

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO ACADÊMICO DE VITÓRIA
CURSO DE LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

**“Marcadores moleculares para identificação de Muriqui
(*Brachyteles arachnoides*)”**

VITÓRIA DE SANTO ANTÃO / PE

2012

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO ACADÊMICO DE VITÓRIA
CURSO DE LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

**“Marcadores moleculares para identificação de Muriqui
(*Brachyteles arachnoides*)”**

MARIA LUIZA VALÕES CARDOSO

**Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao curso de Graduação em
licenciatura em Ciências Biológicas
como requisito para incremento da
Disciplina Eletiva do Curso de
Licenciatura em ciências Biológicas.**

Orientador:

Prof. Dr. José Eduardo Garcia

VITÓRIA DE SANTO ANTÃO / PE

2012

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO ACADÊMICO DE VITÓRIA
CURSO DE LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

MARIA LUIZA VALÕES CARDOSO

**“Marcadores moleculares para identificação de Muriqui
(*Brachyteles arachnoides*)”**

Banca Examinadora:

Prof. Dr. José Eduardo Garcia (Orientador)

Prof. Dr. Cristiano Aparecido Chagas

Prof. Dr^a Mônica Lúcia Adam

VITÓRIA DE SANTO ANTÃO / PE

2012

Dedico este trabalho aos meus pais, Maria de Fátima Valões Cardoso e João Luiz Monteiro Cardoso pelo incentivo, apoio e amor em todos os momentos da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por ter me dado forças para realizar este trabalho.

Agradeço ao Dr. José Eduardo Garcia por me orientar com muita dedicação e paciência acreditando no meu potencial científico.

Aos meus amigos de Laboratório: Isabel Lima, Paula Braga e Amaro Alexandre por todos os momentos e apoio durante a realização deste trabalho.

Ao Dr. Maurício Talebi Gomes, Coordenador Executivo do Plano Nacional de Ação de Muriquis, pelo apoio ao desenvolvimento do projeto.

Ao Médico Veterinário Rodrigo Hidalgo Friciello Teixeira por ceder as amostras biológicas utilizadas nesse estudo

Agradeço a FACEPE e a PROPESQ pelo financiamento do projeto de pesquisa e pela concessão da bolsa de Iniciação científica, sem as quais seria dificultada a execução do trabalho.

Em especial à minha família que sempre esteve ao meu lado apoiando e acreditando que conseguiria alcançar os objetivos da minha vida.

O presente Trabalho de Conclusão de Curso está no formato do periódico International Journal of Primatology conforme normas em anexo.

LISTA DAS FIGURAS

Figura 1. Eletroferograma evidenciando a digestão do produto de PCR com a enzima de restrição BanI.

Figura 2. Alinhamento múltiplo entre as sequências polimórficas de *Brachyteles arachnoides* apresentando o sítio da enzima de restrição BanI na posição 60, diferenciando-o de espécies domésticas.

Figura 3. Alinhamento múltiplo entre as sequências polimórficas de *Brachyteles arachnoides* apresentando o sítio da enzima de restrição BanI na posição 268, diferenciando-o de espécies da mesma família.

SUMÁRIO

DEDICATÓRIA

AGRADECIMENTOS

LISTA DE FIGURAS

INTRODUÇÃO GERAL9

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....10

ARTIGO.....11

Resumo.....11

Introdução.....12

Materiais e metodos.....13

Resultados.....15

Discussão.....17

Conclusão.....18

Referências Bibliográficas.....18

ANEXO (Normas da revista International Journal of Primatology).....22

INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil, com 8.547.403,5 km² de área, é um dos países que possui a maior riqueza em termos de fauna do planeta, ocupando a primeira posição em número total de espécies (Mittermeier *et al.*, 1992). Dentre os principais fatores de ameaça para a fauna brasileira destaca-se, em primeiro lugar, a perda de habitat causada especialmente pela expansão da fronteira agrícola e das zonas urbanas, além do impacto de grandes empreendimentos de infra-estrutura (hidrelétricas, por exemplo), seguido imediatamente pela caça para subsistência e comércio (Redford, 1992). A caça é proibida no Brasil desde 1967 (Lei nº 5.197/1967). Apesar da proibição, a caça desportiva e com finalidades comerciais ainda continua sendo amplamente praticada em diversas regiões do País, inclusive em reservas como Parques Nacionais e Estaduais (Chiarello, 2000; Chiarello, 1999; Cullen Jr. *et al.*, 2000). Apesar do consenso de que a caça predatória deve ser considerada como um importante fator de diminuição de número e até extinção de espécies na natureza (Cullen Jr. *et al.*, 2000), a literatura disponível sobre a caça e seus efeitos no Brasil ainda é incipiente.

A análise do DNA como uma poderosa ferramenta para a identificação individual passou a ser amplamente utilizada a partir do descobrimento de regiões de DNA repetitivo no genoma humano que são transmitidas segundo as premissas mendelianas (Jeffreys *et al.*, 1985). A publicação do trabalho de Jeffreys *et al.* (1985) é um marco histórico no que diz respeito à aplicação de tecnologias de biologia molecular nas ciências forenses.

Atualmente, o Brasil já possui estrutura laboratorial (ainda que restrita) em análises forenses do DNA. A utilização dessa estrutura e *expertise* técnica, porém, não vêm sendo aplicadas na investigação de crimes contra a fauna pelo simples motivo de não existirem protocolos simples e eficientes de identificação de espécies. Por exemplo, a insuficiente fiscalização da prática da caça de muriquis é determinante para o declínio dessa população, sendo uma das mais ameaçadas da fauna brasileira, que vem sendo tradicionalmente utilizada como alimento por populações circunvizinhas à sua área de ocorrência num prato conhecido como “rabada de mono” (Talebi e Soares, 2005). O desenvolvimento de marcadores moleculares específicos para identificação de muriqui (*Brachyteles arachnoides*)

evitará o contínuo declínio populacional observado nas últimas décadas na área de ocorrência de *B. arachnoides*.

Diante do exposto, o objetivo central dessa proposta foi desenvolver um protocolo de identificação molecular, baseado em sequências de DNA mitocondrial, para Muriqui (*Brachyteles arachnoides*) o maior primata das Américas e um dos primatas mais ameaçados de extinção do mundo.

Os marcadores moleculares para identificação de material biológico de Muriqui irão constituir uma ferramenta passível de ser utilizada por órgãos governamentais (polícia técnica, IBAMA) ou por laboratórios particulares credenciados como prestadores de serviço ao poder público, vindo ao encontro das expectativas governamentais de estímulo e fomento à geração de produtos de inovação tecnológica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Chiarello, A. G. (1999). Effects of fragmentation of the Atlantic forest on mammal communities in south- eastern Brazil. ***Biological Conservation***, 87:71-82.
- Chiarello, A.G. (2000). Influência da caça ilegal sobre mamíferos e aves das matas de tabuleiro do norte do estado do Espírito Santo. ***Bol. Mus. Biol. Mello Leitão***. 11-12:229-247.
- Cullen Jr., L.; Bodmer, R.E.; Valladares-Padua, C. (2000). Effects of hunting in habitat fragments of the Atlantic forest, Brazil. ***Biological Conservation***. 95: 49-56.
- Jeffreys, A.J.; Wilson, V.; Thein, S.L. (1985). Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. ***Nature***. 314, 67-73
- Mittermeier, R.A.; Werner, T.; Ayres, J.M.; Fonseca, G.A.B. (1992). O País da megadiversidade. ***Ciência Hoje***. (14): p. 20-27, 81.
- Redford, K.H. (1992). The empty forest. ***BioScience***, 42(6): p. 412-422.
- Talebi, M. e Soares, P. 2005. Conservations research on the southern muriqui (*Brachyteles arachnoides*) in São Paulo State, Brazil. *Neotropical Primates*, 13, 53-59.

