

Variabilidade genética em bandos de queixada (*Tayassu pecari*) do Parque Nacional das Emas utilizando marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Genetic variability in groups of white-lipped peccary (*Tayassu pecari*) of the Emas National Park using RAPD markers (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Elisângela de Albuquerque Sobreira Lage
elilage.vet@gmail.com

Mariana Pires de Campos Telles
tellesmpc@gmail.com

Thannya Nascimento Soares
tnsoares@gmail.com

Lucileide Vilela Resende
lvilelar@gmail.com

Anah Tereza de Almeida Jácomo
ajacomo@jaguar.org.br

Leandro Silveira
lsilveira@jaguar.org.br

Resumo

O estudo das espécies presentes nos fragmentos remanescentes e/ou preservadas nos parques e reservas ainda existentes ajuda a definir estratégias de manejo, de conservação e de uso sustentado dos recursos naturais dos diferentes biomas. A análise da variabilidade genética possui hoje um papel de destaque na definição dessas estratégias. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar os padrões de variabilidade genética em bandos de queixada (*Tayassu pecari*) do Parque Nacional das Emas (PNE), utilizando marcadores do tipo RAPD. O DNA de 182 indivíduos, distribuídos em oito bandos, foi extraído e utilizado para a amplificação via PCR (reação em cadeia da polimerase) de dez *primers* previamente selecionados. Os dados foram utilizados para estimar a magnitude e a distribuição da variabilidade entre bandos e dentro dos bandos por meio da Análise de Variância Molecular (AMOVA). Com base nos dez *primers*, foram obtidos 129 locos, dos quais 88% (114) foram polimórficos, variando entre 37% e 78% nos bandos. O valor das distâncias dos pares de bandos Φ_{ST} obtido pela AMOVA foi igual a 0,11 ($P < 0,0001$ - 10.000 permutações), que pode ser considerado elevado, já que se trata, de uma única grande população local distribuída em uma escala regional (PNE). As distâncias entre os pares de bandos (Φ_{ST}) variaram entre 4% e 29%, ilustrando a heterogeneidade da variabilidade nessa escala espacial. Com base no cálculo indireto do fluxo gênico, pode-se perceber que o número médio de indivíduos migrantes, por geração, entre os bandos de queixada, foi igual a dois, valor suficiente para suprimir a maior parte dos efeitos da deriva genética sob a diferenciação entre os bandos.

Palavras-chave: *Tayassu pecari*, RAPD, variabilidade genética.

¹ Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás. Campus Samambaia, Caixa Postal 131, 74001-970, Goiânia, GO, Brazil.

² Jaguar Conservation Fund. Rodovia GO 341, Km 84, Zona Rural, 73850-000, Mineiros, GO, Brazil.

Nowadays, the analysis of genetic variability has a highlighted roll in the definition of conservation strategies and natural populations management. In this context, the goal of this study was to evaluate the pattern of genetic variability on *Tayassu pecari* groups from Emas National Park, using RAPD markers. DNA from 182 individuals, distributed among eight groups, were extracted and used to amplify 10 *primers* previously selected through PCR. The obtained data were used to estimate the magnitude and distribution of variability within and among the groups using AMOVA. In order to analyze, in an explicit way, the patterns of spatial variation patterns, Pearson correlation coefficient (r) was estimated between the matrix of genetic distances and geographic among the groups, considering their central area of life, estimated from telemetry data. From the ten *primers*, 129 loci were obtained, which 88% (114) were polymorphic, ranging between 37% and 78% in the groups. The value of Φ_{ST} obtained from AMOVA was equal to 0.11 ($P < 0.0001$ - 10000 permutations); a high value considering the only local population distributed in regional scale. Distances among pares of groups (Φ_{ST}) ranged between 4% and 29%, illustrating the heterogeneity of variability on spatial scale.

Key words: *Tayassu pecari*, RAPD, genetic variability.

Introdução

Diversas espécies estão sujeitas ao risco de serem extintas, devido a extensas queimadas e, principalmente, ao desmatamento para a expansão de áreas agrícolas que, muitas vezes, desrespeitam as áreas de reserva legal e de proteção permanente. Esses fatores podem implicar a fragmentação, o isolamento dos remanescentes ou até mesmo a perda de *habitats* (Primack e Rodrigues, 2001). A fragmentação de *habitats* tornou-se um sério problema no campo da conservação da biodiversidade, pois existe um grande número de espécies ameaçadas, antes mesmo de serem conhecidas. É, portanto, imprescindível a proteção e a recuperação dessas áreas, na tentativa de evitar tal situação. Desse modo, o estudo das espécies presentes nos fragmentos ainda existentes ajuda a definir estratégias de manejo, de conservação e de uso sustentado dos recursos naturais dos diferentes biomas (Meffe e Carrol, 1994; Fahring, 2003). Recentemente, o Cerrado foi considerado um dos 25 *hotspots* mundiais de biodiversidade (Myers *et al.*, 2000). Por essa razão, tornou-se prioritário para o investimento em pesquisas que possam subsidiar programas de conservação e/ou manejo das espécies cuja distribuição engloba esse bioma.

Pelo menos 137 espécies de animais que ocorrem no Cerrado estão ameaçadas de extinção (Chiarello, 1999), em função da grande expansão da agricultura e da intensa exploração local de produtos nativos. As espécies que possuem algum tipo de potencial de utilização econômica e que ainda não estão na lista de extinção, como é o caso do queixada (*Tayassu pecari*), de alguma maneira, levam vantagem sobre as outras, pois a população humana local tende a preservar parte de suas populações com o intuito de explorá-las por meio do extrativismo. No entanto, esse tipo de atividade pode e deve ser realizada com base em parâmetros ecológicos e genéticos específicos, para garantir que as populações naturais permaneçam evolutivamente estáveis e permitir que a exploração passe a acontecer de forma sustentável.

O Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis – IBAMA – regulamenta e fiscaliza tudo que diz respeito aos criatórios científicos e comerciais da fauna nativa. Entretanto, o conhecimento de como a variabilidade genética está distribuída entre bandos e dentro dos bandos de queixadas nas populações naturais não é adequadamente considerado na formação dos plantéis utilizados nos criatórios comerciais. Do ponto de vista da do-

mesticação e do melhoramento genético, os estoques formados dessa maneira podem conter muito pouco da variabilidade genética natural, fato que reduz as possibilidades de melhoramento e leva a um estreitamento na base genética (erosão genética) dos animais em cativeiro.

Nos últimos anos, diversas ferramentas moleculares baseadas em PCR estão sendo disponibilizadas para auxiliar nos estudos genéticos de populações das diferentes espécies (Regitano e Coutinho, 2001). Para a escolha do melhor marcador molecular, deve-se levar em conta a possibilidade de maximizar o conteúdo de informação por *locus* e a disponibilidade de marcadores na literatura para a espécie de interesse. Os marcadores RAPD têm sido utilizados para um levantamento do padrão geral da variabilidade genética, da divergência genética entre populações ou do estoque e da estimativa indireta do fluxo gênico entre as populações (Roca *et al.*, 2001; Telles *et al.*, 2003). Embora, por um período, esses marcadores tenham sido criticados com relação à reprodutibilidade, alguns grupos de pesquisa investiram no aprimoramento da técnica, realizando-a com critérios rigorosos durante a confecção das reações de PCR e a obtenção da matriz de dados moleculares (Telles *et al.*, 2003; Calado e Navarro-Silva, 2005). Esses

marcadores apresentam vantagens com relação ao menor tempo para a obtenção dos dados e ao custo, que é relativamente reduzido, quando comparados a outros. Dessa forma, tornam-se bastante acessíveis, principalmente para espécies nativas para as quais ainda não foram desenvolvidos outros marcadores com conteúdo de informação por *locus* mais efetivo.

Diante de tais fatos, as informações moleculares sobre a distribuição da variabilidade genética entre as populações naturais e dentro destas podem auxiliar tanto no esclarecimento da condução de programas de conservação genética (Solé-Cava, 2001; Vidya *et al.*, 2005) quanto na domesticação, no melhoramento e na implementação de programas de conservação de recursos genéticos (Regitano e Coutinho, 2001).

Os queixadas (*Tayassu pecari*, Link, 1795) são mamíferos frugívoros/onívoros comuns e abundantes no Cerrado. Estudos recentes têm demonstrado seu papel como predadores de frutos e dispersores de sementes, evidenciando sua função importante no ecossistema capaz de afetar a bio-

diversidade em alguns habitats (Jácomo, 2004). Os queixadas são ungulados que formam grandes grupos na natureza (50 a 300 indivíduos) e, portanto, a extinção das populações dessa espécie, certamente, levaria a alterações desses *habitats*, e implicaria perdas consideráveis na biodiversidade local (Keuroghlian *et al.*, 2004). Extinções locais de queixada têm sido relatadas ao longo de sua vasta área de ocorrência geográfica (Kiltie e Terborgh, 1983; Fragoso, 1998; Jácomo, 2004) devido à caça predatória, fato que justifica a urgente necessidade de entender como está estruturada a variabilidade genética nessa espécie e de avaliar qual o reflexo desta na persistência dos bandos em médio e longo prazo.

Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi avaliar os padrões de variabilidade genética nos bandos de queixadas do Parque Nacional das Emas, utilizando marcadores moleculares do tipo RAPD. Mais especificamente, procurou-se: (i) avaliar a magnitude da variabilidade e divergência genética entre os bandos e (ii) estimar o fluxo gênico entre os bandos.

Material e métodos

Caracterização da área de estudo e coleta do material biológico

O Parque Nacional das Emas (PNE) possui uma área de 131.800 ha e está localizado no extremo sudoeste do Estado de Goiás, próximo às divisas com o Mato Grosso e Mato Grosso do Sul (Figura 1). Representa uma das mais importantes unidades de conservação do Cerrado, devido a sua extensão, integridade de habitats, riqueza faunística, presença de espécies raras e ameaçadas de extinção. O parque está incluído nas ações prioritárias para Conservação da Biodiversidade do Cerrado e Pantanal (IBAMA, 1989) como área de importância biológica extremamente alta.

Foram capturados 182 animais distribuídos em oito bandos. O primeiro bando foi constituído por 28 indivíduos; o segundo, por 42 indivíduos; o terceiro, por 21; o quarto, por 19; o quinto, por 41; o sexto, por 19; o sétimo, por sete e o oitavo bando, por cinco indivíduos. A quantidade de indivíduo/bando é um número amostral e não o total de indivíduos em cada bando. Os animais fo-

