

PATRÍCIA CARVALHO DE SOUZA

COMPARAÇÃO CROMOSSÔMICA INTRAPOPULACIONAL DA ESPÉCIE

Tayassu tajacu CRIADA EM CATIVEIRO

BELÉM

2005

PATRÍCIA CARVALHO DE SOUZA

COMPARAÇÃO CROMOSSÔMICA INTRAPOPULACIONAL DA ESPÉCIE
Tayassu tajacu CRIADA EM CATIVEIRO

Dissertação de Mestrado apresentada
ao Curso de Pós-graduação em
Neurociências e Biologia Celular do
Centro de Ciências Biológicas da
Universidade Federal do Pará, como
Requisito Parcial para a Obtenção do
Grau de Mestre em Neurociências e
Biologia Celular.

Orientador: Prof. Dr. Rommel Burbano

BELÉM

2005

PATRÍCIA CARVALHO DE SOUZA

COMPARAÇÃO CROMOSSÔMICA INTRAPOPULACIONAL DA ESPÉCIE

Tayassu tajacu CRIADA EM CATIVEIRO

Orientador:

Prof. Dr. Rommel Burbano

Departamento de Biologia, UFPA

Profa. Diva Anélie Guimarães

Departamento de Fundamentos da
Educação, UFPA

Prof. Dr. Otávio Mitio Ohashi

Departamento de Biologia, UFPA

Dra. Rosemar Silva Luz Ramos

Departamento de Biologia, UFPA

Prof. Dra. Simone Damasceno dos Santos

Departamento de Histologia, UFPA

(Suplente)

Belém, 13 de Abril de 2005

A minha mãe, Maria, a minha
irmã, Karina e ao meu
maravilhoso sobrinho Vítor, luz
de nossas vidas. Amo todos
vocês.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Maria de Jesus e Raimundo, principalmente a minha incansável mãe, que durante toda sua vida, esforçou-se ao máximo para proporcionar, a mim e a minha irmã, a educação necessária para podermos realizar nossos sonhos profissionais e pessoais. E, acima de tudo, por todo o amor dedicado a sua filha caçula. Obrigada mãe por suas orações, seu amor e seu apoio para que eu conseguisse realizar este trabalho.

A minha irmã, Karina, pelo apoio, dedicação e incentivo para que eu prosseguisse com a carreira que abracei, e acima de tudo por todo amor dedicado a sua irmã “preferida”. Não poderia deixar de agradecer ao meu “excelentíssimo” cunhado, Eduardo, por fazer parte de nossa família, e juntamente com minha irmã, apoiar-me em todos os momentos.

Ao meu sobrinho, Vítor, uma das grandes alegrias da minha vida. Simplesmente agradeço por sua existência luminosa em minha vida e na de toda família.

Ao meu orientador Prof. Dr. Rommel Burbano, primeiramente por aceitar-me como sua orientada, e segundo, por me ajudar na realização deste trabalho. Mas acima de tudo, por sua amizade, pois além de ser meu orientador, você é um dos meus grandes amigos “tio”.

Aos componentes do Laboratório de Reprodução Animal, grande parceiro na realização deste trabalho: Profa. Ana Cássia, Dra. Rosemar Ramos e Dra. Diva Anélie. Vocês são parte fundamental deste trabalho, pois há anos

convivemos juntas, e isto foi muito importante para a minha formação pessoal e acadêmica. Muito obrigada!

Ao Prof. Otávio Ohashi, que foi o meu primeiro orientador, agradeço os ensinamentos e todos esses anos de convivência. Prof., com certeza o Sr. Foi muito importante para a minha formação. Obrigada.

Aos meus “novos” grandes amigos do Laboratório de Reprodução Animal, Sylvia Cristina e Pedro “Menor”, por estarmos passando juntos por toda a loucura do curso de mestrado, pela nossa união e preocupação um com o outro, ou seja, por toda a amizade construída através de nossa convivência. Adoro vocês!

Ao veterinário Jurupyta Viana, peça mais do que primordial para que este trabalho fosse realizado, pois sem ele simplesmente não haveria material algum. Além claro, do tratador dos animais o Sr. Deoclésio. Muito obrigada por sua valiosa ajuda.

Aos meus amigos do Laboratório de Citogenética Humana e Genética Toxicológica: Adriana (Drica), André Kayhat (Andrezão), Daniele Calcagno (Dani Fashion), Daniela Leite (Dani), David, Luciana (Lu Preta), Mariana, Patrícia Lima (Patty Professora), Terezinha (Tetty), e a técnica Glória (Glorita), por me receberem de braços abertos no laboratório e pela agradável convivência.

Entre todos os amigos que conquistei durante a minha empreitada durante o mestrado, destaco minha companheiríssima Carol, que junto as suas “bobs” Lu Preta e Marcela, proporcionaram-me um maravilhoso convívio e noção sobre o poder de uma grande amizade. Andrezão, com seu aperto de mão tão forte quanto seu coração e sua amizade, você é praticamente um

“paizão” de todos nós, além da dupla dinâmica Mariana e Dani Fashion, a primeira por toda a sua meiguice e a segunda, por ser “simplesmente” encantadora, mas as duas são maravilhosas, determinadas e fortes. Amo todos vocês de paixão!

Aos meus amigos, companheiros de todas as horas, que compartilharam comigo toda essa grande empreitada: Liane, Paulo Amaral, Ângela, Bruno e Luciana (“Louca”). Conhecemos-nos durante a graduação, enfrentamos as agruras das provas de mestrado, e, além disso, estivemos juntos em diversos momentos alegres ou não, mas que ajudaram a sedimentar a imensa amizade que sentimos uns pelos outros. Principalmente, agradeço ao Paulo e a Liane pelas dicas dadas durante a realização deste trabalho, com certeza sem elas muita coisa não teria saído.

Aos professores Júlio César Pieczarka e Cleusa Nagamashi por permitirem o uso do Laboratório de Citogenética Animal e disponibilizarem seus equipamentos e pessoal, para me auxiliarem neste trabalho. Além deles, o Prof. Edivaldo Oliveira, por suportar-me todo esse tempo. Muito obrigada a todos!

Ao meu amigo Jorge Rissino, técnico do Laboratório de Citogenética Animal e companheiro de mestrado, agradeço a disponibilidade e paciência em me ensinar, suas dicas e, simplesmente sua amizade.

Ao meu amigo José Augusto (o “Cientista”), do Laboratório de Citogenética Animal, que claro, sem você essa tese não teria saído. Muito, muito obrigada por se dispor a fotografar o material.

À EMBRAPA – Amazônia Oriental, por disponibilizar os animais, foco desse estudo.

“Quando estiveres vividamente atento, através dos sentidos, mantém-te alerta. Quando, sentado ou deitado, deixa-te ficar sem peso, além da mente, olhando para o céu azul atrás das nuvens, vê a eternidade.”

Shiva Sútra

RESUMO

A espécie *Tayassu tajacu* (caititu) é amplamente distribuída no continente americano, distribuindo-se desde o sul dos Estados Unidos até o norte da Argentina. No Brasil, distribui-se por todo o território, sendo uma das principais fontes de proteínas para as populações rurais. Sua criação em cativeiro possibilitaria uma forma de pecuária alternativa para essas populações, desta forma protegendo essa espécie da pressão da caça. Portanto, a citogenética serviria como uma ferramenta potencial para o monitoramento reprodutivo de animais criados em cativeiro, principalmente, quando destinados a fins comerciais. Esse trabalho tem por objetivo determinar o número cromossômico de duas populações criadas em cativeiro. Para este fim, foram analisadas metáfases mitóticas obtidas de cultura de linfócitos a partir de amostras de sangue de 6 animais oriundos de Mossoró (RN), 1 de Ipixuna (PA) e 4 de Uruará (PA). A análise resultou no mesmo padrão cariotípico da espécie encontrado na literatura ($2n = 30$ cromossomos e $NF = 48$), além de corresponderem ao padrão sulamericano da espécie, ou seja, sem a presença da translocação entre os cromossomos autossômicos 1 e 8, porém não foram encontradas diferenças entre as populações estudadas. No entanto, foram observados polimorfismos quando comparadas a populações do restante do país, além de populações norte americanas e da Guiana Francesa.

ABSTRACT

The collared peccary (*Tayassu tajacu*) is found from southern United States to northern Argentina. In Brazil, it ranges all over the country and is a source of meat for local people. Thus, a cytogenetic analysis is an important tool to evaluate reproductive efficiency at animals breeding in captivity that in order to commercialization. The aim of this study was to determine the chromosomal number of this specie from animals breeding in captivity of different populations. The animals utilized in this work were from different Brazilian populations: 6 animals from Mossoró (RN), 1 from Ipixuna (PA) and 4 from Uruará (PA). Metaphase chromosomes were prepared from cultured blood lymphocytes, following standard procedures. The results showed the same karyotypic pattern found for others authors ($2n = 30$ chromosomes and $FN = 48$), although, not any differences were found among these populations. But, they showed the same South American pattern, however, chromosomal polymorphism were found when compared to others populations, in Brazil and others countries (United States and French Guiana)

LISTA DE ABREVIATURAS

cm: centímetro

mm: milímetro

mL: mililitro

μm^2 : micrometros quadrados

2n: número diplóide

NF: número fundamental

RON: região organizadora de nucléolo

r. p. m.: rotações por minuto

2XSSC: solução salina citrada

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1:	Representantes da família Tayassuidae. A. <i>T. tajacu</i> ; B. <i>C. wagneri</i> ; C. <i>T. pecari</i>	11
FIGURA 2:	Distribuição geográfica das espécies da família Tayassuidae.....	13
FIGURA 3:	Representante da espécie <i>T. tajacu</i>	14
FIGURA 4:	Mapa representativo das localidades de origem das amostras utilizadas no presente trabalho.....	36
FIGURA 5:	Metáfase representativa da espécie <i>T. tajacu</i> com padrão de coloração convencional. Metáfase de um macho.....	45
FIGURA 6:	Cariótipo representativo de uma fêmea da espécie <i>T. tajacu</i> com padrão de bandamento G.....	46
FIGURA 7:	Cariótipo representativo de um macho da espécie <i>T. tajacu</i> com padrão de bandamento G.....	47
FIGURA 8:	A figura demonstra a diferença de tamanho entre os cromossomos autossômicos 1, 13 e 14, respectivamente. A linha indica a localização do centrômero.....	48
Quadro 1:	Identificação, sexo e origem dos animais utilizados no estudo.	37
Quadro 2:	Morfologia dos pares cromossômicos autossômicos do cariótipo da espécie <i>T. tajacu</i>	49
Quadro 3:	Morfologia dos cromossomos sexuais do cariótipo da espécie <i>T. tajacu</i>	49

SUMÁRIO

	LISTA DE ABREVIATURAS.....	i
	LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	ii
1	INTRODUÇÃO.....	01
1.1	CONSIDERAÇÕES GERAIS SOBRE A SUBORDEM SUIFORMES.....	04
1.2	FAMÍLIA TAYASSUIDAE.....	06
1.2.1	Classificação Taxonômica do Gênero <i>Tayassu</i>.....	10
1.2.2	Distribuição Geográfica.....	11
1.2.3	Características Físicas da Espécie <i>Tayassu tajacu</i>.....	14
1.2.4	Características Biológicas.....	17
1.2.4.1	Habitat, Comportamento, Ecologia e Hábitos Alimentares.....	17
1.2.4.2	Reprodução.....	19
1.2.5	Considerações Gerais sobre os Estudos Citogenéticos em Suiformes.....	21
1.2.6	Estudos Citogenéticos em Tayassuídeos.....	27
1.3	OBJETIVOS.....	34
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	35
2.1	CARACTERIZAÇÃO DA AMOSTRA.....	35
2.2	MÉTODOS.....	38
2.2.1	Colheita do Material Biológico.....	38
2.2.1.1	Colheita das Amostras de Sangue.....	38
2.2.2	Obtenção das Metáfases.....	39
2.2.3	Técnicas de Coloração e Bandeamento.....	40

2.2.4	Análise de Preparações Citológicas.....	42
2.2.5	Técnicas Fotográficas.....	42
2.2.4.1	Fotomicrografias.....	42
2.2.4.2	Revelação do Filme Fotográfico.....	43
2.2.4.3	Cópias Fotográficas.....	43
2.2.4.4	Montagem dos Cariótipos.....	44
3.	RESULTADOS.....	45
4.	DISCUSSÃO.....	50
5.	CONCLUSÕES.....	54
6.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55
	ANEXOS I.....	67
	ANEXOS II.....	71

1. INTRODUÇÃO

Na Amazônia, a pressão antrópica sobre as populações da fauna silvestre tem crescido nas últimas décadas até a ponto de fazer desaparecer espécies vegetais e animais. De acordo com Redford (1997), esta ação pode afetar a fauna de forma indireta ou direta. A forma indireta seria a destruição causada pela atividade humana não visando, especificamente, os animais, mas pelo aniquilamento dos habitats, impossibilitando a sobrevivência dos mesmos. Os efeitos diretos se dariam através da ação do homem na matança dos animais, entretanto, na região amazônica tal fato é tão antigo que coincide com a presença do homem na região, podendo ser dividida em duas categorias: caça de subsistência e comercial.

Alvard et al. (1997), declararam que a caça é um importante componente da estratégia de subsistência dos habitantes da Amazônia, e também uma séria ameaça à biodiversidade em algumas áreas. Segundo Redford (1997), a caça comercial é a segunda maior causa de redução da fauna, pois, a matança de animais nas florestas amazônicas, inicialmente causada por europeus para uso comercial, vem sendo praticada desde a descoberta do continente, e antes mesmo da chegada destes últimos, já havia um comércio de animais e seus produtos realizados pelas populações locais. Contudo, a diferença entre a caça comercial e a de subsistência está ficando cada vez mais indistinta.

Há uma ampla variedade de exemplares de mamíferos preferidos para a caça, entre primatas não-humanos (*Cebus apella*, *Alouatta* spp., *Ateles* spp., *Cebus* spp.), roedores (*Agouti paca* e *Dasyprocta* spp.), tatus (*Dasybus*

novemcinctus), veados (*Mazama* spp.), entre outras (Redford, 1997). Dentre elas, destacam-se os Tayassuídeos, principalmente as espécies *Tayassu tajacu* (caaititu) e *Tayassu pecari* (queixada), muito comuns na região amazônica. Esses animais são visados não somente para a caça comercial e de subsistência, mas também para a caça esportiva na Amazônia (Peres, 1996). Sua carne e couro são produtos bastante explorados, e atualmente essa demanda é atendida por meio da caça predatória e ilegal realizada em diversos países sul-americanos, em especial o Brasil (Nogueira-Filho & Lavorenti, 1997).

