

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 02/09/2019.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU

Cromossomos B no gênero *Astyanax* (CHARACIFORMES,
CHARACIDAE): estudos genéticos e modelagem de nicho

Sandro Natal Daniel

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS DE BOTUCATU

Sandro Natal Daniel

**Cromossomos B no gênero *Astyanax* (CHARACIFORMES,
CHARACIDAE): estudos genéticos e modelagem de nicho**

Tese apresentada ao Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual Paulista - UNESP, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Ciências Biológicas (Zoologia).

Orientador: Dr. Fabio Porto-Foresti

Botucatu
- 2018 -

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSEMEIRE APARECIDA VICENTE-CRB 8/5651

Daniel, Sandro Natal.

Cromossomos B no gênero *Astyanax* (CHARACIFORMES,
CHARACIDAE): estudos genéticos e modelagem de nicho /
Sandro Natal Daniel. - Botucatu, 2018

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista "Júlio
de Mesquita Filho", Instituto de Biociências de Botucatu
Orientador: Fábio Porto Foresti
Capes: 20406002

1. *Astyanax* (Peixe). 2. Cromossomos - Polimorfismo.
3. Biogeografia. 4. Genética populacional.

Palavras-chave: Biogeografia; Cromossomos supranumerários;
Genética populacional; Modelagem genética; mtDNA D-loop.

“Nessa sociedade dita moderna nos acostumamos e nos deparamos rotineiramente com casas grandes, porém, recheadas de famílias pequenas; muitos diplomas pendurados e decorando paredes afora, mas com pouco senso comum; uma medicina avançada de tal modo como jamais pensada até poucas décadas atrás, entretanto, nos deparamos com uma saúde cada vez mais precária; hoje temos o privilégio de podermos conhecer o mundo sem ao menos precisar sair do sofá de casa, na palma da nossa mão, mas nem ao menos conhecemos o nosso vizinho; com tanta informação disponível, detemos cada vez mais conhecimento, e de forma contrária, temos cada vez menos sabedoria; nos cobramos e somos cobrados cada vez mais por maiores rendimentos, e da mesma forma, velocidade e intensidade, perdemos nossa paz de espírito; expomos relógios caríssimos nos pulsos e nossas agendas vivem lotadas, mas contraditoriamente vivemos reclamando que não temos tempo pra nada, estamos sem tempo para amar nossa família, ao próximo...sem tempo para amar a nós mesmos; temos mantido uma infinidade de amigos virtuais, mas não temos a capacidade de sentar com amigos reais para uma boa conversa; humanos, somos bilhões, mas quanto temos de humanidade?; Penso e repenso...quando foi que deixamos tudo isso tomar conta das nossas vidas? Quando deixamos de valorizar o que realmente importa? Dedicemos mais tempo à nossa felicidade, à nossa família, aos nossos amigos, pois a vida

*passa tão rápido, como um sopro! ela é como uma vela acesa, que de uma hora
pra outra pode se apagar. Um começo e um fim. Devemos entender que
nascemos sem nada, e da mesma forma, morremos sem levar nada, e no meio
desse intervalo, brigamos por aquilo que não trouxemos e tampouco levaremos.
Pensemos nisso...amemos mais, perdoemos mais, vivamos mais, sejamos cada
vez mais felizes e jamais deixemos que nossa felicidade dependa dos outros, pois
os outros jamais deixarão de ser felizes por você.”*

Dedico este trabalho à toda minha família, em especial meus pais Ana Francisca e Sebastião (in memoriam), minha esposa Ana Angélica e meu filho Miguel. Vocês foram, são, e sempre serão a grande motivação da minha vida. Obrigado por todo o amor e carinho a mim dispensados, eu os amo mais que tudo!!!

AGRADECIMENTOS

Agradeço...

Primeiramente agradeço à Deus, pelo dom da vida e privilégio de gozar de ótima saúde física-mental, ânimo, discernimento e força, mas agradeço principalmente pela capacidade de poder reparar meus erros e seguir em frente, sempre buscando ser uma pessoa melhor a cada dia.

À minha família, por todo apoio e amor incondicionais. Esse trabalho teria sido muito mais árduo sem o apoio de vocês...sintam-se parte dele tanto quanto eu. Muito obrigado por tudo.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro concedido através da bolsa para o desenvolvimento deste estudo, aqui representado como uma Tese.

Ao Prof. Dr. Fabio Porto Foresti: orientador, padrinho de casamento, e acima de tudo, meu amigo. Sou imensamente grato pelo apoio e incentivo ao longo dos meus quase 11 anos de Laboratório de Genética de Peixes (LaGenPe). Obrigado por me receber de braços abertos em seu laboratório, acreditar em minha capacidade de executar todas as tarefas em que me incumbiu, por dividir comigo um pouquinho da sua experiência e conhecimento sobre os diversos ramos da citogenética e genética de peixes, com total competência, paciência e amizade.

Aos amigos que encontrei ao longo dos 11 anos de LaGenPe da UNESP Bauru, os atuais e os que já se foram, em especial aos que compõe o quadro atual discente: Bruna (Bru), Diego (Sr. Digs), Fernanda (Fers), Manolo (Manolão), Caio Goes (Caião), Willian (Well), Caio (Caio mol), Raul, Carol, Roger, Lilian, Sheila, Luana, Ana Carolina e Vinícius pela amizade e momentos de descontração compartilhados.

Ao pesquisador, amigo e padrinho de casamento Dr. Diogo Teruo Hashimoto, por me acompanhar, ensinar e aconselhar durante boa parte da minha carreira acadêmica. Obrigado por todo apoio e amizade.

Ao Prof. Dr. Tiago da Silveira Vasconcelos, da Faculdade de Ciências da Unesp Bauru, pela vital ajuda na programação, confecção e interpretação das modelagens de nicho utilizadas neste trabalho.

Ao Prof. Dr. Fausto Foresti, por ser a pessoa mais otimista que já conheci, sempre ensinando e ajudando em qualquer que seja a situação, nos premiando com seu conhecimento, amor e dedicação à ciência.

Ao Prof. Dr. Cláudio de Oliveira, pelos tecidos fornecidos e pelo seu exemplo ímpar de vida acadêmica.

Aos docentes e discentes do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes da UNESP Botucatu, sempre dispostos a ajudar, me fornecendo material biológico, reagentes, equipamento e toda sua infra-estrutura.

Aos amigos Duílio Mazzoni Zerbinato de Andrade Silva e Ricardo Utsunomia, do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes da UNESP Botucatu, pelas discussões construtivas, parcerias e pelo material biológico e reagentes cedidos para a realização deste trabalho.

Ao Dr. Bruno Francelino de Melo, do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes da UNESP Botucatu, pela ajuda na escolha e execução de alguns softwares utilizados neste trabalho.

Ao amigo Bruno Lopes da Silva Ferrete, do Instituto do Mar, Universidade Federal de São Paulo, Campus da Baixada Santista, por todo apoio na execução e interpretação dos resultados populacionais.

Aos amigos graduandos, pós graduandos, servidores e docentes da Unesp Bauru e Botucatu, em especial o Departamento de Ciências Biológicas da Unesp Bauru, pelo cordial apoio sempre que necessário.

À seção técnica de pós-graduação em Ciências Biológicas (Zoologia) do IBB Botucatu, pela disposição, agilidade e rapidez em ajudar sempre que solicitados.

Ao Projeto Sorrir Bauru e todos seus voluntários, por me ensinarem ao longo dos meus quase 3 anos de voluntariado, o real significado do amor ao próximo. Obrigado por me tornarem uma pessoa melhor através das diversas visitas aos sábados à tarde. Estes momentos se convertem num bem muito maior a mim do que aos visitados,

pois através de seus agradecimentos, nos estendem um atestado de carinho e respeito simplesmente por ser fruto de uma boa intenção, e isso não tem preço.

À todos os familiares paternos e maternos de minha esposa, que me acolheram de braços abertos desde o início de nosso namoro, sem titubear, me oferecendo amor, carinho e respeito.

Aos meus sogros, Antônio Valdir de Souza e Therezinha Rocha de Souza, por me apresentarem com sua filha e por me acolherem tão bem em suas vidas. Sinto-me honrado e grato por tudo isso.

Por fim, agradeço à minha esposa, cúmplice, confidente e amiga Ana Angélica Rocha de Souza Daniel, por me acompanhar e apoiar em todos os momentos. Todos os dias quando acordo e olho seu rosto, penso: como é lindo e grandioso o brilho que você irradia, brilho este que me guia e me impulsiona a seguir em frente, com prazer, entusiasmo e alegria. Obrigado por ter me aceitado como seu marido, mesmo com meus inúmeros defeitos; obrigado por sempre ressaltar minhas qualidades, me ensinando que a cada dia temos a oportunidade de um recomeço melhor. Obrigado pelo simples fato de você existir em minha vida, e por me deixar fazer parte da sua; obrigado por me presentear com o nosso filho maravilhoso, nosso milagre chamado Miguel. Te amo muito meu moreco, meu eterno diamante rosa.

RESUMO

Dentre os peixes Neotropicais, o gênero *Astyanax* é caracterizado como um dos mais comuns e diversificados, representado por 147 espécies, das quais pelo menos 12 destas espécies têm demonstrado a presença de elementos adicionais denominados cromossomos B em seu genoma. No entanto, muitas vezes estas informações encontram-se dispersas ou fragmentadas. Assim, no presente estudo reportamos a diversidade de cromossomos B no gênero *Astyanax*, projetando nichos ecológicos preferenciais entre as espécies e populações B+ e B- do grupo em cenários do passado (Last Glacial Maximum - LGM: 22.000 e Mid-Holoceno - MD: 6.000 anos atrás), presente e futuro (2.060), além de análises populacionais de *A. bockmanni* a partir do mtDNA D-loop. Os períodos LGM e MH registraram ampla ocorrência de populações B+ e B- em boa parte das regiões Sudeste, Norte, Centro-Oeste e parte da Bahia. No presente observamos áreas favoráveis B+ e B- quase que exclusivamente em parte de SP, MG, PR, RJ, MT e ES. Para 2.060, verificamos áreas preferenciais B+ quase que exclusivamente em parte de MG, RJ e SP. Quando sobrepostos, os cenários indicam um acúmulo das populações B+ em uma mesma área, padrão não observado nas populações B-, sugerindo que a região sobreposta poderia representar uma zona climaticamente estável para populações B+ desde o LGM, já que nenhuma população B- foi mantida nesta região. Análises qPCR indicaram a presença de cromossomos B_M em seis populações de *A. bockmanni*. A partir do mtDNA D-loop em 16 populações de *A. bockmanni* B+ e B-, verificamos que todas apresentam elevada estruturação genética, porém baixo fluxo gênico. As análises de variância molecular indicaram considerável diferenciação genética entre todas as populações e bacias, também refletidos nos diferentes dendogramas, reforçando a ideia de que *A. bockmanni* é um complexo de espécies.