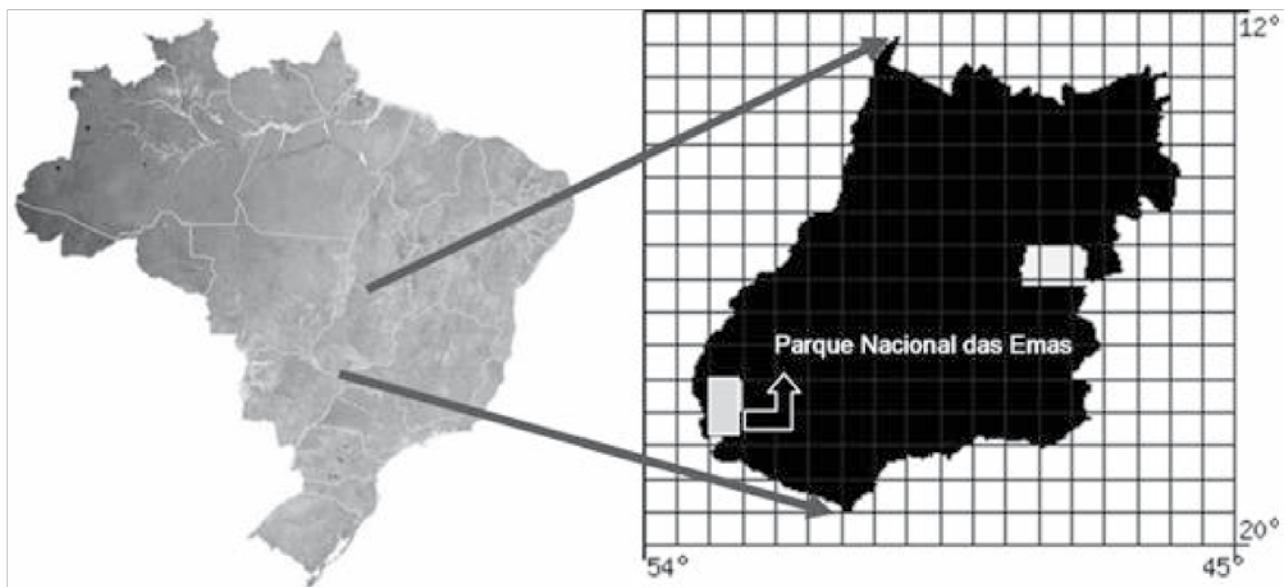


Figure 1. Mapa com a localização do Parque Nacional das Emas, área de coleta dos *Tayassu pecari*.

Figure 1. Map showing the location of the Emas National Park, *Tayassu pecari* collection area.

ram capturados com o auxílio de puçás de contenção e, em seguida, anestesiados, utilizando-se seringas descartáveis contendo Tiletamina + Zolazepan (Zoletil®). Dos indivíduos capturados, foram coletados sangue, com o auxílio de um *vacouteiner* contendo EDTA (ácido etilendiamino tetra-acético). Depois de coletado, foi acondicionado ao sangue um volume igual do tampão *Easy Blood*, a fim de auxiliar na conservação do material genético para posterior extração do DNA.

Extração do DNA e obtenção dos dados moleculares

A análise dos dados moleculares do presente estudo foi realizada no Laboratório de Genética & Biodiversidade da Universidade Católica de Goiás (UCG). O DNA foi extraído a partir do sangue de 182 indivíduos de *T. pecari*, distribuídos em 8 bandas, utilizando o *kit* de purificação de DNA - GFX- fornecido pela *Amersham Pharmacia Biotech*. Após a extração, o DNA foi quantificado, a fim de diluir todas as amostras para 3ng/μl de DNA, quantidade ideal para ser utilizada nas reações de PCR.

A partir dessas amostras de DNA, foram processadas as ampliações de 10 dos 11 *primers* RAPD, previamente selecionados para *Tayassu pecari* por Telles *et al.* (2003). As reações de PCR para um sistema com volume final de 20 μl foram montadas da seguinte forma: 3 μl de DNA (3 ng/μl); 1,5 μl de *primer* (10 ng/μl); 2,6 μl tampão da enzima (10X); 0,78 μl de MgCl₂ (50 mM); 2,08 μl de dNTP (2,5 mM); 0,2 μl da enzima Taq-Polimerase (5 unidades/μl); e o volume com 9,84 μl de H₂O *Milli-Q*. A amplificação dos fragmentos de DNA via reação em cadeia da polimerase, no termociclador Mj foi feita mediante a utilização de um programa com os seguintes passos: (i) desnaturação do DNA a 94C, por 2 min e a 92C por 1 min 30 s; (ii) anelamento do primer a 37C por 1 min; (iii) extensão da molécula pela enzima Taq polimerase a 72C, por 2 min e 30 s; (iv) 40 ciclos, seguindo do (ii)

ao (iii) passo; (v) passo final de extensão de 5 min a 72C, para concluir os produtos amplificados. Os fragmentos de DNA obtidos (*locus*/bandas), para os 10 *primers* nos indivíduos dos oito bandas, foram avaliados pela técnica de eletroforese em gel de agarose 1,5%, tampão TBE (Tris Borato EDTA – 1X) e corrente elétrica constante, durante 4 h de 90W. Em seguida, os géis foram submetidos a uma solução contendo brometo de etídio, para a coloração dos fragmentos, que foram posteriormente visualizados com o auxílio de um transiluminador de luz ultravioleta e fotografados para as análises posteriores. Para auxiliar na codificação e obtenção da altura de cada loco/banda, nos poços das extremidades de cada gel, foi adicionada uma amostra do marcador de peso molecular 100 pb (*ladder* – *Amersham Pharmacia Biotech*), considerando a presença (1) e ausência (0) da banda em todos os indivíduos para os diferentes *primers* RAPD.

Análise estatística dos dados

Variabilidade genética dentro dos e entre os bandas de queixada

Os dados binários (presença ou ausência de bandas nos indivíduos), obtidos a partir do RAPD, foram utilizados para estimar as frequências alélicas, com base na metodologia proposta por Lynch e Milligan (1994). As frequências alélicas foram posteriormente utilizadas para o cálculo das medidas de variabilidade para cada população, conforme sugerido por Weir (1996).

A avaliação da estruturação da variabilidade genética foi realizada com base na Análise de Variância Molecular (AMOVA) (Excoffier *et al.*, 1992). O componente de variância interpopulacional foi extraído por equações das esperanças de quadrado médio (QMD), conforme a análise de variância convencional das frequências alélicas, utilizadas para estimar o F_{ST}

(Cockerham, 1969, 1973). O mesmo procedimento pode ser empregado com base no desdobramento da soma de quadrado entre as distâncias, utilizando as chamadas estatísticas Φ . Nesse caso, $\sigma^2 = \sigma_a^2 + \sigma_b^2$; Φ_{ST} é interpretado como a correlação de haplótipos aleatórios dentro de populações, relativo a cada par aleatório de haplótipos puxado do total da espécie. Como na ANOVA convencional, podem-se reescrever essas equações em termos das estatísticas Φ entre as populações locais, de modo que:

$$\Phi_{ST} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_b^2}$$

Para obter uma distribuição nula dessas estatísticas, foram utilizados procedimentos de aleatorização, por permutações das fileiras (e colunas correspondentes) da matriz de distâncias quadráticas (Mantel, 1967). Os componentes de variância foram estimados para cada uma das matrizes permutadas (cerca de 5.000 permutações).

