



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Genéticos e Biotecnologia
Ministério da Agricultura e do Abastecimento
SAIN Parque Rural Asa Norte - Caixa Postal 02372 CEP.: 70.770-900 Brasília-DF
Fone: (061) 348 - 4700 FAX: (061) 340 - 3624
<http://www.cenargen.embrapa.br>

COMUNICADO TÉCNICO

N.º 30, dez/98, p. 1-10

ESTUDO PRELIMINAR DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO LOBO-GUARÁ (*Chrysocyon brachyurus*)

José Roberto Moreira¹
Nazaré Klautau-Guimarães²
Ernani J.S. Pilla³
Eucléia P.B. Contel⁴
Assis Roberto De Bem⁵

INTRODUÇÃO

Habitando as savanas naturais desde a foz do rio Parnaíba até o norte da Argentina, o lobo-guará (*Chrysocyon brachyurus*) é o maior dos canídeos sul-americanos (Dietz, 1984). Seu nicho ecológico é aquele de um onívoro terrestre, consumidor de frutas e predador de animais de pequeno a médio porte, e especialmente adaptado à vida no capim alto de savanas e áreas alagáveis (Langguth, 1975). Face ao seu grande tamanho (125cm de altura e 147cm de comprimento) e coloração (pelagem vermelho-ouro), é uma espécie de alta distinção, tornando-a indicável para o uso no ecoturismo.

Como habitante dos cerrados e por ser considerado o mais belo dos canídeos brasileiros, esta espécie foi recentemente indicada para simbolizar a capital brasileira. Assim, a importância para a conservação do lobo-guará provém não só de seu papel ecológico, mas também de sua importância social para a população humana local, como beleza natural e patrimônio cultural.

¹Eng. Agr., PhD, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

²Biomédica, PhD, Departamento de Genética e Morfologia da Universidade de Brasília. CEP 70.910-900

³Oceanógrafo, PhD, Departamento de Genética e Morfologia da Universidade de Brasília. CEP 70.910-900

⁴Bióloga, PhD, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - Universidade de São Paulo. CEP 14.049-900

⁵Méd.Vet., PhD, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. † in memoriam

A perda e distúrbio de hábitat com a expansão agrícola, bem como a caça predatória devido à fama de ladrão de galinhas, são as principais ameaças ao lobo-guará. Encontra-se classificado pela International Union for the Conservation of Nature and Natural Resources (IUCN) como "vulnerável" (Thornback & Jenkins, 1982); e pelas instituições brasileiras de conservação, como "ameaçado de extinção" (Fonseca *et al.*, 1994).

A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, junto com a Universidade de Brasília, vem desenvolvendo o estudo da estrutura genética do lobo-guará e da diversidade genética desta espécie em sua área de distribuição. Este comunicado de dados preliminares visa avaliar a diversidade genética de populações de lobos-guarás nos estados de Goiás, Minas Gerais, São Paulo e Distrito Federal e comparar a diversidade genética de regiões submetidas a diferentes pressões antrópicas.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram amostrados 100 lobos-guarás em dois períodos (1994 e 1996), em onze zoológicos brasileiros (Brasília, Goiânia, Uberlândia, Uberaba, Araxá, Belo Horizonte, Varginha, Bauru, Sorocaba, São Paulo e Curitiba). De cada animal foram coletados aproximadamente 10ml de sangue total (com anticoagulante). Esse material foi transportado sob refrigeração e processado no Laboratório de Genética da Universidade de Brasília, para a separação dos eritrócitos e plasma, para as análises de polimorfismos protéicos e enzimáticos.

Para a análise da variabilidade genética, foram utilizados dessa amostra apenas os animais de origem conhecida, nascidos na natureza e os não aparentados, totalizando 53 indivíduos. Estes foram separados em seis regiões, de acordo com seu local de captura, consideradas aqui como as populações a serem estudadas Fig. 1, e não pelo zoológico de residência. Estas populações foram divididas em dois grupos, com base na densidade populacional humana na região, e classificadas de acordo com a pressão antrópica a que estavam submetidas: a. sob maior pressão antrópica (São Paulo, Sul de Minas, Belo Horizonte e Triângulo Mineiro); b. sob menor pressão antrópica (Brasília e Goiânia).