Desta forma, essas espécies que representam uma fonte alimentar importante para as populações de baixa renda, tornam-se cada vez mais raros, prejudicando ainda mais a qualidade de vida das mesmas.

Para Nogueira-Filho & Lavorenti (1997), uma forma de exploração mais racional desses animais seria um plano de manejo adequado que favorecesse a manutenção do seu habitat natural, levando à produção de excedentes a serem utilizados pelo homem. Outra forma seria sua criação comercial em cativeiro, que não só ajudaria na valorização das zonas agrícolas como também proteger a fauna de uma pressão de caça predatória ao extremo, favorecendo a conservação da biodiversidade.

A fauna silvestre é um recurso natural que faz parte da economia da Amazônia, mas que, na falta de gerenciamento, poderá ser drasticamente reduzida. Se for razoavelmente explorada, porém, poderá se tornar uma fonte de desenvolvimento substancial, que além de fornecer uma fonte alternativa de proteína, também poderá ser explorada por meio da utilização de subprodutos animais como gordura, couro, pêlos etc.

Portanto, uma das formas de se obter conhecimento a respeito da diversidade deste recurso natural seria através de estudos citogenéticos, deste modo promovendo seu melhor gerenciamento, relacionando-os a estudos evolutivos e de preservação animal. A diversidade cromossômica pode ter implicações filogenéticas, bem como, as características morfológicas, deste modo informações cariotípicas podem auxiliar na elucidação de problemas taxonômicos.

Da mesma forma, o estudo citogenético em animais destinados a fins comerciais serve como uma ferramenta extremamente útil no monitoramento do potencial reprodutivo, bem como, de prováveis causas de redução de fertilidade, destacando-se a possibilidade de se caracterizar e diferenciar espécies aparentadas ou populações distintas, e assim identificar e prevenir a formação de híbridos ou polimorfismos cromossômicos que possam comprometer a reprodução (Rocha, 2004).

Como a espécie *T. tajacu* apresenta-se amplamente distribuída no Brasil, a caracterização cariotípica de diferentes grupos criados em cativeiro provenientes de várias regiões, favoreceria o conhecimento de possíveis polimorfismos cromossômicos, capazes de comprometer a reprodução e o fenótipo da espécie, do mesmo modo, servindo como ferramenta auxiliar no manejo dos animais criados em cativeiro para fins comerciais.

De acordo com Rocha (2004), o crescente interesse na exploração comercial dos catetos, há a possibilidade de se formarem plantéis com animais oriundos de diferentes regiões. Nestes casos, pode-se promover a formação de polimorfismos cromossômicos intrapopulacionais capazes de comprometer a capacidade reprodutiva do plantel. A orientação aos criadores, portanto, pode ajudar

na prevenção de problemas indesejáveis e assegurar a manutenção de patrimônios genéticos específicos.

Portanto, como há a perspectiva de expansão da genômica animal e os resultados dessa tecnologia, se combinados com novas técnicas de reprodução, poderão mudar e melhorar a maneira como o criador faz e orienta o melhoramento genético (Rothschild & Plastow, 1999), pois atualmente, a distinção entre animal “puro” e híbrido é feita não só pela observação do fenótipo, mas também por meio da análise do número de cromossomos nas células diplóides (Gimenez et al., 2003).

1.1 CONSIDERAÇÕES GERAIS SOBRE A SUBORDEM SUIFORMES

De acordo com a sistemática tradicional, a subordem Suiformes Jaeckel, 1911, está incluída na ordem Artiodactyla, juntamente com Ruminantia, cujos componentes são bovinos, veados, entre outras espécies relacionadas; e Tylopoda, composta pelos camelídeos (Montgelard et al., 1998; Ursing & Arnason, 1998; Lin *et al.*, 1999).

Entretanto, Groves & Grubb (1993) dividem a ordem Artiodactyla em três subordens: Suiformes, Tylopoda e Pecora, este último nomeado no lugar de Ruminantia.

Entre as subordens, Ruminantia seria a linhagem mais recentemente originada, porém sua relação com as outras subordens ainda não foi completamente elucidada (Ursing & Arnason, 1998). E os Suiformes são considerados os mais primitivos, pois apresentam características tais como: estômago menos complexo

que o dos ruminantes, a presença de muitos dentes, membros menos avançados, e em uma das famílias as fêmeas têm o hábito de formar ninhos (Groves & Grubb, 1993).

Os Suiformes são os únicos não-ruminantes da ordem Artiodactyla (Groves & Grubb, 1993), constituída pelas famílias Suidae, cujos membros são os porcos domésticos e selvagens, e inclui cinco gêneros; Tayassuidae, composta pelos tayassuídeos (ou pecaries), com três gêneros; e Hippopotamidae, composto por hipopótamos com dois gêneros, além de diversas famílias fósseis (Montgelard et al., 1998).

Simpson (1945) reconheceu entre os Suiformes duas infraordens, Suina, composta por suídeos e tayassuídeos; e Ancodonta, cujos componentes seriam os hipopótamos.

Para Benirschke et al. (1985), os Suina compreendem duas famílias: Suidae, a qual pertencem os porcos verdadeiros, e Tayassuidae, a qual pertencem os tayassuídeos. Thenius (1970) citado por Benirschke et al. (1985) e Ursing & Arnason (1998) citaram que estas famílias teriam evoluído na Eurásia e se diferenciado a milhões de anos atrás.

Segundo Groves & Grubb (1993) a subordem Suiformes é dividida em três famílias: Hippopotamidae, a qual pertencem os hipopótamos; Dicotylidae, que abrange todos os tayassuídeos; e Suidae, que inclui os porcos verdadeiros.

No entanto, pensava-se que as três famílias da subordem Suiformes eram relacionadas filogeneticamente, porém seus representantes comprovam uma história evolutiva mais antiga. Os Suiformes extintos seriam não-ruminantes e exibiriam características esqueléticas e dentárias muito primitivas entre os Artiodactylas (Gentry & Hooker, 1988; Pickford, 1993; Ducrocq, 1994; Ducrocq et al.,

in press). Isto torna difícil estabelecer suas relações filogenéticas abordando somente suas características morfológicas (Montgelard et al., 1998).

As relações filogenéticas entre Suidae e Tayassuidae são comprovadas por dados paleontológicos (Viret, 1961) e por dados moleculares (Randi et al., 1996; Gatesy, 1997; Montgelard et al., 1998). Contudo, a posição de Suidae com respeito a Hippopotamidae é mais discutida, pois a partir de dados morfológicos e paleontológicos, os últimos são alternativamente relacionados aos tayassuídeos (Pickford, 1993), ou a uma família de Artiodactyla extinta, os Anthracotheriidae (Gentry & Hooker, 1988). No entanto, recentes estudos moleculares sugerem que Hippopotamidae seriam mais relacionados aos cetáceos, que inclui baleias e golfinhos, do que aos suídeos e tayassuídeos (Shimamura et al., 1997).

Tais resultados podem indicar que a subordem Suiformes pode ser parafilética, definida por meio de homoplasia dental e características osteológicas (Montgelard et al., 1998).

1.2 FAMÍLIA TAYASSUIDAE

Originalmente sem tayassuídeos, a América do Sul foi invadida por eles, entre os “últimos imigrantes” presumivelmente no período Montehermosan na metade do Plioceno (Benirschke et al., 1985).

Para Groves & Grubb (1993), mesmo os tayassuídeos sendo agora confinados ao Novo Mundo, seus ancestrais não apresentavam essa distribuição

restrita. Seus primeiros representantes ocorreram na Europa durante o Oligoceno, e até o Mioceno Médio eles ainda habitavam a Eurásia. Sobreviveram ao Pleistoceno Final em áreas da América do Norte e do Sul, onde estão agora ausentes, principalmente os gêneros *Platygonus*, *Catagonus* e *Mylohyus*. Foi especulado, de acordo com Hendey (1976), que tayassuídeos estariam presentes na África do Sul durante o Pleioceno, entretanto, Pickford (1988) relatou que se tratava de uma nova espécie de porco pigmeu, ambos, autores citados por Groves & Grubb (1993). No entanto, tayassuídeos verdadeiros ocorreram na África durante o Mioceno de acordo com Pickford (1986) mencionado por Groves & Grubb (1993).

Colbert (1980) citado por SOWLS (1997) acredita que os tayassuídeos teriam se originado no Hemisfério Ocidental, contudo, os porcos verdadeiros da família Suidae teriam se desenvolvido no Hemisfério Oriental. Ou seja, os porcos verdadeiros e os tayassuídeos surgiriam no início do Oligoceno, o primeiro no Velho Mundo, e o segundo, na América do Norte.

A migração desses animais de acordo com Colbert (1980) e Simpson (1980), ambos citados por SOWLS (1997), teria ocorrido da América do Norte em direção a América do Sul durante o último grande intercâmbio mamífero no período Terciário, seguindo o surgimento da ponte da América Central. Porém, quantas espécies ancestrais migraram para a América do Sul, para tornarem-se as formas ancestrais dos tayassuídeos, ainda é controverso (SOWLS, 1997).

Embora tayassuídeos e porcos sejam similares na aparência, contudo, os seus diferentes alcances territoriais no Velho e no Novo Mundo, conduziram-nos a histórias evolutivas paralelas (Colbert, 1980 citado por SOWLS, 1997).

De acordo com SOWLS (1997), algumas das espécies extintas são pouco conhecidas devido à escassez do material fóssil. O material do qual se obteve

maiores informações, provêm do gênero *Platygonus*, pois seria a forma extinta mais recente e o material fóssil mais abundante e bem estudado. O gênero *Mylohyus* possui registros fósseis menos abundantes.

Fósseis de pecaries do período Chapadmalda foram localizados na América do Sul e o gênero *Platygonus* possui o registro fóssil na Argentina do período Ensenadan do final do Plioceno (Benirschke et al., 1985). Alguns autores (Pearson, 1927; Colbert, 1933 citado por SOWLS, 1997), relatam registros de fósseis de tayassuídeos pertencentes a diferentes subfamílias no Novo Mundo, na Europa e Ásia. Mas a quantidade de registros fósseis destas espécies encontrados no Hemisfério Ocidental, os isolados no Velho Mundo são poucos (SOWLS, 1997).

De acordo com SOWLS (1997), a família Tayassuidae apresenta três espécies: caititu (*Tayassu tajacu* – Linnaeus, 1758), queixada (*Tayassu pecari* – Link, 1795), e caititu do Chaco (*Catagonus wagneri* - Rusconi).

Destas espécies, somente *T. tajacu* e *T. pecari* eram conhecidas até a década de 70 (Benirschke et al., 1985). O mesmo autor relata que em 1975, no Chaco paraguaio, WETZEL et al. (1975) tornaram pública a descoberta de uma nova espécie, denominada de *C. wagneri*. Contudo, mesmo sendo uma descoberta recente, existem depósitos sub-fósseis da espécie do final do Pleistoceno, descritos durante a década de 30 (Grubb & Groves, 1993).

A classificação proposta (família Tayassuidae e gêneros *Tayassu* e *Catagonus*) foi questionada por diversos autores, que propuseram novas classificações. Autores citados por SOWLS (1997) denominaram a família como Dicotylidae (Woodburne, 1968; Husson, 1978), da mesma forma que Groves & Grubb (1993). Woodburne (1968) citado por SOWLS (1997), referiu-se ao caititu como *Dicotyles tajacu*, com base em estudos detalhados de miologia e osteologia

craniana, e ao queixada como *T. pecari*, baseado em estudos de osteologia de seu esqueleto. Portanto, para este autor, essas duas espécies teriam seguido diferentes linhas evolutivas.

Husson (1978) concordou com a proposta de Woodburne (1968), ambos citados por SOWLS (1997), quanto à separação dos gêneros, contudo, referiu-se ao caititu como *T. tajacu* e ao queixada como *D. pecari*. Divisão seguida por Hall (1981), baseado na presença do “colar” e no curto comprimento do diastema (espaço entre o canino e o primeiro molar) no caititu quando comparado com o queixada.

Na atualidade, grande parte dos autores considera o caititu pertencente à família Tayassuidae, denominando-o de *T. tajacu*; o queixada de *T. pecari*; e o caititu do Chaco de *C. wagneri*.

Em relação ao número de subespécies, existem discordâncias entre inúmeros autores. Santos et al. (1999) relatam que em 1961 a espécie *T. tajacu* foi dividida em diferentes subespécies de acordo com a região geográfica e a coloração dos animais, sendo as seguintes: *T. tajacu tajacu* (Brasil), *T. tajacu torvus* (Colômbia), *T. tajacu patira* (Guiana Francesa), *T. tajacu bangsi* (Panamá e sul dos Estados Unidos) e *T. tajacu niger* (Equador). Nesse mesmo período, Cabrera (1961) citado por SOWLS (1997) considera que ao sul da América existiriam apenas cinco subespécies de caititu e quatro de queixada.

Contudo, Husson (1978) relatou no Suriname apenas uma subespécie de caititu e nenhuma de queixada. Ao contrário de Hall (1981), que reconheceu dez subespécies de caititu e duas de queixada na América do Norte e Central. Entretanto, Mayer & Wetzel (1987) e March (1993) reconheceram a existência de cinco subespécies de queixada.

Portanto, Husson (1978) citado por SOWLS (1997) comentou a necessidade da realização de estudos mais detalhados para a determinação do verdadeiro status de subespécie nesses animais. Grubb & Groves (1993) revisaram as divisões mais aceitas e concluíram que há quatorze subespécies de caititu e cinco de queixada.

Sobre o caititu do Chaco não há estudos taxonômicos em nível subespecífico devido a sua pequena área de ocorrência, além de poucos exemplares estarem presentes nas coleções dos museus (SOWLS, 1997).

1.2.1 Classificação Taxonômica do Gênero *Tayassu*

O gênero *Tayassu* classifica-se de acordo com SOWLS (1997):

Reino: Animalia

Filo: Chordata

Classe: Mammalia

Ordem: Artiodactyla

Subordem: Suiformes

Família: Tayassuidae

1.2.2 Distribuição Geográfica

Os animais da família Tayassuidae são restritos ao continente americano e descendem de formas ancestrais europeias (Giannoni, 1979). A FIG. 1 mostra as espécies componentes desta família.