Os valores obtidos nas estimativas de avaliação da estruturação da variabilidade genética fornecem um método indireto para se calcular o fluxo gênico entre os bandas, proposto por Slatkin (1995). Essa propriedade só é válida em populações em equilíbrio quanto à endogamia. Sob equilíbrio, a proporção m de migrantes ou o seu número, Nm , podem ser estimados a partir das seguintes equações:

$$\Phi_{ST} = \frac{1}{(1 + 4Nm)} \quad Nm = \frac{1}{4} \left(\frac{1}{\Phi_{ST}} - 1 \right)$$

Divergência genética

A divergência genética entre os bandas foi avaliada com base na matriz de distância genética obtida pela AMOVA, uma metodologia de análise desenvolvida para marcadores dominantes como o RAPD, que apresenta um menor número de pressupostos em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, tamanho amostral e pa-

drão de herança do marcador. Após a estimativa da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados. Neste estudo, a matriz de distâncias genéticas foi analisada, inicialmente, a partir de uma análise de agrupamento tipo UPGMA (*unweighted pair-group method by arithmetic averages*), que produz um arranjo hierárquico de classificação dos bandos, representado por um dendrograma. A representatividade deste dendrograma foi testada por meio da correlação entre as distâncias genéticas originais e as distâncias entre os bandos no dendrograma (correlação cofenética).

Apesar de o método UPGMA ser uma das técnicas mais utilizadas neste tipo de estudo, ele tem sido criticado pelo fato de os processos evolutivos nem sempre produzirem um padrão hierárquico de variação ao nível de população (Lessa, 1990; Rodrigues e Diniz-Filho, 1998). Esse tipo de agrupamento hierárquico pode não representar adequadamente as distâncias genéticas, indicando um falso arranjo hierárquico entre os bandos, quando existe entre eles, de fato, um padrão contínuo ou reticulado. Em função desses problemas, as distâncias genéticas também foram analisadas por uma técnica de ordenação que visa representar graficamente a dissimilaridade entre as populações, o escalonamento multidimensional não-

métrico (*non-metric multidimensional scaling*) (Lessa, 1990).

Resultados e discussão

Caracterização da variabilidade genética dentro dos e entre os bandos de queixada

De uma maneira geral, os bandos de queixada apresentaram uma considerável variabilidade genética para os dez *primers* de RAPD utilizados. O

número de *locus*/bandas, por *primer*, variou entre 3 e 27, totalizando 129 locos nos oito bandos (Tabela 1). As Figuras 2, 3 e 4 exemplificam o perfil padrão de amplificação dos *locus* RAPD nos bandos de *Tayassu pecari*, utilizando-se os *primers* OPC-06, OPC-08 e OPC-11, respectivamente.

A proporção de locos polimórficos variou entre 37% e 78% nos bandos, com um valor global de 88%. A diversidade genética ou a heterozigose esperada apresentou um valor mediano, variando de 0,127 a 0,227 entre os bandos, com um valor global de 0,223 (Tabela 2). A

Tabela 1. Relação dos *primers*, suas seqüências de bases e o número de *locus* (NL), obtidos nos oito bandos de *Tayassu pecari*.

Table 1. Relation of the *primers*, sequence and number of locus (NL), obtained in eight groups of *Tayassu pecari*.

<i>Primer</i>	seqüência 5' para 3'	NL
OPA-01	C A G G C C C T T C	3
OPA-08	G T G A C G T A G G	7
OPA-18	A G G T G A C C G T	4
OPC-04	C C G C A T C T A C	21
OPC-06	G A A C G G A C T C	14
OPC-08	T G G A C C G G T G	14
OPC-10	T G T C T G G G T G	16
OPC-11	A A A G C T G C G G	17
OPC-16	C A C A C T C C A G	27
OPC-18	T G A G T G G G T G	6
Total		129

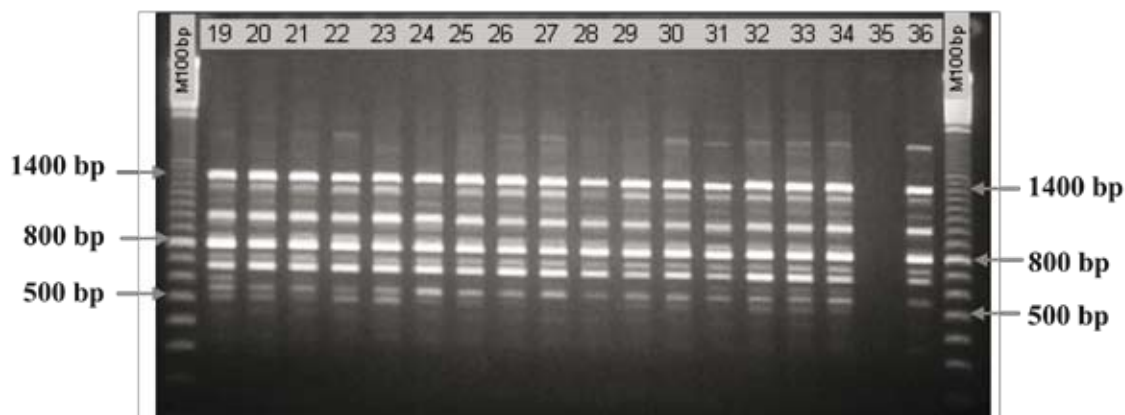


Figure 2. Perfil eletroforético dos fragmentos RAPD amplificados, utilizando o *primer* OPC-06 com alguns indivíduos do bando de *Tayassu pecari*. As colunas M 100 bp indicam o marcador de peso molecular (100 pb ladder, Amersham Pharmacia Biotech).