Abstract

Among the Neotropical fish, the genus *Astyanax* is characterized as the most common and diversified, represented by 147 species, of which at least 12 of these species have demonstrated the presence of additional elements denominated B chromosomes in their genome. However, this information is often scattered or fragmented. Thus, in the present study we report the diversity of B chromosomes in the *Astyanax* genus, projecting preferential ecological niches among the species and B+ and B- populations of the group in scenarios of the past (Last Glacial Maximum - LGM: 22.000 and Mid-Holocene - MD: 6.000 years ago), present and future (2.060), in addition to population analyzes of *A. bockmanni* from the mtDNA D-loop. The LGM and MH periods recorded a large occurrence of B+ and B- populations in most of the Southeast, North, Central West regions and part of Bahia State. In the present we observed favorable areas B+ and B- almost exclusively in part of SP, MG, PR, RJ, MT and ES. For 2.060, we see B+ preferred areas almost exclusively in part of MG, RJ and SP States. When overlapping, the scenarios indicate an accumulation of B+ populations in the same area, a pattern not observed in B- populations, suggesting that the overlapping region could represent a climatically stable zone for B+ populations since the LGM period, since no B- population was maintained in this region. qPCR analyzes indicated the presence of B_M chromosomes in six *A. bockmanni* populations. From the D-loop mtDNA in 16 *A. bockmanni* populations of B+ and B-, we found that all have high genetic structuring, but low gene flow. Analyzes of molecular variance indicated considerable genetic differentiation among all populations and basins, also reflected in the different dendrograms, reinforcing the idea that *A. bockmanni* is a complex of species.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	1
1.1 Aspectos gerais da família Characidae e o gênero <i>Astyanax</i>	1
1.2 Cromossomos B: ênfase no gênero <i>Astyanax</i>	3
1.3 mtDNA	14
1.4 Modelagem de nicho	17
2 OBJETIVOS	22
3 MATERIAL E METODOLOGIA	23
3.1 Material	23
3.1.1 Dados da espécie estudada	23
3.2 Métodos	24
3.2.1 Estimulação de mitoses	24
3.2.2 Obtenção de cromossomos metafásicos <i>in vivo</i>	25
3.2.3 Caracterização da heterocromatina constitutiva (Banda C)	26
3.2.4 Estudos cariotípicos	27
3.2.5 Extração do DNA genômico total	27
3.2.6 Amplificação do mtDNA D-loop	29
3.2.6.1 Purificação do produto PCR D-loop mtDNA com a enzima Exo-SAP	29
3.2.6.2 Preparação da placa de sequenciamento	30
3.2.6.3 Purificação das amostras utilizando EDTA/Acetato de sódio/Etanol	31
3.2.6.4 Sequenciamento do DNA	31
3.2.7 Análises das sequências de mtDNA obtidas	32
3.2.8 PCR quantitativo em tempo real (qPCR)	34
3.2.9 Modelagem do nicho preferencial	36
3.2.10 Quantum GIS copiapó	39
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
4.1 Capítulo 1	41
4.2 Capítulo 2	60
4.3 Capítulo 3	86
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	110
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	114
7 FIGURAS E TABELAS COMPLEMENTARES	150

INTRODUÇÃO

1 INTRODUÇÃO GERAL

1.1 Aspectos gerais da família Characidae e o gênero *Astyanax*

Dentre os peixes continentais, as espécies que compreendem a região Neotropical são bastante diversificadas, reportadas desde a América Central até o sul da América do Sul, superando 7 mil espécies distribuídas entre 71 famílias (Albert e Reis, 2011). Nesse sentido, dois grupos têm recebido maior destaque: Characiformes e Siluriformes (Eschmeyer e Fong, 2017). Os peixes da ordem Characiformes exibem grande variedade de formas e tamanhos corporais, habitando lagos e rios do continente africano e região neotropical (Géry, 1977), compreendendo formas herbívoras, iliófagas e carnívoras, algumas das quais muito especializadas (Britisk *et al.*, 1972). Characidae é uma das mais numerosas e complexas famílias de peixes Neotropicais (Nelson, 2006), com aproximadamente 1100 espécies válidas (Eschmeyer e Fong, 2017). Dentre os Characidae, o gênero *Astyanax* caracteriza-se como um dos mais diversificados (Lucena *et al.*, 2013), com 154 espécies reconhecidas (Eschmeyer, 2017), das quais 34 foram descritas nos últimos 10 anos (Rossini *et al.*, 2016), habitando quase todos os ambientes dulcícolas, com preferência às cabeceiras de rios, riachos e córregos (Garutti e Britski, 2000; Vari e Castro, 2007), abundantes na maioria das bacias hidrográficas brasileiras (Lima *et al.*, 2003).

De uma forma geral, as espécies pertencentes a este grupo apresentam uma diversidade acentuada quanto ao número diplóide, desde $2n=36$ cromossomos em *A. schubarti* (Daniel-Silva e Almeida-Toledo, 2001; Moreira-Filho *et al.*, 2001) a $2n=50$ cromossomos em *A. paranae* (Silva *et al.*, 2014, 2016), com ampla variação quanto à morfologia e distribuição cromossômicas interpopulacionais, presença de cromossomos

supranumerários, triploidia natural, dentre outras (Fauaz *et al.*, 1994; Mestriner *et al.*, 2000; Moreira-Filho *et al.*, 2001; Hashimoto *et al.*, 2008; Daniel *et al.*, 2012, 2015b; Silva *et al.*, 2013, 2016), as quais, podem estar relacionadas à altitude, diferenciação sexual ou ainda poluição ambiental (Porto-Foresti *et al.*, 1997; Néo *et al.*, 2000).

Nesse sentido, estudos sistemáticos têm enfatizado que representantes deste grupo compõem complexos de espécies de taxonomia controversa (Reis *et al.*, 2003), bem como inúmeras espécies do gênero *Astyanax* tratadas somente como *Astyanax spp.* (Pie *et al.*, 2009). Somado a isso, diversos autores indicam a existência de complexos de espécies: complexos *A. scabripinnis* (Moreira-Filho e Bertollo, 1991), *A. fasciatus* (Artoni *et al.*, 2006), *A. bimaculatus* (Paiva *et al.*, 2006) e *A. hastatus* (Kavalco *et al.*, 2009), e *A. bockmanni*, recentemente proposto por Daniel *et al.*; 2015a). Para se ter uma ideia, somente para o complexo *A. scabripinnis*, análises citogenéticas e morfológicas sugerem que este complexo seria composto por pelo menos 15 espécies (Bertaco e Lucena, 2006).

Assim, considerando a intensa variabilidade cariotípica inter e intraespecíficas, ampla distribuição geográfica (Zanata e Camelier, 2009), alta plasticidade fenotípica, grande capacidade de se adaptar aos mais diversos ambientes (Dowling, 2002), rápida especialização ecológica e diferenciação morfológica em representantes do gênero *Astyanax* (Hashimoto *et al.*, 2011), estudos citogenéticos, biogeográficos, evolutivos e filogenéticos representam excelentes ferramentas para um melhor conhecimento da sistemática desse grupos de peixes, contribuindo de forma significativa para um melhor entendimento dos processos envolvidos na diferenciação, manutenção e evolução de algumas características genéticas predominantemente particulares à algumas espécies do grupo.

*CONSIDERAÇÕES
FINAIS*

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

De forma generalizada, os peixes têm recebido grande atenção em estudos envolvendo cromossomos supranumerários. No entanto, muitos estudos têm buscado atribuir uma função, investigar a estrutura, origem e transmissão desses elementos nos mais diversos genomas, e apesar de restrito à poucas espécies, temos avançado no conhecimento sobre o DNA que compõe a estrutura molecular e estrutural dos cromossomos B em peixes, inclusive em espécies que compõem o gênero *Astyanax*. Por outro lado, ainda carecemos de diversas informações “básicas” envolvendo supranumerários. Especificamente envolvendo o gênero em questão, há diversas populações de diferentes espécies que são portadoras destes elementos adicionais, cada qual com sua(s) peculiaridade(s), porém, a maioria destas informações muitas vezes se encontram fragmentadas ou ainda dispersa. Assim, contextualizamos estas informações através de artigos disponíveis na literatura, elencando e atualizando estes dados acerca das modernas práticas tecnológicas que vêm sendo empregadas a fim de gerar um maior conhecimento dos supranumerários de *Astyanax*.

A modelagem de distribuição preditiva se mostrou estatisticamente efetiva ao objetivo em que foi submetida: mapear populações B+ e B-, projetando seus ambientes preferenciais em diferentes cenários de acordo com fatores bióticos e abióticos. Portanto, se pudermos prever impactos futuros decorrentes de mudanças climáticas em ambientes aquáticos diversos, antes precisamos alcançar uma melhor compreensão da aplicação de diferentes modelos de projeção. Desenvolver um quadro teórico mais unificado é uma tarefa extremamente desafiadora, e a integração de ideias e respostas que podem ser escalonadas, incluindo ecossistemas inteiros, parece representar um caminho potencialmente promissor, entretanto, esta metodologia deve ser aplicada com

cautela. Seu propósito deve ser mais focado na aquisição de informações sobre a ocorrência da espécie para que outras técnicas complementares possam ser aplicadas. Logo, acreditamos que na medida em que mais pesquisadores se debruçarem sobre o tema, seu desenvolvimento poderá ser bem mais aprimorado.

Além disso, ao que a modelagem indica, a partir dos dias atuais até 2060, populações de *Astyanax* com cromossomos B tenderão a se concentrar em regiões serranas, caracterizadas por climas amenos e ambientes relativamente conservados, ou seja, menos agredidos direta ou indiretamente por ações antrópicas e mudanças climáticas. Dessa forma, se pudermos através da modelagem de nicho preferencial projetar locais específicos para estudos diversos, certamente reduziríamos esforços na busca de populações que porventura possam deter as informações alvo da pesquisa, uma vez que atualmente primeiro amostramos os espécimes, depois verificamos seu conteúdo morfológico e citogenético. Logo, a partir da modelagem de nicho preferencial, poderíamos direcionar as coletas de acordo com o tipo de abordagem do estudo.

Mediante aplicação da qPCR com um marcador B_M-específico (previamente validado) em todos os indivíduos amostrados pudemos quantificar a expressão de forma significativa em cromossomos B_M de *A. bockmanni*, revelando a presença destes elementos em populações até então desconhecidas. Adicionalmente, constatamos que os cromossomos B_M de *A. bockmanni* não são tão inertes quanto se acreditava até pouco tempo, o que servirá de subsídio para o entendimento do papel desempenhado pelos cromossomos B no genoma dos peixes e, de modo mais amplo, nos vertebrados, já que a proteína NUSAP desempenha um papel de suma importância relacionada aos microtúbulos do fuso mitótico.

De acordo com a literatura, trabalhos que se utilizaram de análises moleculares para interpretar a história filogenética de peixes neotropicais, embora em baixo número comparado à gama de espécies válidas, reforçam a ideia de que a taxonomia dos peixes continentais dessa região pode se equivocar no tocante aos relacionamentos populacionais em nível de espécie. Com base nos resultados apresentados pela utilização do mtDNA D-loop para as populações de *A. bockmanni* averiguadas neste estudo, constatamos a incidência de baixo fluxo gênico entre elas, de tal modo à caracterizarem-se como espécies diferentes. Porém, o teste de Mantel indica que o isolamento por distância é improvável de ter gerado o padrão de estrutura observado. O alto nível de substituições nucleotídicas que separam os grupos de haplótipos sugerem que estas populações poderiam ter sido isoladas no passado, acarretando na diferenciação no mtDNA observada entre elas. Dessa forma, diferentemente da recombinação do DNA nuclear, que homogeneiza a população, o mtDNA teria permanecido diferenciado devido a sua herança materna.