ARTIGO CIENTÍFICO

Um método rápido e simples para a identificação molecular do Muriqui como revelado pela técnica de PCR/RFLPs (16S): Uma contribuição para inibição da caça ilegal

Cardoso, M.L.V.¹; Ferreira, P.B.¹; Torres, R.A.²; Gomes, M.T.³; Teixeira, R.H.F.⁴; Duarte, J.M.B.⁵; Garcia, J.E.¹.

1. Núcleo de Biologia, Centro Acadêmico de Vitória – UFPE, Vitória de Santo Antão
2. Laboratório de Genômica Evolutiva e Ambiental – Depto de Zoologia, Centro de Ciências Biológicas – UFPE, Recife
3. Departamento de Ciências Biológicas – UNIFESP/Diadema
4. Parque Zoológico Municipal Quinzinho de Barros – Sorocaba/SP
5. Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP – Jaboticabal

RESUMO: O maior primata neotropical endêmico da mata atlântica, o muriqui (*Brachyteles arachnoides*), está listado como uma das espécies mais ameaçadas de extinção do mundo devido à perda de habitat e a forte pressão da caça. Apesar da caça predatória ser proibida, ela é fator de redução populacional em diversas espécies silvestres. Uma das principais dificuldades para redução desta prática é a inexistência de ferramentas cientificamente comprovadas que possam ser utilizadas para comprovação do ato da caça. Aqui nós descrevemos um método molecular baseado em mutações de nucleotídeos no gene mitocondrial 16S do muriqui capaz de diferenciá-lo de espécies domésticas comumente utilizadas como fontes de alimento no Brasil. Foram recuperadas no *GenBank* uma sequência parcial do gene mitocondrial 16S do muriqui, sequências de quatro espécies da mesma família e sequências completas dos animais domésticos em estudo (*Bos indicus*, *Sus scrofa*, *Capra hircus* e *Ovis aries*). Tais sequências foram analisadas pelos pacotes computacionais *Sequencher* 4.9 (Gene Codes) e *BioEdit* 6.0.7 para que fossem eliminadas as sequências redundantes e detectados os polimorfismos. A partir de análises *in silico* das sequências, selecionamos um par de *primers* universais que amplificam um fragmento de tamanho padrão de aproximadamente 523pb para todas as espécies estudadas. O amplicon contém o sítio de restrição da enzima *BanI* para o muriqui gerando fragmentos específicos, permitindo a identificação da espécie. A metodologia aqui proposta constitui uma ferramenta que fornecerá apoio a órgãos de fiscalização do comércio ilegal de carnes de animais silvestres, sendo também útil para estudos ecológicos e para identificação dos hábitos alimentares de predadores.

Palavras-chave: Caça predatória; espécies ameaçadas; gene 16S; muriqui

Introdução

O miqui do sul (*Brachyteles arachnoides*, E. GEOFFROY 1806) é o maior primata do novo mundo. Endêmico no sudeste da floresta atlântica do Brasil, distribuído nos estados do Paraná, Rio de Janeiro e São Paulo (Melo e Dias 2005; Fagundes et al. 2008) esta espécie encontra-se classificada na lista vermelha da IUCN como ameaçada (IUCN, 2008). As maiores causas da perda populacional da espécie são a destruição de florestas e a caça predatória (Aguirre 1971; Mittermeier et al. 1987; Lane 1990; Mendes et al. 2005). A caça de animais selvagens vem sendo, a muitos anos, uma atividade desenvolvida em escalas regionais, nacionais e internacionais, sendo uma atividade atraente aos criminosos por ser considerada muito rentável e menos vulnerável que a comercialização de drogas e armas, pois a punição para este tipo de crime não costuma ser tão rigorosa. A sensação de impunidade associada à alta demanda por produtos da fauna contribuem fortemente para o aumento da super exploração de populações, o que pode causar o declínio acentuado de muitas espécies podendo levar a extinções locais ou global (Eaton et al. 2009; Alacs et al. 2009).

Ainda que existam leis e tratados que regem o comércio de animais selvagens, como a Convenção sobre o Comércio Internacional de Espécies Ameaçadas (CITES), tais leis deixam de ser eficientes para a coibição da caça quando a identificação de amostras de produtos ilegais, tais como peles e carne processada, torna-se difícil através de técnicas morfológicas. Dessa forma, a aplicação de métodos precisos e eficientes para a identificação exata de partes dos animais selvagens e no controle do tráfico de espécies deve existir, aumentando o controle sobre o crescente comércio ilegal de fauna (Eaton et al. 2009; Malisa et al. 2006).

A tecnologia molecular fornece uma alternativa para resolver este problema, por meio da análise de sequências de DNA depositadas em bancos de dados e utilizando determinadas regiões gênicas, é possível identificar material biológico de qualquer espécie animal (Eaton et al. 2009; Malisa et al. 2006; Ratnasingham e Hebert 2007; Ross et al. 2003). Os métodos mais comumente utilizados para identificar amostras biológicas desconhecidas são baseadas nas sequências de genes do DNA mitocondrial, tais como *citocromo b*, *citocromo oxidase I*, *12S rRNA*, *16S rRNA* e a *região D-loop* (Balitzki-Korte et al. 2005; Dalebout et al. 2004; Hsieh et

al. 2001; Prakash et al. 2000; Ronn et al. 2009). Marcadores moleculares baseados em polimorfismos de um único nucleotídeo (SNPs) são confiáveis, sensíveis e de baixo custo metodológico, sendo úteis em aplicações de taxonomia molecular para a genética forense (González et al. 2008; Morin et al. 2004). Hebert et al. (2003) descrevem um sistema global para identificação de espécies baseada em sequências do gene mitocondrial *Citocromo Oxidase I* (COI) e propuseram que a identificação de amostras biológicas desconhecidas pode ser possível a partir da comparação de sequências nucleotídicas obtidas das amostras com outras previamente depositadas em bancos de dados. Esse sistema foi denominado DNA “barcodes”.

O presente estudo teve como objetivo desenvolver uma ferramenta molecular para identificação de material biológico do Muriqui (*Brachyteles arachnoides*). O desenvolvimento destas ferramentas poderá dar suporte a órgãos de fiscalização da caça predatória, uma vez que tornou possível a deparação inequívoca de material biológico da espécie ameaçada daqueles de espécies cujo consumo é permitido.

Matérias e Métodos

Amplificação por PCR e Sequenciamento de nucleotídeos

O DNA foi isolado de seis amostras de sangue de *B. arachnoides* e de dez amostras de músculo das espécies domésticas (*Bos indicus*, *Capra hircus*, *Sus scrofa* e *Ovis aries*), seguindo o protocolo do fabricante do kit de extração de DNA Qiagen DNeasy Blood & Tissue kit (Qiagen Inc.). As seis amostras de muriqui foram obtidas através de parceria com o Parque Zoológico Municipal Quinzinho de Barros/Zoológico de Sorocaba (SP – Brasil). As amostras de animais domésticos foram provenientes do Mercado Público (Olinda – PE) e do Departamento de Medicina Veterinária da Universidade Federal Rural de Pernambuco (Brasil – PE). As amostras de DNA foram quantificadas em gel de agarose 1% e coradas com Gel Red (Biotium, Hayward, CA, USA). Para a amplificação do fragmento do gene 16S do mtDNA, o DNA total foi submetido à reação em cadeia da polimerase (PCR) usando um par de primers universais 16Sar-L (5'-CGCCTGTTTTCAAAAACAT-3') e 16Sbr-H (5'-CCGTCTGAACTCAGATCACGT-3') (Palumbi et al. 1991). A reação de

amplificação foi padronizada com 3,0 mM de MgCl₂, 1 mM de cada dNTP, 1 mM de cada primer, 20 ng de DNA e 0.5U de Taq DNA Polimerase (LGC). O perfil de amplificação começa com uma desnaturação inicial a 95°C por 60s seguido por 27 ciclos (93°C por 45s, 60°C por 60s e 72°C por 90s), e uma extensão final de 72°C por 10min.