Figure 2. Electrophoretic profile of the RAPD amplified fragment, using primer OPC-06 with some individuals of the *Tayassu pecari* group. The M100 bp columns indicate the molecular weight marker (100 pb ladder, Amersham Pharmacia Biotech).

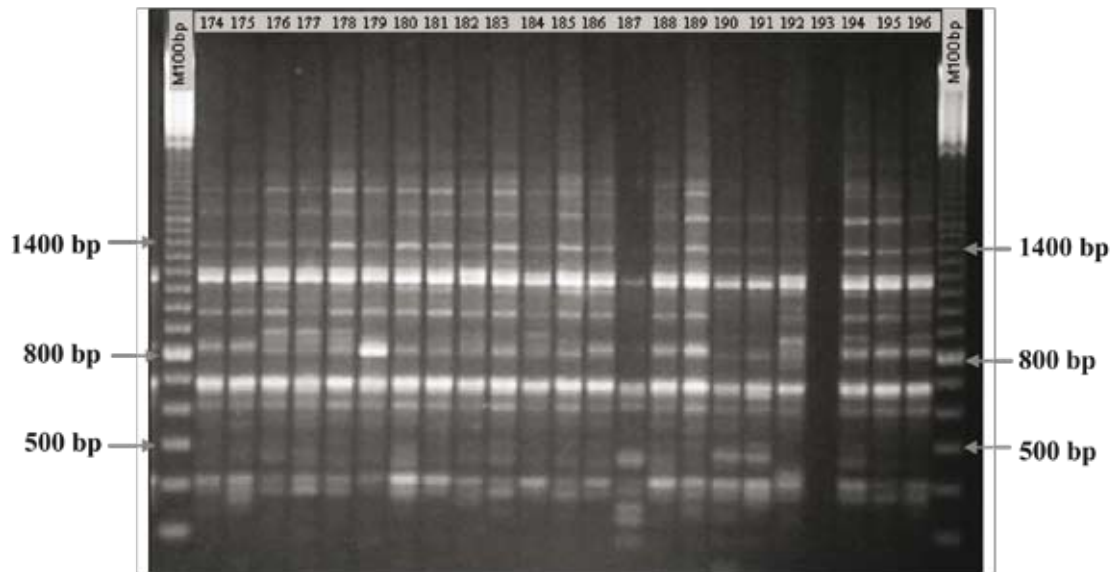


Figure 3. Perfil eletroforético dos fragmentos RAPD amplificados, utilizando o primer OPC-08 com alguns indivíduos do bando de *Tayassu pecari*. As colunas M 100 bp indicam o marcador de peso molecular (100 pb Amersham Pharmacia Biotech).

Figure 3. Eletroforetic profile of the RAPD amplified fragment, using primer OPC-08 with some individuals of the *Tayassu pecari* group. The M100 bp columns indicate the molecular weight markers (100 pb ladder, Amersham Pharmacia Biotech).

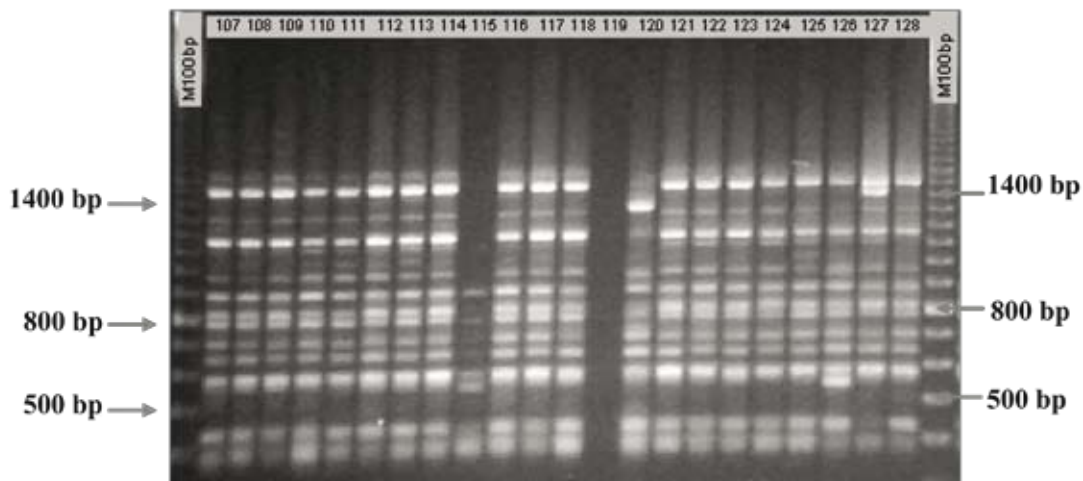


Figure 4. Perfil eletroforético dos fragmentos RAPD amplificados, utilizando o primer OPC-11 com alguns indivíduos do bando de *Tayassu pecari*. As colunas M 100 bp indicam o marcador de peso molecular (100 pb Amersham Pharmacia Biotech).

Figure 4. Eletroforetic profile of the RAPD amplified fragment, using primer OPC-11 with some individuals of the *Tayassu pecari* group. The M100 bp columns indicate the molecular weight marker (100 pb ladder, Amersham Pharmacia Biotech).

diversidade de Nei (1978), quando se considera todos os *locus* nos 182 indivíduos, variou entre 0 e 0,5 (Figura 5).

