



Variabilidade genética das onças-pintadas (*Panthera onca*) no Bioma Amazônia

Beatriz Garcia Lippert¹, Taiana Haag^{1,2}, Emiliano Esterci Ramalho^{3,4}, Martin Main³, Ronaldo Morato^{5,6}, Eduardo Eizirik^{1,5} (orientador)

¹Laboratório de Biologia Genômica e Molecular, Faculdade de Biociências, PUCRS; ²CEPAC - Centro de Excelência em Pesquisa e Inovação em Petróleo, Recursos Minerais e Armazenamento de Carbono, PUCRS; ³University of Florida, Department of Wildlife Ecology and Conservation; ⁴Instituto de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá; ⁵Instituto Pró-Carnívoros; ⁶CENAP/ICMBio.

Resumo

Os carnívoros estão entre os organismos que causam maiores desafios e preocupações às autoridades referentes à conservação. Grandes carnívoros, assim como a onça-pintada (*Panthera onca*) são vulneráveis à fragmentação de habitat por serem alvos de caçadores e porque necessitam de áreas consideravelmente grandes de vida. A onça-pintada é o maior felídeo das Américas, e atualmente ocorre em cerca de apenas 50% da sua distribuição original sob forma de fragmentos populacionais de vários tamanhos. Sabe-se que algumas populações remanescentes são muito pequenas (p. ex. <20 indivíduos) e isoladas, podendo ser consideradas criticamente ameaçadas. Segundo critérios que adotam a probabilidade de extinção em um determinado período de tempo, a espécie encontra-se em situação crítica na Floresta Atlântica, Floresta Subtropical e Cerrado e está ameaçada no Pantanal e Amazônia. Para a implementação de medidas viáveis para a conservação e manejo deste felídeo é de grande importância obter informações a respeito de sua diversidade genética e estrutura populacional. Esse trabalho tem como objetivo avaliar a variabilidade genética da espécie na Amazônia, uma das únicas regiões, juntamente com o Pantanal, grande o suficiente para sustentar uma população viável desta espécie a longo prazo. Até o momento, 25 indivíduos provenientes de diferentes áreas do Bioma Amazônia foram estudados através de 12 locos de microssatélites. Para a extração de DNA utilizou-se fenol/clorofórmio. Os locos foram amplificados por PCR e os produtos lidos no seqüenciador automático MegaBACE1000 e analisados através do software GENETIC PROFILER. As análises estatísticas foram

realizadas com os programas Genepop 4.0.10, Arlequin 3.01 e Cervus 2.0. Todos os locos foram polimórficos e o número de alelos variou de três a 15, com uma média de 6,92. A heterozigosidade observada por loco variou de 0,333 a 0,909 com uma média de 0,710. Todos os locos estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg e não houve evidência de desequilíbrio de ligação após a correção de Bonferroni. Os resultados obtidos na Bacia Amazônica serão comparados com aqueles que vêm sendo obtidos no Pantanal para assim obter uma perspectiva mais abrangente da variabilidade genética desta espécie em populações saudáveis. Em particular, será possível avaliar a situação atual de populações mais ameaçadas ao longo da distribuição geográfica deste felídeo como os remanescentes da Mata Atlântica.