Os produtos de PCR obtidos a partir de amostras de *B. arachnoides* foram purificados com o auxílio do QIAquick PCR Purifications Kit, seguindo instruções do fabricante. Os produtos purificados foram submetidos ao sequenciamento automático de DNA ABI 3100, com utilização do BigDye Terminator Kit (Applied Biosystems) na empresa MAGROGEN a fim de comprovar as variações polimórficas e o sítio da enzima de restrição BanI nas sequências de muriqui (*B. arachnoides*).

Banco de Dados

Inicialmente foi construído um banco de dados de sequências de DNA a partir de bancos públicos de sequências. Uma sequência parcial do gene mitocondrial 16S de *Brachyteles arachnoides*, uma sequência de cada espécie da mesma família (*Ateles belzebuth*, *Ateles geoffroyi*, *Ateles sp* e *Lagothrix lagotricha*) juntamente com sequências completas de quatro espécies domésticas (*Bos indicus*, *Capra hircus*, *Sus scrofa* e *Ovis aries*), foram obtidas no banco público de sequências *GenBank*, hospedada no portal eletrônico do *National Center of Biotechnology Information* (NCBI) dos Estados Unidos (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Estas sequências foram recuperadas em formato FASTA e armazenadas em arquivos texto (txt). As sequências de animais domésticos foram utilizadas como referências nas análises.

A identificação do posicionamento da sequência parcial de *B. arachnoides*, em relação às sequências de espécies da mesma família e das espécies domésticas, foi realizada por meio do pacote computacional *Sequencher 4.9* (Gene Codes). As sequências de cada uma das espécies foram alinhadas utilizando-se *Clustal W* (BioEdit 6.0.7) (Hall 1999). Por meio desses alinhamentos foram retiradas as sequências redundantes, diminuindo assim o volume de dados a ser analisado. Polimorfismos de um único nucleotídeo e sítios de enzimas de restrição em cada uma das espécies foram identificados com o programa *CLEAVER* (Jarman 2006).

Reação de Restrição

Os fragmentos amplificados foram submetidos à reação de digestão com 2U de BanI seguindo o protocolo do fabricante. A identificação das espécies foi realizada por meio da análise do perfil dos fragmentos gerados em eletroforese em gel de agarose 2% corado com Gel Red.

Resultados

O banco de dados foi constituído por uma sequência parcial de *B. arachnoides* (DQ078115.1) de 523pb, por sequências de quatro espécies da mesma família (FJ785422.1, AB116026.1, U39011.1, U39005.1) juntamente com 28 sequências completas dos animais domésticos, onde apenas quatorze foram polimórficas (AF492351.1, AF492350.1, NC_001941.1, NC_005044.1, GU229281.1, GU229280.1, GU229279.1, AF034253.1, AY334492.2, DQ334861.1, DQ274110.1, DQ207753.1, AY574047.1, AY574048.1). Sequências completas de cada espécie doméstica foram cortadas com a finalidade de se obter fragmentos homólogos todos de mesmo tamanho (523pb). Com a formação da sequência consenso, foi possível detectar quais eram e onde estavam as bases conservadas, assim como os sítios de polimorfismos.

A reação de PCR utilizando um par de primers universais gerou fragmentos de aproximadamente 523pb para todas as espécies domésticas. Em *B. arachnoides*, o fragmento de 523pb apresenta uma transição T/C na posição 60, o que cria um sítio de restrição para a enzima BanI. A digestão com a enzima fornece um padrão eletroforético de duas bandas. Na posição 60, (Fig. 2) o sítio de restrição diferencia a espécie em questão das espécies domésticas comumente utilizadas como fonte de alimento, na posição 268 é possível diferenciar a espécie *B. arachnoides* de espécies da mesma família pela substituição de (T/C) (Fig. 3). Os produtos digeridos produziram fragmentos de 55+204+264pb em gel de agarose 2% em todas as amostras de *B. arachnoides* (Fig. 1).

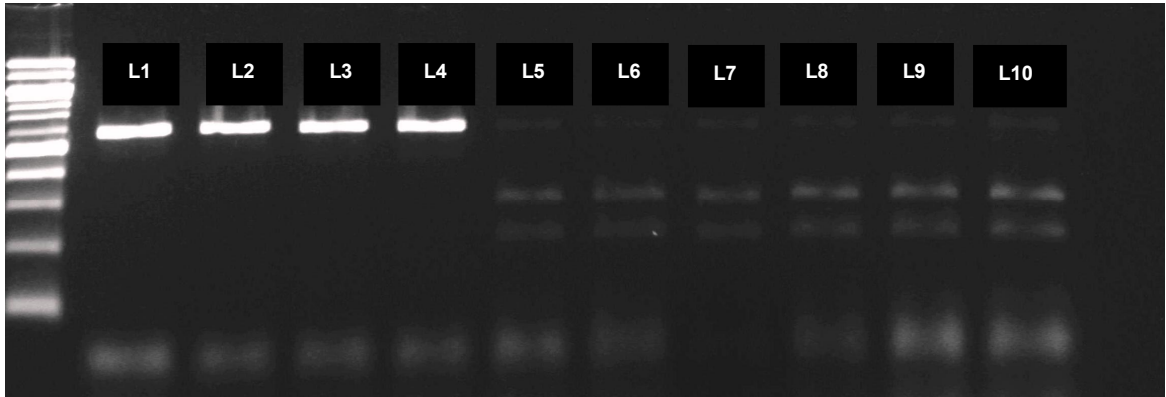


Figura 1. Gel de eletroforese usando DNA ladder 100pb, perfil do gene 16S PCR / RFLP para quatro espécies domésticas (L1-L4) e para *Brachyteles arachnoides* (L5-L10). L1- L4 são respectivamente *Bos indicus*, *Capra hircus*, *Sus scrofa* e *Ovis aries*, respectivamente (~523 bp); L5-L10 = *B. arachnoides* digerido com a enzima BanI (55+264+204 bp).

O alinhamento realizado entre as três sequências de *B. arachnoides* obtidas pelo sequenciamento (mu03, mu04, mu06) com as sequências do banco de dados comprovam a existência de mutações criando o sítio de restrição para a enzima BanI (Fig. 2 e 3).

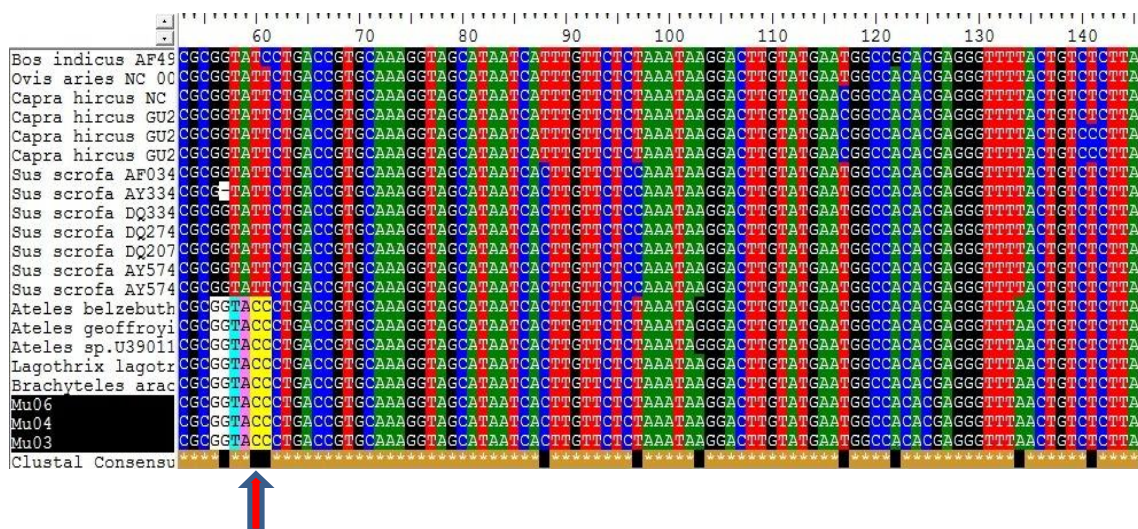


Figura 2. Alinhamento múltiplo entre a sequência polimórfica de *Brachyteles arachnoides* (523pb), apresentando o sítio da enzima de restrição BanI na posição 60, diferenciando *B. arachnoides* de animais domésticos.