A análise de variância molecular (AMOVA), quando realizada considerando todos os *locus*, mostrou que, de fato, existe uma forte estruturação da variabilidade genética nos bandos, com um Φ_{ST} igual a 0,1104, significativo ao nível de 1% através

de 10000 permutações aleatórias, como encontrado em alguns estudos (Antunes *et al.*, 2006; Telles *et al.*, 2003; Telles, 2005). No estudo realizado por Telles *et al.* (2003) com três bandos de queixadas, a análise de variância molecular (AMOVA), mostrou que existe uma tendência de estruturação da variabilidade genética nos bandos, com um Φ_{ST} igual a

0,081 ($P=0,07$). Neste trabalho, cerca de 11% da variabilidade genética foi observada “entre” os bandos: um valor elevado, considerando que se trata de uma única população local distribuída em escala regional (paisagem) (Tabela 3). Assim, a análise permite caracterizar as populações como unidades genético-ecológicas distintas, estruturando-se por pro-

Tabela 2. Relação da diversidade genética de Nei (He), número de *locus* polimórficos (NLP) e porcentagem de locos polimórficos (%LP), por bando de *Tayassu pecari*.

Table 2. Relation of genetic divergence of Nei (He), polymorphic locus numbers (NLP) and polymorphic locus percentage (%LP), by *Tayassu pecari* groups.

População (bando)	He (Nei)	NLP	LP(%)
1	0,227	101	78
2	0,199	99	77
3	0,205	87	67
4	0,218	92	71
5	0,205	93	72
6	0,202	89	69
7	0,138	49	38
8	0,127	48	37
Geral	0,223	114	88

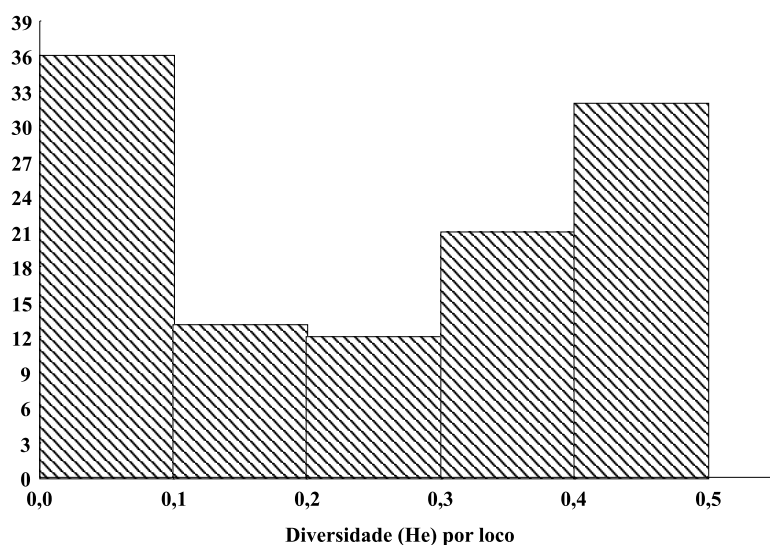


Figure 5. Distribuição dos valores de He dos 129 *locus* analisados nos bandos de *Tayassu pecari*

Figure 5. He values distribution of the 129 *locus* analyzed in *Tayassu pecari* groups.

Tabela 3. Análise de Variância Molecular (AMOVA) para os 8 bandos de *Tayassu pecari*, com base em 129 *locus* RAPD.

Table 3. Analysis of molecular variant (AMOVA) for eight groups of *Tayassu pecari*, based on 129 *locus* RAPD.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Soma de Quadrado	Componente de Variância	Porcentagem de Variação
População (bando)	7	329,213	1,61686	11,94
Indivíduo	174	2075,671	11,92915	88,06
Total	181	5857,7196	13,54600	

cessos demográficos e microevolutivos ao longo do tempo e do espaço. O valor do Φ_{ST} para os pares de população, variou entre 0,04 e 0,29, e ilustra a heterogeneidade da varia-

bilidade genética nessa escala espacial. O agrupamento dessas distâncias reflete essa heterogeneidade, mas é de difícil interpretação sem que mais informações ecológicas

dos diferentes bandos estejam disponíveis (Tabela 4). Considerando a escala geográfica em estudo (maior distância igual a 49km – Tabela 5), bandos que estão próximos geograficamente apresentam uma considerável divergência genética, como é o caso dos seguintes pares de bandos: 2 e 8 com Φ_{ST} igual a 0,211; 4 e 8 com Φ_{ST} igual a 0,137.

Com base no cálculo indireto do fluxo gênico a partir do valor de Φ_{ST} , proposto por Slatkin (1995), pode-se perceber que o número médio de indivíduos migrantes, por geração, entre os bandos de queixada é igual a dois, valor suficiente para suprimir a maior parte dos efeitos da deriva genética sob a diferenciação entre os bandos.

Divergência genética entre bandos de queixada

A partir da análise de estruturação da variabilidade genética entre os bandos e dentro destes descrita anteriormente, pode-se observar que existe diferenciação significativa entre eles. A avaliação da divergência presente nesses bandos foi avaliada a partir das suas distâncias genéticas (Φ_{ST}), que variaram entre 0,04 e 0,29 (Tabela 4). A correlação cofenética do agrupamento por UPGMA dessa matriz de distâncias foi relativamente baixa (0,71), de modo que as ligações do dendrograma não refletem corretamente os padrões multivariados de distância genética (Figura 6). Essa correlação cofenética baixa é esperada para sistemas que não apresentam uma estruturação hierárquica muito clara ou alguma relação significativa entre variabilidade genética e distribuição espacial (Rodrigues e Diniz-Filho, 1998). Nesses casos, as análises de ordenação podem ser úteis no sentido de detectar padrões espaciais. O mesmo pode ser dito do escalonamento multidimensional não-métrico (NMDS), cujo *estresse* em duas dimensões foi igual a 0,164

Tabela 4. Valores de Φ_{ST} par a par entre oito bandos de *Tayassu pecari*, com base em locus RAPD.

Table 4. Values of Φ_{ST} pair for pair among eight groups of *Tayassu pecari*, based on locus RAPD.