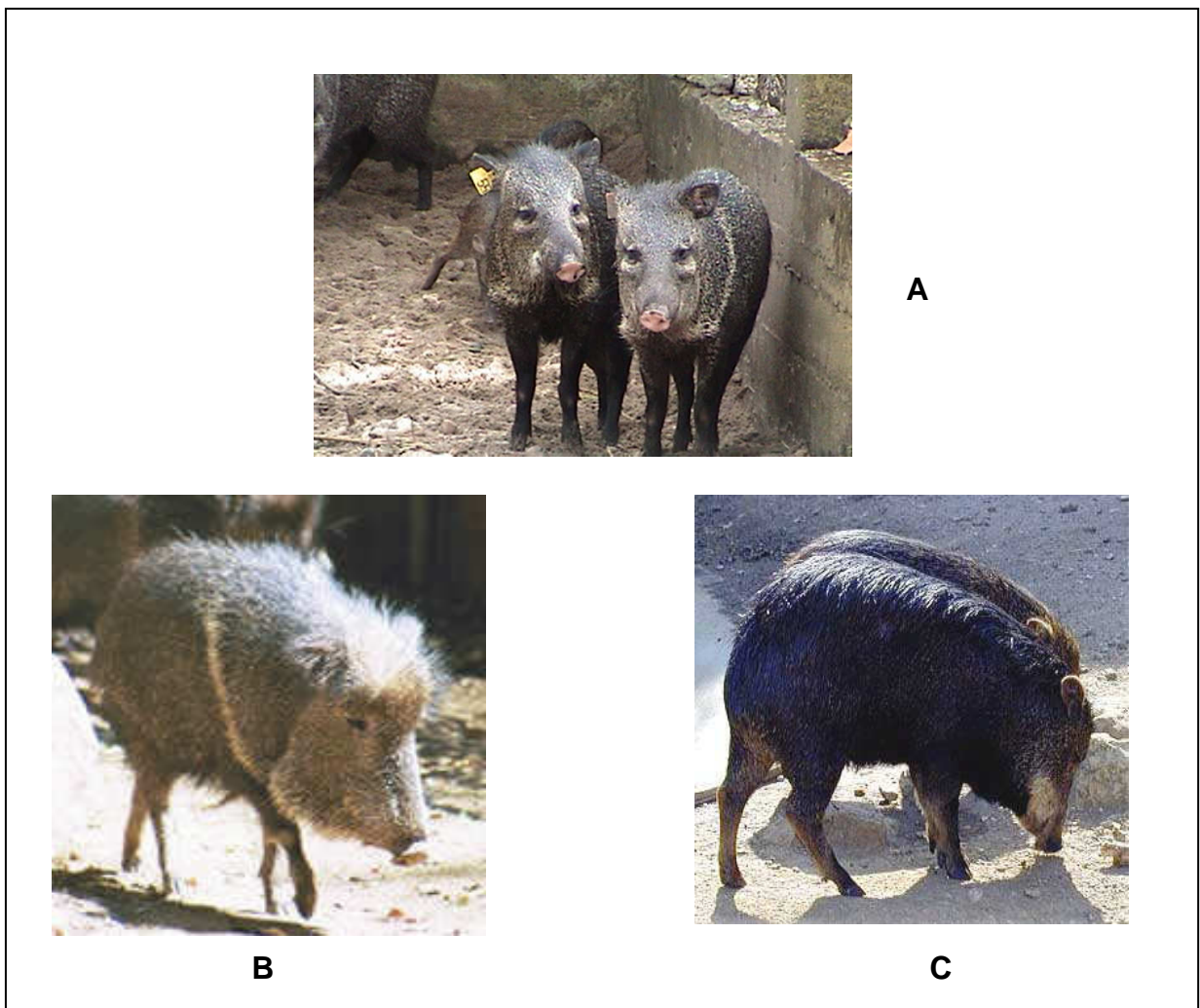


FIGURA 1: Representantes da família Tayassuidae. A. *T. tajacu*; B. *C. wagneri*; C. *T. pecari*.

Fonte: B: <http://www.ultimateungulate.com>

C: <http://www.naturezaycaza.com>

Por distribuírem-se tão amplamente no continente, seus espaços territoriais sobrepõem-se em alguns lugares, como ocorre na América do Sul, entre o caititu e o queixada que convivem simpatricamente, e em algumas áreas, ambos juntamente com o caititu do Chaco (Sowls, 1997).

Popularmente conhecido como caititu, a espécie *T. tajacu* abrange desde o sul dos Estados Unidos ao norte da Argentina (Giannoni, 1973; Giannoni et al., 1981b; Grubb & Groves, 1993; Sowls, 1997), sendo o tayassuídeo mais amplamente distribuído. O queixada, *T. pecari*, tem a distribuição menos abrangente que a do caititu, podendo ser encontrado desde o sul do México ao sul do Paraguai, podendo às vezes alcançar o norte da Argentina (Giannoni, 1973; Grubb & Groves, 1993; Sowls, 1997). O caititu do Chaco, *C. wagneri*, somente é encontrado em uma pequena e árida região, conhecida como Gran Chaco, localizada entre o oeste do Paraguai, norte da Argentina e sudeste da Bolívia (Grubb & Groves, 1993; Sowls, 1997). A FIG. 2 mostra a distribuição geográfica das três espécies da família Tayassuidae.



FIGURA 2: Distribuição geográfica das espécies da família Tayassuidae.
 Fonte: Modificado de SOWLS (1997).

1.2.3 Características Físicas da Espécie *Tayassu tajacu*

A espécie *T. tajacu*, assemelha-se fisicamente aos suínos domésticos (*Sus scrofa*) (Giannoni, 1973), e entre os membros da família Tayassuidae é o que apresenta o menor tamanho corporal variando entre 0,79 a 1,06 m de comprimento; altura entre 0,4 a 0,45 m e peso entre 14 a 30 kg (Nowak & Paradiso, 1983) (FIG. 3).



FIGURA 3: Representante da espécie *T. tajacu* .

Fonte: http://www.desertmuseum.org/programs/yecora_gallery-fauna3.htm

Apesar da semelhança física com os suínos domésticos, a espécie apresenta diferenças marcantes, como pernas finas e cabeça desproporcionalmente grande em relação ao restante do corpo (Grubb & Groves, 1993; Nogueira-Filho & Lavorenti, 1997). Suas orelhas são pequenas e de pontas arredondadas, e da mesma forma que os suínos domésticos, possuem um forte disco nasal, e constituição dentária de 38 dentes, ao contrário dos suínos domésticos que possuem 42 (Giannoni, 1973).

A fórmula dentária da espécie é: I 2/3; C 1/1; P 3/3; M 3/3 = 38, correspondentes aos incisivos, caninos, pré-molares e molares, respectivamente. Contudo, os caninos superiores apresentam-se dirigidos para baixo, ou seja, não são curvados e para fora, formando presas, além de serem menores e não apresentarem crescimento contínuo, ao contrário do observado em Suidae (Walker et al, 1968; Toschi, 1974). A forma e a disposição dos caninos permitem o desenvolvimento de poderosa força mastigadora sem o perigo de deslocamento, facilitando a trituração de alimentos com cascas protetoras duras, e a mandíbula não possui movimentos transversais (Kiltie, 1978).

Além disso, Giannoni (1973) descreve que a espécie possui apenas um rudimento de cauda (aproximadamente 2 cm); patas anteriores com quatro dedos e as posteriores com três, e os metacarpos do terceiro e quarto dedos das patas anteriores e os metatarsos das patas posteriores são soldados. Na parte final do dorso, localiza-se uma glândula que secreta um odor com cheiro bastante forte, e de acordo com SOWLS (1997), as fêmeas apresentam dois pares de tetas funcionais e dois pares não-funcionais, distribuídos da seguinte forma: um par inguinal, um par pós-abdominal, e dois peitorais, sendo somente os pares posteriores funcionais.

Neal (1959) citou que as fêmeas apresentam um tamanho ligeiramente superior aos machos, no entanto, SOWLS (1984) cita que os machos seriam maiores que as fêmeas. Entretanto, não apresentam dimorfismo sexual: o macho só pode ser identificado quando sua bolsa escrotal é observada a pequena distância (Nogueira-Filho & Lavorenti, 1997).

Segundo Borrero (1967), de acordo com sua localização geográfica a cor da pelagem dos caititus pode variar de tons mais avermelhados até mais negros; não apresentando o “colar” branco característico, ao redor do pescoço. Este mesmo autor juntamente com Cabrera & Yepes (1969) descrevem que os caititus podem apresentar, em geral, a coloração negra mesclada ao branco com ou sem a presença do “colar” esbranquiçado ao redor do pescoço, ou ainda, a coloração amarelada com o “colar”.

De acordo com SOWLS (1984) e Groves & Grubb (1993), os caititus apresentam pelagem acinzentada, devido os pêlos apresentarem-se pretos com anéis brancos em toda a sua extensão. Os tons mais escuros são observados nos membros e ao longo da crista dorsal, formada por pêlos eréteis, além da presença do “colar” de pêlos esbranquiçados ao redor do pescoço.

A área que rodeia cada olho apresenta pêlos mais claros e, nas orelhas, apresentam pêlos negros na face externa, porém, alguns brancos na face interna. Os ouvidos contêm várias vibrissas grandes e negras (Borrero, 1967; Cabrera & Yepes, 1969).

A pelagem dos animais jovens apresenta tons vermelho-acinzentados com uma faixa distinta marrom escura na região mediana do dorso e um “colar” claro nos ombros. A mudança para a coloração adulta ocorre aos dois ou três meses de idade (Grubb & Groves, 1993). As crias, no entanto, apresentam cor marrom clara

uniforme e uma ampla faixa dorsal de cor negra, contudo, não possuem o “colar” (Borrero, 1967).

Anatomicamente, a principal característica que os diferenciam dos suínos domésticos é o estômago dividido em três compartimentos, de acordo com Toschi (1974) ou quatro, segundo Nogueira-Filho & Lavorenti (1997).

1.2.4 Características Biológicas

1.2.4.1 Comportamento.

Os caititus são animais nômades vivendo quase que em constante busca por alimento (Giannoni, 1973). O habitat dos caititus é bastante variado, abrangendo desde matas densas e úmidas até regiões desérticas. Esta capacidade de sobrevivência em diferentes condições se deve a adaptações fisiológicas e comportamentais (Sowls, 1984).

De hábitos diurnos, vivem em grupos que variam entre cinco a quinze indivíduos, de acordo com Sowls (1984) ou de dez a cem indivíduos, segundo Giannoni (1973), não havendo grupos formados exclusivamente por machos e nem a formação de haréns (Sowls, 1984).

Geralmente os indivíduos integram um grupo durante toda a sua vida, sendo muito ocasionais as mudanças no bando causadas pela saída de um indivíduo (Sowls, 1997). No entanto, algumas vezes esses grupos podem ser

temporariamente fragmentados durante a época das chuvas, quando a vegetação fica mais densa, o que torna mais fácil a defesa contra os predadores (Nogueira-Filho & Lavorenti, 1992; SOWLS, 1997).

Giannoni (1973), destaca que a disposição hierárquica do grupo durante o deslocamento consiste no chefe à frente acompanhado pelos machos mais velhos, em seguida pelos machos novos e, por último, as fêmeas e suas crias, as quais seguem a mãe desde o momento em que nascem.

De acordo com SOWLS (1997), a demarcação é realizada por meio da glândula dorsal. O bando interage por meio de contatos, vocalizações, além do cheiro. Quando ameaçados vocalizam de forma agressiva eriçam o pêlo da região dorsal expondo assim as bases brancas dos pêlos, além de emitirem chamados de alerta para os outros membros (Borrero, 1967; SOWLS, 1997).

Em cativeiro, Nogueira-Filho & Lavorenti (1992) observaram a rejeição do bando formado à introdução de indivíduos, porém, foram tolerantes à introdução de grupos de três ou mais indivíduos aparentados, resultando nessas condições a formação de subgrupos, de acordo com o parentesco.

Os mesmos autores observaram a tolerância à presença de animais adultos, inclusive de machos, não ocorrendo interações sociais agressivas que levassem à retirada desses animais do criadouro. De acordo com Albuquerque et al. (2004), observaram que em cativeiro os animais dedicam 50% do tempo à observação, 20% ao deslocamento, 7% à investigação olfatória do ambiente e 5% ao descanso, e a investigação olfatória de um congênere representou metade das interações.

Os caititus têm uma dieta bastante variada, no entanto, preferem frutos, raízes, tubérculos, capim verde, caules tenros de vegetais, insetos e alguns

répteis (Giannoni, 1973; SOWLS, 1984). Albuquerque et al. (2004) obtiveram bons resultados na elaboração de uma dieta mais equilibrada para animais criados em cativeiro, ao fazerem a classificação botânica e análise química de frutos, flores e sementes consumidos por esses animais na natureza.

Em cativeiro, esses animais adaptam-se facilmente a diferentes tipos de alimentos, sendo normalmente utilizados o milho, a mandioca, a abóbora e ração comercial para suínos (Nogueira-Filho & Lavoretti, 1992). Da mesma forma, Le Pendu et al. (2004) verificaram que em cativeiro, a ração comercial para suínos foi bem aceita pelos animais, independente da forma apresentada (farelada ou peletizada).

1.2.4.2 Reprodução

A biologia reprodutiva do caititu, ainda é pouco conhecida, principalmente, em relação aos grupos que habitam a região amazônica (Gottdenker & Bodmer, 1998).

SOWLS (1997) observou que entre os animais da América do Norte, a duração do ciclo estral da fêmea variam entre 22,6 e 24,6 dias, com a duração do estro de 3,5 a 4,8 dias.

Na região amazônica, as fêmeas apresentam ciclo poliestral contínuo, ou seja, reproduzem-se durante todo o ano não apresentando sazonalidade reprodutiva (Gottdenker & Bodmer, 1998; Da Silva et al., 2002; Albuquerque et al., 2004). Contudo, em regiões com estações definidas, como a Guiana Francesa e

EUA, principalmente no estado do Texas, a quantidade de chuvas é um fator regulador da reprodução, sendo observado que grande parte dos nascimentos ocorre durante as estações chuvosas, por causa da disponibilidade de recursos alimentares (Gottdenker & Bodmer, 1998).

O período de gestação varia, segundo Sowls (1997), entre 141 e 145 dias, com média de 144,7 dias, resultado similar ao observado por Da Silva et al. (2002), cuja variação foi entre 146 e 149 dias e Albuquerque et al. (2004), que observaram a média de gestação de $138,3 \pm 5,3$ dias. Contudo, Pinheiro et al. (2001), observaram a média do período de gestação de $157,43 \pm 2,46$ dias, valores bastante diferentes dos observados pelos outros autores.

