

**DIVERSIDADE GENÉTICA DO LOBO-GUARÁ, *Chrysocyon brachyurus* (ILLIGER, 1811) (CARNIVORA, CANIDAE), COM BASE NA VARIABILIDADE DO DNA MITOCONDRIAL**

Prates-Jr, Paulo<sup>1</sup>; Grisolia, Maria de Nazaré Klatau<sup>2</sup>; Moreira, José Roberto<sup>3</sup>; Bonatto, Sandro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Biologia Genômica e Molecular, Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. <sup>2</sup>Universidade de Brasília, <sup>3</sup>EMBRAPA/CENARGEN.

[prates74@pucrs.br](mailto:prates74@pucrs.br)

Palavras-chave: lobo-guará, filogeografia, mtDNA.

Lobo-guará, lobo-de-juba, aguará-guazú, borochi ou simplesmente guará, são as denominações atribuídas à espécie *Chrysocyon brachyurus* que significa, cão-dourado-de-cauda-curta. O lobo-guará é o maior canídeo da América do Sul, alcançando 125 cm de comprimento e pesando entre 20-25 Kg em estado selvagem. A espécie é considerada vulnerável, colocando-se entre as espécies da fauna brasileira em extinção. Contudo, nada é conhecido sobre a sua diversidade genética nem sobre a sua estruturação populacional. O presente estudo tem por objetivo avaliar a variabilidade genética na espécie *C. brachyurus* ao longo da sua distribuição através da análise da região controladora do mtDNA, a fim de melhor entender a sua história evolutiva e estruturação genética atual. Até o momento a primeira porção da região controladora do mtDNA foi amplificada por PCR em 58 indivíduos de guará provenientes de sete estados brasileiros. Os produtos de PCR foram purificados, sequenciados e lidos através do sequenciador automático MegaBACE 1000. As seqüências foram alinhadas com o programa ClustalX e editadas manualmente com o programa Bioedit. As análises de variabilidade foram conduzidas através do programa DNAsp 3.51. As relações filogenéticas entre os indivíduos foram estimadas com o programa MEGA 2.1 utilizando o método de Neighbour joining com Kimura 2 parâmetros e testes de bootstrap com 1000 replicações. A seqüência depositada no GenBank de *Canis familiaris* foi utilizada como grupo externo, por ser a seqüência mais próxima. Do total de 586 bases seqüenciadas, somente oito sítios foram polimórficos e cinco foram parsimoniosamente informativos. Esta variação definiu 10 haplótipos representando uma diversidade haplotípica de 0,745 e nucleotídica ( $\pi$ ) de 0,00260. Os testes de neutralidade de Tajima e Fu não foram significantes. A filogenia não mostrou agrupamentos relacionados com a distribuição geográfica dos espécimes. Este estudo será continuado com o sequenciamento de mais amostras e de duas outras porções do mtDNA, visando fornecer subsídios para a conservação da espécie.

Apoio Financeiro: CAPES, CNPq, FAPERGS