A sistemática do gênero *Astyanax* ainda é confusa e não está totalmente resolvida devido à falta de evidências que corroborem seu *status* monofilético, além da grande dificuldade na identificação de espécies que em vários casos apresentam-se como prováveis complexos de espécies. Da mesma forma, acreditamos que a análise mtDNA concomitante entre 16 populações de *A. bockmanni* de diferentes bacias hidrográficas nos permite inferir que esta espécie também compoñha um complexo, o que é suportado pela presença de diversos citótipos e polimorfismos relacionados à rDNA, NORs, heterocromatina constitutiva, histonas, dentre outros.

As análises mtDNA voltadas apenas às populações portadoras de cromossomos B indicam uma diferença e distância genética significativas da população Batalha em relação às demais. A população Batalha é a única população afora da bacia

Paraná_Paranapanema que apresentou cromossomo B_M em seu genoma. Como na bacia Paraná_Paranapanema há a presença de outras variantes de supranumerários entre as populações (B_M , B_m e B_a) acreditamos que estes elementos tenham se originado nesta bacia, e que estas variantes seriam derivadas de mecanismos de *drive*, o qual já fora reportado por outros autores. A variante B_M presente na população Batalha ou seria um evento isolado envolvendo cromossomos B , ou esta variante estaria em uma fase inicial de invasão e posterior neutralização. Nesta fase os supranumerários sofreriam mutações em suas sequências para originar novas variantes, caso contrário tendem a ser extintos. Nesse sentido, estudos adicionais se fazem necessários para confrontar as hipóteses levantadas.

Por fim, as metodologias aplicadas não diferenciaram significativamente populações de *A. bockmanni* mediante presença ou ausência de cromossomos B , porém, vale ressaltar que este trabalho é pioneiro no tocante à modelagem de nicho envolvendo cromossomos B , e de certa forma, se mostrou eficiente na projeção da distribuição das espécies e populações B^+ e B^- ao longo dos cenários modelados. Adicionalmente, validamos um marcador B_M específico, que diagnosticou a presença deste tipo de supranumerário em mais duas populações. Além disso, este é o primeiro estudo populacional com base no mtDNA D-loop efetuado em *A. bockmanni*, e da mesma forma, o primeiro envolvendo genética populacional direcionada à cromossomos B , que somadas à análises adicionais de ancestralidade e coancestralidade podem ser mais conclusivos. Portanto, fornecemos informações geográficas e genéticas interessantes desta espécie, as quais podem auxiliar na condução de outras investigações populacionais de peixes, em especial as que compõe o gênero *Astyanax*.

REFERÊNCIAS
BIBLIOGRÁFICAS

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abelini E, Martins-Santos IC, Fernandes CA (2014). Cytogenetic analysis in three species from genus *Astyanax* (Pisces; Characiformes) with a new occurrence of B chromosome in *Astyanax paranae*. *Caryologia*, 67(2):160-171.
- Albert JS, Lovejoy NR, Crampton GR (2006). Miocene tectonism and the separation of cis- and trans-Andean river basins: Evidence from Neotropical fishes. *Journal of South American Earth Sciences*, 21:14-27.
- Albert JS, Reis RE (2011). *Historical biogeography of neotropical freshwater fishes*. University of California Press, Berkeley, Los Angeles.
- Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215:403-410.
- Alves AL, Martins-Santos IC (2002). Cytogenetics studies in two populations of *Astyanax scabripinnis* with 2n=48 chromosomes (Teleostei, Characidae). *Cytologia*, 67(2):117-122.
- Alves C, Vieira F, Magalhães A, Brito M (2007). Impacts of non-native fish species in Minas Gerais, Brazil: present situation and prospects. *Ecological and Genetic Implications of Aquaculture Activities*, 291-314.
- Allan JD, Flecker AS (1993) Biodiversity Conservation in Running Waters. *Bioscience*, 43:32-43.
- Anderson RP, Lew D, Peterson AT (2003). Evaluating predictive models of species' distributions: criteria for selecting optimal models. *Ecological Modelling*, 162:211-232.

- Anderson TJC, Komuniecki R, Komuniecki PR, Jaenike J (1995). Are mitochondria paternally inherited in *Ascaris*? International Journal for Parasitology, 25:1001-1004.
- Artori RF, Shibatta OA, Gross MC, Schneider CH, Almeida MC (2006). *Astyanax aff. fasciatus* Cuvier, 1819 (Teleostei, Characidae): evidences of a species complex in the upper rio Tibagi basin (Paraná, Brazil). Neotropical Ichthyology, 4:197-202.
- Auger DL, Birchler JA (2002) Maize tertiary trisomic stocks derived from B-A translocation. Journal of Heredity, 93:42-47.
- Avice JC, Arnold J, Ball RM, Bermingham E, Lamb T, Neigel JE, Reeb CA, Saunders NC (1987). Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. Annual Review of Ecology and Systematics, 18:489-522.
- Avice JC (1994). *Molecular Markets: natural history and evolution*. Chapman, Hall, INS. USA.
- Avice JC (2000). *Phylogeography: The history and formation of species*. Harvard University Press, Londres.
- Avice JC (2004). *The hope, hype, and reality of genetic engineering: Remarkable stories from agriculture, industry, medicine, and the environment*. Oxford University Press, Oxford.
- Ayala FJ (1995). The myth of eve: Molecular biology and human origins. Science, 270:1930-1936.
- Ballard JWO, Whitlock MC (2004). The incomplete natural history of mitochondria. Molecular Ecology, 13(4):729-744.

- Banaei-Moghaddam AM, Meier K, Karimi-Ashtiyani R, Houben A (2013). Formation and expression of pseudogenes on the B chromosome of rye. *Plant Cell*, 25:2536-2544.
- Banaei-Moghaddam AM, Martis MM, Macas J, Gundlach H, Himmelbach A, Altschmied L, Houben A (2015). Genes on B chromosomes: old questions revisited with new tools. *Biochim, Biophys Acta Biomembranes*, 1849(1):64-70.
- Barber BR, Unmack PJ, Pérez-Losada M, Johnson JB, Crandall KA (2011). Different processes lead to similar patterns: a test of codivergence and the role of sea level and climate changes in shaping a southern temperate freshwater assemblage. *BMC Evolutionary Biology*, 11(1):343.
- Barbosa P, Oliveira LA, Pucci MB, Santos MH, Moreira-Filho O, Vicar MR, Artoni RF (2015). Identification and chromosome mapping of repetitive elements in the *Astyanax scabripinnis* (Teleostei: Characidae) species complex. *Genetica*, 143(1):55-62.
- Barbosa P, Leal E, Silva M, Almeida M, Moreira-Filho O, Artoni RF (2017). Variability and evolutionary implications of repetitive DNA dynamics in genome of *Astyanax scabripinnis* (Teleostei, Characidae). *Comparative Cytogenetics*, 11(1):143-162.
- Barroca RM, Arantes FP, Magalhães BF, Siqueira FF, Horta CCR, Pena IF, Dergam JÁ, Kalapothakis E (2012) Genetic diversity and population structure of *Prochilodus costatus* and *Prochilodus argenteus* preceding dam construction in the paraopeba river, São Francisco river basin, Minas Gerais, Brazil. *Open Journal of Genetics*, 2:121-130.

- Batalha KP (2009). *Genética populacional do jaraqui de escama grossa (Semaprochilodus insignis, Prochilodontidae, Characiformes)*. Dissertação de Mestrado, UFAM, Manaus.
- Batista JS (2010). *Caracterização genética da dourada - Brachyplatystoma rousseauxii, Castelnau, 1855 (Siluriformes - Pimelodidae) na Amazônia por meio de marcadores moleculares mitocondriais e microssatélites: subsídios para conservação e manejo*. Tese de Doutorado. INPA. Manaus.
- Becker LA, Crichigno SA, Cussac VE (2017). Climate change impacts on freshwater fishes: a Patagonian perspective. *Hydrobiologia*, 1-18.
- Beer C, Reichstein M, Tomelleri E, Ciais P, Jung M, Carvalhais N, *et al.* (2010). Terrestrial gross carbon dioxide uptake: global distribution and covariation with climate. *Science*, 329(5993):834-838.
- Beheregaray L (2008). Twenty years of phylogeography: the state of the field and the challenges for the Southern Hemisphere. *Molecular Ecology*, 17:3754-3774.
- Bermingham E, Martin AP (1998). Comparative mtDNA phylogeography of Neotropical freshwater fishes: testing shared history to infer the evolutionary landscape of lower Central America. *Molecular Ecology*, 7(4):499-517.
- Bickford D, Lohman DJ, Sodhi NS, Ng PKL, Meier R, Winker K, Ingram KK, Das I (2007). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 22:148-155.
- Billington N, Hebert PDN (1991). Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 48:80-94.
- Boore JL (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27:1767-1780.

- Brown WM, Prager EM, Wang A, Wilson AC (1982). Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution. *Journal of Molecular Evolution*, 18(4):225-239.
- Brown GG, Gadaleta G, Pepe G, Saccone C, Sbisà E (1986). Structural conservation and variation in the D-loop-containing region of vertebrate mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 192(3):503-511.
- Bueno D, Palacios-Gimenez OM, Cabral-de-Mello DC (2013). Chromosomal Mapping of Repetitive DNAs in the Grasshopper *Abracris flavolineata* Reveal Possible Ancestry of the B Chromosome and H3 Histone Spreading. *PloS One*, 8(6):e66532.
- Cabrero J, López-León MD, Ruíz-Estévez M, Gómez R, Petitpierre E, Rufas JS, Camacho JPM (2013). B1 was the ancestor B chromosome variant in the western mediterranean area in the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *Cytogenetic and Genome Research*, 142(1):54-58.
- Carmello B, Coan R, Cardoso A, Ramos E, Fantinatti B, Marques D, Oliveira R, Valente G, Martins C (2017). The hnRNP Q-like gene is retroinserted into the B chromosomes of the cichlid fish *Astatotilapia latifasciata*. *Chromosome Research*, 1-14.
- Camacho JPM, Shaw MW, López-León MD, Pardo MC, Cabrero J (1997). Population dynamics of a selfish B chromosome neutralized by the standard genome in the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *The American Naturalist*, 149:1030-1050.
- Camacho JPM, Sharbel TF, Beukboom LW (2000). B-chromosome evolution. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 355:163-178.
- Camacho JPM (2005). *B chromosomes*. In: Gregory, T.R. *The evolution of the genome*. San Diego, California, USA, p.223-286.