A média do cio pós-parto observado por Albuquerque et al. (2004) foi de $8,6 \pm 2,4$ dias e intervalo médio entre partos de $155,2 \pm 15,0$ dias, ao contrário do observado por Pinheiro et al. (2001), cuja média do intervalo entre partos foi de $202,59 \pm 5,20$ dias. Em relação à média da primeira gestação, Albuquerque et al. (2004) verificaram a ocorrência aos $595,2 \pm 239,9$ dias e Pinheiro et al. (2001), aos $423,96 \pm 4,18$ dias.

A cada parto, a quantidade de filhotes pode variar entre um a quatro filhotes (Sowls, 1997), e segundo Albuquerque et al. (2004) o número médio de filhotes é de $1,82 \pm 0,42$, com 48,2% de machos e 51,8% de fêmeas. Pinheiro et al. (2001) e Da Silva et al. (2002), verificaram a grande frequência de partos gemelares, contudo foi observado que o nascimento de um filhote ou até mesmo de três filhotes, porém, neste último, a sobrevivência de todos os filhotes é um fenômeno bastante raro.

1.2.5 Considerações Gerais sobre os Estudos Citogenéticos em Suiformes

Existem numerosos estudos citogenéticos em Suiformes, bastante úteis para o esclarecimento de algumas relações evolucionárias (Benirschke et al., 1985). Considerando que o gênero *Sus* é composto por diversas subespécies, nas quais o número diplóide ($2n$) varia entre 34 e 38 cromossomos e o número fundamental (NF) dos braços cromossômicos permaneceu constante em 64, isto poderia sugerir que a evolução cariotípica nesta espécie tende a ocorrer por meio de processos robertsonianos, nos quais as fusões cêntricas predominariam, e a heterocromatina teria uma importante função neste processo (Giannoni et al., 1981b).

Dentre todos os representantes desta subordem, o porco doméstico cujo nome específico é *Sus scrofa*, *S. scrofa domestica* ou *S. scrofa domesticus*, foi a mais bem estudada, apresentando constituição cromossômica de $2n = 38$ cromossomos e polimorfismos cariotípicos (Benirschke et al., 1985; Gimenez et al., 2003).

No Brasil, estudos realizados na subespécie da subordem Suiformes, o javali europeu (*S. scrofa scrofa*), tornaram-se importantes para a determinação de animais “puros” em criatórios comerciais localizados na região Sul e Sudeste do país (De Miranda & Lui, 2003; Gimenez et al., 2003).

Portanto, em estudos citogenéticos realizados por De Miranda & Lui (2003) e Gimenez et al. (2003), respectivamente em animais provenientes de criatórios comerciais das regiões Sul e Sudeste e, somente em criatórios do estado de São Paulo, porém com animais de diferentes origens (Canadá, França e Rio

Grande do Sul), determinaram a presença de polimorfismo cromossômico de $2n = 36, 37$ e 38 cromossomos.

O cariótipo de $2n = 36$ cromossomos foi considerado tanto por criadores como por alguns autores (Darré et al., 1992; De Miranda & Lui, 2003), como padrão da espécie. Portanto, o cariótipo de $2n = 38$ cromossomos corresponde a animais denominados de javaporcos, e o híbrido de constituição cromossômica de $2n = 37$ cromossomos (De Miranda & Lui, 2003).

De acordo com De Miranda & Lui (2003) e Gimenez et al. (2003), a diferença cromossômica entre os cariótipos de *S. scrofa scrofa* e do javaporco, provém de uma fusão robertsoniana (translocação) entre os pares cromossômicos 15 e 17 [$t(15; 17)$], ocorrida no primeiro resultando em um par cromossômico submetacêntrico encontrado no cariótipo. E a formação cariotípica do híbrido, deve-se a formação de somente um cromossomo submetacêntrico médio, formado pelo mesmo processo descrito para *S. scrofa scrofa*.

Ducos et al. (1998) e Gimenez et al. (2003) relatam que não foram encontrados casos de aneuploidias, duplicações e deleções do material genético, sugerindo que a $t(15; 17)$ em *S. scrofa scrofa* não causa desequilíbrio gênico, mas sim, constitui em um elemento natural do processo evolutivo da espécie.

Entretanto, o NF manteve-se constante em todos os cariótipos avaliados (NF = 64), pois as variações cariotípicas ocorridas foram por meio de fusões ou fissões nestes animais, enquanto que mudanças no NF são atribuídas às inversões, as quais não foram observadas (De Miranda & Lui, 2003).

Giannoni et al. (1981b) observaram homologias entre as duas subespécies (*S. scrofa* e *S. scrofa scrofa*) em relação ao padrão de bandamento C,

da mesma forma que De Miranda & Lui (2003) observaram em três grupos polimórficos da subespécie *S. scrofa scrofa*.

Entretanto, Giannoni et al. (1981b) observaram exceções na região centromérica do par cromossômico 2 do *S. scrofa scrofa*, que apresenta uma pronunciada marcação nesta região quando comparada ao restante do cariótipo podendo ser um par cromossômico dicêntrico, o qual apresentou homologias com as observadas na mesma região nos pares cromossômicos 3 e 18 de *S. scrofa*.

Outra exceção seriam os pares cromossômicos 3 e 18 de *S. scrofa scrofa* que corresponderiam aos pares 2 e 19 de *S. scrofa*, respectivamente. Grande conteúdo de heterocromatina foi encontrado na região centromérica dos cromossomos telocêntricos e no braço longo do cromossomo Y nas duas subespécies.

Na espécie *S. scrofa* a localização da região organizadora de nucléolo (RON), que possui os genes codificantes para o RNA ribossomal (rRNA) 18S, 5.8S e 28S, foram observadas nas constrições secundárias, segundo Giannoni (1979) e Miyake et al. (1988) somente no par cromossômico 10, porém, outros autores relatam que seriam encontrados em ambos os pares cromossômicos 8 e 10 (Armada & Santos, 1993; Mellink et al., 1994; Mellink et al., 1996), e no par cromossômico 16 (Mellink et al., 1991). Contudo, os genes codificantes do RNAr 5S encontram-se agrupados a parte da RON, no par cromossômico 14, da mesma forma como observado em outros mamíferos (Mellink et al., 1996).

No entanto, em relação ao padrão de marcação das RONS, De Miranda & Lui (2003) observaram na subespécie *S. scrofa scrofa* marcações nos pares cromossômicos 7 e 10 em três grupos polimórficos ($2n = 36, 37$ e 38 cromossomos), ao contrário dos resultados obtidos por Giannoni et al. (1980), os quais observaram

a marcação somente no par cromossômico 14, em constrição secundária característica desse par, correspondente ao par cromossômico 10 de *S. scrofa scrofa* dos três grupos polimórficos.

De Miranda & Lui (2003) observaram variações inter e intraindividuais quanto à intensidade e número de cromossomos marcados, da mesma forma observados em suínos domésticos por Mellink et al. (1994).

O primeiro relato do padrão de marcação por meio da técnica Ag-RON em porcos selvagens asiáticos (*S. scrofa vittatus*, *S. verrucosus*, *S. celebensis* e *S. salvanius*) foi feita por Mellink et al. (1992), os quais observaram as marcações localizadas nas constrições secundárias dos cromossomos 8 e 10, além de polimorfismos relacionados ao tamanho e intensidade das marcações (2 a 4 cromossomos marcados).

Segundo Armada & Santos (1993), a ocorrência de polimorfismos em relação à marcação RON são raras em *S. scrofa*. Estes autores ao avaliarem a marcação da RON em um grupo dessa espécie que apresentaram problemas reprodutivos observaram polimorfismos no par cromossômico 10, que apresentava heterozigidade na marcação. Contudo, observaram um tipo raro de polimorfismo no macho reprodutor e na fêmea, representado por um grande bloco de banda RON, que poderia ser ocasionada por uma duplicação ou triplicação do gene ribossomal, nesse par cromossômico. Para Giannoni (1979) esse polimorfismo seria ocasionado por crossovers meióticos inadequados ou troca entre cromátides-irmãs, causas freqüentes de heteromorfismo de RONS, incluindo duplicações e deleções.

Giannoni et al. (1982) cogitam a hipótese de que este fenômeno possa ter aparecido recentemente em *S. scrofa*, ou já estava presente em seus ancestrais, pois o mesmo autor encontrou o mesmo polimorfismo em porcos selvagens.

No entanto, a prole oriunda do acasalamento dos animais portadores deste polimorfismo morreu sete dias após o nascimento, confirmando que polimorfismo em homozigose pode ser letal. Portanto, a reprodução em *S. scrofa* pode ser influenciada pela duplicação da banda RON ou pela duplicação de genes localizados próximos a essa região em animais heterozigotos (Armada & Santos, 1993).

Eldridge (1985), citado por Miyake et al. (1994), relatou que diversas aberrações cromossômicas vêm sendo observadas desde que foram iniciados os estudos citogenéticos em animais domésticos. Da mesma forma, estudos relacionados a casos de infertilidade, subfertilidade e reversão sexual foram observados nesses animais de grande interesse econômico (Pinton et al., 2002).

Miyake et al. (1994), ao investigarem porcos domésticos que apresentavam sintomas da Síndrome de Stress Suína (PSS), descreveram o primeiro caso de inversão pericêntrica em uma porca, a forma hereditária desta inversão, bem como sua performance reprodutiva. A inversão foi observada em um dos cromossomos do par número 1, cujo braço curto ficou mais curto que o do seu par, assim como, o braço longo ficou mais longo. Desta forma o cariótipo do animal foi determinado em $2n = 38$ cromossomos, XX inv (1p+q-) (2.1; 1.1), o qual foi repassado para 8 dos 13 filhotes da sua prole, demonstrando a viabilidade dos gametas que apresentaram a inversão.

Porém, dois problemas são resultantes desse tipo de inversão envolvendo a reprodução, de acordo com os mesmos autores. Uma seria a ocorrência de embriões com duplicações e deficiências derivadas de gametas não balanceados; e segundo, seria a redução da viabilidade e fertilidade dos indivíduos afetados devido à ocorrência de embriões danificados, os apresentariam condições de monossomia

e trissomia em alguns genes. Mas o animal analisado neste estudo não apresentou redução na fertilidade causada pela aberração, nem foi relacionado à presença de PSS.

Os problemas de redução da fertilidade foram associados a translocações cromossômicas recíprocas, como observados entre os cromossomos autossômicos 8 e 10, encontrados em um macho reprodutor (*S. scrofa*), utilizado em programas de inseminação artificial, resultando na redução de sua prole em cerca de 19% (Mäkinen et al. 1999), além dos vários casos relatados por Ducos et al. (1998). Mosaicismos cromossômicos foram também associados a casos de redução de fertilidade (Quilter et al., 2003).

A ocorrência de intersexualidade em porcos domésticos foi associada a inversões paracêntricas no braço curto de um cromossomo 9 [9(p1.2; p2.2)] (Pinton et al., 2002), e a mosaicismos cromossômicos (Tambasco et al., 1990; Benevides-Filho et al., 1995).

Com base em estudos comparativos entre os cariótipos das subespécies *S. scrofa* e *S. scrofa scrofa*, utilizando dados biométricos e padrões de bandamento G e C, foram averiguadas a formação do par cromossômico 2 da espécie *S. scrofa scrofa* (Giannoni et al., 1981c).

De acordo com estes autores, os pares cromossômicos 14 e 18 da espécie *S. scrofa*, apresenta similaridade ao par cromossômico 2 de *S. scrofa scrofa*, portanto, sugere-se que a sua formação tenha se formado por meio de fusão cêntrica de cromossomos de um "ancestral suídeo" comum similar aos pares cromossômicos 14 e 18 da espécie *S. scrofa*.

1.2.6 Estudos Citogenéticos em Tayassuídeos

Os primeiros estudos citogenéticos em Tayassuídeos foram realizados por Krallinger (1936), na espécie *T. tajacu*, o qual determinou $2n = 30$ cromossomos. Posteriormente, tal resultado foi confirmado por Spalding e Berry (1955), Pirtle (1967) e Hufty et al. (1973). Benirschke et al. (1985), relatou que para chegar a tal resultado, Krallinger (1936) utilizou testículos de um animal jovem, submetidos à técnica histológica, no qual observou a presença de dois grandes elementos, porém não foi capaz de distinguir os cromossomos sexuais.

O número diplóide de $2n = 26$ cromossomos para a espécie *T. albirostris* ou *T. pecari*, denominado dessa forma por Giannoni (1972, 1973, 1979), Giannoni & Ferrari (1976c, d, e, f, g) e Giannoni et al. (1981a, 1982) baseados na classificação proposta por Carvalho (1969), foi inicialmente determinado por Hufty et al. (1973), juntamente com os primeiros estudos sobre o padrão de bandeamento G. E para a espécie *C. wagneri*, $2n = 20$ cromossomos foi determinada por Benirschke et al. (1985).

Este último autor enfatiza que os animais utilizados por Krallinger (1936) e Hufty et al. (1973) eram provenientes da América do Norte, principalmente do Texas e Arizona. Até este período ainda não haviam sido realizados estudos com os animais existentes na América do Sul.

Segundo Benirschke et al. (1985), os primeiros estudos envolvendo animais sul-americanos foram realizados com a espécie *T. albirostris* por Hufty et al. (1973), com animais provenientes da Costa Rica, e por Giannoni & Ferrari (1976c), com animais brasileiros, em ambos foram determinados $2n = 26$ cromossomos.

Entretanto, os primeiros relatos sobre a determinação cariotípica tanto da espécie *T. albirostris* quanto de *T. tajacu*, no Brasil foram realizados por Giannoni (1972, 1973), determinando $2n = 26$ e $2n = 30$ cromossomos, respectivamente.

Tais resultados sobre o número diplóide foram observados por Santos et al. (1995), Santos et al. (1998), Andrea et al. (2001), Bosma et al. (2004) e Puertas et al. (2004).

Giannoni (1972, 1973) realizou nestes trabalhos uma ampla análise citogenética das espécies por meio de métodos biométricos e de formação de bandas G, descreveu-os e propôs uma classificação baseada em Haag & Nizza (1969).

Hufty et al. (1973) determinaram os padrão de bandas G das espécies *T. albirostris* e *T. tajacu* verificando muitas semelhanças entre esses padrões, ao contrário de Rocha (1993), que verificou diferenças significativas nos mesmos.

Os padrões de formações de bandas G foram descritos por Giannoni & Ferrari (1976a, b, d) na espécie *T. tajacu* e *T. albirostris*. Benirschke et al. (1985), observou o padrão de bandas G e C para a espécie *C. wagneri*.