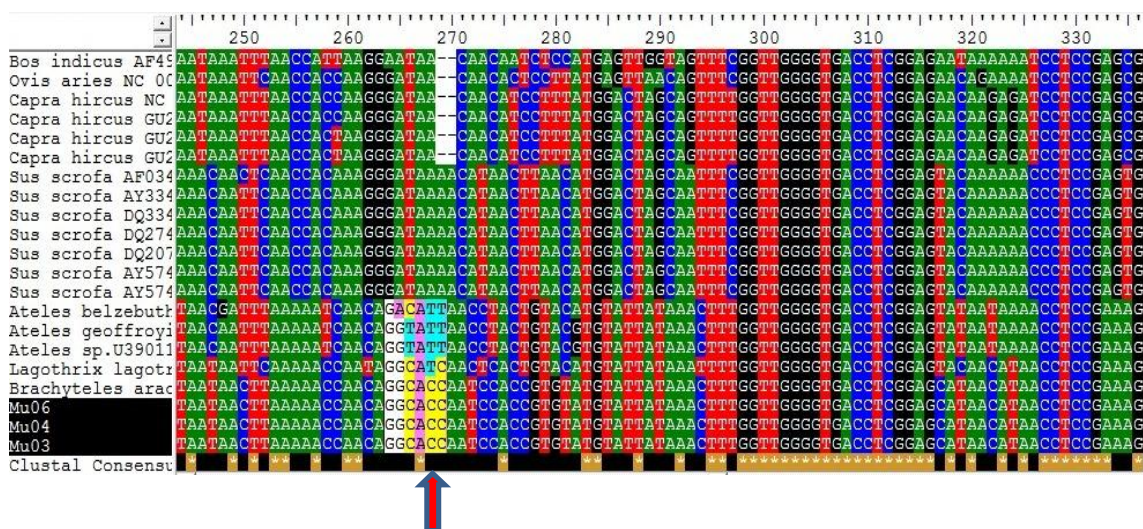


Figura 3. Alinhamento múltiplo entre a sequência polimórfica de *Brachyteles arachnoides* (523pb), apresentando o sítio da enzima de restrição *BanI* na posição 268, diferenciando *B. arachnoides* de espécies da mesma família.

Discussão

Este estudo é resultado de análises de fragmentos do DNA mitocondrial onde descrevemos um protocolo simples e confiável para a identificação de materiais biológicos de miqui (*B. arachnoides*) e sua diferenciação de amostras de quatro animais domésticos comumente usados como fonte de alimento no Brasil (*Bos indicus*, *Capra hircus*, *Sus scrofa*, e *Ovis aries*).

A identificação de amostras biológicas de miqui (*B. arachnoides*) é necessária para sua conservação, pois esta espécie é uma das mais ameaçadas da fauna brasileira e a carne deste animal vem sendo tradicionalmente utilizada como alimento por populações circunvizinhas à sua área de ocorrência num prato conhecido como “rabada de mono”.

A utilização do DNA mitocondrial (DNAm) ao longo das últimas três décadas como o marcador genético mais popular para a identificação de espécies é muitas vezes favorecido, por ser facilmente usado em amostras altamente processadas e com DNA degradado. Isso acontece porque as mitocôndrias estão presentes em múltiplas cópias por célula em relação a uma cópia do DNA nuclear (nDNA) de cada pai (Galtier et al. 2009; Randi 2000). Existem outros fatores biológicos que devem torná-lo um marcador molecular, tais como herança materna, alta taxa de mutação

de alguns genes e a ausência de recombinação (Rubinoff 2006). Essa atribuição molecular pode ainda alcançar a origem geográfica de produtos biológicos comumente comercializados, uma tarefa quase impossível utilizando apenas características morfológicas (Alacs et al. 2009).

A região 16S do DNA mitocondrial contém variações nucleotídicas que favorecem sua utilização em ensaios de digestão de produtos de PCR com enzimas de restrição (PCR/RFLP), muitas vezes com uso de primers universais.

A seleção de enzimas de restrição específicas para análise de PCR/RFLP pode assegurar a discriminação entre as espécies e assim diferenciar carne obtidas a partir de animais selvagens versus animais domésticos (Bravi et al. 2004).

Conclusão

O presente estudo demonstrou a existência de SNPs no gene 16S do mtDNA que podem ser utilizados para a identificação de amostras biológicas de muriqui por meio de PCR/RFLP. Assim, foi possível desenvolver um protocolo de identificação molecular dessa espécie capaz, inclusive, de diferenciá-la das espécies domésticas habitualmente utilizadas como alimento no Brasil. Esta ferramenta molecular é passível de ser utilizada por órgãos governamentais para a fiscalização do comércio ilegal de carnes de animais silvestres, sendo útil para estudos ecológicos e para a identificação do hábito alimentar de alegados predadores do muriqui.

Referências bibliográficas

Aguirre, A. C. 1971. *O mono Brachyteles arachnoides (E. Geoffroy)*. Situação Atual da Espécie no Brasil. *Academia Brasileira de Ciências*, Rio de Janeiro. 53pp.

Alacs, E. A., Georges, A., FitzSimmons, N. N., Robertson, J. 2009. DNA detective: a review of molecular approaches to wildlife forensics. *Forensic Sci Med Pathol*, doi: 10.1007/s12024-009-9131-7.

Balitzki, K. B., Anslinger, K., Bartsch, C., Rolf, B. 2005. Species identification by means of pyrosequencing the mitochondrial 12s rRNA gene. *Int J Legal Med*, 119, (5): 291–294. doi: 10.1007/s00414-005-0537-9.

Bravi, C. M., Lirón, J. P., Mirol, P. M., Ripoli, M. V., Peral, G. P., Giovambattista, G. 2004. A simple method for domestic animal identification in Argentina using PCR-RFLP analysis of cytochrome b gene. *Legal Med*, 6, (4): 246–251. doi: 10.1016/j.legalmed.2004.06.003.

Dalebout, M. L., Baker, C. S., Mead, J. G., Cockcroft, V. G., e Yamada, T. K. 2004. A Comprehensive and Validated Molecular Taxonomy of Beaked Whales, Family Ziphiidae. *Journal of Heredity*, 95, (6): 459–473. doi: 10.1093/jhered/esh054.

Eaton, M. J., Meyers, G. L., Kolokotronis, S. O., Leslie, M. S., Martin, A. P., Amato, G. 2009. Barcoding bushmeat: molecular identification of Central African and South American harvested vertebrates. *Conservation Genetics*, doi: 10.1007/s10592-009-9967-0.

Fagundes, V., Paes, M. F., Chaves, P. B., Mendes, S. L., Possamai, C. B., Boubli, J. P., e Strier, K. B. 2008. Genetic structure in two northern muriqui populations (*Brachyteles hypoxanthus*, Primates, Atelidae) as inferred from fecal DNA. *Genetics and Molecular Biology*, 31, (1): 166-171.

Galtier, N., Nabholz, B. S. G. e Hurst, G. D. D. 2009. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology*, 18, 4541-4550. doi: 10.1111/j.1365-294X.2009.04380.x

González, S., Maldonado, J. E., Ortega, J., Talarico, A. C., Batista, B. L., Garcia, J. E. e Duarte, J. M. B. 2008. Identification of the endangered small red brocket deer (*Mazama bororo*) using noninvasive genetic techniques (Mammalia; Cervidae). *Molecular Ecology Resources*, 9, 754–758. doi: 10.1111/j.1755-0998.2008.02390.x

HALL, T. A. 1999. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95–98.