- Camacho JM, Ruiz-Ruano FJ, Martín-Blázquez R, López-León MD, Cabrero J, Lorite P, Cabral-de-Mello DC, Bakkali M (2015). A step to the gigantic genome of the desert locust: chromosome sizes and repeated DNAs. *Chromosoma*, 124(2):263-275.
- Castro JP, Moura MO, Moreira-Filho O, Shibatta OA, Santos, MH, Nogaroto V, Artoni RF (2014). Evidence of incipient speciation in *Astyanax scabripinnis* species complex (Teleostei: Characidae). *Neotropical Ichthyology*, 12(2):429-438.
- Castro JP, Moura MO, Moreira-Filho O, Shibatta OA, Santos MH, Nogaroto V, Artoni RF (2015). Diversity of the *Astyanax scabripinnis* species complex (Teleostei: Characidae) in the Atlantic Forest, Brazil: species limits and evolutionary inferences. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 25(1):231-244.
- Carnaval AC, Hickerson MJ, Haddad CFB, Rodrigues MT, Moritz C (2009). Stability predicts genetic diversity in the Brazilian Atlantic Forest Hotspot. *Science*, 323:785–789.
- Cavalcanti MPC, Miranda GY (2008). Avanços biotecnológicos para o diagnóstico das doenças infecciosas e parasitárias. *Revista de Patologia Tropical*, 37(1):1-14.
- Cavalli-Sforza LL, Menozzi P, Piazza A (1994). *The history and geography of human genes*. Princeton University Press, Princeton.
- Charlesworth B, Sniegowski P, Stephan W (1994). The evolutionary dynamics of repetitive DNA in eukaryotes. *Nature*, 371:215-220.
- Chen YH (2009). Conservation biogeography of the snake family Colubridae of China. *North-Western Journal of Zoology*, 5:251-262.
- Clabaut C, Salzburger W, Meyer A (2005). Comparative phylogenetic analyses of the adaptive radiation of Lake Tanganyika cichlid fish: nuclear sequences are less

- homoplasious but also less informative than mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 61(5):666-681.
- Clark FE, Conte MA, Ferreira-Bravo IA, Poletto AB, Martins C, Kocher TD (2017). Dynamic sequence evolution of a sex-Associated B chromosome in lake Malawi cichlid fish. *Journal of Heredity*, 108:53-62.
- Costa J, Peterson AT, Beard CB (2002). Ecologic niche modeling and differentiation of populations of *Triatoma brasiliensis neiva*, 1911, the most important Chagas' disease vector in northeastern Brazil (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae). *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 67:516-520.
- Cussac VE, Fernández DA, Gómez SE, López HL (2009). Fishes of Southern South America: a story driven by temperature. *Fish Physiology and Biochemistry*, 35:29-42.
- D'Ambrosio U, Alonso-Lifante MP, Barros K, Kovařík A, Mas de Xaxars G, Garcia S (2017). B-chrom: a database on B-chromosomes of plants, animals and fungi. *New Phytologist*, 216(3):635-642.
- Daniel SN, Hashimoto DT, Pansonato-Alves JC, Foresti F, Porto-Foresti F (2012). Cytogenetic characterization of distinct B chromosomes in a population of the fish *Astyanax bockmanni* (Teleostei, Characiformes). *Caryologia*, 65(3):229-233.
- Daniel SN, Penitente M, Hashimoto DT, Silva DMA, Foresti F, Porto-Foresti F (2015). New insights into karyotypic relationships among populations of *Astyanax bockmanni* (Teleostei, Characiformes) of different watersheds. *Zebrafish*, 12(2):181-188.
- Daniel SN, Penitente M, Silva DMZA, Hashimoto DT, Ferreira DC, Foresti F, Porto-Foresti F (2015b). Organization and chromosomal distribution of histone genes and

- transposable Rex elements in the genome of *Astyanax bockmanni* (Teleostei, Characiformes). Cytogenetic and Genome Research, 146(4):311-318.
- Daniel-Silva MFZ, Almeida Toledo LF (2001). Chromosome R-banding pattern and conservation of a marker chromosome in four species, genus *Astyanax* (Characidae, Tetragonopterinae). Caryologia, 54(3):209-215.
- Dauwalter DC, RAHEL FJ (2008). Distribution modelling to guide stream fish conservation: an example using the mountain sucker in the Black Hills National Forest, USA. Aquatic Conservation, 18:1263-1276.
- De Marco Jr. P, Siqueira MF (2009). Como determinar a distribuição de espécies sobre uma abordagem conservacionista. Megadiversidade (Belo Horizonte), 5:65-76.
- Deprá IC, Gomes VN, Deprá GC, Oliveira IJ, Prioli SMAP, Prioli AJ (2014). Molecular study of *Astyanax altiparanae* (Osteichthyes, Characidae) as a probable species complex. Genetics and Molecular Research, 13(3):6015-6026.
- Dewoody JA, Avise JC (2000) Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. Journal of Fish Biology, 56:461-473.
- Douglas RN, Birchler JA (2017). *B Chromosomes*. In Chromosome structure and Aberrations. Springer, India, pp. 13-39.
- Dowling P (2002). The sociology of mathematics education: Mathematical myths/pedagogic texts. Routledge.
- Driscoll DA, Hardy CM (2005). Dispersal and phylogeography of the agamid lizard *Amphibolurus nobbi* in fragmented and continuous habitat. Molecular Ecology, 14(6):1613-1629.

- Elith J, Burgman MA (2002). *Predictions and their validation: rare plants in the Central Highlands, Victoria, Australia*. In: Predicting species occurrences: issues of scale and accuracy. Island Press, Covello, pp. 303-14.
- Elith J, Graham CH, Anderson RP, Dudik M, *et al.* (2006). Novel methods improve prediction of species' distribution from occurrence data. *Ecography*, 29:129-151.
- Engler R, Guisan A, Rechsteiner L (2004). Na improved approach for predicting the distribution of rare and endangered species from occurrence and pseudo-absence data. *Journal of Applied Ecology*, 41:263-274.
- Eschmeyer WN (2017). Catalog of Fishes. California Academy of Sciences. On line version updated 1 March 2017, disponível em <http://research.calacademy.org/ichthyology/catalog>. Acessado dia 16 de Dezembro de 2017.
- Eschmeyer WN, Fong JD (2014). Species by family/subfamily. Electronic version in <http://research.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/SpeciesByFamily.asp>. Acesso em 11 de Dezembro de 2017.
- Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131:479-491.
- Excoffier L, Laval G, Schneider S (2005). ARLEQUIN (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, 1:47-50.
- Fauaz G, Vicente VE, Moreira-Filho O (1994). Natural triploidy and B-chromosomes in the neotropical fish genus *Astyanax* (Characidae). *Revista Brasileira de Genética*, 17(2):157-163.

- Fazoli LC, Silva VDAB, Portela-Castro ALB, Júnior HFJ (2003). Chromosome characterization of *Astyanax* sp B (Characidae, Tetragonopterinae), an endemic species of the Iguaçu river, Paraná, Brazil. *Cytologia*, 68(4):389-394.
- Fernandes CA, Martins-Santos IC (2005). Sympatric occurrence of three cytotypes and four morphological types of B chromosomes of *Astyanax scabripinnis* (Pisces, Characiformes) in the river Ivaí Basin, state of Paraná, Brazil. *Genetica*, 124(2):301-306.
- Ferreira DG, Souza-Shibatta L, Shibatta OA, Sofia SH, Carlsson J, Dias JHP, Makrakis S, Makrakis MC (2017) Genetic structure and diversity of migratory freshwater fish in a fragmented Neotropical river system. *Reviews Fish Biology Fisheries*, 27:209-231.
- Ferreira-Neto M, Artoni RF, Vicari MR, Moreira-Filho O, Camacho JPM, Bakkali M, Oliveira C, Foresti F (2012). Three sympatric karyomorphs in the fish *Astyanax fasciatus* (Teleostei, Characidae) do not seem to hybridize in natural populations. *Comparative Cytogenetics*, 6(1):29-40.
- Ferrette BL, Mendonça FF, Coelho R, de Oliveira PGV, Hazin FHV, Romanov EV, Oliveira C, Santos MN, Foresti F (2015). High connectivity of the crocodile shark between the 48 Atlantic and southwest Indian Oceans: highlights for conservation. *PLoS One*, 10:e0117549.
- Ferro DAM, Néo DM, Moreira-Filho O, Bertollo LAC (2000). Nucleolar organizing regions, 18S and 5S rDNA in *Astyanax scabripinnis* (Pisces, Characidae): populations distribution and functional diversity. *Genetica*, 110(1):55-62.
- Ferro DAM, Moreira-Filho O, Bertollo LAC (2003). B chromosome polymorphism in the fish, *Astyanax scabripinnis*. *Genetica*, 119(2):147-153.

- Fiaschi P, Pirani JR (2009). Review of plant biogeographic studies in Brazil. *Journal of Systematics and Evolution*, 47(5):477-496.
- Ficke AD, Myrick CA, Hansen LJ (2007). Potential impacts of global climate change on freshwater fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 17(4):581-613.
- Foresti F, Almeida-Toledo LF, Toledo-Filho SA (1981). Polymorphic nature of nucleous organizer regions in fishes. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 31:137-144.
- Fu YX (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147(2):915-925.
- Gal G, Hipsey M, Rinke K, Robson B (2014). Novel approaches to address challenges in modelling aquatic ecosystems. *Environmental Modelling & Software*, 61:246-248.
- Galván-Quesada S, Doadrio I, Alda F, Perdices A, Reina RG, Varela MG, Hernández N, Mendoza AC, Bermingham E, Domínguez-Domínguez O (2016). Molecular phylogeny and biogeography of the Amphidromous fish genus *Dormitator* Gill 1861 (Teleostei: Eleotridae). *PloS One*, 11(4):e0153538.
- Garcez R, Calcagnotto D, Almeida-Toledo LF (2011). Population structure of the migratory fish *Prochilodus lineatus* (Characiformes) from Rio Grande basin (Brazil), an area fragmented by dams. *Marine Freshwater Ecosystem*, 21:268-275.
- Garrido-Ramos MA, Jamilena M, Lozano R, Ruiz Rejon C, Ruiz Rejon M (1994). Cloning and characterization of a fish centromeric satellite DNA. *Cytogenetic and Genome Research*, 65(4), 233-237.
- Garrido-Ramos MA, De La Herran R, Jamilena M, Lozano R, Rejón CR, Rejón MR (1999). Evolution of centromeric satellite DNA and its use in phylogenetic studies of the Sparidae family (Pisces, Perciformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 12(2):200-204.