Contudo, Bernischke et al. (1985) observaram homologias entre os cromossomos *C. wagneri* e os de *T. tajacu* e *T. albirostris*. Os pares cromossômicos 3, 5, 9 e o cromossomo Y de *C. wagneri* corresponderiam ao pares 3, 4, 6 e o cromossomo Y, respectivamente, de *T. albirostris*. A porção 1p, 2p e Xq de *C. wagneri* corresponderiam aos pares cromossômicos 2, 1 e ao cromossomo X de *T. albirostris*, respectivamente.

Giannoni & Ferrari (1976c) realizaram em *T. albirostris* um estudo biométrico do cariótipo e propuseram uma classificação cromossômica baseada na

descrição morfológica para suínos domésticos (*S. scrofa*) de Haag & Nizza (1969), mesmo observando diferenças numéricas e morfológicas entre as duas espécies.

Os mesmo autores compararam os cariótipos de *T. albirostris* ($2n = 26$) e *S. scrofa* ($2n = 38$), propondo que a diferença numérica de 12 cromossomos indique que durante a evolução de ambas a partir de um ancestral comum, provocou em uma a redução e na outra o aumento do número cromossômico original.

Giannoni & Ferrari (1976e, f) verificaram o mecanismo de fusões robertsonianas na formação dos pares cromossômicos números 2, 6 e 8 da espécie *T. albirostris*. Observaram que entre os cariótipos de *T. albirostris* e *T. tajacu*, apresentam muitas semelhanças como o $NF = 48$ e a semelhança no padrão de bandas G entre alguns pares cromossômicos, apesar da diferença numérica.

Para a formação do cromossomo 6 na espécie *T. albirostris* ocorreu fusão robertsoniana entre os pares cromossômicos do “ancestral suídeo” semelhantes aos cromossomos 9 e 14 da espécie *T. tajacu* (Giannoni & Ferrari, 1976e). E para a formação do cromossomo 8 essa fusão se daria entre os cromossomos 8 e 10 de *T. tajacu* (Giannoni & Ferrari, 1976f).

No entanto, para a formação do cromossomo 2 em *T. albirostris*, a semelhança no padrão de bandas G foi observada entre esta espécie e *S. scrofa*. A fusão robertsoniana teria ocorrido entre os cromossomos do “ancestral suídeo” similar aos cromossomos 2 e 3 de *S. scrofa* (Giannoni & Ferrari, 1976g).

De acordo com Giannoni & Ferrari (1976h) o cromossomo 1 da espécie *T. tajacu* teria sido formado através de inversão pericêntrica em um par cromossômico do “ancestral suídeo” similar ao cromossomo 3 de *T. albirostris*, e posterior translocação entre este cromossomo e o semelhante ao cromossomo 1 nesta espécie.

No entanto, para a formação do cromossomo 2 na espécie *T. tajacu*, segundo Giannoni & Ferrari (1976i) teria ocorrido por meio de fusões robertsonianas entre os cromossomos 2 e 3 do “ancestral suídeo” semelhante aos da espécie *S. scrofa*, com posterior inversão pericêntrica.

Giannoni (1979) citado por Giannoni et al. (1982) propôs a hipótese de que o par número 14 de *S. scrofa* e *S. scrofa scrofa* e o par número 10 de *T. albirostris*, avaliados através de bandeamento Ag-RON, tenham permanecido praticamente inalterados durante a evolução a partir de um “ancestral comum”. Mas também, tenham sofrido uma seleção cariotípica visando à formação de uma arquitetura capaz de resistir a muitas alterações estruturais.

O mesmo autor enfatiza a idéia de que o ancestral comum entre as espécies e subespécies do gênero *Tayassu* e *Sus* tenham produzido duas linhas evolutivas, uma na Europa e Ásia e outra nas Américas.

Em seu estudo, Giannoni et al. (1982) determinaram os pares cromossômicos responsáveis pela RON na espécie *T. albirostris*, os pares 4 e 10, comparando-as com *S. scrofa* e *S. scrofa scrofa*. O par cromossômico 10 apresentou similaridades morfológicas e funcionais com os pares cromossômicos de número 14 em *S. scrofa* e *S. scrofa scrofa*. Tais observações reforçam a idéia de uma ancestralidade comum entre essas espécies.

Giannoni et al. (1981a) observaram polimorfismos existentes entre populações brasileiras de *T. albirostris* provenientes do Estado de São Paulo e Amazonas Matogrossense, as quais apresentaram o mesmo padrão de bandas G, exceto o cromossomo X (par cromossômico 9), morfológicamente diferentes entre as duas populações. Na primeira foi classificado como telocêntrico e na segunda como subtelocêntrico.

Conseqüentemente, ocasionou uma variação no NF nestes animais: os animais provenientes de São Paulo apresentaram NF = 48 (machos e fêmeas), e os animais do Amazonas Matogrossense NF = 50 (fêmeas) e NF = 49 (machos). Portanto, para a formação do par número 9, os autores propõem um mecanismo de inversão pericêntrica ocorrido no par número 9 da espécie proveniente do Amazonas Matogrossense, que seria o par cromossômico original.

Polimorfismos intraespecíficos foram observados por Rocha et al. (1995) em um macho que apresentou o cromossomo sexual X subtelocêntrico, e não telocêntrico como observado previamente, e por meio da análise dos padrões de bandamento G, verificaram não se tratar de uma inversão pericêntrica, mas sim, provavelmente a translocação de um segmento do braço q (braço longo) de um dos cromossomos do par 12, para a região centromérica do cromossomo X.

Santos et al. (1998, 1999), também observaram polimorfismos entre populações naturais de *T. tajacu*, provenientes de diferentes estados (Paraná, São Paulo, Mato Grosso, Roraima, Acre, Amazonas e Pará), nos quais constataram que os exemplares provenientes de Carajás (PA) apresentavam o cromossomo Y como um pequeno submetacêntrico, e não acrocêntrico como observado nas outras populações, indicando a ocorrência de uma inversão pericêntrica tenha ocorrido nos ancestrais dessa população, após seu estabelecimento na região.

E, segundo Santos et al. (1999), essas populações quando comparadas a populações do sul dos Estados Unidos e Guiana Francesa apresentaram entre elas diferenças marcantes. Primeiramente, em relação ao par cromossômico 8 e o cromossomo X, apresentados ambos como metacêntricos nas populações americanas e da Guiana Francesa e nas populações brasileiras apresentam-se como acrocêntricos, sendo sugerido que a formação desses cromossomos tenha

ocorrido por meio de uma inversão pericêntrica em populações ancestrais que migraram para a América do Sul.

Os mesmos autores observaram outra diferença em relação aos pares cromossômicos 10 e 11, que em populações americanas e da Guiana Francesa apresentam-se como acrocêntricos e nas populações brasileiras como submetacêntricos, sugerindo a ocorrência de uma inversão nestes cromossomos a partir de um padrão ancestral observado na América do Norte e Guiana Francesa.

Segundo Puertas et al. (2004), polimorfismos intraespecíficos foram observados em animais colombianos, no quais descreveram a presença de translocação balanceada entre os cromossomos 1 e 8, provocando assim, diferenças cariotípicas entre as populações norte e centro-americanos e sul-americanos. A primeira não apresentaria tal translocação, ao contrário da segunda.

Além disso, os mesmos autores relatam a descrição de um indivíduo que apresentou um cariótipo heterozigótico entre as populações da América Central e do Sul, para o mesmo rearranjo entre os cromossomos 1 e 8, provavelmente com perda de capacidade reprodutiva do mesmo.

Andrea et al. (2001) realizaram estudos citogenéticos em testículos de *T. tajacu*, *T. pecari* e de um híbrido natural interespecífico. Os dois primeiro apresentaram o número diplóide já esperado de $2n = 30$ e 26 cromossomos, respectivamente. Porém o híbrido apresentou um número intermediário de $2n = 28$ cromossomos, dos quais 15 seriam idênticos ao de *T. tajacu*, incluindo o cromossomo X; e 13 idênticos ao de *T. pecari*, incluindo o cromossomo Y. Tal distribuição foi identificada a partir do padrão de bandas G de acordo com Rocha (1993).

Os mesmos autores a partir de análises histológicas do sêmem e do complexo sinaptonêmico constataram a esterilidade do híbrido, que se apresentou anômalo em todas estas análises. A esterilidade do animal, a partir da análise cromossômica, seria devido à ausência de homologia entre os cromossomos das espécies parentais, que naturalmente não se inter cruzam devido aos mecanismos de isolamento, como mecânicos etológicos ou sazonais.

Mais recentemente, Bosma et al. (2004) analisaram o grau de conservação dos seguimentos cromossômicos entre *S. scrofa*, *T. tajacu* e *T. pecari*, através de pintura cromossômica em cromossomos heterólogos. Foram identificados nos dois últimos 31 segmentos cromossômicos conservados entre esses e o porco doméstico. Tal resultado foi menor que o encontrado quando comparado a outros experimentos realizados entre o porco doméstico e outras espécies.

Os mesmos autores ressaltam que entre as espécies de Suídeos ocorre uma grande homogeneidade cariotípica, em contraste ao observado entre os dicotídeos ou tayassuídeos. As explicações plausíveis discorrem que entre as 3 espécies de Dicotídeos existentes apresentem-se filogeneticamente menos relacionadas do que seja assumido, ou que os genomas dos pecaries sejam menos estáveis do que o dos porcos domésticos, ou ainda que os rearranjos cromossômicos tenham ocorrido mais recentemente durante a evolução dos Dicotídeos do que dos Suídeos. Como uma alternativa, pode ser levantada a hipótese de que circunstâncias especiais (como por exemplo, biogeográficas ou biosociais), tenham facilitado a fixação dos rearranjos cromossômicos em populações de Dicotídeos ancestrais.

1.3. OBJETIVO

1.3.1 Objetivo Geral

Determinar o número cromossômico da espécie *Tayassu tajacu* criada em cativeiro, oriunda das localidades de Uruará e Ipixuna (Pará) e Mossoró (Rio Grande do Norte), por meio de cultura temporária de linfócitos.

1.3.2 Objetivos Específicos

- Caracterizar o número cromossômico da espécie *Tayassu tajacu*, criada em cativeiro;
- Obter o padrão de bandeamento G;
- Determinar a relação citotaxonômica entre os grupos estudados.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 CARACTERIZAÇÃO DA AMOSTRA

As amostras utilizadas no estudo foram provenientes de animais criados em cativeiro no Campo Experimental Álvaro Adolfo da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA - Amazônia Oriental), cujo plantel apresenta como matrizes animais oriundos das localidades de Uruará, localizado no sudoeste do estado do Pará (PA), região norte; e Mossoró, no estado do Rio Grande do Norte (RN), região nordeste.

Portanto, o plantel é formado por essas matrizes e pelos animais nascidos a partir destes dois grupos, além de um animal oriundo de Ipixuna, noroeste do estado do Pará (FIG. 4).

Foram utilizados 11 animais para análise do cariótipo, pertencentes à espécie *T. tajacu*, descritos no QUADRO 1, os quais são as matrizes deste plantel, além do animal oriundo de Ipixuna (PA). Todos se apresentam com idade acima de 1 ano.

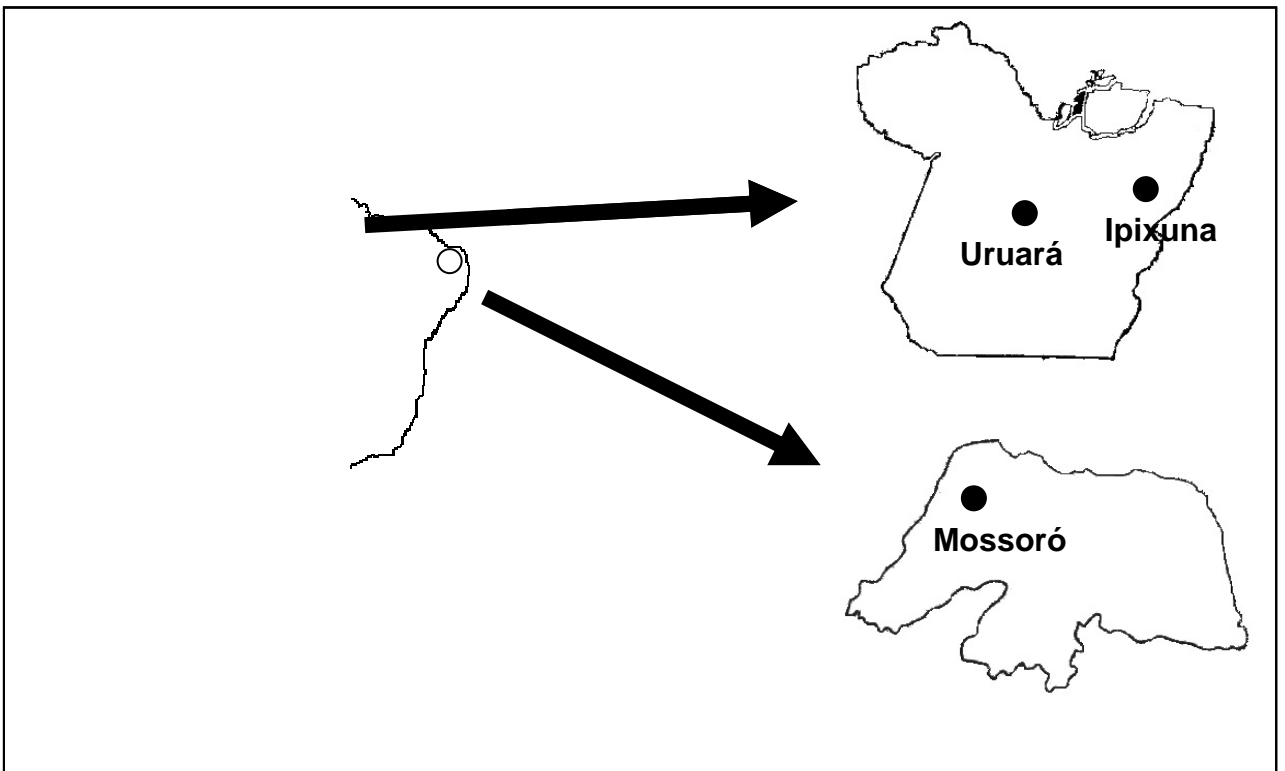


FIGURA 4: Mapa representativo das localidades de origem das amostras utilizadas no presente trabalho.

Quadro 1: Identificação, sexo e origem dos animais utilizados no estudo.

Identificação	Sexo	Origem
Ceará	♂	Mossoró
Celso	♂	Mossoró
Deoclésio	♂	Mossoró
Vanessa	♀	Mossoró
Deise	♀	Mossoró
Fujona	♀	Mossoró
Ipixuna	♂	Ipixuna
Padre Marcelo	♂	Uruará
Lampião	♂	Uruará
Maria Bonita	♀	Uruará
Mortícia	♀	Uruará

2.2 MÉTODOS

2.2.1 Colheita do Material Biológico

As colheitas foram realizadas no próprio local de manuseio dos animais, os quais foram capturados por meio de um puçá medindo cerca de 50 x 110 cm e submetidos à colheita de material biológico.