Hebert, N. D. P., Ball, S. C. A., e Waard, R. J. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *The Royal Society*, 270, 313-321. doi: 10.1098/rspb.2002.2218.

Hsieh, H. M., Chiang, H. L., Tsai, L. C., Lai, S. Y., Huang, N. E., Linacre, A., Lee, J. C. 2001. Cytochrome b gene for species identification of the conservation animals. *Forensic Science International*, 122, (1): 7–18.

IUCN (World Conservation Union). 2008. Red list of threatened species. Available online at: <http://www.iucnredlist.org>. [Accessed: 25 Apr 2008].

JARMAN, S. N. 2006. Cleaver: software for identifying taxon specific restriction endonuclease recognition sites. *Bioinformatics*, 22, (17): 2160-2161. doi: 10.1093/bioinformatics/btl330.

Lane, F. 1990. A hunt for “monos” (*Brachyteles arachnoides*) in the foothills of the Serra da Paranapiacaba. *Primate Conserv*, 11, 23 – 25.

Malisa, A. L., Gwakisa, P., Balthazary, S., Wasser, S. K. e Mutayoba, B. M. 2006. The potential of mitochondrial DNA markers and polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism for domestic and wild species identification. *African Journal of Biotechnology*, 5, (18): 1588–1593.

Melo, F. R. e Dias, L. G. 2005. Muriqui populations reported in the literature over the last 40 years. *Neotropical Primates*, 13, 19-24.

Mendes, S. L., Melo, F. R., Boubli, J. P., Dias, L. G., Strier, K. B., Pinto, L. P. S., Fagundes, V., Cosenza, B. e Marco, P. Jr. 2005. Directives for the conservation of the northern muriqui, *Brachyteles hypoxanthus* (Primates, Atelidae). *Neotropical Primates*, 13, 7-18.

Mittermeier, R. A., Valle, C. M. C., Alves, M. C., Santos, I. B., Pinto, C. A. M., Strier, K. B., Young, A. L., Veado, E. M., Constable, I. D., Paccagnella, S. G. e Lemos, S. R. M. 1987. Current distribution of the muriqui in the Atlantic Forest region of Eastern Brazil. *Primate Conser*, 8, 143 – 149.

Morin, P. A., Luikart, G., Wayne, R. K. e the SNP workshop group. 2004. SNPs in ecology, evolution and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 19, (4): 208-216.

Palumbi, S. R., Martin, A., Romano, S., McMillan, W. O., Stice, L. e Grabowski, G. 1991. The simple fool's guide to PCR. Univ. of Hawaii Press, Honolulu.

Prakash, S., Patole, M.S., Ghumatkar, S. V., Nandode, S. V., Yogesh, S. K., Schouche, Y. S. 2000. Mitochondrial 12s rRNA sequence analysis in wildlife forensics. *Curr Biol*, 78, 1239–1241.

Randi E. Mitochondrial DNA. In: Baker AJ, editor. Molecular methods in ecology. Malden: Blackwell Science; 2000.

Ratnasingham, S. e Hebert, P. D. N. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System. *Molecular Ecology Notes*, 7, 355–364. doi: 10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x

Rönn, A. C., Andrés, O., Giráldez, F. L., Glans, C. J., Verschoor, E. J., Roura, X. D., Bruford, M. W., Syvänen, A. C., Basch, M. 2009. First generation microarray-system for identification of primate species subject to bushmeat trade. *Endangered Species Research*, doi: 10.3354/esr00191.

Ross, H. A., Lento, G. M., Dalebout, M. L., et al. 2003. DNA surveillance: web-based molecular identification of whales, dolphins, and porpoises. *Journal of Heredity*, 94, (2): 111–114. doi: 10.1093/jhered/esg027.

Rubinoff, D. 2006. Utility of mitochondrial DNA barcodes in species conservation. *Conserv. Biol*, 20, (4): 1026-1033. doi: 10.1111/j.1523-1739.2006.00372.x

ANEXO

(Normas da Revista International Journal of Primatology)

Submissão do manuscrito

A submissão de um manuscrito implica que: O trabalho descrito não foi publicado anteriormente; que não está sob consideração para publicação em qualquer outro lugar, que sua publicação foi aprovada por todos co-autores, se houver, bem como pelas autoridades responsáveis -tácitas ou explicitamente- no instituto onde o trabalho foi realizado.

Permissões

Autores que desejem incluir figuras, tabelas ou trechos de textos que tenham foram publicados em outros locais, deverão obter permissão do proprietário dos direitos autorais para impressão e também no formato online, e incluir provas de que tal autorização tenha sido concedida ao apresentar seus trabalhos. Toda material recebido sem essa prova vai ser caracterizado como originária dos autores.

Submissão online

Os autores devem submeter seus manuscritos online. A submissão online reduz substancialmente o tempo editorial e reduz o tempo para a publicação em geral. Por favor siga o link “envie online” á direita e faça o upload de todos os seus arquivos de seu manuscrito, seguindo as informações dadas na tela.

Tamanho do manuscrito

Um artigo de pesquisa não deve exceder o tamanho de 35 páginas no total, incluindo páginas de título, resumo, texto, agradecimentos, referências, tabelas, legendas de figuras e números. Um artigo de revisão não pode exceder 45 páginas no total. Para artigos maiores, por favor contacte o editor chefe antes da submissão.

Carta de apresentação

Todos os manuscritos devem ser acompanhados de uma carta formal que confirmam expressamente o seguinte:

- O trabalho descrito não foi publicado anteriormente (exceto na forma de um resumo ou como parte de uma palestra publicada ou tese acadêmica) e que não está sob consideração para publicação por outra.
- Que todos os autores reconhecem a sua participação na condução da investigação conducente ao manuscrito, que todos concordam com a sua apresentação a ser considerado para a publicação pelo Jornal Internacional de Primatologia, e que todos acordaram a versão final.
- O manuscrito é aprovado tácita ou explicitamente pelas autoridades responsáveis, onde o trabalho foi realizado.

Árbitros potenciais

Os autores podem sugerir até 4 árbitros potenciais, com suas filiações e endereços de correio eletrônico, com o conhecimento que eles podem ou não serem convidados para revisar o manuscrito.

Estilo Manuscrito

Estilo e Formato

Os manuscritos deverão ser submetidos no Word. Salve seu arquivo no formato docx (Word 2007 ou versões mais recentes) ou no formato doc (em versões mais antigas que o Word 2007).

Use os números de linha e número de páginas consecutivamente. Não use notas de rodapé. O texto deve ser em fonte 12 e espaçamento duplo.

Não usar funções de campo.

Use tabulações ou outros comandos para travessão, e não a barra de espaços.

Use a função de tabelas para fazer tabelas, não de planilhas.

Use o editor de equações ou math type para fazer equações.

As abreviações devem ser definidas na primeira menção e ser usada da mesma forma posteriormente.

O texto deve ser claro, legível e conciso. Os manuscritos devem ser bem apresentados, com a ortografia correta, gramática e pontuação. Você não deve esperar revisores e editores para fazer as correções para o Inglês. Os autores que são falantes nativos de inglês devem assumir a responsabilidade de verificar a apresentação de erros. Autores cuja primeira língua não é o Inglês deve perguntar a

um falante nativo Inglês para verificar o uso de Inglês antes da apresentação e confirmar isso nas notas para o Editor. Se o Inglês não é satisfatório, o manuscrito será devolvido para correção, sem revisão.

Considere sempre o seu leitor. Certifique-se que a ordem e o fluxo de suas ideias é lógica, e seguem a mesma ordem ao longo, ou seja, na Introdução, Métodos, Resultados e Discussão. Leia o seu manuscrito com cuidado antes da submissão.