- Garutti V, Britski HA (2000). Descrição de uma espécie nova de *Astyanax* (Teleostei: Characidae) da bacia do alto rio Paraná e considerações sobre as demais espécies do gênero na bacia. Comunicações do Museu de Ciências e Tecnologia da PUCRS, série Zoologia, 13:65-88.
- Géry J (1977). *Characoids of the World*. Neptune City: TFH. Publications. p.672.
- Guo X, Liu S, Liu Y (2006). Evidence for recombination of mitochondrial DNA in triploid crucian carp. *Genetics* 172:1745-1749.
- Haff T, Schmid M, Steinlein C, Galetti PM, Willard HF (1993). Organization and molecular cytogenetics of a satellite DNA family from *Hoplias malabaricus* (Pisces, Erythrinidae). *Chromosome Research*, 1(1):77-86.
- Hashimoto DT, Gonçalves VR, Bortolozzi J, Foresti F, Porto-Foresti F (2008). First report of a B chromosome in a natural population of *Astyanax altiparanae* (Characiformes, Characidae). *Genetic and Molecular Biology*, 31:275-278.
- Hashimoto DT, Ferguson-Smith M, Rens W, Foresti F, Porto-Foresti F (2011). Chromosome mapping of H1 histone and 5S rRNA gene clusters in three species of *Astyanax* (Teleostei, Characiformes). *Cytogenetic and Genome Research*, 134(1):64-71.
- Heist EJ (2005). Genetics: stock identification. *FAO Fisheries Technical Paper*, 474:62.
- Herrera JA, López-León MD, Cabrero J, Shaw MW, Camacho JPM (1996). Evidence for B chromosome drivesuppression in the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *Heredity*, 76:633-639.
- Hewitt GM (2004). Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 359(1442):183-195.

- Hijmans RJ, Cameron SE, Parra JL, Jones PG, Andy J (2005). Very high resolutions interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 25:1965-1978.
- Hirzel AH, Hausser J, Chessel D, Perrin N (2002). Ecological-niche factor analysis: how to compute habitat-suitability maps without absence data? *Ecology*, 83:2027-2036.
- Hoorn C, Wesselingh FP, Steege H, Bermudez MA, Mora A, Sevink J, Antonelli A (2010). Amazonia through time: andean uplift, climate change, landscape evolution, and biodiversity. *Science*, 927(330): 927-931
- Hoarau G, Holla S, Lescasse R, Stam WT, Olsen JE (2002). Heteroplasmy and evidence for recombination in the mitochondrial control region of the flatfish *Platichthys flesus*. *Molecular Biology and Evolution*, 19:2261-2264.
- Houben A, Banaei-Moghaddam AM, Klemme S, Timmis JN (2013). Evolution and biology of supernumerary B chromosomes. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 71(3):467-478.
- Houben A (2017). B Chromosomes - A matter of chromosome drive. *Frontiers in Plant Science*, 8:210.
- Holderegger R, Wagner HH (2006). A brief guide to landscape genetics. *Landscape Ecology*, 21:793-796.
- Jesus CM, Galetti Jr. PM, Valentini SR, Moreira-Filho O (2003). Molecular characterization and chromosomal localization of two families of satellite DNA in *Prochilodus lineatus* (Pisces, Prochilodontidae), a species with B chromosomes. *Genetica*, 118(1):25-32.
- Johansen H, Guddal PH, Johansen T (1990). Organization of the mitochondrial genome of Atlantic cod, *Gadus morhua*. *Nucleic Acid Research*, 18:411-419.

- Jorgensen SE, Fath BD (2011). Concepts of modelling. *Developments in Environmental Modelling*, 23:19-93.
- Joly CA, Aida MPM, Klink CA, McGrath DG, Moreira A, Moutinho P, Nepstad D, Oliveira A Pott A, Rodal MJN, Sampaio EVSB (1999). Evolution of the Brazilian phytogeography classification systems: implications for biodiversity conservation. *Ciência e Cultura*, 51(5/6):331-348.
- Jones R, Rees H (1982). *B Chromosomes*. Academic Press, London.
- Jones RN (1985) Are B chromosome selfish? The evolution of genome size. *Wiley*, 397-425.
- Jones N (2017). New species with B chromosomes discovered since 1980. *Nucleus*, 60(3):263-281.
- Kavalco KF, Moreira-Filho O (2003). Cytogenetical analyses in four species of the genus *Astyanax* (Pisces, Characidae) from Paraíba do Sul river basin. *Caryologia*, 56(4):453-461.
- Kavalco KF, Almeida-Toledo LF (2007). Molecular cytogenetics of blind mexican tetra and comments on the karyotypic characteristics of genus *Astyanax* (Teleostei, Characidae). *Zebrafish*, 4(2):103-111.
- Kavalco KF, Pazza R, Almeida-Toledo LF (2009). *Astyanax bockmanni* Vari and Castro, 2007: An ambiguous karyotype in the *Astyanax* genus. *Genetica*, 136:135-139.
- Kavalco KF, Pazza R, Brandão, KO, Almeida-Toledo LF (2013). Biogeographic patterns in the chromosomal distribution of a satellite DNA in the banded tetra *Astyanax fasciatus* (Teleostei: Characiformes). *Organisms Diversity and Evolution*, 13(1):67-76.

- Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S, Duran C (2012). Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28:1647-1649.
- Keyl HG, Hägele K (1971). B chromosome bei *Chironomus*. *Chromosoma*, 36:403-417.
- Kuchta SR, Parks DS, Wake DB (2009). Pronounced phylogeographic structure on a small spatial scale: geomorphological evolution and lineage history in the salamander ring species *Ensatina eschscholtzii* in central coastal California. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 50(2):240-255.
- Leach CR, Houben A, Field B, Pistrick K, Demidov D, Timmis JN (2005). Molecular evidence for transcription of genes on a B chromosome in *Crepis capillaris*. *Genetics*, 171(1):269-278.
- Leigh JW, Bryant D (2015). popART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9):1110-1116.
- Leuzzi MSP, Almeida FS, Orsi ML, Sodr  LMK (2004). Analysis by RAPD of the genetic structure of *Astyanax altiparanae* (Pisces, Characiformes) in reservoirs on the Paranapanema river, Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 27:355-362.
- Levan A, Fredga K, Sandberg AA (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52:201-220.
- Levine RS, Peterson AT, Yorita KL, Carroll D, Damon IK, Reynolds MG (2007). Ecological niche and geographic distribution of human monkeypox in Africa. *PloS One*, 2:e176.
- Li Y, Jing XA, Aldrich JC, Clifford C, Chen J, Akbari OA, Ferree PM (2017). Unique sequence organization and small RNA expression of a “selfish” B chromosome. *Chromosoma*, 126(6):753-768.

- Librado P, Rozas J (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25:1451-1452.
- Lima FCT, Malabarba LR, Buckup PA, Silva JFP, Vari RP *et al.* (2003). *Genera incertae sedis in Characidae*. In: Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Edipucrs, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.
- Lino GL (2009). A fraude do aquecimento global: como um fenômeno natural foi convertido numa falsa emergência mundial. Capax Dei.
- López-Flores I, Garrido-Ramos MA (2012). The repetitive DNA content of eukaryotic genomes. *Genome Dynamics*, 7:1-28.
- López-León MD, Veves N, Schwarzacher JS, Heslop-Harrison JS, Hewitt GM, Camacho JPM (1994). Possible origin of a B chromosome deduced from its DNA composition using double FISH technique. *Chromosome Research*, 2:87-92.
- Lougheed SC, Gibbs HL, Prior KA, Weatherhead PJA (2000). Comparison of RAPD versus microsatellite DNA markers in populationsStudies of the *Massasauga rattlesnake*. *Journal of Heredity*, 6:458-463.
- Lucena CAS, Castro JB, Bertaco VA (2013). Three new species of *Astyanax* from drainages of southern Brazil (Characiformes: Characidae). *Neotropical Ichthyology*, 11(3):537-552.
- Lundberg JG (1993). *African-South American freshwater fish clades and continental drift: problems with a paradigm*. In: Biological Relationships Between Africa and South America (ed. Goldblatt P). Yale University Press, New Haven, CT.
- Mabuchi K, Miya M, Satoh TP, Westneat MW, Nishida M (2004). Gene rearrangements and evolution of tRNA pseudogenes in the mitochondrial genome of the parrotfish (Teleostei: Perciformes: Scaridae). *Journal of Molecular Evolution*, 59:287-297.

- Machado VN (2009). *Análise da variabilidade genética da curimatã Prochilodus nigricans (Agassiz, 1829) na calha do rio Amazonas e seus principais tributários*. Mestrado, UFAM, Manaus.
- Machado DP, Miranda EA, Dessi MC, Sabadini CP, Del Lama MA (2016). Occurrence and origin of supernumerary chromosomes in *Partamona* (Hymenoptera: Apidae: Meliponini). *Cytogenetic and Genome Research*, 150(1):68-75.
- Mackay IM (2004). Real-time PCR in the microbiology laboratory. *Clinical Microbiology and Infection*, 10(3):190-212.
- Maistro EL, Foresti F, Oliveira C, Almeida-Toledo LF (1992). Occurrence of macro B chromosome in *Astyanax scabripinnis paranae* (Pisces, Characiformes, Characidae). *Genetica*, 87:101-106.
- Maistro EL, Dias AL, Foresti F, Oliveira C, Moreira-Filho, O (1994). Natural triploidy in *Astyanax scabripinnis* (Pisces, Characidae) and simultaneous occurrence of macro B-chromosomes. *Caryologia*, 47(3-4):233-239.
- Maistro EL, Foresti F, Oliveira C (1999). R-and G-band patterns in *Astyanax scabripinnis paranae* (Pisces, Characiformes, Characidae). *Genetic and Molecular Biology*, 22(2):201-204.
- Malcolm JR, Markham A, Planet CAC (2000). *Global warming and terrestrial biodiversity decline: A modelling approach. Report prepared for the World Wildlife Fund*.
- Mallet J, Isaac NJ, Mace GM (2005). Response to Harris and Froufe, and Knapp *et al.*: Taxonomic inflation. *Trends in Ecology & Evolution*, 20(1), 8-9.
- Manel S, Schwartz MK, Luikart G, Taberlet P (2003). Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics *Trends. Ecology and Evolution*, 18(4):189-197.

- Mantel N (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27:209-220.
- Marques ÉAT, Oliveira LJ (2016). Mudanças Climáticas e Refugiados Ambientais (Climate change in the Brazilian Northeast and environmental refugees). *Revista Brasileira de Geografia Física*, 9(4):965-984.
- Martis MM, Klemme S, Banaei-Moghaddam AM, Blattner FR, Macas J, Schmutzer T, Scholz U, Gundlach H, Wicker T, Šimková H, Novák P, Neumann P, Kubaláková M, Bauer E, Haseneyer G, Fuchs J, Doležel J, Stein N, Mayer KFX, Houben A (2012). Selfish supernumerary chromosome reveals its origin as a mosaic of host genome and organelar sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(33):13343-13346.
- Martins MA, Carrilho FJ, Alves VF, Castilho E (2016). *Clínica Médica, Doenças Hematológicas, Oncologia, Doenças Renais*, Vol. 3, 2ª ed., Manole.
- Martins NF, Bertollo LAC, Troy WP, Feldberg E, Souza FCV, Cioffi MB (2013). Differentiation and evolutionary relationships in *Erythrinus erythrinus* (Characiformes, Erythrinidae): comparative chromosome mapping of repetitive sequences. *Reviews Fish Biology Fisheries*, 23(2):261-269.
- Matoso DA, Martins C, Artoni RF, Galetti-Jr. PM (2010). Preliminary qualitative analysis on mtDNA in *Astyanax fasciatus* populations Cuvier, 1819 (Teleostei; Characidae) indicate population distinctiveness. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 53:663-667.
- Matsumoto CK, Hilsdorf AWS (2009). Microsatellite variation and population genetic structure of a Neotropical endangered Bryconinae species *Brycon insignis* Steindachner, 1877: implications for its conservation and sustainable management. *Neotropical Ichthyology*, 7:395-402.