2.2.1.1 Colheita das Amostras de Sangue

Após a captura, foi realizada a assepsia local da pata dianteira, primeiramente com algodão embebido em álcool iodado, e posteriormente, em álcool etílico 70%, e o movimento foi realizado no mesmo sentido, repetidas vezes. Foram retirados cerca de 3 a 5 mL de sangue da veia braquial, por meio de seringas descartáveis de 5 mL, previamente heparinizadas em fluxo laminar com anticoagulante heparina sódica¹ para posterior semeadura em meio de cultura, acopladas a agulhas (25 X 7 mm).

¹Liquemine® - Roche

2.2.2 Obtenção das Metáfases

Os cromossomos metafásicos foram obtidos por meio da técnica de cultura temporária de linfócitos de sangue periférico, seguindo a metodologia de Moorhead et al. (1960), a qual sofreu algumas modificações.

Antes da semeadura do meio de cultura este foi previamente preparado, após seu descongelamento, adicionando em cada frasco (contendo 5 ml de meio) 0,2 mL de Fitohemaglutinina (agente mitogênico).

As semeaduras das culturas foram realizadas em fluxo laminar estéril, inicialmente trocando-se as agulhas utilizadas para coleta, com o intuito de evitar a contaminação e, então, em cada frasco de meio de cultura foi adicionado cerca de 0,5 mL de sangue periférico total ou anel leucocitário. Os frascos foram agitados levemente e incubados em estufa à temperatura de 37°C durante 72 horas.

Após 71 horas de incubação, foi adicionado a cada frasco 0,1 mL de solução aquosa de Colchicina a 0,0016%. Os frascos foram novamente agitados e retornados à estufa.

Completado o período de 72 horas de cultivo, inicia-se a colheita das culturas. Os frascos foram retirados da estufa e agitados para o desprendimento das células aderidas ao fundo. O material de cada frasco foi transferido para tubos de centrifuga estéreis (tubos de 15 mL), com o auxílio de pipeta Pasteur e submetidos à centrifugação a 1.000 r.p.m. durante 10 minutos. Após a centrifugação, o sobrenadante de cada tubo foi desprezado em solução de hipoclorito de sódio a 10%.

Ao precipitado adicionou-se 10 mL de solução hipotônica (KCl) a 0,075M, pré-aquecida à 37°C, ressuspensando-o suavemente com pipeta Pasteur, e novamente incubado-os em estufa a 37°C durante 30 minutos. Ao término deste período, o material foi submetido à nova centrifugação e o sobrenadante desprezado.

Ao final desta centrifugação, as células foram fixadas com 5 mL de solução recentemente preparada e gelada de fixador Carnoy. O material foi novamente ressuspensado e centrifugado por 10 minutos e o sobrenadante desprezado. Repete-se este passo por mais duas ou três vezes. Após a última centrifugação, adicionou-se uma quantidade de fixador proporcional ao volume do precipitado, a fim de se obter uma diluição adequada para o preparo de lâminas.

2.2.3 Técnicas de Coloração e Bandeamento

A. Coloração Convencional

A coloração foi realizada cobrindo-se as lâminas com uma solução de Giemsa diluída em tampão fosfato na proporção de 1:30 durante 10 minutos. Posteriormente foram lavadas em água destilada, e deixadas secarem naturalmente.

B. Técnica de Bandeamento G

O bandeamento G foi realizado de acordo com duas técnicas:

- Bandeamento G, segundo Scheres (1972), com modificações: as lâminas foram preparadas e envelhecidas durante o período mínimo de uma semana em estufa bacteriológica à 37°C. Posteriormente, foram mergulhadas em solução de tripsina a 0,045% diluída em tampão fosfato pH 6,8, preparada recentemente e mantida gelada, durante 20 a 35 segundos. Em seguida, para interrupção da ação da tripsina, foram mergulhadas em água gelada, sendo logo em seguida lavadas com água destilada. Posteriormente, o material foi corado com o corante Giemsa diluído em tampão fosfato pH 6,8, na proporção de 1:30, durante 10 minutos.

- Bandeamento G, segundo Seabright (1971), com modificações: as lâminas foram preparadas e envelhecidas durante o período mínimo de uma semana em estufa bacteriológica à 37°C. Após este período foram mergulhadas durante 1 a 1 minuto e 30 segundos em solução de 2xSSC, aquecida a 60°C em banho-maria, e posteriormente, foram lavadas com água destilada. Em seguida, o material foi corado com o corante Wright, diluído em tampão fosfato na proporção de 1:3, durante 3 a 4 minutos.

2.2.4 Análise de Preparações Citológicas

As lâminas submetidas à coloração convencional foram analisadas ao microscópio óptico utilizando as objetivas de 10X e 100X (este último com o auxílio de óleo de imersão), para localização e análise, respectivamente.

Para cada animal da amostra, 100 metáfases foram analisadas, cujos cromossomos foram contados para confirmação do $2n$ e a partir da identificação foram classificados de acordo com a classificação proposta por Rocha et al. (2003).

As melhores metáfases foram marcadas em lâmina branca, as quais foram fotografadas em microscópio óptico sob objetiva de 100X.

As lâminas submetidas a qualquer técnica de bandeamento cromossômico, também foram analisadas da forma descrita acima, e posteriormente fotografadas para posterior montagem.

2.2.5 Técnicas Fotográficas

2.2.4.1 Fotomicrografias

As melhores metáfases foram fotografadas em microscópio Olympus BX41, com objetiva de imersão (100X) em filme Imagelink HQ 33 mm perfurado e, copiadas em papel fotográfico Kodabrome F3.

2.2.4.2 Revelação do Filme Fotográfico

No interior de uma sala protegida da entrada de luz, o filme a ser revelado foi enrolado em uma espiral e colocado em um recipiente com tampa que possui uma lona na parte interna que permite a passagem de líquidos, mas não de luz. Quando sob iluminação, despeja-se revelador para filme Kodak D-76 através da lona e veda-se o recipiente, o qual foi agitado durante 5 minutos para proporcionar a homogeneidade da revelação. Após este período, a solução reveladora foi retirada do recipiente, e o filme foi então, lavado 3 vezes com água corrente, contudo sem ser exposto à luz.

O filme, em seguida, foi fixado com fixador ácido Kodak durante 5 minutos, posteriormente, retirado do recipiente sendo assim exposto à luz e lavado em água corrente durante um período de 2 horas e deixado secar.

2.2.4.3 Cópias Fotográficas

As cópias fotográficas foram feitas em sala escura sob iluminação vermelha. Cada chapa do filme a ser copiada foi posicionada em um ampliador fotográfico, no qual uma folha de papel Kodabrome F3 foi exposta à luz branca do ampliador por alguns segundos. Posteriormente, o papel foi mergulhado em solução reveladora Kodak Dektol, lavado em uma solução de água destilada e ácido acético, e, em seguida, fixado em fixador ácido Kodak. As cópias

fotográficas foram lavadas por um período de 2 a 3 horas em água corrente, logo depois mergulhadas rapidamente em álcool etílico comum, e deixadas secar.

2.2.4.4 Montagem dos Cariótipos

Os cromossomos foram recortados e arrumados em ordem decrescente de tamanho seguindo a classificação proposta por Andrea et al. (2001) e Bosma et al. (2004).

3. RESULTADOS

Todos os exemplares analisados (n=11) pertencentes a duas populações (Uruará e Ipixuna no Pará, e Mossoró no Rio Grande do Norte) apresentou constituição cromossômica de $2n=30$ e $NF = 48$ (FIG. 5).



FIGURA 5: Metáfase representativa da espécie *T. tajacu* com padrão de coloração convencional. Metáfase de um macho.

No sistema de classificação utilizado sugerimos dois grupos de autossomos foram distinguidos: o grupo de autossomos meta/submetacêntricos (pares de 01 – 10), e o grupo de acro/telocêntricos (pares 11 – 14). Dentro de cada grupo, os cromossomos foram organizados em ordem decrescente de tamanho (FIG. 6 e 7).

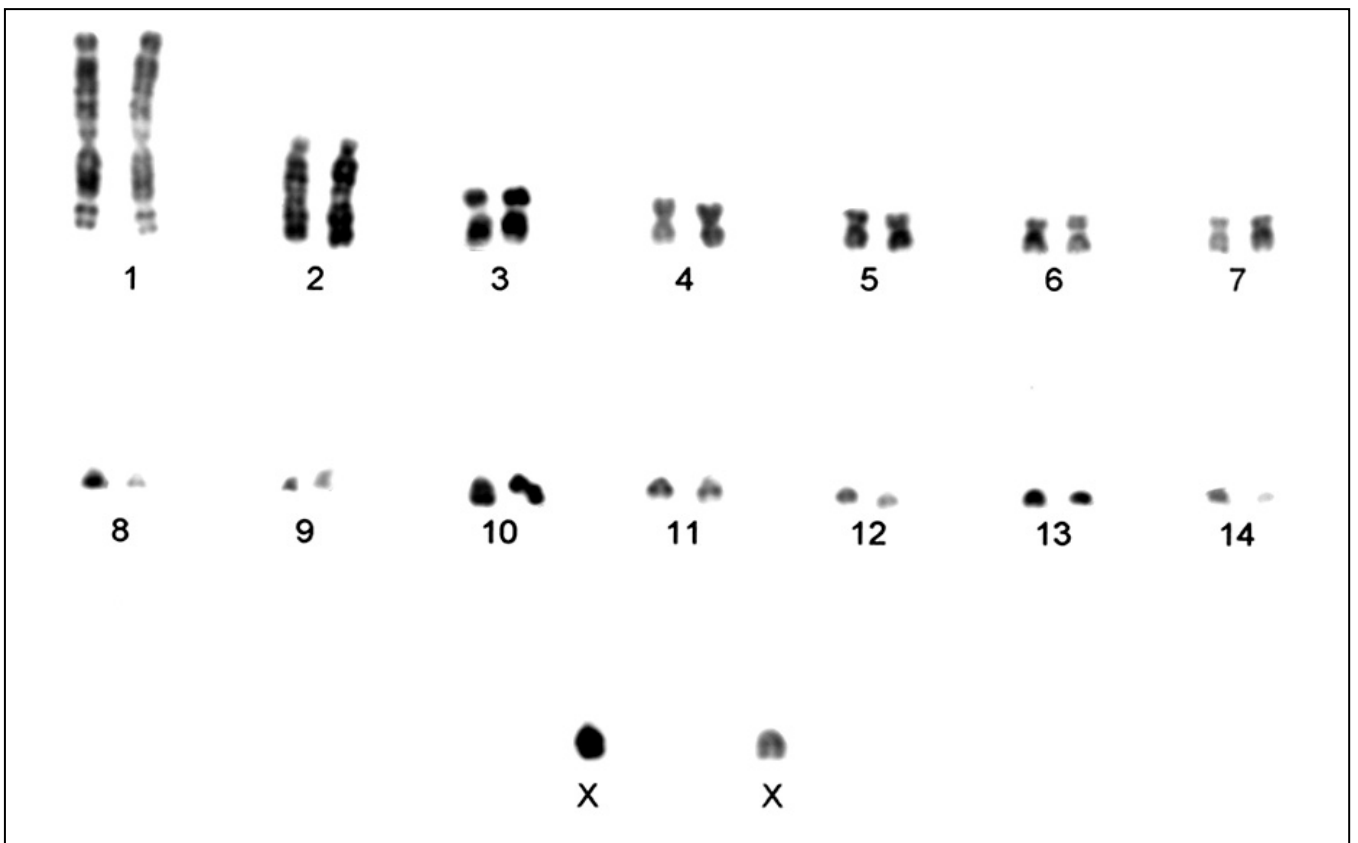
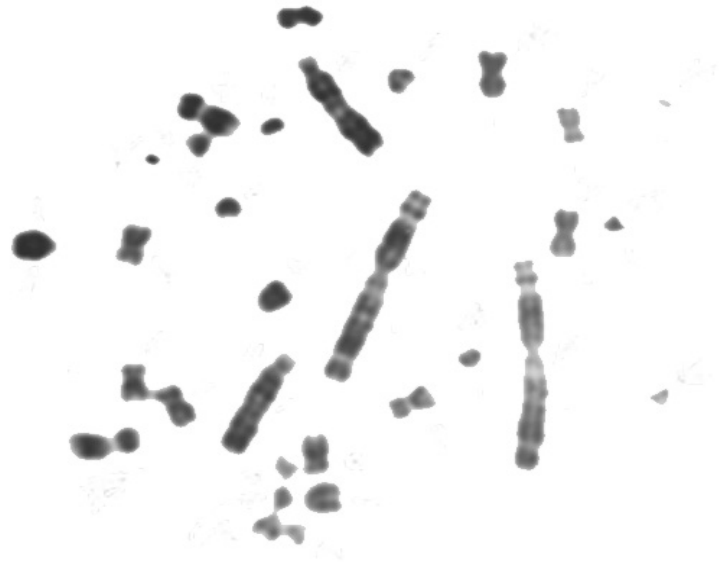


FIGURA 6: Cariótipo representativo de uma fêmea da espécie *T. tajacu* com padrão de bandamento G.

