



# ANÁLISES MOLECULARES PARA MONITORAMENTO GENÉTICO DE QUEIXADAS (*TAYASSU PECARI*) E CATETOS (*PECARI TAJACU*) ISOLADOS EM UM FRAGMENTO FLORESTAL.

Gotardi, M. S. T.11

Biondo, C.1; Keuroghlian, A.2; Galetti, M.1

<sup>1</sup>Departamento de Ecologia, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho- Campus de Rio Claro, Av. 24 A 1515, 13506 - 900, Rio Claro, SP.

<sup>2</sup>Wildlife Conservation Society, Brasil, Rua Jardim Botânico 674, sala 210, 22461 - 000, Rio de Janeiro, RJ.

<sup>1</sup>say.gotardi@gmail.com

## INTRODUÇÃO

Em decorrência do intenso processo de antropização como a fragmentação e caça, muitos métodos têm sido desenvolvidos para o monitoramento da diversidade biológica, essencial para a elaboração de planos de manejo e conservação adequados. Dentre estas metodologias, o uso de marcadores moleculares para estimativas de parâmetros populacionais tem sido cada vez mais empregado por ser mais sensível e confiável do que as abordagens tradicionais (Schwartz, 2007). O monitoramento genético, por meio da comparação entre medidas obtidas a partir de dados coletados no passado com dados recentes, pode nos informar sobre as mudanças na variabilidade genética ao longo do tempo. Essa comparação é importante para verificar, por exemplo, se a perda de variabilidade é um processo recente, decorrente da interferência humana, ou se já ocorria no passado.

Queixadas (*Tayassu pecari*) foram recentemente classificadas como criticamente ameaçadas e catetos (*Pecari tajacu*), como quase ameaçados no Estado de São Paulo (Secretaria do Meio Ambiente do Estado de São Paulo, 2009; ICMBio, 2011). Isso é resultado do intenso processo de fragmentação do habitat e da caça. Ambas são espécies frugívoras que apresentam um importante papel ecológico, sendo predadoras e dispersoras de sementes (Beck, 2006). Até o presente momento, poucos estudos utilizando - se de ferramentas moleculares fo-

ram desenvolvidos para avaliar o grau de diversidade genética para ambas as espécies. Estudos recentes evidenciam na teoria e na prática que mudanças genéticas estão intimamente envolvidas com o destino de espécies ameaçadas (Frankham *et al.*, 2008). Portanto, deve - se levar em consideração a variabilidade genética das populações a serem manejadas, pois o manejo inadequado pode resultar em processos irreversíveis que podem levá - las a extinção.

## OBJETIVOS

Avaliar o sucesso de amplificação de marcadores moleculares microssatélites, por meio de PCR, a partir de DNA obtido de pêlos de catetos (*Pecari tajacu*) e queixadas (*Tayassu pecari*) coletados a 16 - 17 anos atrás. Espera - se obter um sucesso de amplificação/genotipagem que permita estimar a taxa de variabilidade genética para cada espécie naquele período para, futuramente, comparar com estimativas atuais e avaliar as variações na diversidade genética ao longo do tempo.

## MATERIAL E MÉTODOS

Pêlos de catetos (*Pecari tajacu*) e queixadas (*Tayassu pecari*) foram coletados nos anos de 1994 - 1995 para o estudo de Keuroghlian *et al.*, . (2004) na Estação

Ecológica dos Caetetus, entre os municípios de Gália e Alvinlândia, interior de São Paulo. Trata - se de um dos últimos remascentes de floresta estacional semidecidual protegidos do Estado. As amostras foram armazenadas em envelopes de papel a - 20° até o momento da extração de DNA. Oito locos de microssatélites desenvolvidos para queixadas e padronizados em catetos (Tpec3, Tpec4, Tpec5, Tpec10, Tpec12, Tpec16, Tpec17 e Tpec18 Dalla Vecchia *et al.*, . 2011) estão sendo amplificados por PCR e genotipados em seqüenciador automático. Os alelos estão sendo identificados com o auxílio do programa Gene Marker (Softgenetics).

## RESULTADOS

Foram analisadas 16 amostras de queixadas e 19 de catetos para os oito locos de microssatélites. Para queixadas, o sucesso médio de amplificação foi de 44,5%, variando de 12,5% (Tpec17) a 75,0% (Tpec18). Para catetos, o sucesso médio foi de 40,1%, variando de 5,3% (Tpec17) a 84,2% (Tpec18). Um sucesso médio de amplificação maior em queixadas era esperado, já que os *primers* de microssatélites utilizados foram desenvolvidos para esta espécie. Para ambas as espécies, o sucesso obtido foi maior do que esperado por se tratarem de amostras de pêlos e também por serem bastante antigas.

## CONCLUSÃO

Consideramos que o sucesso de amplificação obtido possibilitará o uso dessas amostras para estimativas da diversidade genética de catetos e queixadas que habitaram a Estação Ecológica de Caetetus há 16 - 17 anos. Esta estimativa poderá ser um ponto de partida para o estabelecimento de um monitoramento genético destas

populações para avaliar as alterações nas taxas de diversidade genética ao longo do tempo e fornecer subsídios para a elaboração adequada de planos de conservação para ambas as espécies.

## REFERÊNCIAS

- Beck, H. A review of peccary - palm interactions and their ecological ramifications across the Neotropics. *J. Mammal.*, 87: 519-530, 2006.
- Dalla Vecchia, A. C. D.; Biondo, C.; Sanches, A.; Keuroghlian, A.; Myaki, C. Y.; Galetti Jr, P. M.; Galetti, M. Isolation and characterization of microsatellite loci for white - lipped peccaries (*Tayassu pecari*) and cross - amplification in collared peccaries (*Pecari tajacu*). *Conservation Genetics Resources*, 3: 151 - 154, 2011.
- Frankham, R.; Ballou, J. D., Briscoe, D. A. Fundamentos de Genética da Conservação. Ribeirão Preto, SP: SBG (Sociedade Brasileira de Genética). Título em inglês: *A Primer of Conservation Genetics*. Tradução de M. R. Francisco e I. P. Farias. Organização P. M. Galetti Jr. 2008.
- Keuroghlian, A.; Eaton, D. P.; Longland, W. S. 2004. Area use by white lipped and collared peccaries (*Tayassu pecari* and *Tayassu tajacu*) in a tropical forest fragment. *Biol. Conserv.*, 120: 411 - 425, 2004.
- ICMBio Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. *Seis espécies de mamíferos dotados de casco correm risco de extinção no Brasil*. <http://www.icmbio.gov.br/noticias/seis-especies-de-mamiferos-dotados-de-casco%20correm-risco-de-extincao-no-brasil> (último acesso em: 14/03/2011), 2011.