Os produtos de 14 *loci* protéicos foram analisados por eletroforese horizontal em gel de amido, seguida de colorações histoquímicas específicas. Os zimogramas foram analisados na amostra total (100 indivíduos), independente de sua origem, para identificar quais os *loci* polimórficos para a espécie como um todo. Estimativas da variabilidade e diversidade genética (percentagem de *loci* polimórficos - P , heterozigidade observada - H_o , heterozigidade esperada - H_e , distância genética - D) foram calculadas a partir dos dados de isoenzimas (Nei, 1978).

Á variância padronizada das freqüências alélicas (F_{st} de Wright, 1965) entre as populações estudadas foi calculada para estimar o grau de heterogeneidade entre elas. Desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg e o teste estatístico de F_{st} foram estimados pelo método de Waples (1987). Um arranjo gráfico das distâncias entre as populações foi produzido pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method Analysis).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises dos zimogramas revelaram *loci* monomórficos, polimórficos e os que apresentaram variantes. Os *loci* polimórficos encontrados foram: haptoglobina, fosfoglicose isomerase, esterase A e 6 fosfogluconato desidrogenase. Os variantes foram: albumina e glioxalase.

Somente um dos sistemas protéicos revelou desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg (albumina - Tabela 1). As distâncias genéticas entre populações variaram de $D= 0$ a $D= 0,008$ (média $D= 0,006$). Apesar destes baixos valores, a análise da variância padronizada das freqüências alélicas (F_{st}) revelou heterogeneidade significativa entre as amostras (Tabela 1).

Os indicadores da variabilidade genética encontrados nas populações analisadas variaram entre 1,4% e 8,3% (H_o), 7,1% e 35,7% (P) (Tabela 2). Populações submetidas a alta pressão antrópica como a do estado de São Paulo, não apresentaram baixa percentagem de *loci* polimórficos ou heterozigosidade observada em relação às populações submetidas a baixa pressão antrópica. Aparentemente, populações que apresentaram índices relativamente baixos desses indicadores foram aquelas com pequeno tamanho de amostra (Tabela 3). Conforme esperado, a representação gráfica das distâncias genéticas revela alguma semelhança com a distribuição geográfica das populações (Fig. 2).

Os resultados de percentagem de *loci* polimórficos e heterozigosidade observada encontrados neste trabalho foram comparados com aqueles encontrados para outros canídeos na literatura (Kennedy et al., 1991; Vidal et al., 1991; Wayne et al., 1991ab, Randi et al., 1993). Observa-se que os níveis de variabilidade genética do lobo-guará são superiores aos encontrados para outros canídeos. Este trabalho não evidencia uma redução substancial da variabilidade genética no lobo-guará na área amostrada.

AGRADECIMENTOS

Este trabalho teve apoio financeiro do Fundo Nacional do Meio Ambiente, da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e do CNPq. Agradecemos a permissão para a coleta de sangue de lobos-guarás e o apoio dado pelo Grupo de Estudos de Canídeos do IBAMA e pelos seguintes zoológicos: Parque Zoológico Dr. Mário Frota, Varginha;MG; Fundação Parque Zoológico de São Paulo, São Paulo;SP; Parque Jacarandá, Uberaba;MG; Parque Natural da CBMM, Araxá;MG; Administração do Passeio Público, Curitiba;PR; Parque Zoológico Municipal Quinzinho de Barros, Sorocaba;SP; Parque Zoológico Municipal de Bauru, Bauru;SP; Jardim Zoológico de Brasília, Brasília;DF; Fundação Zoobotânica de Belo Horizonte, Belo Horizonte;MG; Zoológico Parque do Sabiá, Uberlândia;MG; e Parque Zoológico de Goiânia, Goiânia;GO. O mapa de localização das amostras coletadas foi desenvolvido pela equipe do Laboratório de Geoprocessamento da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O primeiro período de amostra foi coletado por Jussara Coelho e o segundo teve o auxílio de Adrian Allan, a quem somos muito gratos. Este trabalho é dedicado à memória de Assis Roberto De Bem, iniciador e incentivador das pesquisas para a conservação do lobo-guará.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DIETZ, J.M. Ecology and social organization of the maned wolf (*Chrysocyon brachyurus*). *Smithsonian Contributions to Zoology*, v. 392, p. 1-51, 1984.
- FONSECA, G.A.B.; RYLANDS, A.B.; COSTA, C.M.R.; MACHADO, R.B.; LEITE, Y.L.R. Livro vermelho dos mamíferos Brasileiros Ameaçados de Extinção. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 1994.
- KENNEDY, P.K.; KENNEDY, M.L.; CLARKSON, P.L.; LEIPINS, I.S. Genetic variability in natural population of the gray wolf, *Canis lupus*. *Canadian Journal of Zoology*, v. 69, p. 1183-1188, 1991.
- LANGGUTH, A. Ecology and evolution in the South American canids. In: FOX, M.W., ed., *The wild canids*. New York: Van Nostrand Reinhold, 1975.p.192-206.

- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, v. 89, p. 583-590, 1978.
- RANDI, E.; LUCCHINI, V.; FRANCISCI, F. Allozyme variability in the Italian wolf (*Canis lupus*) population. *Heredity*, v. 7, p. 516-522, 1993.
- THORNBACK, J.; JENKINS, M. The IUCN Mammal Red Data Book: Part 1. Gland, International Union for Conservation of Nature and Natural Resources, 1982.
- VIDAL, J.J.; ARILLA, J.P.; SANCHEZ, B. Variabilidad genética en diez razas caninas españolas. *Archivos de Zootecnia*, v. 40, p. 115-129, 1991.
- WAPLES, R.S. A multispecies approach to the analysis of gene flow in marine store fishes. *Evolution*, v. 41, n. 2, p. 385-400, 1987.
- WAYNE, R.K.; GILBERT, D.A.; LEHMAN, N.; HANSEN, K.; EISENHAWER, A.; GIRMAN, D.; PETERSON, R.O.; MECH, L.D.; GOGAN, P.J.P.; SEAL, U.S.; KRUMENAKER, R.J. Conservation genetics of the endangered Isle Royale gray wolf. *Conservation Biology*, v. 5, n. 1, p. 41-51, 1991a.
- WAYNE, R.K.; GEORGE, S.B.; GILBERT, D.; COLLINS, P.W.; KOVACH, S.D.; GIRMAN, D.; LEHMAN, N. A morphologic and genetic study of the Island fox, *Urocyon littoralis*. *Evolution*, v. 45, n. 8, p. 1849-1868, 1991b.
- WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, v. 19, p. 395-420, 1965.

Tabela 1. Consangüinidade total (F_{it}), coeficientes de consangüinidade (F_{is}) e heterogeneidade (F_{st}), para cada *locus* entre as populações estudadas e suas respectivas médias.

<i>Locus</i>	F_{it}	F_{is}	χ^2 (g.l.)	P	F_{st}	χ^2 (g.l.)	P
Haptoglobina	-0,023	-0,161	1,32 (1)	NS	0,119	12,14 (5)	< 0,05
Fosfoglicose Isomerase	-0,065	-0,088	0,40 (1)	NS	0,021	2,18 (5)	NS
Esterase A	-0,051	-0,175	1,16 (1)	NS	0,105	7,98 (5)	NS
6 Fosfogluconato Desidrogenase	0,236	0,109	0,63 (1)	NS	0,143	15,16 (5)	< 0,01
Glioxalase	-0,009	-0,059	0,18 (1)	NS	0,047	4,98 (5)	NS
Albumina	1,000	1,000	50,00 (1)	< 0,001	0,217	21,70 (5)	< 0,001
Média	0,104	0,007	-	-	0,098	9,70 (5)	< 0,05

* Os valores de F_{is} e F_{st} são dados em χ^2 e seus desvios testados; os valores de P são as probabilidades de tabela associados aos χ^2 ; g.l. = graus de liberdade; NS = não significante ($P > 0,05$).

Tabela 2. Descrição da variabilidade genética de populações de lobo-guará no Brasil.