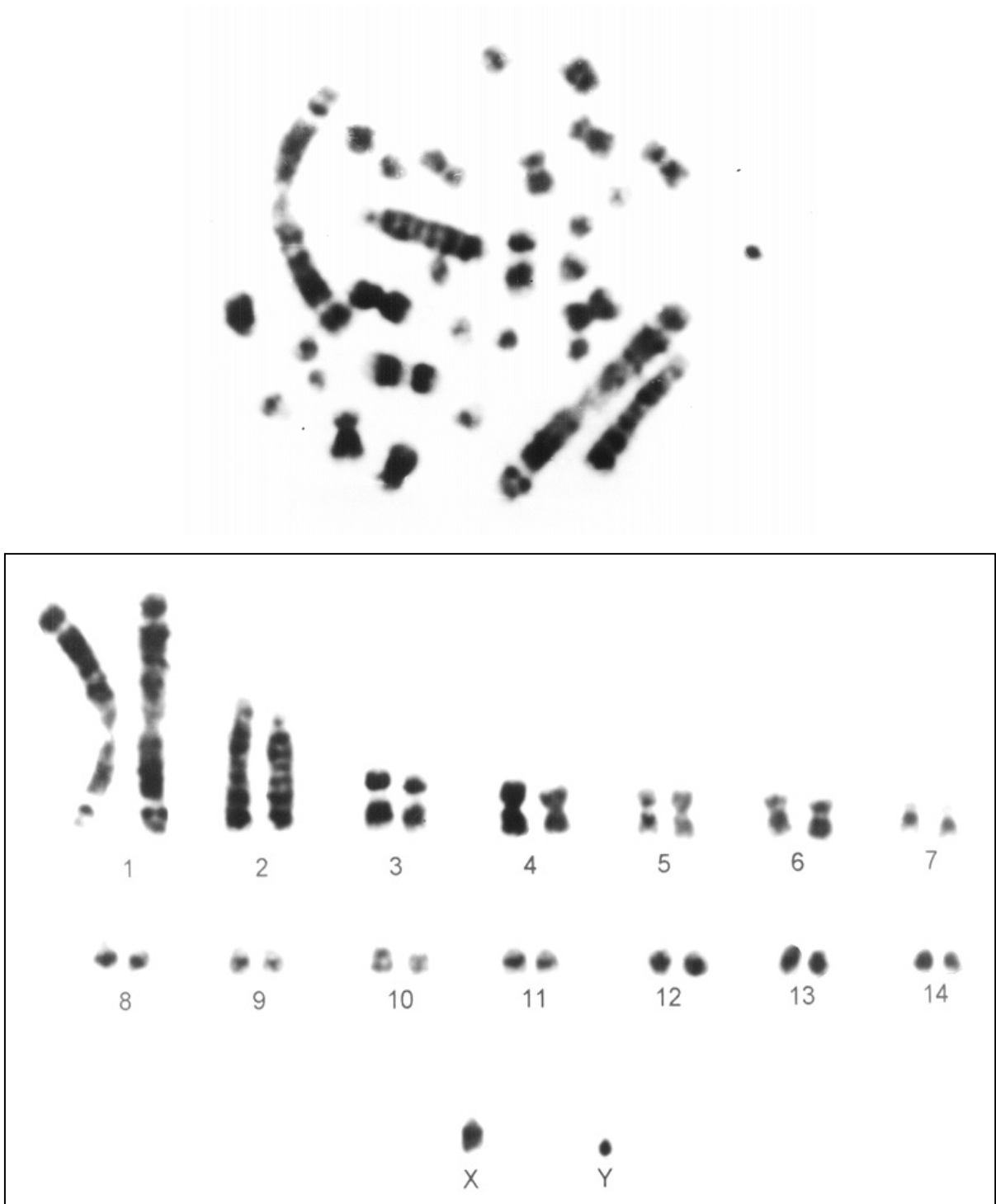


FIGURA 7: Cariótipo representativo de um macho da espécie *T. tajacu* com padrão de bandamento G.

Foram observadas consideráveis diferenças de tamanho entre o maior par cromossômico autossômico (par número 1) e os menores (pares 13 e 14) do cariótipo (FIG. 8). Nos QUADROS 2 e 3 sugerimos a morfologia de cada par cromossômico do cariótipo da espécie.

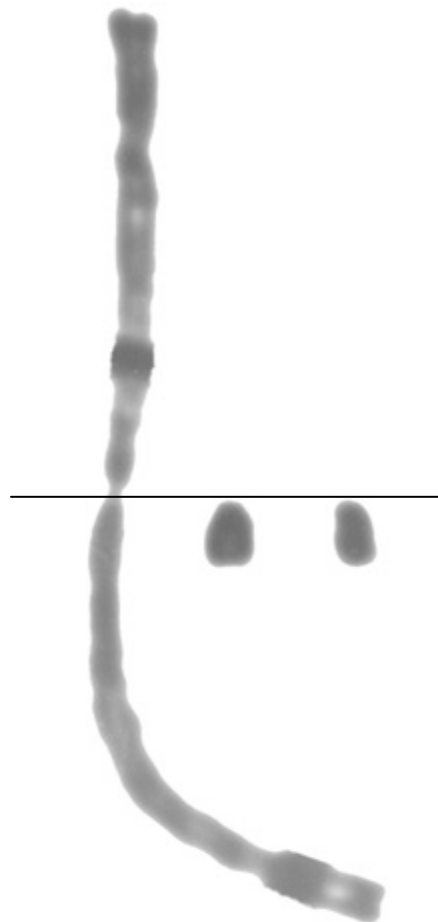


FIGURA 8: A figura demonstra a diferença de tamanho entre os cromossomos autossômicos 1, 13 e 14, respectivamente. A linha indica a localização do centrômero.

Quadro 2: Morfologia dos pares cromossômicos autossômicos do cariótipo da espécie *T. tajacu*

Morfologia	Pares Cromossômicos
Metacêntrico	01 e 04
Submetacêntrico	02, 03; 05, 06, 07, 08, 09
Acro/Telocêntrico	10, 11, 12, 13 e 14

Quadro 3: Morfologia dos cromossomos sexuais do cariótipo da espécie *T. tajacu*.

Morfologia	Cromossomo
Acro/Telocêntrico	X
Acro/Telocêntrico	Y

Foi observado que o cromossomo X apresentou tamanho ligeiramente maior que o maior cromossomo autossômico acro/telocêntrico do cariótipo, o cromossomo 10. Contudo, o cromossomo Y apresenta o menor tamanho entre os cromossomos (FIG. 7).

Alguns cromossomos apresentaram morfologia e tamanho muito similar, como entre os cromossomos 5, 6 e 7, embora os cromossomos 5 e 7 sejam mais submetacêntricos que o cromossomo 6. Da mesma forma, a similaridade foi observada entre os cromossomos 8 e 9, e entre os cromossomos 12, 13 e 14. No entanto, todos esses cromossomos podem ser facilmente reconhecidos uns dos outros baseado no seu padrão de bandamento G.

4. DISCUSSÃO

Das espécies de Suídeos silvestres, a maior parte foi estudada cariotipicamente, embora em alguns casos somente por meio de coloração convencional. De acordo com Bosma et al. (2004), as espécies silvestres nas quais estudos cariotípicos, por meio de bandamento G (entre outros), foram realizados são o porco do mato eurasiático (*S. scrofa*); o porco verrugento de Sulawesi (*S. celebensis*); o porco verrugento de Java (*Sus verrucosus*); o porco pigmeu (*S. salvanius*), o javali africano (*P. aethiopicus*) e o babirussa (*B. babirussa*).

Segundo os mesmos autores, as diferenças entre os cariótipos destas espécies consistem principalmente de translocações Robertsonianas e quantidades variadas de heterocromatina centromérica. Uma exceção são cinco dos dezoito autossomos de babirussa, dos quais não apresentam similares em outras espécies.

A relativa homogeneidade entre os cariótipos das espécies viventes de Suidae contrasta com a extensiva variação cariotípica observada entre os Tayassuídeos. Explicações plausíveis detalham a possibilidade das três espécies existentes de tayassuídeos serem filogeneticamente menos estreitamente relacionados do que usualmente seria assumido, ou que o seu genoma seria menos estável que o dos suínos, e, que os rearranjos cromossômicos seriam muito mais freqüentes durante a evolução desta família do que durante a evolução dos Suídeos (Bosma et al. 2004).

Embora a espécie *T. tajacu* seja amplamente disseminada no continente americano, apenas existem poucos relatos na literatura abordando a constituição cromossômica da espécie. No Brasil, incluindo nosso grupo, existem somente três

laboratórios que realizam estudos cariotípicos nessa espécie. O presente trabalho representa uma das primeiras descrições de populações da espécie *T. tajacu* no norte da América do Sul.

A cariotipagem da espécie *T. tajacu* além de gerar informações sobre a constituição cromossômica dessa espécie, mostrou-se uma ferramenta precisa para distinguir populações diferentes. A técnica de bandamento G é a mais adequada para caracterizar cromossomicamente a espécie, inclusive ela consegue distinguir cromossomos de tamanho e morfologia semelhantes. Outras técnicas como bandamento C e RON, neste gênero em particular, geram informações ambíguas devido ao polimorfismo intrapopulacional de heterocromatina e região organizadora de nucléolo, respectivamente (Rocha, comunicação pessoal). Isto pode ser constatado pela ausência de descrições na literatura utilizando estas técnicas.

No presente estudo, não foi encontrado variações numéricas nem estruturais entre as populações estudadas. Também foi possível confirmar os resultados encontrados por Krallinger (1936), Spalding & Berry (1955), Giannoni (1972, 1973, 1979), Giannoni & Ferrari (1976a, b, h, i), Santos et al. (1995), Bosma et al. (2004) e Puertas et al. (2004), os quais afirmam que o número cromossômico da espécie *T. tajacu* é de $2n = 30$ cromossomos. Apesar das diferentes procedências dos exemplares utilizados neste estudo, o valor de $2n$ foi o mesmo para todos, o que reforça a caracterização desta constituição para a espécie.

Os animais analisados neste estudo são férteis e tiveram prole viável, desta forma, podemos sugerir que o cariótipo descrito neste trabalho atesta a viabilidade reprodutiva do animal e pode vir a ser requisitado na comercialização das matrizes.

Pelo padrão de bandamento G, as duas populações estudadas podem ser classificadas como representantes sul-americanos da espécie, padrão determinado por Puertas et al. (2004). Isto é, entre os cromossomos 1 e 8 não foi observada a translocação característica de espécies norte e centro-americanas. Desta forma, o cromossomo 1 das populações analisadas neste trabalho apresenta tamanho maior que os representantes do norte do continente. Por outro lado, o cromossomo 8 nos animais estudados, é submetacêntrico ao contrário do padrão acrocêntrico das espécies norte e centro-americana.

Bosma et al (2004) descreveram a constituição cromossômica de um casal de *T. tajacu*, do qual desconhecem a procedência. Levando em consideração os nossos dados, podemos afirmar que o trabalho supracitado analisou um casal da população sul-americana, visto que o mesmo não apresenta a translocação entre o cromossomo 1 e 8. Sugerimos que para realizar uma análise quantitativa da espécie somente seria necessário pesquisar a presença ou ausência deste marcador cromossômico. Desta forma, a citogenética, no caso exclusivo da espécie *T. tajacu*, torna-se uma ferramenta rápida e eficiente para caracterizar a procedência do plantel.

Nossa análise discorda com descrição morfológica de Andrea et al. (2001) e Bosma et al (2004), onde descrevem o cromossomo 1 e 10 como submetacêntricos. Nas FIG. 6 e 7 do cariótipo podemos constatar que o cromossomo 1 é metacêntrico, e os cromossomos 10 e 11 são acrocêntricos, padrão equivalente ao encontrado por S Santos et al. (1999) entre populações norte-americanas e da Guiana Francesa. Este dado é importante, pois comprova, como a espécie apresenta instabilidade cromossômica entre suas populações, sendo esta a maior evidência do amplo estado de evolução em que ela se encontra. Esta situação

é vantajosa para uma seleção direcionada, onde a ferramenta citogenética ainda precisa descrever qual a constituição cromossômica do animal mais adaptado.

O cromossomo 1 exibe uma dificuldade em particular, pois o grande comprimento desse cromossomo dificulta a localização exata do centrômero, desta forma, sugerimos a necessidade da utilização da técnica de hibridização *in situ* por fluorescência (FISH) com sonda específica para o centrômero do cromossomo 1 para determinar o real tamanho do braço longo e curto desse cromossomo.

Através de técnicas de citogenética molecular (ZOO-FISH) poderia se tentar correlacionar a espécie *T. tajacu* com outros suídeos, inclusive com a espécie humana na tentativa de se estabelecer homologias cromossômicas que auxiliarão na elucidação da origem dessa espécie.

5. CONCLUSÕES

A partir dos resultados obtidos neste trabalho com animais da espécie *T. tajacu*, conclui-se que:

- A espécie *T. tajacu* apresenta a constituição cromossômica de $2n = 30$ cromossomos e $NF = 48$;
- O cariótipo da espécie mostrou dois pares de cromossomos metacêntricos, sete de submetacêntricos e cinco de acro/telocêntricos. Os cromossomos X e Y são do tipo acro/telocêntrico;
- O padrão de bandamento G apresentado neste trabalho está diretamente relacionado com a viabilidade reprodutiva do animal. Alterações numéricas e/ou estruturais nesse padrão devem afetar a fertilidade dos animais e devem ser analisados detalhadamente;
- A presença ou ausência da translocação entre os cromossomos 1 e 8 deve ser usado como marcador de identificação da origem geográfica dos plantéis da espécie;
- O padrão de bandamento G demonstrou que entre as populações estudadas não existia qualquer variação cariotípica, contudo, há a ocorrência de polimorfismos intrapopulacionais, o que exige mais estudos em animais provenientes de diferentes regiões a fim de que se comprove esta hipótese.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, N. I.; GUIMARÃES, D. A.; LE PENDU, Y.; SILVA, J. V.; DIAS, H. L. Sistema de Produção de Caititus (*Tayassu tajacu*) em Cativeiro para a Pequena Agricultura na Amazônia. In: **VI Congreso Internacional sobre Manejo de fauna Silvestre en la Amazônia y Latinoamérica: Libro de Resúmenes**, Iquitos – Peru, 2004.

ALVARD, M. S., ROBINSON, J. G., REDFORD, K. H., KAPLAN, H. The Sustainability of Subsistence Hunting in the Neotropics. **Conservation Biology**, v. 11: 977 – 982, 1997.

ANDREA, M. V., OLIVEIRA, C., ROCHA, G. T., FORESTI, F. Cytogenetical and Histological Studies in Testis of *Tayassu tajacu* and a Natural Interspecific Hybrid. **Journal of Animal Breeding Genetics**, 118: 125 - 133, 2001.

ARMADA, J. L., SANTOS, A. C. V. Variability in the Nucleolus Organizer Regions of Domestic Pig Chromosomes (*Sus scrofa*). **Revista Brasileira de Genética**, 16, 3: 653 - 659, 1993.

BENEVIDES-FILHO, I. M.; PAULS, E.; BENEVIDES, L. M. S.; GOLDSCHMIDT, B. An Intersex Pig with XX/XY Karyotype. **Revista Brasileira de Genética**, 18, 2: 331 – 332, 1995.

BERNIRSCHKE, K., KUMAMOTO, A. T., MERITT, D. A. Chromosomes of the Chacoan Peccary, *Catagonus wagneri* (Rusconi). **The Journal of Heredity**, 76: 95 – 98, 1985.

BODMER, R. E., FANG, T. G., IBANEZ, L. M. Ungulate Management and Conservation in the Peruvian Amazon. **Biological Conservation**, 45: 303 – 310, 1988.