- Melo BF, Sidlauskas BL, Hoekzema K, Vari RP, Oliveira C (2014). The first molecular phylogeny of Chilodontidae (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes) reveals cryptic biodiversity and taxonomic uncertainty. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 70:286-295.
- Melo BF, Ochoa LE, Vari RP, Oliveira C (2016). Cryptic species in the Neotropical fish genus *Curimatopsis* (Teleostei, Characiformes). *Zoologica Scripta*, 45(6):650-658.
- Melo BF, Benine RC, Silva GS, Avelino GS, Oliveira C (2016b). Molecular phylogeny of the Neotropical fish genus *Tetragonopterus* (Teleostei: Characiformes: Characidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 94:709-717.
- Melo BF, Sidlauskas BL, Hoekzema K, Frable BW, Vari RP, Oliveira C (2016c). Molecular phylogenetics of the Neotropical fish family Prochilodontidae (Teleostei: Characiformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 102:189-201.
- Mello R, Maniglia TC, Prioli SMAP, Prioli AJ (2015). Genetic and biogeographical relationships among species of *Astyanax* (Teleostei, Characidae) in Brazilian river basins. *Genetics and Molecular Research*, 14(4):15356-15364.
- Mendonça FF, Oliveira C, Gadig OBF, Foresti F (2013). Diversity and genetic population structure of the Brazilian sharpnose shark *Rhizoprionodon lalandii*. *Aquatic Conservation Marine and Freshwater Ecosystems*, 23:850-857.
- Menni RC (2004). Peces y ambientes en la Argentina continental. *Monografías del Museo Argentino de Ciencias Naturales*, 5:1-316.
- Mestriner CA, Galetti Jr. PM, Valentini SR, Ruiz IRG, Abel LDS, Moreira-Filho O, Camacho JPM (2000). Structural and functional evidence that a B chromosome in the characid fish *Astyanax scabripinnis* is an isochromosome. *Heredity*, 85:1-9.

- Meyer A, Kocher TD, Basasibwaki P, Wilson AC (1990). Monophyletic origin of Lake Victoria cichlid fishes suggested by mitochondrial DNA sequences. *Nature*, 347(6293):550.
- Meyer A (1993). Evolution of mitochondrial DNA in fishes. *Biochemistry and Molecular Biology of Fishes*, 2:1-38.
- Meyer A (1994). Shortcomings of the cytochrome b gene as a molecular marker. *Trend Ecology Evolution*, 9(8):278-280.
- Miao VP, Covert SF, Vanetten HD (1991). A fungal gene for antibiotic resistance on a dispensable B-chromosome. *Science*, 254:1773-1776.
- Miya M, Takeshima H, Endo H, Ishiguro NB, Inoue JG, Mukai T, Satoh TP, Yamaguchi M, Kawaguchi A, Mabuchi K, Shirai SM, Nishida M (2003). Major patterns of higher teleostean phylogenies: a new perspective based on 100 complete mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 26:121-138.
- Mobley KB, Small CM, Jue NK, Jones AG (2010). Population structure of the dusky pipefish (*Syngnathus floridae*) from the Atlantic and Gulf of Mexico, as revealed by mitochondrial DNA and microsatellite analyses. *Journal of Biogeography*, 37(7):1363-1377.
- Montoya-Burgos JI (2003). Historical biogeography of the catfish genus *Hypostomus* (Siluriformes: Loricariidae), with implications on the diversification of Neotropical ichthyofauna. *Molecular Ecology*, 12:1855-1867.
- Moreira-Filho O, Bertollo LAC (1991). *Astyanax scabripinnis* (Pisces Characidae): a species complex. *Revista Brasileira de Genética*, 14(2):331-357.

- Moreira-Filho O, Fenocchio AS, Pastori MC, Bertollo LAC (2001). Occurrence of a metacentric macrochromosome B in different species of the genus *Astyanax* (Pisces, Characidae, Tetragonopterinae). *Cytologia*, 66:59-64.
- Moreira-Filho O, Galetti Jr. PM, Bertollo LAC (2004). B chromosomes in the fish *Astyanax scabripinnis* (Characidae, Tetragonopterinae): An overview in natural populations. *Cytogenetic and Genome Research*, 106:230-234.
- Muñoz-Pajares AJ, Martínez-Rodríguez L, Teruel M, Cabrero J, Camacho JPM, Perfectti F (2011). A single, recent origin of the accessory B chromosome of the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *Genetics*, 187(3):853-863.
- Naimi B, Araújo MB (2016). sdm: a reproducible and extensible R platform for 506 species distribution modelling. *Ecography*, 39:368-375.
- Navarro-Domínguez B, Ruiz-Ruano FJ, Camacho JPM, Cabrero J, López-León MD (2017). Transcription of a B chromosome CAP-G pseudogene does not influence normal condensin complex genes in a grasshopper. *Scientific Reports*, 7(1):17650.
- Nelson JS (2006). *Fishes of the world*, John Wiley e Sons, New York, p.601.
- Néo DM, Bertollo LAC, Moreira-Filho O (2000). Morphological differentiation and possible origin of B chromosomes in natural Brazilian population of *Astyanax scabripinnis* (Pisces, Characidae). *Genetica*, 108:211-215.
- Nur U (1966). Harmful B chromosomes in a mealy bug population. *Genetics*, 54:1225-1238.
- O'Leary SJ, Feldheim KA, Fields AT, Natanson LJ, Wintner S, Hussey N, Shivji MS, Chapman DD (2015). Genetic diversity of white sharks, *Carcharodon carcharias*, in the Northwest Atlantic and Southern Africa. *Journal of Heredity*, 106(3):258-265.

- Oliveira C, Almeida-Toledo LF, Foresti F, Toledo-Filho SA (1988). Supernumerary chromosomes, Robertsonian rearrangements and multiple NORs in *Corydoras aeneus* (Pisces, Siluriformes, Callichthyidae). *Caryologia*, 41:227-236.
- Oliveira C, Saboya SMR, Foresti F, Senhorini JA, Bernardino G (1997). Increased B chromosome frequency and absence of drive in the fish *Prochilodus lineatus*. *Heredity*, 79:473-476.
- Oliveira AV, Prioli AJ, Prioli SMAP, Pavanelli CS, Júlio-Jr HF, Panarari RS (2002). Diversity and genetic distance in populations of *Steindachnerina* in the upper Paraná river floodplain of Brazil. *Genetica*, 115:259-267.
- Oliveira C, Foresti F, Hilsdorf AWS (2009). Genetics of Neotropical fish: from chromosomes to populations. *Fish Physiology Biochemistry*, 35:81-100.
- Oliveira NL, Cabral-de-Mello DC, Rocha MF, Loreto V, Martins C, Moura RC (2011). Chromosomal mapping of rDNAs and H3 histone sequences in the grasshopper *Rhammatocerus brasiliensis* (Acrididae, Gomphocerinae): extensive chromosomal dispersion and co-localization of 5S rDNA/H3 histone clusters in the A complement and B chromosome. *Molecular Cytogenetics*, 4(1):24.
- O'Loughlin PM, Paulay G, Davey N, Michonneau F (2010). The antarctic region as a marine biodiversity hotspot for echinoderms: diversity and diversification of sea cucumbers. *Deep sea Research part II Topical Studies in Oceanography*, 58(1):264-275.
- Ortí G, Petry P, Porto JI, Jégu M, Meyer A (1996). Patterns of nucleotide change in mitochondrial ribosomal RNA genes and the phylogeny of piranhas. *Journal of Molecular Evolution*, 42:169-182.
- Östergren G (1945). Parasitic nature of extra fragment chromosomes. *Botaniska Notiser*, 2:157-163.

- Paiva SR, Dergam JA, Machado F (2006). Determining management units in southeastern Brazil: the case of *Astyanax bimaculatus* (Linnaeus, 1758) (Teleostei: Ostariophysi: Characidae). *Hydrobiologia*, 560(1):393-404.
- Pansonato-Alves JC, Serrano EA, Utsunomia R, Scacchetti PC, Oliveira C, Foresti F (2013). Mapping five repetitive DNA classes in sympatric species of *Hypostomus* (Teleostei: Siluriformes: Loricariidae): analysis of chromosomal variability. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 23(4):477-489.
- Pansonato-Alves JC, Hilsdorf AWS, Utsunomia R, Silva DMZA, Oliveira C, Foresti F (2013b). Chromosomal Mapping of Repetitive DNA and Cytochrome C Oxidase I Sequence Analysis Reveal Differentiation among Sympatric Samples of *Astyanax fasciatus* (Characiformes, Characidae). *Cytogenetic and Genome Research*, 141(2-3):133-142.
- Patarnello T, Marcato S, Zane L, Varotto V, Bargelloni L (2003). Phylogeography of the *Chionodraco* genus (Perciformes, Channichthyidae) in the Southern Ocean. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 28:420-429.
- Patten BC, Auble GT, (1981). System theory of the ecological niche. *American Naturalist*, 117:893-922.
- Penitente M, Voltolin TA, Senhorini JA, Bortolozzi J, Foresti F, Porto-Foresti F (2013). Transmission rate variation among three B chromosome variants in the fish *Prochilodus lineatus* (Characiformes, Prochilodontidae). *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 85(4):1371-1377.
- Penitente M, Daniel SN, Scudeler PES, Foresti F, Porto-Foresti F (2016). B chromosome variants in *Prochilodus lineatus* (Characiformes, Prochilodontidae) analyzed by microdissection and chromosome painting techniques. *Caryologia*, 69(2):181-186.

- Perdices A, Cunha C, Coelho M (2004). Phylogenetic structure of *Zacco platypus* (Teleostei, Cyprinidae) populations on the upper and middle Chang Jiang (=Yangtze) drainage inferred from cytochrome b sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31:192-203.
- Pereira LHG, Foresti F, Oliveira C (2009). Genetic structure of the migratory catfish *Pseudoplatystoma corruscans* (Siluriformes: Pimelodidae) suggests homing behaviour. *Ecology of Freshwater Fish*, 18:215-225.
- Perfectti F, Werren JH (2001). The interspecific origin of B chromosomes: experimental evidence. *Evolution*, 55:1069-1073.
- Pereira SL (2000). Mitochondrial genome organization and vertebrate phylogenetics. *Genetic and Molecular Biology*, 23:745-752.
- Peres WAM, Buckup PA, Kantek DLZ, Bertollo LAC, Moreira-Filho O (2009). Chromosomal evidence of downstream dispersal of *Astyanax fasciatus* (Characiformes, Characidae) associated with river shed interconnection. *Genetica*, 137(3):305.
- Peterson AT, Papes M, Reynolds MG, Perry ND, Hanson B, Regnery RL, Hutson CL, Muizniek B, Damon IK, Carroll DS (2006). Native-range ecology and invasive potential of *Cricetomys* in North America. *Journal of Mammalogy*, 87:427-432.
- Petri S e Fulfaro VJ (1983). *Geologia do Brasil*. Edusp, São Paulo.
- Pickles RSA, Groombridge JJ, Rojas VZ, Van Damme P, Gottelli D, Kundu S, Jordan WC (2011). Evolutionary history and identification of conservation units in the giant otter, *Pteronura brasiliensis*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61(3):616-627.

