5, p. 489–495, 1994.

PARSONS, P. A. Parental Age and the Offspring. **The Quarterly Review of Biology**, v. 39, n. 3, p. 258–275, 1964.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenALEX 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. **Bioinformatics**, v. 28, n. 19, p. 2537–2539, 2012.

PELLETIER, F. et al. Value of captive populations for quantitative genetics research. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 24, n. 5, p. 263–270, 2009.

PEMBERTON, J. . Wild pedigrees: the way forward. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 275, n. 1635, 2008.

PEREZ-SWEENEY, B. M. et al. Dinucleotide microsatellite primers designed for a critically endangered primate, the black lion tamarin (*Leontopithecus chrysopygus*). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 2, p. 198–201, 2005.

PETERS, J. The role of genomic imprinting in biology and disease: an expanding view. **Nature Publishing Group**, v. 15, n. 8, p. 517–530, 2014.

PIMM, S. L. et al. The future of biodiversity. **Science**, v. 269, n. 5222, p. 347–350, 1995.

PISSINATTI, A. et al. Acerca de cesáreas em símios do gênero *Leontopithecus* (*Callitrichidae* - *Primates*). **Revista da Faculdade Veterinária, Universidade Federal Fluminense**, v. 1, p. 9–19, 1984.

PISSINATTI, A. et al. Sexual dimorphism of the pelvis in *Leontopithecus* (Lesson, 1840). **Folia Primatologica**, v. 58, p. 204–209, 1992.

PISSINATTI, A.; MONTALI, R. J.; SIMON, F. **Diseases of lion tamarins**. Washington DC: Smithsonian Institution Press, 2002.

PRENDERGAST, J. R. et al. Rare Species, the Coincidence of Diversity Hotspots and Conservation Strategies. **Nature**, v. 365, n. 6444, p. 335–337, 1993.

PRITCHARD, D. J. et al. Bring the captive closer to the wild: redefining the role of ex situ

conservation. **Oryx**, v. 46, n. 1, p. 18–23, 2011.

QUELLER, D. C.; STRASSMANN, J. E.; HUGHES, C. R. Microsatellites and kinship. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 8, n. 8, p. 285–288, 1993.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing** Vienna, Austria R Foundation for Statistical Computing, , 2014. Disponível em: <<http://www.r-project.org/>>

RALLS, K.; BALLOU, J. Effects of inbreeding on infant mortality in captive primates. **International Journal of Primatology**, v. 3, n. 4, p. 491–505, 1982.

RALLS, K.; BALLOU, J. D.; TEMPLETON, A. Estimates of Lethal Equivalents and the Cost of Inbreeding in Mammals. **Conservation Biology**, v. 2, n. 2, p. 185–193, jun. 1988.

READING, R. P.; MILLER, B.; SHEPHERDSON, D. The Value of Enrichment to Reintroduction Success. **Zoo Biology**, v. 32, n. 3, p. 332–341, 2013.

REED, D. H.; FRANKHAM, R. Correlation between Fitness and Genetic Diversity. **Conservation Biology**, v. 17, n. 1, p. 230–237, 2003.

REID, W. V et al. **Biodiversity prospecting: using genetic resources for sustainable development**. Washington DC: World Resources Institute, 1993.

REIK, W.; WALTER, J. Genomic imprinting: parental influence on the genome. **Nature reviews. Genetics**, v. 2, n. 1, p. 21–32, 2001.

RIBOLLI, J. et al. Isolation-by-time population structure in potamodromous *Dourado Salminus brasiliensis* in southern Brazil. **Conservation Genetics**, v. 18, n. 1, p. 67–76, 2017.

ROLLINSON, N. et al. Risk assessment of inbreeding and outbreeding depression in a captive-breeding program. **Conservation Biology**, v. 28, n. 2, p. 529–540, 2014.

ROTHER, H.; DARMS, K.; KOENIG, A. Sex ratio and mortality in a laboratory colony of the common marmoset (*Callithrix jacchus*). **Laboratory animals**, v. 26, n. 2, p. 88–99, 1992.

RUIZ-MIRANDA, C. R. et al. Food transfers in wild and reintroduced golden lion tamarins, *Leontopithecus rosalia*. **American Journal of Primatology**, v. 48, n. 4, p. 305–320, 1999.