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	0,000							
2	0,111	0,000						
3	0,099	0,177	0,000					
4	0,050	0,040	0,110	0,000				
5	0,049	0,153	0,079	0,090	0,000			
6	0,093	0,202	0,122	0,108	0,096	0,000		
7	0,171	0,293	0,173	0,195	0,137	0,121	0,000	
8	0,105	0,211	0,092	0,137	0,079	0,084	0,184	0,000

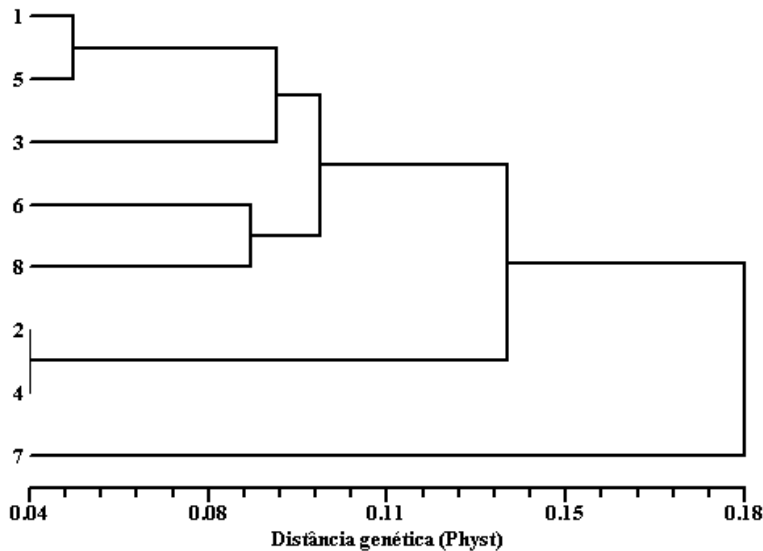


Figura 6. Padrão de divergência genética entre os 8 bandos de *Tayassu pecari*, definido pelo agrupamento por UPGMA, com base nas distâncias genéticas (Φ_{ST}). Correlação cofenética igual a 0,714.

Figure 6. Pattern of genetic divergence among eight groups of *Tayassu pecari*, by the UPGMA cluster, based on genetics distances (Φ_{ST}). Cophenetic correlation = 0.714.

Tabela 5. Distância geográfica (km) entre oito bandos de queixada (*Tayassu pecari*).

Table 5. Geographic distance (km) among eight groups of white-lipped peccary (*Tayassu pecari*).

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	-							
2	39	-						
3	16	49	-					
4	30	9	42	-				
5	5	43	18	34	-			
6	29	20	44	13	31	-		
7	14	28	21	21	19	25	-	
8	34	5	44	5	37	17	22	-

(Figura 7). Este valor de *estresse*, segundo Kruskal (1964), pode ser considerado moderado para representar as distâncias genéticas nesse espaço bi-dimensional. Por um lado, pode-se observar, pelo NMDS, que existem bandos que estão em lados opostos tanto no espaço geográfico quanto genético (bandos 2 e 5; 3 e 6; 3 e 4). Por outro, existem bandos próximos no espaço geográfico que são distantes no espaço genético (bandos 1 e 7; 2 e 8; 4 e 8). Alguns grupos de bandos que estão próximos no espaço geográfico são também similares quanto ao espaço genético (1 e 5; 2 e 4; 4 e 6). Não existe um único padrão espacial que possibilite a interpretação global da estruturação da variabilidade genética, sugerindo investigações mais detalhadas que levem em conta outras variáveis que possivelmente estejam interferindo na microevolução desses bandos. Até o presente, foram encontrados apenas quatro estudos abordando aspectos da área de vida do queixada, utilizando como método o monitoramento por radiotelemetria (Fragoso, 1998; Keuroghlian *et al.*, 2004; Jácomo, 2004), mas nenhum deles relaciona padrões espaciais com a variabilidade genética presente nos bandos.

Esses resultados sugerem que a apenas distância geográfica não é capaz de explicar o padrão espacial da variabilidade genética entre os bandos de *T. pecari*. Esta constatação deve ser avaliada de forma mais detalhada, a fim de se conhecer melhor o padrão de dispersão e fluxo gênico em contexto espacial explícito. Essas informações são básicas e podem fornecer subsídios para o melhor entendimento da dinâmica dos indivíduos dessa espécie na natureza, bem como de suas formas de organização em bandos ecológicos/reprodutivos e de acasalamento, contribuindo também para o planejamento de estratégias mais eficazes de manejo, domesticação e melhoramento dessa espécie que é considerada um recurso biológico de alto valor.

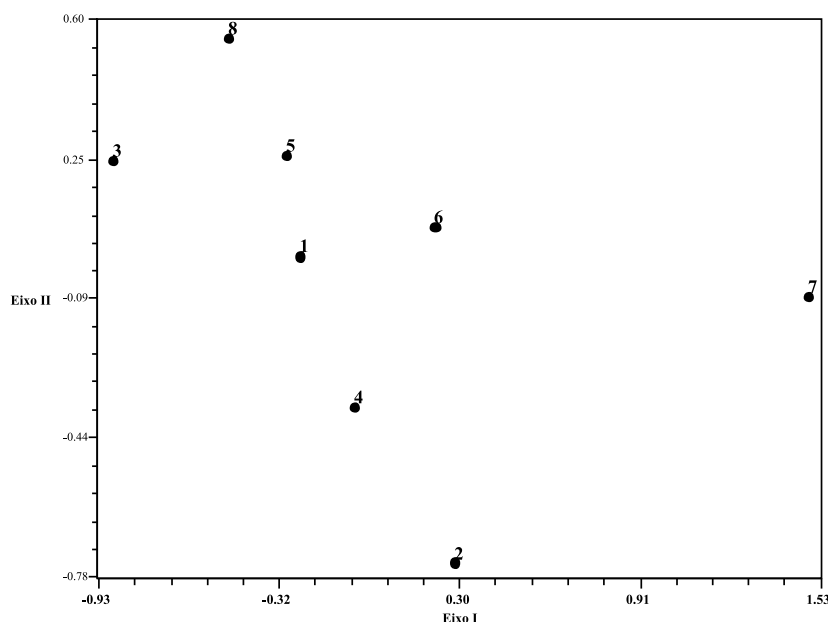


Figura 7. Análise bi-dimensional, mostrando a posição relativa dos 8 bandos de queixada no espaço genético (Φ_{ST}) reduzido por uma análise de escalonamento multidimensional não-métrico (NMDS). Valor de estresse = 0,16447.