- Pie, MR, Baggio R, Boeger W, Patella L, Ostrensky A, Vitule J, Abilhoa V (2009). Molecular data reveal a diverse *Astyanax* species complex in the upper Iguazu river. *Journal of Fish Biology*, 75:2357-2362.
- Pinkel D, Straume T, Gray JW (1986). Cytogenetic analysis using quantitative, high-sensitivity, fluorescence hybridization. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 83:2934-2938.
- Piva LH, Siqueira-Silva DH, Goes CAG, Fujimoto T, Saito T, Dragone LV, Senhorini JA, Porto-Foresti F, Ferraz JBS, Yasui GS (2018). Triploid or hybrid tetra: Which is the ideal sterile host for surrogate technology? *Theriogenology*, 108:239-244.
- Plohl M, Luchetti A, Mestrovic N, Mantovani B (2008). Satellite DNAs between selfishness and functionality: structure, genomics and evolution of tandem repeats in centromeric (hetero) chromatin. *Gene*, 409:72-82.
- Pohler W, Schlegel R (1990). A rye plant with frequent A-B chromosome pairing. *Hereditas*, 112:217-220.
- Poesch MS, Chavarie L, Chu C, Pandit SN, Tonn W (2016). Climate change impacts on freshwater fishes: a Canadian perspective. *Fisheries*, 41(7):385-391.
- Polasky S, Solow AR (2001). The value of information in reserve site selection. *Biodiversity and Conservation*, 10:1051-1058.
- Porto-Foresti F, Oliveira C, Maistro EL, Foresti F (1997). Estimated frequency of B-chromosomes and population density of *Astyanax scabripinnis paranae* in a small stream. *Revista Brasileira de Genética*, 20:377-380.
- Prado FD, Daniel SN, Penitente M, Hashimoto DT, Foresti F, Porto-Foresti F (2016). First description of supernumerary chromosomes in *Ictalurus punctatus* Rafinesque 1818 reveals active ribosomal genes in the B complement. *Folia Biologica*, 64(4):245-252.

- Prioli AJ, Carlo VA, Soria TV, Prioli SMAP, Pavanelli CS, Prioli RA, Gomes VN, Júlio Jr. HF, Prioli LM (2012). Mitochondrial D-loop nucleotide diversity in *Astyanax* (Osteichthyes, Characidae) from the upper Paraná and upper Paraguay River basins. *Genetics and Molecular Research*, 11(2):1064-1074.
- Prioli SM, Prioli AJ, Júlio Jr HF, Pavanelli CS, Oliveira AVD, Carrer H, Prioli LM (2002). Identification of *Astyanax altiparanae* (Teleostei, Characidae) in the Iguaçu River, Brazil, based on mitochondrial DNA and RAPD markers. *Genetic and Molecular Biology*, 25(4):421-430.
- Raemaekers T, Ribbeck K, Beaudouin J, Annaert W, Van Camp M, Stockmans I, Smets N, Bouillon R, Ellenberg J, Carmeliet G (2003). NuSAP, a novel microtubule-associated protein involved in mitotic spindle organization. *The Journal of Cell Biology*, 162(6):1017-1029.
- Reis RE, Kullander SO, Ferraris C (2003). *Check list of freshwater fishes of South and Central America*. Porto Alegre: Edipucrs, p. 742.
- Reis KV, Venere PC, Sampaio I, Rêgo PS, Vallinoto M, Souza IL (2015). Downstairs gene flow: the effects of a linear sequence of waterfalls on the only population of the endangered minnow *Astyanax xavante*. *Journal of Fish Biology*, 87(3):754-762.
- Reeves RG, Bermingham E (2006). Colonization, population expansion, and lineage turnover: phylogeography of Mesoamerican characiform fish. *Biological Journal of the Linnean Society*, 88(2):35-255.
- Ribeiro AC (2006). Tectonic history and the biogeography of the freshwater fishes from the coastal drainages of eastern Brazil: an example of fauna evolution associated with a divergent continental margin. *Neotropical Ichthyology*, 4:225-246.

- Robles F, de La Herrán R, Ludwig A, Rejón CR, Rejón MR, Garrido-Ramos MA (2004). Evolution of ancient satellite DNAs in sturgeon genomes. *Gene*, 338(1):133-142.
- Rozas J, Sánchez-DelBarrio JC, Messeguer X, Rozas R (2003). DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19:2496-2497.
- Rossini BC, Oliveira CAM, Melo FAG, Bertaco VA, Astarloa JMD, Rosso JJ, Foresti F, Oliveira C (2016). Highlighting *Astyanax* Species Diversity through DNA Barcoding. *PLoS One*, 11(12):e0167203.
- Rousset F (1997). Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics under isolation by distance. *Genetics*, 145:1219-1228.
- Ruban A, Schmutzer T, Scholz U, Houben A (2017). How Next-Generation sequencing has aided our understanding of the sequence composition and origin of B chromosomes. *Genes*, 8(11):294.
- Ruíz-Estévez M, Lopez-Leon MD, Cabrero J, Camacho JPM (2012). B-chromosome ribosomal DNA is functional in the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *PLoS One*, 7(5):e36600.
- Ruíz-Estévez M, López-León MD, Cabrero J, Camacho JPM (2013). Ribosomal DNA is active in different B chromosome variants of the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *Genetica*, 141(7-9):337-345.
- Ruíz-Estévez M, Badisco L, Broeck JV, Perfectti F, López-León MD, Cabrero J, Camacho JPM (2014). B chromosomes showing active ribosomal RNA genes contribute insignificant amounts of rRNA in the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *Molecular Genetics and Genomics*, 289(6):1209-1216.

- Ruiz-Ruano FJ, López-León MD, Cabrero J, Camacho JPM (2016). High-throughput analysis of the satellitome illuminates satellite DNA evolution. *Scientific Reports*, 6: 28333.
- Ruiz-Ruano FJ, Cabrero J, López-León MD, Camacho JPM (2016b). Satellite DNA content illuminates the ancestry of a supernumerary (B) chromosome. *Chromosoma*, 126(4):487-500.
- Ruzzante DE, Walde SJ, Gosse JC, Cussac VE, Habit E, Zemplak TS, Adams ED (2008). Climate control on ancestral population dynamics: insight from Patagonian fish phylogeography. *Molecular Ecology*, 17(9):2234-2244.
- Saadi A (1993). Neotectônica da plataforma brasileira: esboço e interpretações preliminares. *Revista Geonomos*, 1:1-15.
- Sala A, Piper F, Hoch G (2010). Physiological mechanisms of drought-induced tree mortality are far from being resolved. *New Phytologist*, 186(2):274-281.
- Salvador LB, Moreira-Filho O (1992). B chromosomes in *Astyanax scabripinnis* (Pisces, Characidae). *Heredity*, 69(1):50-6.
- Santos MDCF, Ruffino ML, Farias IP (2007). High levels of genetic variability and panmixia of the tambaqui *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818) in the main channel of the Amazon River. *Journal of Fish Biology*, 71(sa):33-44.
- Santos LPD, Castro JP, Francisco CMD, Vicari MR, Almeida MCD, Goll LG, Gusso L, Morelli S, Artoni RF (2013). Cytogenetic analysis in the Neotropical fish *Astyanax goyacensis* Eigenmann, 1908 (Characidae, incertae sedis): karyotype description and occurrence of B microchromosomes. *Molecular Cytogenetics*, 6(1):1-10.
- Sarnat EM, Moreau CS (2011). Biogeography and morphological evolution in a Pacific island ant radiation. *Molecular Ecology*, 20(1):114-130.

- Saunders NA (2004). *Quantitative real-time PCR. Real-time PCR: an essential guide*. Horizon Bioscience, Norfolk, United Kingdom, pp. 103-125.
- Schaefer SA (1998). *Conflict and resolution: impact of new taxa on phylogenetic studies of the Neotropical cascudinos (Siluroidei: Loricariidae)*. In: Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes. Edipucrs, Porto Alegre, Brazil, pp. 375-400.
- Schaefer SA, Arroyave J (2010). Rivers as islands: determinants of the distribution of Andean astroblepid catfishes. *Journal of Fish Biology*, 77:2373-2390.
- Schultz JK, Feldheim KA, Gruber SH, Ashley MV, McGovern TM, Bowen BW (2008). Global phylogeography and seascape genetics of the lemon sharks (genus *Negaprion*). *Molecular Ecology*, 17:5336-5348.
- Schedina IM, Hartmann S, Groth D, Schlupp I, Tiedemann R (2014). Comparative analysis of the gonadal transcriptomes of the all-female species *Poecilia formosa* and its maternal ancestor *Poecilia mexicana*. *BMC Research Notes*, 7(1):249.
- Serrano EA, Utsunomia R, Scudeller PS, Oliveira C, Foresti F (2017). Origin of B chromosomes in *Characidium alipioi* (Characiformes, Crenuchidae) and its relationship with supernumerary chromosomes in other *Characidium* species. *Comparative Cytogenetics*, 11(1): 81-95.
- Shadel GS, Clayton DA (1997). Mitochondrial DNA maintenance in vertebrates. *Annual Review of Biochemistry*, 66:409 - 435.
- Shum J (2013). Jerry Blogger: Notepad++ v6. 5.1-Current Version with DIRECT DOWNLOAD link - <https://notepad-plus-plus.org/download/v7.5.4.html>.
- Silva DMZA, Pansonato-Alves JC, Utsunomia R, Daniel SN, Hashimoto DT, Oliveira C, Porto-Foresti F, Foresti F (2013). Chromosomal organization of repetitive DNA sequences in *Astyanax bockmanni* (Teleostei, Characiformes): dispersive location, association and co-localization in the genome. *Genetica*, 141(7-9):329-336.

- Silva, DMZA, Pansonato-Alves JC, Utsunomia R, Araya-Jaime C, Ruiz-Ruano FJ, Daniel SN, Hashimoto DT, Oliveira C, Camacho JPM, Porto-Foresti F, Foresti F (2014). Delimiting the origin of a B chromosome by *FISH* mapping, chromosome painting and DNA sequence analysis in *Astyanax paranae* (Teleostei, Characiformes). PLoS One, 9(4):e94896.
- Silva DM, Utsunomia R, Pansonato-Alves JC, Oliveira C, Foresti F (2015). Chromosomal mapping of repetitive DNA sequences in five species of *Astyanax* (Characiformes, Characidae) reveals independent location of U1 and U2 snRNA sites and association of U1 snRNA and 5S rDNA. Cytogenetic and Genome Research, 146(2):144-152.
- Silva DMZA, Daniel SN, Camacho JPM, Utsunomia R, Ruiz-Ruano FJ, Penitente M, Pansonato-Alves JC, Hashimoto DT, Oliveira C, Porto-Foresti F, Foresti F (2016). Origin of B chromosomes in the genus *Astyanax* (Characiformes, Characidae) and the limits of chromosome painting. Molecular Genetics and Genomics, 291(3):1407-1418.
- Silva DMDA, Utsunomia R, Ruiz-Ruano FJ, Oliveira C, Foresti F (2016b). The complete mitochondrial genome sequence of *Astyanax paranae* (Teleostei: characiformes). Mitochondrial DNA Part B, 1(1):586-587.
- Silva DMZA, Utsunomia R, Ruiz-Ruano FJ, Daniel SN, Porto-Foresti F, Hashimoto DT, Oliveira C, Camacho JPM, Foresti F (2017). High-throughput analysis unveils a highly shared satellite DNA library among three species of fish genus *Astyanax*. Scientific Reports, 7(1):12726.
- Sillero N (2011). What does ecological modelling model? A proposed classification of ecological niche models based on their underlying methods. Ecological Modelling, 222(8):1343-1346.