Evite começar frases com "Autor (ano) encontrou ...". Isso geralmente é melhor formulado como "A descoberta de que você deseja destacar (autor, ano)."

Use a voz ativa em tudo, ou seja, empregar eu / nós relacionando o que você fez, observou, etc. Cada frase deve ter um tema explícito, se você fosse o ator, eu ou nós, como apropriado para o número de atores.

Evite instruções intercaladas aos leitores, ou seja, evite embutidos, tais como fragmentos (ver Darwin, 1859 para uma discussão mais completa sobre a origem das espécies). A citação (Darwin, 1959) é suficiente para orientar o leitor para uma melhor fonte de informação sobre um tópico.

Consulte as figuras e tabelas por número no texto e indicar a sua posição aproximada. Não escrever "As estatísticas são apresentadas na Tabela 1", em vez disso simplesmente citar-los, isto é, (Figura 2) ou (Tabela 3).

Não use mais de três níveis de títulos.

Por favor, consultar um ou mais dos seguintes:

- a. Artigos de comprimento semelhantes e tópicos em uma edição recente da revista *International Journal of Primatology*
- b. Planejamento, propondo e apresenta a ciência de forma eficaz (por Jack P. Hailman e B. Karen Strier, Cambridge University Press, 1997)
- c. Estilo Científico e Formato. O Conselho de Editores manual de Biologia para autores, editores e editoras (Cambridge University Press).

Taxonomia

Para da o nome latino para uma espécie pela primeira vez, você deve usar o nome comum (de qualquer espécie). A partir daí o uso consiste do nome latino ou comum. A taxonomia deve ser publicada com fontes e incluir uma lógica onde ela pode ser contestada. Não use as regras de Lineu adjetivamente, por exemplo, escreva "habitats de *Pan paniscus*, e não habitats *paniscus Pan*".

Não abrevie o táxon exceto dentro de uma frase em que você já tenha escrito o mesmo táxon. Por exemplo, *Pan troglodytes* e *P. paniscus* vivem na África, é aceitável, mas *P. troglodytes* e *P. paniscus* vivem na África não é aceitável.

Geologia

A União Internacional das Ciências Geológicas recentemente mudou o limite Plioceno-Pleistoceno 1,8-2,6 Ma, mas não há oposição entre muitos investigadores que trabalham no final Cenozóico. Nós não endossamos nem a antiga ou a nova definição, mas pergunte para autores que utilizam os termos do Pleistoceno Plioceno e declare em sua introdução qual das duas opções atuais que usam, citando a referência relevante. O reconhecimento do Neógeno e Quaternário ficam a critério do autor.

Folha de rosto

A folha de rosto deverá incluir:

- Os nomes dos autores
- Um título conciso e informativo
- Filiação e endereço dos autores
- Endereços de email, telefone, fax e email do autor correspondente.

Resumo

O resumo deve constituir um único parágrafo de, no máximo 250 palavras sem referencia ao texto. Não usar siglas ou abreviaturas complexas. O resumo deve resumir o trabalho todo, incluindo o contexto geral, o seu objetivo, uma descrição concisa dos métodos, uma descrição clara dos resultados mais importantes, e uma breve apresentação das conclusões, incluindo as conclusões gerais de Primatologia, nessa ordem. Evite afirmações vagas, tais como: "Nós discutimos as implicações dos nossos resultados" em vez disso faça um breve resumo dessa discussão. O resumo não deve conter abreviaturas ou termos sem explicação. Não deve normalmente conter referências, mas se isso acontecer, então estas devem ser incluídas na íntegra. Verifique que todas as informações no resumo realmente aparecem no texto do paper.

Palavras chaves

Fornecer 4 a 6 palavras-chave que podem ser utilizados para fins de indexação.

Introdução

A Introdução deve colocar o seu estudo no contexto. Deve começar em geral, com o contexto geral de seu estudo, e concentrar-se para baixo, para a questão específica que você quer abordar. Normalmente não é apropriado começar com nomes de espécies em estudo. Comece com um breve resumo do entendimento atual da questão que você quer abordar. Evite listar artigos, mas não fornecendo informações sobre seu conteúdo. Cite comentários se for o caso, em vez de longas listas de artigos.

Revisar a literatura que relata pesquisa anterior sobre o assunto, destacando por que é uma questão de suma importância e o que não é ainda conhecido. Em seguida, introduza o seu modelo de sistema (por exemplo, a espécie de seus estudos), e descrever por que é uma escolha particularmente adequada para avançar o nosso conhecimento da questão. Levantar com uma declaração clara seu objetivo e explicar uma abordagem sua para a questão e fundamentação sucinta. A introdução deve normalmente terminar com previsões claras sobre os resultados de seu estudo.

Relatórios no IJP devem ser auto-contido. Geralmente não é apropriada para se referir a programas de investigação mais ampla, se você não comunicar os resultados.

Métodos

Os métodos devem descrever como você realizou o seu estudo de forma clara, incluindo uma descrição do seu local de estudo, informações sobre os sujeitos do estudo, o projeto de estudo e coleta de dados, análises laboratoriais e análise estatística, conforme apropriado. Fornecer detalhes de como você coletou todos os dados relatados nos resultados, mas não inclua a coleta de dados adicionais para que você realmente não relate descobertas. Definir todos os termos. Use subtítulos para organizar o conteúdo. A coleta de dados e análises laboratoriais devem ser descritos em detalhe suficiente para que outros pesquisadores possam repetir o seu trabalho. Incluir como dados resumidos (meios, etc) e relatório de variabilidade (SEM, SD, etc), as transformações utilizadas e todos os testes estatísticos com

referência às questões que se dirigem (por exemplo: "Nós comparamos a massa corporal média de machos e fêmeas usando ... "). Inclua o nível de probabilidade de que você determinou. Não incluam nos resultados os métodos, com exceção dos resultados preliminares que foram usados para projetar o seu estudo.

Nota Ética

Tratar as considerações éticas do seu estudo, quer na secção de Métodos principal (onde a discussão adicional é relativamente menor), ou em uma subsecção separada dos Métodos dirigido na nota ética. Identificar as implicações éticas do projeto experimental e procedimentos, e especificar quaisquer licenças adquiridas para realizar o trabalho.

Descrever os procedimentos que foram tomados para minimizar o impacto no bem-estar dos sujeitos, incluindo a escolha de tamanhos de amostra, o uso de testes-piloto e regras pré-determinadas para a intervenção, sempre que pertinente. Inclua todos os passos dados para melhorar o bem-estar dos indivíduos. Se o estudo envolveu manter animais silvestres em cativeiro, estado por quanto tempo os animais em cativeiro, e se, onde e como eles foram devolvidos à natureza no final do estudo.

Se for caso disso, incluir uma declaração de que (1) a investigação atendeu com protocolos aprovados pelo adequado instituto Animal (fornecer o nome da comissão) e que (2) a pesquisa respeitados os requisitos legais do país em que a pesquisa foi conduzida. Por favor, consulte as orientações pertinentes, incluindo "Diretrizes para o tratamento de animais em pesquisa comportamental e de ensino" em comportamento animal, 2006, 71, 245-253 e chegada diretrizes para o Relatório de experimentos in vivo na Pesquisa Animal publicado na PLoS Biology 8 (6): e1000412.