Figure 7. Two-dimensional analysis showing the relative position of the eight groups of white-lipped peccary in genetic space (Φ_{ST}) reduced by an analysis of non-metric multidimensional scaling (NMDS). Stress value = 0.16447.

Referências

ANTUNES, K.V.; MACHADO, T.M.M.; SERÃO, N.V.L.; GUIMARÃES, S.E.F.; PAIVA, S.R. 2006. Diversidade genética da paca em cativeiro através da técnica de RAPD-PCR. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43, João Pessoa, *Anais. Produção Animal em Biomas Tropicais*.

CALADO, D.C.; NAVARRO-SILVA, M.A. 2005. Polimorfismos em *Anopheles* (Kerteszia) *cruzei* Dyar & Knab (Diptera, Culicidae) detectados através de PCR-RAPD. Variabilidade genética entre indivíduos de mesma progênie. *Revista Brasileira de Zoologia*, **4**:1121-1126.

CHIARELLO, A.G. 1999. Effects of fragmentation of the Atlantic forest on mammal communities in south-eastern Brazil. *Biological Conservation*, **89**:71-82.

COCKERHAM, C.C. 1969. Variance of gene frequencies. *Evolution*, **2**:72-84.

COCKERHAM, C.C. 1973. Analyses of gene frequencies. *Genetics*, **74**:679-700.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, L.; QUATRO, J. 1992. Analysis of Molecular Variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, **131**:479-491.

FAHRING, L. 2003. Effects of fragmentation on biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, **34**:487-515.

FRAGOSO, J.M.V. 1998. Home range and movement patterns of white-lipped peccary (*Tayassu pecari*) herds in the Northern Brazilian Amazon. *Biotropica*, **30**:458-469.

IBAMA. 1989. Portaria N° 1.522, 19 de dezembro de 1989, do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis.

JÁCOMO, A. T. 2004. *Ecologia, Manejo e Conservação do queixada Tayassu pecari no Parque Nacional das Emas e em propriedades rurais de seu entorno*. Tese de Doutorado, Universidade de Brasília, 120 p.

KEUROGHILIAN, A.; EATON, D.; LONGLAND, W. 2004. Area use by white-lipped and collared peccaries (*Tayassu pecari* and *Tayassu tajacu*) in a tropical forest fragment. *Biological Conservation*, **120**:411-425.

KILTIE, R.A.; TERBORGH, J. 1983. Observations on the behavior of rain forest peccaries in Peru: Why do white-lipped peccaries form herds? *Zeitschrift Fur Tierpsychologie*, **62**:241-255.

KRUSKAL, J.B. 1964. Nonmetric multidimensional scaling: A numerical method. *Psychometrika*, **29**(2):242-252.

LESSA, E. 1990. Multidimensional analysis of geographic genetic structure. *Systematics Zoology*, **39**:242-252.

LYNCH, M.; MILLIGAN, B. 1994. Analysis of population genetic structure with RAPD Markers. *Molecular Ecology*, **3**:91-99.

MANTEL, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, **27**:209-220.

MEFFE, G.K.; CARROL, C.R. 1994. *Principles of conservation biology*. 2ª ed., Sunderland, Sincerus Associates, 567 p.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R.A.; MITTERMEIER, C.G.; KENT, J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, **403**: 853-858.

NEI, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, **89**:583-590.

PRIMACK, R.; RODRIGUES, E. 2001. *Biologia da conservação*. 2ª ed., Londrina, E. Rodrigues, 328 p.

REGITANO, L.C.A.; COUTINHO, L.L. 2001. *Biologia Molecular aplicada à produção animal*. Brasília, EMBRAPA Informação Tecnológica, 215 p.

ROCA, A.L.; GEORGIADIS, N.; PECONSLATTERY, J.; O'BRIEN, S.J. 2001. Genetic evidence for two species of elephant in Africa. *Science*, **293**:1473-1477.

RODRIGUES, F. M.; DINIZ-FILHO, J.A.F. 1998. Hierarchical structure of genetic distances: Effects of matrix size, spatial distribution and correlation structure among gene frequencies. *Genetics and Molecular Biology*, **21**:233-240.

SLATKIN, M. 1995. Gene flow in natural populations. *Annual Review in Ecology and Systematics*, **16**:393-430.

SOLÉ-CAVA, A.M. 2001. Biodiversidade molecular e genética da conservação. In: S.R. MATIOLI (ed.), *Biologia Molecular e Evolução*. Ribeirão Preto, Holos Editora, p. 172-192.

TELLES, M.P.C. 2005. *Estrutura genética populacional de Physalaemus cuvieri Fitzinger, 1826 (Anura Leptodactylidae) e padrões de ocupação humana no Estado de Goiás*. Tese de Doutorado, Universidade Federal de Goiás, 91 p.

TELLES, M.P.C.; RESENDE, L.V.; SOARES, T.N.; RODRIGUES, F.M.; JÁCOMO, A.T.A.; SILVEIRA, L. 2003. Avaliação do padrão de amplificação de marcadores RAPD em bandos de queixada (*Tayassu pecari*) do Parque Nacional das Emas. *Ciência Animal Brasileira*, **4**:7-14.

VIDYA, T.N.C.; FERNANDO, P.; MELNICK, D.; SUKUMAR, R. 2005. Population genetic structure and conservation of Asian elephants (*Elephas maximus*) across India. *Animal Conservation*, **8**:377-388.

WEIR, B.S. 1996. *Genetic Data Analysis II*. Sunderland/MA, Sinauer Associates, , 308 p.

Submitted on May 9, 2008.

Accepted on September 16, 2008