- Siqueira MF, Durigan G (2007). Modelagem da distribuição geográfica de espécies lenhosas de cerrado no Estado de São Paulo. *Revista Brasileira de Botânica*, 30:239-249.
- Sivasundar A, Bermingham E, Orti G (2001) Population structure and biogeography of migratory freshwater fishes (*Prochilodus*: Characiformes) in major South American rivers. *Molecular Ecology*, 10:407-417.
- Soberón J, Peterson AT, (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species distributional areas. *Biodiversity Informatics*, 2:1-10.
- Sofia SH, Silva CRM, Galindo BA, Almeida FS, Leda MK, Sodr  LMK, Martinez CBR (2008) Population genetic structure of *Astyanax scabripinnis* (Teleostei, Characidae) from an urban stream. *Hydrobiologia*, 553:245-254.
- Suguio K, Bigarella JJ (1990). *Ambientes fluviais*. Universidade Federal de Santa Catarina.
- Sumner AT (1972). A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. *Experimental Cell Research*, 75:304-306.
- Tajima F (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3):585-595.
- Teruel M, Cabrero J, Perfectti F, Camacho JPM (2010). B chromosome ancestry revealed by histone genes in the migratory locust. *Chromosoma*, 119(2):217-225.
- Torres RA, Matoso DA, Artoni RF (2004) Gen tica de peixes neotropicais. *Biologia Molecular de peixes neotropicais. Ci ncias Biol gicas e da Sa de*, 10:27-37.
- Torres-Mariano AR, Morelli S (2008). B chromosomes in a population of *Astyanax eigenmanniorum* (Characiformes, Characidae) from the Araguari River Basin (Uberl ndia, MG, Brazil). *Genetic and Molecular Biology*, 31(1):246-249.

- Tosta VC, Marthe JB, Tavares MG, Fernandes-Salomão TM, Pompolo SG, Recco-Pimentel SM, Perfectti F, Campos LAO, Camacho JPM (2015). Possible introgression of B chromosomes between bee species (genus *Partamona*). *Cytogenetic and Genome Research*, 144(3):220-226.
- Trifonov VA, Dementyeva PV, Larkin DM, O'Brien PC, Perelman PL, Yang F, Graphodatsky AS (2013). Transcription of a protein-coding gene on B chromosomes of the Siberian roe deer (*Capreolus pygargus*). *BMC Biology*, 11(1):1-11.
- Triponez Y, Buerki S, Borer M, Naisbit RE, Rahier M, Alvarez N (2011). Discordances between phylogenetic and morphological patterns in alpine leaf beetles attest to an intricate biogeographic history of lineages in postglacial Europe. *Molecular Ecology*, 20(11):2442-2463.
- Tschá MK, Baggio RA, Marteleto FM, Abilhoa V, Bachmann L, Boeger WA (2017). Sea-level variations have influenced the demographic history of estuarine and freshwater fishes of the coastal plain of Paraná, Brazil. *Journal of Fish Biology*, 90(3):968-979.
- Tsoumani KT, Drosopoulou E, Mavragani-Tsipidou P, Mathiopoulos KD (2013). Molecular characterization and chromosomal distribution of a species-specific transcribed centromeric satellite repeat from the olive fruit fly, *Bactrocera oleae*. *PloS One*, 8:e79393.
- Ugarković D, Plohl M (2002). Variation in satellite DNA profiles-causes and effects. *The EMBO Journal*, 21:5955-5959.
- Ugarković, D (2005). Functional elements residing within satellite DNAs. *Embo Reports*, 6:1035-1039.

- Ursing BM, Arnason U (1998). Analyses of mitochondrial genomes strongly support a hippopotamus-whale clade. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 265:2251-2255.
- Utsunomia R, Silva DMZA, Ruiz-Ruano FJ, Araya-Jaime C, Pansonato-Alves JC, Scacchetti PC, Hashimoto DT, Oliveira C, Trifonov VA, Porto-Foresti F, Camacho JPM, Foresti C (2016). Uncovering the ancestry of B chromosomes in *Moenkhausia sanctaefilomenae* (Teleostei, Characidae). *PloS One*, 11(3):e0150573.
- Utsunomia R, Ruiz-Ruano FJ, Silva DMZA, Serrano EA, Rosa IF, Scudeler PES, Hashimoto DT, Oliveira C, C JPM, Foresti F (2017). A glimpse into the satellite DNA library in Characidae fish (Teleostei, Characiformes). *Frontiers in Genetics*, 8:103.
- Vasconcelos, TS (2014). Tracking climatically suitable areas for an endemic Cerrado snake under climate change. *Natureza & Conservação*, 12(1):47-52.
- Valente GT, Mazzuchelli J, Ferreira IA, Poletto AB, Fantinatti BEA, Martins C (2011). Cytogenetic mapping of the retroelements *Rex1*, *Rex3* and *Rex6* among cichlid fish: New insights on the chromosomal distribution of transposable elements. *Cytogenetic and Genome Research*, 133:34-42.
- Valente GT, Conte MA, Fantinatti BEA, Cabral-de-Mello DC, Carvalho RF, Vicari MR, Kocher TD, Martins C (2014). Origin and evolution of B chromosomes in the cichlid fish *Astatotilapia latifasciata* based on integrated genomic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 31:2061-2072.
- Valente GT, Nakajima RT, Fantinatti BEA, Marques DF, Almeida RO, Simões RP, Martins C (2017). B chromosomes: from cytogenetics to systems biology. *Chromosoma*, 126:73-81.

- Vari RC, Natarajan LA, Whitescarver SA, Jackson BA, Ott CE (1988). Induction, prevention and mechanisms of contrast media-induced acute renal failure. *Kidney International*, 33(3):699-707.
- Vari RP, Weitzman SH (1990). *A review of the phylogenetic biogeography of the freshwater fishes of South America*. In: *Vertebrates in the Tropics*, pp. 381-394.
- Vari RP, Castro RMC (2007). New species of *Astyanax* (Ostariophysi: Characiformes: Characidae) from the Upper Rio Paraná System, Brazil. *Copeia*, 1:150-162.
- Verburg P, Hecky RE, Kling H (2003). Ecological consequences of a century of warming in Lake Tanganyika. *Science*, 301(5632):505-507.
- Vicari MR, Pistune HFM, Castro JP, Almeida MC, Bertollo LAC, Moreira-Filho O, Camacho JPM, Artoni RF (2011). New insights on the origin of B chromosomes in *Astyanax scabripinnis* obtained by chromosome painting and *FISH*. *Genetica*, 139:1073-1081.
- Vicente VE, Moreira-Filho O, Camacho JPM (1996) Sex-ratio distortion associated with the presence of a B chromosome in *Astyanax scabripinnis* (Teleostei, Characidae). *Cytogenetic and Genome Research*, 74(1-2):70-75.
- Vilella FS, Becker FG, Hartz SM, Barbieri G (2004). Relation between environmental variables and aquatic megafauna in a first order stream of the Atlantic Forest, southern Brazil. *Hydrobiologia*, 528:17-30.
- Voltolin TA, Senhorini JA, Oliveira C, Foresti F, Bortolozzi J, Porto-Foresti F (2010). B-chromosome frequency stability in *Prochilodus lineatus* (Characiformes, Prochilodontidae). *Genetica* 138(3):281-284.
- Voltolin TA, Pansonato-Alves JC, Senhorini JA, Foresti F, Camacho JPM, Porto-Foresti F (2013). Common descent of B chromosomes in two species of the fish

- genus *Prochilodus* (Characiformes, Prochilodontidae). Cytogenet. Genome Research, 141(2-3):206-211
- Vozdova M, Kubickova S, Cernohorska H, Fröhlich J, Rubes J (2017). Satellite DNA sequences in Canidae and their chromosome distribution in dog and red fox. Cytogenetic and Genome Research, 150(2):118-127.
- Xia X (2017). DAMBE6: New tools for microbial genomics, phylogenetics and molecular evolution. Journal of Heredity, 108(4):431-437.
- Xia X, Xie Z, Salemi M, Chen L, Wang Y (2003). An index of substitution saturation and its application. Molecular Phylogenetics and Evolution, 26:1-7.
- Xia X, Lemey P (2009). *Assessing substitution saturation with DAMBE*. In: The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny, 2nd Edition, Cambridge University Press, pp. 615-630.
- Weitzman SH, Vari RP (1988). Miniaturization in South American freshwater fishes: an overview and discussion. Proceedings of the Biological Society of Washington, 101(2):444-465.
- Wiens JA, Stralberg D, Jongsomjit D, Howell CA, Snyder MA (2009). Niches, models, and climate change: assessing the assumptions and uncertainties. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 106:19729-19736.
- White MJD (1973) *Animal cytology and evolution*. Cambridge Univ Press, p. 961.
- Woodward G, Perkins DM, Brown LE (2010). Climate change and freshwater ecosystems: impacts across multiple levels of organization. Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences, 365(1549):2093-2106.

- Wolfe KH, Li WH, Sharp PM (1987). Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 84:9054-9058.
- Wright S (1949). The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 15:323-354.
- Wright S (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 395-420.
- Yudkin DV, Trifonov VA, Kukekova AV, Vorobieva NV, Rubtsova NV, Yang F, Acland GM, Ferguson-Smith MA, Graphodatsky AS (2007). Mapping of KIT adjacent sequences on canid autosomes and B chromosomes. *Cytogenetic and Genome Research*, 116(1-2):100-103.
- Yoshida K, Terai Y, Mizoiri S, Aibara M, Nishihara H, Watanabe M, Kuroiwa A, Hirai H, Hirai Y, Matsuda Y, Okada N (2011). B Chromosomes have a functional effect on female sex determination in Lake Victoria cichlid fishes. *PLoS Genetics*, 7:e1002203.
- Zanata AM, Camelier P (2009). *Astyanax vermillion* and *Astyanax burgerai*: new characid fishes (Ostariophysi: Characiformes) from Northeastern Bahia, Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 7(2):175-184.
- Zaniboni, EF (1997). O desenvolvimento da piscicultura brasileira sem a deterioração da qualidade de água. *Revista Brasileira de Biologia*, 57(1):3-9.
- Zimmermann NE, Edwards TC, Graham CH, Pearman PB, Svenning JC (2010). New trends in species distribution modelling. *Ecography*, 33:985–989.
- Zurita S, Cabrero J, López-León MD (1998) Polymorphism regeneration for a neutralized selfish B chromosome. *Evolution*, 52:274-277.