Resultados

A seção de resultados deve reportar os seus resultados de forma sucinta em uma sequência lógica. Ele não deve conter material introdutório, métodos ou discussão. Apoio as suas declarações com os dados. Apresentar dados em tabelas ou figuras, quando necessário. Resumir os achados em palavras, e consulte a tabela ou figura, mas não repita os valores apresentados em tabelas. Não repita os mesmos dados em ambos uma tabela e uma figura. Relatório de síntese ao invés de

dados brutos. Presente e meio desvio padrão / erro padrão no formato de $X \pm DP$ unidade / SE (ou seja, o peso corporal médio = $6,38 \pm 1,29$ kg SD ou média duração tronco, cabeça-SE = $425 \pm 3,26$ milímetros). Limites são aceitáveis para valores muito significativos (ou seja, $P < 0,001$). Capitalize o valor P (P) e tamanho da amostra (N). Escrever graus de liberdade em letras minúsculas (por exemplo, $df = 4$). Por exemplo: ANOVA: $F = 2,26$, $df = 1$, $P = 0.17$. Results deve incluir o nome do teste estatístico, seguido por dois pontos, a estatística de teste e o seu valor, os graus de liberdade ou tamanho da amostra (dependendo do que for mais adequado para esse teste), e o valor de P, com a indicação se é um ou dois de cauda (a menos que esta questão dos métodos). Essas entradas devem ser separadas por vírgulas.

Discussão

A discussão deve resumir e interpretar os principais achados e colocá-los no contexto do que já era conhecido. Deve ligar de volta para a pergunta (s), hipóteses e previsões na Introdução, examinar se as descobertas sustentam as hipóteses e comparar seus achados com os de estudos anteriores. A discussão não deve repetir os resultados, mas pode resumi-los. Não deve incluir mais resultados que não são relatados na seção Resultados. Incluir a discussão de quaisquer limitações para o seu estudo.

Muitas vezes, é útil para tratar de cada grande descoberta em um parágrafo separado, comparando seus resultados com estudos anteriores, e dando possíveis explicações para as diferenças. Direções futuras devem ser precisas e detalhe a informação exata necessária para melhorar a nossa compreensão da questão ainda mais. Acabar com as implicações mais amplas de seus resultados para Primatologia (não para o seu estudo táxon).

Agradecimentos

Agradecimentos devem incluir fontes de apoio, subsídios, isenções, os nomes daqueles que contribuíram, mas não são autores, etc. Os nomes de organizações de financiamento devem ser escritos na íntegra.

Lembre-se de reconhecer comentários dos revisores e editores.

Texto

Formatação do texto:

O manuscrito deverá ser submetido no Word.

- Use uma fonte normal (por exemplo, fonte 10 Times Roman) para o texto.
- Use itálico para ênfases.
- Use a função de numeração automática páginas de para numerar as páginas.
- Não use funções de campo.
- Use tabulações ou outros comandos para travessões, não a barra de espaço.
- Use a função de tabela, não planilhas, fazer tabelas.
- Use o editor de equações MathType, para equações.
- Salve seu arquivo no formato docx (Word 2007 ou versões mais recentes) ou no formato doc (em versões mais antigas que o Word 2007).

Título

Por favor, não usar mais de três níveis de títulos.

Abreviação

As abreviaturas devem ser definidas a primeira menção e usado de forma consistente depois.

Rodapé

Notas de rodapé podem ser usadas para dar informações adicionais, que podem incluir a citação de uma referência incluída na lista de referências. Elas não devem consistir apenas de uma citação de referência, e elas nunca devem incluir os detalhes bibliográficos das referências. Elas também não devem conter quaisquer figuras ou tabelas.

Notas de rodapé no texto são numeradas consecutivamente, essas tabelas devem ser indicadas por sobrescrito letras minúsculas (ou asteriscos para valores de significância e outros dados estatísticos). As notas de rodapé para o título ou os autores do artigo não são dadas símbolos de referência.

Sempre use notas de rodapé em vez de notas finais.

Agradecimentos

Agradecimentos de pessoas, subvenções, fundos, etc. devem ser colocados em uma seção separada antes da lista de referência. Os nomes de organizações de financiamento devem ser escritos na íntegra.

Referências

A lista de referências deve incluir apenas obras que são citadas no texto e que tenham sido publicadas ou aceitas para publicação. As comunicações pessoais e obras inéditas devem ser mencionadas no texto. Não use notas de rodapé ou notas de fim como um subtítulo para uma lista de referências.

As listas de referências devem ser em ordem alfabética pelo sobrenome do primeiro autor de cada trabalho.

- Artigo

Harris, M., Karper, E., Stacks, G., Hoffman, D., DeNiro, R., Cruz, P., et al. (2001). Writing labs and the Hollywood connection. *Journal of Film Writing*, 44(3), 213–245.

- DOI

Slifka, M. K., Whitton, J. L. (2000) Clinical implications of dysregulated cytokine production. *Journal of Molecular Medicine*, doi:10.1007/s001090000086

- Livro

Calfee, R. C., & Valencia, R. R. (1991). *APA guide to preparing manuscripts for journal publication*. Washington, DC: American Psychological Association.

- Capítulo de livro

O'Neil, J. M., & Egan, J. (1992). Men's and women's gender role journeys: Metaphor for healing, transition, and transformation. In B. R. Wainrib (Ed.), *Gender issues across the life cycle* (pp. 107–123). New York: Springer.

- Documento on-line

Abou-Allaban, Y., Dell, M. L., Greenberg, W., Lomax, J., Peteet, J., Torres, M., Cowell, V. (2006). Religious/spiritual commitments and psychiatric practice. Resource document. American Psychiatric Association. http://www.psych.org/edu/other_res/lib_archives/archives/200604.pdf. Accessed 25 June 2007.

Nomes das revistas e títulos de livros devem estar em *itálico*.

Tabelas

- Todas as tabelas devem ser numeradas com algarismos arábicos.
- As tabelas devem ser sempre citadas no texto em ordem numérica consecutiva.

- Para cada tabela, forneça uma legenda da tabela (título) explicando os componentes da tabela.
- Identificar qualquer material publicado anteriormente, dando a fonte original sob a forma de uma referência no final da legenda da tabela.
- Notas de rodapé de tabelas devem ser indicadas por sobrescrito, letras minúsculas (ou asteriscos para valores de significância e outros dados estatísticos) e incluída sob o corpo da tabela.

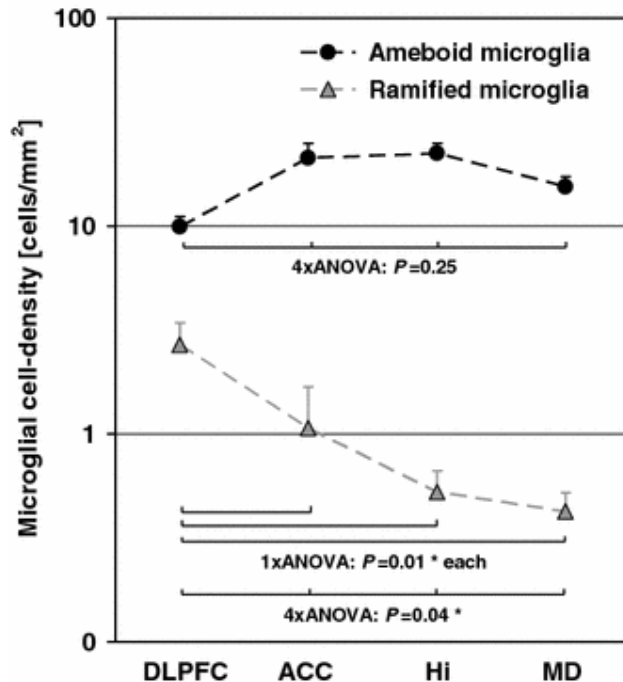
Arte e instruções

Para melhor qualidade final do produto é altamente recomendável você enviar toda sua arte fotografias, desenhos, etc em formato eletrônico. Sua arte vai ser produzida com os mais altos padrões com maior precisão aos detalhes. O trabalho publicado irá refletir diretamente na qualidade da obra fornecida.