População (região)	Tamanho de amostra	Porcentagem de <i>loci</i> polimórficos *	Heterozigosidade (%) **	
			Observada (\pm s.d.)	Esperada (\pm s.d.)
Brasília	12	21,4	6,5 (3,5)	6,5 (3,6)
Goiânia	10	14,3	4,3 (2,9)	3,8 (2,6)
Belo Horizonte	5	7,1	1,4 (1,4)	1,4 (1,4)
Triângulo Mineiro	9	35,7	6,8 (3,3)	10,3 (4,2)
Sul de Minas	5	14,3	2,9 (1,9)	2,9 (1,9)
São Paulo	12	21,4	8,3 (4,5)	7,5 (4,1)

*Porcentagem de *loci* polimórficos = critério de 99% ou menos de frequência para o alelo mais comum;

** s.d. = desvio padrão.

Tabela 3. Descrição da variabilidade genética de populações de lobo-guará no Brasil, separadas em dois grupos de acordo com a pressão antrópica a que estão submetidas (pressão antrópica definida de acordo com densidade humana).

População - pressão antrópica	Tamanho de amostra	Porcentagem de <i>loci</i> polimórficos *	Heterozigosidade (%) **	
			Observada (\pm s.d.)	Esperada (\pm s.d.)
Baixa pressão antrópica	21,5	21,4	0,054 (0,026)	0,053 (0,027)
Alta pressão antrópica	29,6	14,3	0,057 (0,029)	0,068 (0,028)

* Percentagem de *loci* polimórficos = critério de 99% ou menos de freqüência para o alelo mais comum;