RUSSELLO, M. A.; AMATO, G. Ex situ population management in the absence of pedigree information. **Molecular Ecology**, v. 13, n. 9, p. 2829–2840, 2004.

RYLANDS, A. B. et al. A history of lion tamarin conservation and research. In: KLEIMAN, D. G.; RYLANDS, A. B. (Eds.). **Lion Tamarins: Biology and Conservation**. [s.l.] Smithsonian Institution Press, 2002. p. 3–41.

RYLANDS, A. B.; SANTOS, I. B.; MITTERMEIER, R. A. 1992. Distribution and status of the golden-headed lion tamarin, *Leontopithecus chrysomelas*, in the Atlantic forest of southern Bahia, Brazil. **Primate Conservation**, p. 12–13, 1991.

- SARANHOLI, B.; CHÁVEZ-CONGRAINS, K.; GALETTI, P. Evidence of Recent Fine-Scale Population Structuring in South American Puma concolor. **Diversity**, v. 9, n. 4, p. 44, 2017.
- SCHRÖDER, W. et al. A genome-wide association study for quantitative trait loci of show-jumping in Hanoverian warmblood horses. **Animal Genetics**, v. 43, n. 4, p. 392–400, ago. 2012.
- SCHULTE, B. A. Social structure and helping behavior in captive elephants. **Zoo Biology**, v. 19, n. 5, p. 447–459, 2000.
- SCHULTE-HOSTEDDE, A. I.; MASTROMONACO, G. F. Integrating evolution in the management of captive zoo populations. **Evolutionary Applications**, v. 8, n. 5, p. 413–422, 2015.
- SHEN, F. et al. Microsatellite variability reveals the necessity for genetic input from wild giant pandas ( *Ailuropoda melanoleuca* ) into the captive population. **Molecular Ecology**, v. 18, n. 6, p. 1061–1070, mar. 2009.
- SHEPHERDSON, D. et al. Individual and environmental factors associated with stereotypic behavior and fecal glucocorticoid metabolite levels in zoo housed polar bears. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 147, n. 3–4, p. 268–277, 2013.
- SHERWEN, S. L. et al. Little penguins, *Eudyptula minor*, show increased avoidance, aggression and vigilance in response to zoo visitors. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 168, p. 71–76, 2015.
- SHETE, S.; TIWARI, H.; ELSTON, R. C. On Estimating the Heterozygosity and Content Value. v. 271, p. 265–271, 2000.
- SIMBERLOFF, D. et al. Impacts of biological invasions: What’s what and the way forward. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 28, n. 1, p. 58–66, 2013.
- SIMPSON, R. D.; SEDJO, R. A.; REID, J. W. Valuing biodiversity for use in pharmaceutical research. **The Journal of Political Economy**, v. 104, n. 1, p. 163–185, 1996.
- SNYDER, N. F. R., E. A. **Limitations of captive breeding in endangered species recovery** **Conservation Biology**, 1996.
- SNYDER, N. F. R. et al. Limitations of Captive Breeding in Endangered Species Recovery. **Conservation Biology**, v. 10, n. 2, p. 338–348, 1996.
- SNYDER, N. F. R. et al. Limitations of Captive Breeding: Reply to Gippoliti and Carpaneto. **Conservation Biology**, v. 11, n. 3, p. 808–810, 1997.
- SOULÉ, M. E. What is conservation biology? **BioScience**, v. 35, p. 727–734, 1985.
- STAPLES, J. et al. PADRE: Pedigree-Aware Distant-Relationship Estimation. **The American Journal of Human Genetics**, v. 99, n. 1, p. 154–162, 2016a.
- STAPLES, J. et al. PRIMUS: improving pedigree reconstruction using mitochondrial and