Apresentação de figura eletrônica

- Fornecer todos os dados eletronicamente
- Indique o programa gráfico que foi usado para criar a obra de arte.
- Para gráficos vetoriais, o formato preferido é o EPS, para meios-tons, utilize o formato TIFF. Arquivos do MS office também são aceitáveis.
- Os gráficos vetoriais que contenham fontes devem ter as fontes incorporadas nos arquivos.
- Nomeie seus arquivos de figura com “Fig” e o numero da figura, por exemplo, fig1.

Arte



- Definição: gráfico preto e branco, sem sombreamento.
- Não use linhas fracas ou letras e verifique se todas as linhas e letras dentro, os números são legíveis no tamanho final.
- Todas as linhas deve ser de pelo menos 0,1 mm (0,3 pt) de largura.
- Desenhos digitalizados e desenhos em formato bitmap deve ter uma resolução mínima de 1200 dpi.
- Os gráficos vetoriais que contenham fontes devem ter as fontes incorporadas nos arquivos.
- Definição: Fotografias, desenhos ou pinturas com sombreado fino, etc.
- Se qualquer ampliação é usada nas fotografias, indicam isso usando barras de escala nas figuras propriamente ditas.
- Fotografias devem ter uma resolução mínima de 300 dpi.

Combinação

- Definição: uma combinação de meio-tom e arte de linha, por exemplo, meios-ton, contendo desenho de linhas, letras, diagramas, etc.
- Combinação arte deve ter uma resolução mínima de 600 dpi.

Cor da arte

- Cor é gratuita para publicação online.

- Se o preto e branco será exibido na versão impressa, certifique-se que a principal informação ainda será visível. Muitas cores não são distinguíveis uma da outra, quando convertidas para preto e branco. Uma maneira simples de verificar isso é fazer uma cópia xerográfica para ver se as necessárias distinções entre as diferentes cores ainda são visíveis.
- Se os números serão impressas em preto e branco, não se refere a cor nas legendas.
- Ilustrações coloridas devem ser apresentadas como RGB (8 bits por canal).

Inscrição da figura

- Para adicionar letras, o melhor é usar Helvetica ou Arial.
- Mantenha letras tamanhas consistentes em toda a sua arte final de tamanho, geralmente de 2-3 mm (8-12 pt).
- Variação de tamanho, tipo dentro de uma ilustração deve ser mínima, por exemplo, não use 8-pt tipo em um eixo e 20-pt tipo para o rótulo do eixo.
- Evite efeitos como sombreamento, letras de contorno, etc
- Não incluir títulos ou legendas dentro de suas ilustrações.

Numeração da figura

- Todas as figuras devem ser numeradas com algarismos arábicos.
- As figuras devem ser sempre citadas no texto em ordem numérica consecutiva.
- As Figuras devem ser denotadas por letras minúsculas (a, b, c, etc.)
- Se um apêndice aparece em seu artigo e que contém um ou mais números, continue a numeração consecutiva do texto principal. “Não numere as figuras apêndice “, A1, A2, A3, etc” Figuras em apêndices on-line (Material Suplementar Eletrônica) deve, no entanto, ser numeradas separadamente.

Legendas das figuras

- Cada figura deve ter uma legenda concisa descrevendo com precisão o que a figura mostra. Incluir as legendas no arquivo de texto do manuscrito, e não no arquivo de figura.
- As legendas das figuras começam com a Fig. em negrito, seguido do número de figura, também em tipo negrito.

- A pontuação não é para ser incluído após o número, nem é qualquer pontuação para ser colocado no final da legenda.
- Identificar todos os elementos encontrados na figura na legenda da figura, e usar caixas, círculos, etc, como coordenar pontos em gráficos.
- Identificar material previamente publicado, dando a fonte original sob a forma de uma citação de referência no final da legenda da figura.

Colocação da figura e tamanho

- Ao preparar suas figuras, veja se o tamanho caberá na largura da coluna.
- Para a maioria das revistas as figuras devem ser 39 mm, 84 mm, 129 mm ou 174 mm de largura e não superior a 234 milímetros.
- Para livros e revistas o tamanho deve ser de 80 mm ou 122 milímetros de largura e não superior a 198 milímetros.

Permissões

Se você incluir os valores que já tenham sido publicados em outros lugares, você deve obter permissão do detentor dos direitos autorais (s) para a impressão e o formato online. Por favor, esteja ciente de que algumas editoras não concedem direitos eletrônicos de graça e que Springer não será capaz de reembolsar todos os custos que podem ter ocorrido para receber essas permissões. Em tais casos, o material a partir de outras fontes deve ser usado.

Acessibilidade

A fim de dar às pessoas de todas as habilidades e dificuldades de acesso ao conteúdo de suas figuras, certifique-se que:

- Todos os números têm legendas descritivas (usuários cegos poderiam então usar um software de texto para fala ou um hardware text-to-Braille)
- Qualquer rotulação tem uma relação de contraste de pelo menos 4,5:1

Material suplementar Eletrônico

Springer aceita arquivos eletrônicos multimídia (animações, filmes, áudio, etc) e arquivos complementares de outros a serem publicados on-line, juntamente com um artigo ou um capítulo de livro. Este recurso pode adicionar a dimensão do artigo do autor, como certas informações não podem ser impressos ou é mais conveniente em formato electrónico.

Submissão

- Fornecer todo o material suplementar em formatos de arquivos padrão.
- Por favor, inclua em cada arquivo as seguintes informações: título do artigo, nome da revista, nomes de autores, afiliação e e-mail do autor correspondente.
- Para acomodar usuário downloads, por favor, tenha em mente que arquivos de tamanho maior pode exigir muito tempos de download e que alguns usuários podem ter outros problemas durante a transferência.

Áudio, vídeo e animações

- Sempre use MPEG-1 (. Mpg) formato.
- Envie seu material em formato PDF. Doc ou ppt, não são adequados para a viabilidade em longo prazo.
- Uma coleção de figuras também pode ser combinada em um arquivo PDF.

Planilhas

- Planilhas devem ser convertidas em PDF se nenhuma interação com os dados se destina.
- Os leitores devem ser encorajados a fazer seus próprios cálculos, planilhas devem ser apresentadas como. Arquivos XLS (MS Excel).

Formatos especializados

- Formato especializado como. Pdb (química). Wrl (VRML). Nb (notebook Mathematica), e. Tex também podem ser fornecidos.

Coleta de vários arquivos

- É possível coletar vários arquivos em um zip. Ou. Gz arquivo.

Numeração

- Qualquer material suplementar deve fazer menção específica do material como uma citação, semelhante à das figuras e tabelas.
- Consulte os arquivos suplementares como "Resource Online", por exemplo, "... como mostrado na animação (recurso em linha 3)", "... dados adicionais são dadas em Recursos On-line 4 ".
- Nomeie os arquivos consecutivamente, por exemplo, "ESM_3. mpg", "ESM_4.pdf".

Legendas

- Para cada material suplementar, por favor forneça uma legenda concisa que descreve o conteúdo do arquivo.

Processamento de arquivos complementares

- Material suplementar Eletrônico será publicado recebido do autor, sem qualquer conversão, edição ou reformatação.

Processo de Revisão

Todos os manuscritos estão sujeitos à revisão. Revisão inicial é pelo Editor-Chefe e / ou um dos Editores Associados. Manuscritos julgados inadequados nesta fase são rejeitados pelo Editor-Chefe. Os manuscritos que passar pelo crivo inicial são enviados aos revisores especializados para avaliação. Uma vez que as opiniões sejam devolvidas, o editor avalia o manuscrito, as opiniões e as revisões pedidos dos autores, ou faz uma recomendação de aceitação ou rejeição ao Editor-Chefe, que emite a decisão final.

Ética de publicações

O International Journal of Primatology participa do Comitê de Ética de publicação e atua em conformidade com as orientações relativas à integridade do trabalho apresentado, ou publicado. Imitação e pequenas alterações no texto são igualmente inaceitáveis. Plágio é motivo para a rejeição, independentemente da qualidade do International Journal of Primatology.