** s.d. = desvio padrão.

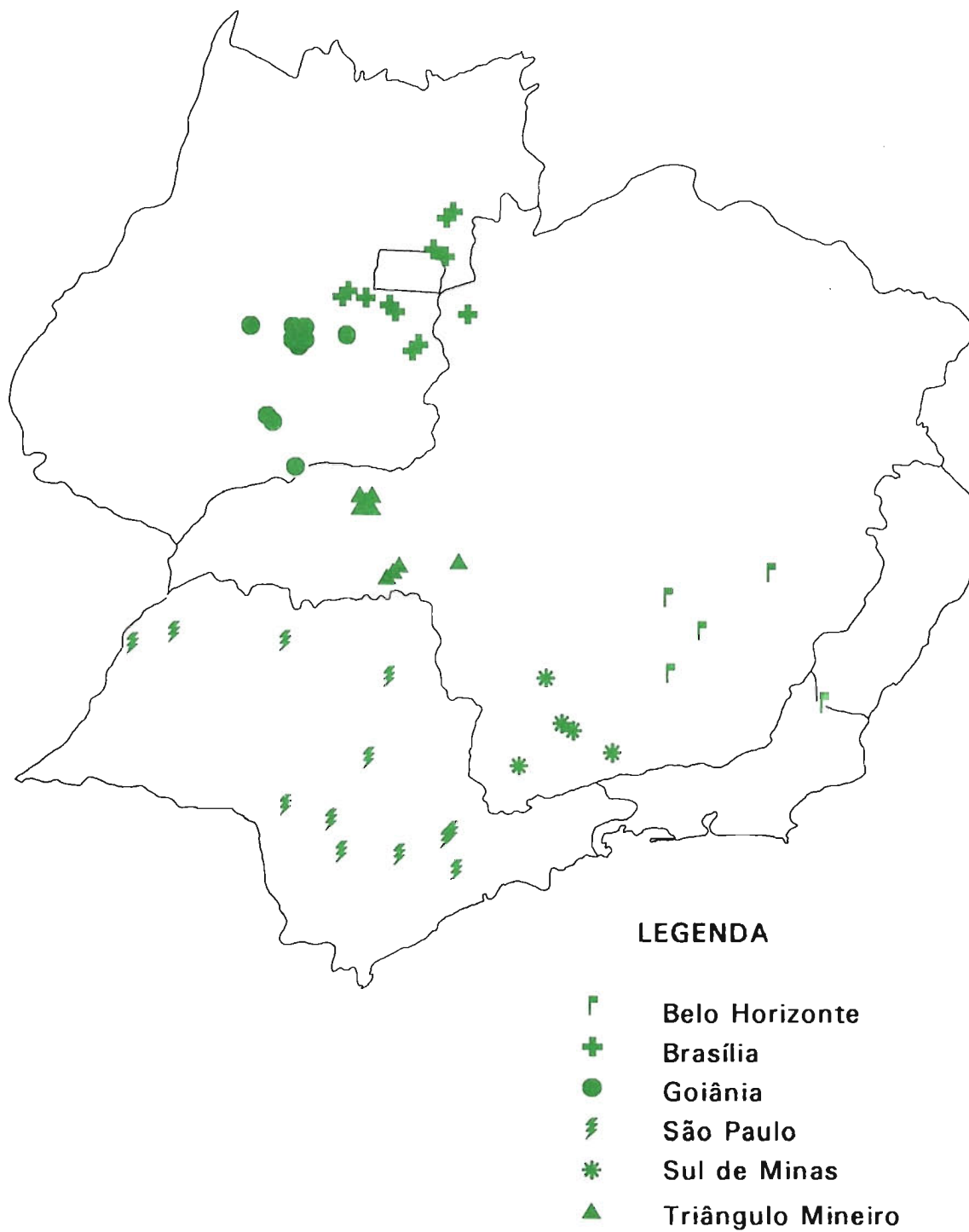


Fig. 1. Local de origem na natureza dos lobos-guarás amostrados, divididos em seis populações.

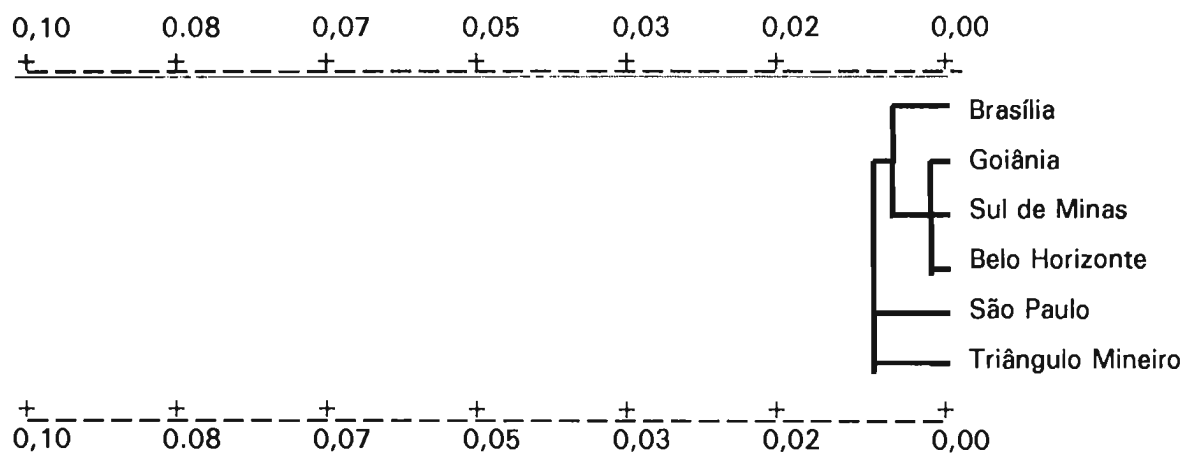


Fig. 2. Representação gráfica das distâncias genéticas entre populações de lobo-guará, produzida pelo método UPGMA.

Comitê de Publicações

Presidente: José Manuel Cabral de Sousa Dias

Secretária Executiva: Miraci de Arruda Camara Pontual

Membros: Antônio Costa Allem

Edna Stella Brito Garcia Costa Manso

Maria Regina Jorge Soares

Marcos Rodrigues de Faria

Marisa de Goes

Suplentes: Antônio Emídio Dias F. da Silva

Rui Américo Mendes

Editora Chefe : Marisa de Goes

Tratamento Editorial e

Normalização Bibliográfica: Maria Regina Jorge Soares

Miraci de Arruda Camara Pontual

Editoração Eletrônica: Roger Anderson Mayeda