- Y haplotypes. **Bioinformatics**, v. 32, n. 4, p. 596–598, 15 fev. 2016b.
- STARK, D. J. et al. Modeling population viability of local proboscis monkey *Nasalis larvatus* populations: conservation implications. **Endangered Species Research**, v. 16, n. 1, p. 31–43, 2012.
- STOINSKI, T. S.; BECK, B. B. Changes in Locomotor and Foraging Skills in Captive-Born, Reintroduced Golden Lion Tamarins (*Leontopithecus rosalia rosalia*). **American Journal of Primatology**, v. 62, n. 1, p. 1–13, 2004.
- STUPPIA, L. et al. Epigenetics and male reproduction: the consequences of paternal lifestyle on fertility, embryo development, and children lifetime health. **Clinical epigenetics**, v. 7, n. 1, p. 120, 2015.
- SZULKIN, M.; SHELDON, B. C. Inbreeding: when parents transmit more than genes. **Current Biology**, v. 16, n. 18, p. 810–812, 2006.
- SZULKIN, M.; SHELDON, B. C. Dispersal as a means of inbreeding avoidance in a wild bird population. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 275, n. 1635, 2008.
- TABERLET, P. et al. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. **Nucleic acids research**, v. 24, n. 16, p. 3189–3194, 1996.
- TARDIF, S. D. et al. Infant care in lion tamarins. In: KLEIMAN, D. G.; RYLANDS, A. B. (Eds.). . **Lion tamarins: biology and conservation**. Washington DC: Smithsonian Institution Press, 2002. p. 213–232.
- TAYLOR, G. et al. Is Reintroduction Biology an Effective Applied Science? **Trends in Ecology and Evolution**, v. xx, p. 1–8, 2017.
- TEMPLETON, A. R. **Population genetics and microevolutionary theory**. [s.l.] John Wiley & Sons, Inc., 2006.
- TEMPLETON, A. R.; READ, B. Factors eliminating inbreeding depression in a captive herd of speke's gazelle (*Gazella spekei*). **Zoo Biology**, v. 3, n. 3, p. 177–199, 1984.
- THERNEAU, T. **A Package for Survival Analysis in S**, 2015. Disponível em: <<http://cran.r-project.org/package=survival>>
- THERNEAU, T. M.; GRAMBSCH, P. M. **Modeling Survival Data: Extending the Cox Model**. 2000.
- VALIÈRE, N. GIMLET: A computer program for analysing genetic individual identification data. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 3, p. 377–379, 2002.
- VAN DYKE, F. The History and Distinctions of Conservation Biology. In: **Conservation biology: foundations, concepts, applications**. [s.l.] Springer Science & Business Media, 2008. p. 477.
- VAN OOSTERHOUT, C. et al. MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Molecular Ecology Notes**, v. 4, n. 3, p.

535–538, 2004.

VERGEER, P.; WAGEMAKER, N. C. A. M.; OUBORG, N. J. Evidence for an epigenetic role in inbreeding depression. **Biology Letters**, 2012.

WAITS, L.; TABERLET, P.; LUIKART, G. Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. **Molecular Ecology**, v. 10, p. 249–256, 2001.

WAZA. **Resource Manual for International Studbook Keepers**. Bern, Switzerland: [s.n.].

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis** Springer-Verlag New York, 2009.

WILLIAMS, S. E.; HOFFMAN, E. A. Minimizing genetic adaptation in captive breeding programs: A review. **Biological Conservation**, v. 142, n. 11, p. 2388–2400, 2009.

WITZENBERGER, K. A.; HOCHKIRCH, A. Ex situ conservation genetics: A review of molecular studies on the genetic consequences of captive breeding programmes for endangered animal species. **Biodiversity and Conservation**, v. 20, n. 9, p. 1843–1861, 2011.

WOODROFFE, R. Edge Effects and the Extinction of Populations Inside Protected Areas. **Science**, v. 280, n. 5372, p. 2126–2128, 1998.

WOODWORTH, L. M. et al. Rapid genetic deterioration in captive populations: Causes and conservation implications. **Conservation Genetics**, v. 3, n. 3, p. 277–288, 2002.

WORMELL, D. **International Studbook for the Black Lion Tamarin *Leontopithecus chrysopygus***. [s.l.] Durrell Wildlife Conservation Trust, 2012.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annals of Human Genetics**, v. 1, n. 15, p. 323–354, 1949.

YOUNG, H. S. et al. Introduced Species, Disease Ecology, and Biodiversity–Disease Relationships. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 32, n. 1, p. 41–54, 2017.