BORRERO, J.I. *Tayassu tajacu* In: **Mamíferos Neotropicales**, 1ª ed. Cali-Colombia: Universidad del Valle, Departamento de Biología, 1967. p. 72-74.

BOSMA, A. A.; OLIVER, W. R. L., MACDONALD, A. A. The Karyotype, including G- and C-banding Patterns, of the Pigmy Hog *Sus (Porcula) salvanius* (Suidae, Mammalia). **Genetica**, 61: 99-106, 1983.

_____, HAAN, N. A. de; _____. Comparative Cytogenetics Studies in *Sus verrucosus*, *Sus celebensis* and *Sus scrofa vittatus* (Suidae, Mammalia). **Genetica**, **83**: 189-194, 1991.

_____; _____; MELLINK, C. H. M.; YERLE, M.; ZIJLSTRA, C. Chromosome homology between the domestic pig and the babirusa (family Suidae) elucidated with the use of porcine painting probes. **Cytogenetics and Cell Genetics, Basel**, v. **75**, p. 32-35, 1996.

_____; _____; ARKESTEIJN, G. J. A.; YANG, F.; YERLE, M.; ZIJLSTRA, C. Comparative Chromosome Painting between the Domestic Pig (*Sus scrofa*) and Two Species of Peccary, the Collared Peccary (*Tayassu tajacu*) and the White-lipped Peccary (*T. pecari*): A Phylogenetic Perspective. **Cytogenetic and Genome Research**, **105**: 115 – 121, 2004.

CABRERA, A. Catálogo de los Mamíferos de América Del Sur. Parte II. **Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales**, **4**: 306 – 732, 1961 *apud* SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

_____, YEPES, J. *Tayassu tajacu*. In: **Mamíferos Sudamericanos**. 2^a ed. Argentina: Editorial Ediar, 1969. p. 94-97.

CARVALHO, C. T. **Dicionário dos Mamíferos do Brasil**, Fundação Parque Zoológico de São Paulo, p. 22 – 75, 1969.

COLBERT, E.H. An Upper Tertiary Peccary from India. **Am Mus Nov**, n^a 635, 1933 *apud* SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

_____. **Evolution of the Vertebrates, a History of the Back-boned Animals through Time**. 3 ed. New York: John Wiley and Sons, 1980. p. 325 *apud* SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

Da SILVA, J. V.; CARDOSO, D.; GUIMARÃES, D. A.; ALBUQUERQUE, N.; Le PENDU, Y.; OHASHI, O. Biologia Reprodutiva de Fêmeas de Caititu (*Tayassu tajacu*) Criadas em Cativeiro na Amazônia, **Revista Brasileira de Reprodução Animal – Suppl.**, **5**: 180 – 229, 2002.

DARRÉ, R.; BERLANO, H. M.; GOUSTAT, P. Statust Chromosomique dès Populations de Sangliers Sauvages et d'Élevages em France. **Revue de Médecine Vétérinaire**, v. **143**, n^a **3**: 225 – 232, 1992.

De MIRANDA, L. L.; LUI, J. F. Citogenética do Javali em Criatórios das Regiões Sul e Sudeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. **38**, n^a **11**: 1289 – 1295, 2003.

DUCOS, A.; BERLAND, H. M.; PINTON, A.; GUILLEMOT, E.; SEGUELA, A.; BLANC, M. F.; DARRE, A.; DARRE, R. Nine New Cases of Reciprocal Translocation in the Domestic Pig (*Sus scrofa domestica* L.). **Journal Hereditas**, v. **89**: 136 – 142, 1998.

DUCROCQ, S. An Eocene Peccary from Thailand and the Biogeographical Origins of the Artiodactyls Family Tayassuidae. **Paleontology**, **37**: 765-779, 1994.

_____, S. CHAIMANEE, Y., SUTHEETHAM, V., JAEGER, J. J. The Oldest Know Pig from the Late Eocene of Thailand. **Paleontology**, (*in press*).

ELDRIDGE, F. E. **Cytogenetics of Livestock**. Westport: AVI Publishing Company Inc., 1985. p. 39-42 *apud* MIYAKE, Y-I; MATSUBARA, T.; HATA, M.; KANEDA, Y. Chromosomal Pericentric Inversion Detected in a Sow and Her Piglets. **Theriogenology**, **42**: 241 - 246, 1994.

GATESY, J., More DNA Support for a Cetacea/ Hippopotamidae Clade: The Blood-clotting Protein γ -fibrinogen. **Molecular Biology of Evolution**, **14**: 537-543, 1997.

_____, HAYASHI, C., CRONIN, M. A., ARCTANDER, P. Evidence from the Milk Casein Genes that Cetaceans are Close Relatives of Hippopotamid Artiodactyls. **Molecular Biology Evolution**, **13**: 954-963, 1996.

GENTRY, A. W., HOOKER, J. J. The Phylogeny of Artiodactyla. In: Benton, M. J. (Ed.), **The Phylogeny and Classification of the Tetrapods**, Oxford: Clarendon Press, 1988. p. 235-272.

GIANNONI, M. A. Os Cariótipos das Espécies *Tayassu tajacu* e *Tayassu albirostris*. In: **24^a Reunião da Sociedade Brasileira para o Progresso da Ciência: Resumos**, São Paulo, p. 71, 1972.

_____. Estudo Cariotípico de Alguns Representantes da Família *Suidae*. **Dissertação de Mestrado**, Ribeirão Preto, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, 1973, 130p.

_____. Citogenética, Especiação e Deriva Continental. In: **Reunião da Sociedade Brasileira de Genética, 13**, Jaboticabal, p. 43 – 72, 1979.

_____, FERRARI, I. Padrões de Formação de G-bandas dos Cromossomos da Espécie *Tayassu tajacu*. I – Análise dos Pares Cromossômicos Números 1 a 7. **Científica, 4(1)**: 72-77, 1976a.

_____, _____. Padrões de Formação de G-bandas dos Cromossomos da Espécie *Tayassu tajacu*. I – Análise dos Pares Cromossômicos Números 8 a 15. **Científica, 4(1)**: 78 - 81, 1976b.

_____, _____. Estudo Biométrico do Cariótipo da Espécie *Tayassu albirostris* – Illinger, 1815. **Ciência e Cultura, 28(4)**: 432 - 435, 1976c.

_____, _____. Padrões de Formação de G-bandas dos Cromossomos da Espécie *Tayassu albirostris*. **Ciência e Cultura, 28(7)**: 779 - 785, 1976d.

_____, _____. Fusões Robertsonianas e a Provável Formação do Par Cromossômico Número 6 da Espécie *Tayassu albirostris*. **Ciência e Cultura, 28(7)**: 803 - 807, 1976e.

_____, _____. Fusões Robertsonianas e a Provável Formação do Par Cromossômico Número 8 da Espécie *Tayassu albirostris*. **Ciência e Cultura, 28(8)**: 921 - 924, 1976f.

_____, _____. Fusões Robertsonianas e a Provável Formação do Par Cromossômico Número 2 da Espécie *Tayassu albirostris*. **Ciência e Cultura, 28(8)**: 924 - 927, 1976g.

_____, _____. Inversão, Translocação e a Provável Formação do Par Cromossômico Número 1 da Espécie *Tayassu tajacu*. **Ciência e Cultura**, **28(10)**: 1160 - 1164, 1976h.

_____, _____. Inversão, Fusão Robertsoniana e a Provável Formação do Par Cromossômico Número 2 da Espécie *Tayassu tajacu*. **Ciência e Cultura**, **28(10)**: 1164 - 1169, 1976i.

_____, _____, GIANNONI, M. L. Padrões de Formação de Bandas Ag (Bandas pela Prata) nos Cromossomos das Subespécies *Sus scrofa scrofa* (Javali) e *Sus scrofa* (Suíno Doméstico). In: **Anais do I Simpósio Nacional Tópicos Avançados em Reprodução Animal**, Jaboticabal, p. 27 – 41, 1980.

_____, _____, _____. Chromosome Polymorphism among Brazilian Populations of *Tayassu albirostris* (Peccary). **Revista Brasileira de Genética**, **IV, 2**: 117 - 134, 1981a.

_____, _____, _____. C-banding Patterns in the Chromosomes of the Subspecies *Sus scrofa scrofa* (Wild Pig) and *Sus scrofa* (Domestic Pig). **Revista Brasileira de Genética**, **IV, 3**: 399 - 410, 1981b.

_____, _____, _____. Robertsonian Fusions and the Probable Formation of Chromosome Pair Number 2 in the Species *Sus scrofa scrofa* (Wild Pig). **Revista Brasileira de Genética**, **IV, 4**: 643 - 656, 1981c.

_____, _____, _____. Possible Relationships among the Nucleolus Organizer Regions of the Species *Tayassu albirostris*, *Sus scrofa scrofa*, and *Sus scrofa*. **Revista Brasileira de Genética**, **vol. 2**: 329 - 338, 1982.

GIMENEZ, D. L.; MOTA, L. S. L. S.; ROSA, G. J. M.; GIMENES, M. A.; LOPES, C. R.; LUCCA, E. J. Análise Cromossômica e Molecular do Javali Europeu *Sus scrofa scrofa* e do Suíno Doméstico *Sus scrofa domesticus*. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, **40**: 146 – 154, 2003.

GOTTDENKER, N.; BODMER, E. Reproduction and Productivity of White-lipped and Collared Peccaries in the Peruvian Amazon. **Journal of Zoological of London**, **245**: 423 - 430, 1998.

GROVES, C. P.; GRUBB, P. Chapter 1: The Suborder Suiformes. In: OLIVER, William L. R. (Ed). **Pigs, Peccaries and Hippos** IUCN, 1993.

Disponível no site: <http://www.iucn.org/themes/ssc/sgs/pphsg/APchap1.htm>

Acessado em 08/01/2005

GRUBB, P.; GROVES, C. P. Chapter 2: The Neotropical Peccaries – Dicotylidae: *Tayassu* and *Catagonus*. In: OLIVER, William L. R. (Ed). **Pigs, Peccaries and Hippos** IUCN, 1993.

Disponível no site: <http://www.iucn.org/themes/ssc/sgs/pphsg/APchap2-1.htm>

Acessado em 08/01/2005

HAAG, J.; NIZZA, P. Le Caryotype du Porc Normal. **Annales Génétiques**, **12(14)**: 242 – 246, 1969.

HALL, E.R. **The Mammals of North América**, 2 ed., vol.2, New York: John Wiley and Sons, 1981.

HENDEY, Q. B. Fossil Peccary from the Pliocene of South Africa. **Science**, **192**: 787 – 789, 1976 *apud* GROVES, C. P.; GRUBB, P. Chapter 1: The Suborder Suiformes. In: OLIVER, William L. R. (Ed). **Pigs, Peccaries and Hippos** IUCN, 1993.

Disponível no site: <http://www.iucn.org/themes/ssc/sgs/pphsg/APchap1.htm>

Acessado em 08/01/2005

HUFTY, M. P., SEDGWICK, C. J., BENIRSCHKE, K. The Karyotypes of the White-lipped and Collared Peccaries: Aspects of their Chromosomal Evolution. **Genen Phaenen**, **16(3)**: 81-86, 1973.

HUSSON, A.M. **The Mammals of Suriname**. Leiden: Brill, 1978 *apud* SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

KILTIE, R.A. **Ecology and Behavior of Peccaries** (*Tayassu tajacu* and *Tayassu pecari*). Preliminary report - Princeton University, 1978.

KRALLINGER, H. F. Die Chromosomen des Halsbandpekaris (*Pecari tajacu*). **Z Zellf Mikr Anat**, **24**: 1-10, 1936.

LE PENDU, Y.; SILVA, J. V.; GUIMARÃES, D. A.; ALBUQUERQUE, N. I. Alimentação do Caititu (*Tayassu tajacu*) em Cativeiro com Rações Comerciais

para Suínos. In: **VI Congreso Internacional sobre Manejo de fauna Silvestre en la Amazônia y Latinoamérica: Libro de Resúmenes**, Iquitos – Peru, 2004.

LIN, C., SUN, Y., LIU, C., YANG, P., CHANG, L., CHENG, I., MAO, S. J.T., HUANG, M. Complete Nucleotide Sequence of Pig (*Sus Scrofa*) Mitochondrial Genome and Dating Evolutionary Divergence within Artiodactyla. **Gene**, **236**: 107 – 114, 1999.

MÄKINEN, A.; ANDERSSON, M.; HÄKKINEN, A.; KUOSMANEN, S. A Reciprocal Translocation Between autosomes 8 and 10 in a Boar Used for Artificial Insemination Service and its Effects on Litter Size. **Animal Reproduction Science**, **56**: 237 – 243, 1999.

MARCH, I. J. Chapter 2.3: The White-lipped Peccary (*Tayassu pecari*). In: OLIVER, William L. R. (Ed). **Pigs, Peccaries and Hippos** IUCN, 1993.
Disponível no site: <http://www.iucn.org/themes/ssc/sgs/pphsg/APchap2-3.htm>
Acessado em 08/01/2005

MAYER, J. J., WETZEL, R. M. *Tayassu pecari*, **Mammalian Species**, **293**: 1 – 7, 1987.

MELLINK, C. H. M.; BOSMA, A. A.; de HAAN, N. A.; WIEGANT, J. Distribution of rRNA Genes in Breeds of Domestic Pig Studied by Non-radioactive *In Situ* Hybridization and Selective Silver-staining. **Genet Sel Evol**, **23 (Suppl. 1)**: 169 – 172, 1991.

_____; _____; _____. MACDONALD, A. A. Numerical Variation of Nucleolar Organizer Regions after Silver Staining in Domestic and Wild Suidae (Mammalia). **Animal Genetics**, **23**: 231 – 239, 1992.

_____; _____; _____. Variation in Size of Ag-NORs and Fluorescent rDNA *in situ* Hybridization Signals in Six Breeds of Domestic Pig. **Hereditas**, **vol. 120**: 141 – 149, 1994.

_____; _____; _____. ZIJLSTRA, C. Physical Localization of 5S rRNA Genes in the Pig by Fluorescence *in situ* Hybridization. **Hereditas**, **vol. 124**: 95 – 97, 1996.

MIYAKE, M. L.; O'BRIEN, S. J.; KANEDA, Y. Regional Localization of rRNA Genes on Pig Chromosome 10 by *In Situ* Hybridization. **Japanese Journal of Veterinary Science**, **50**: 341 – 345, 1988.

MIYAKE, Y-I; MATSUBARA, T.; HATA, M.; KANEDA, Y. Chromosomal Pericentric Inversion Detected in a Sow and Her Piglets. **Theriogenology**, **42**: 241 - 246, 1994.

MONTGELARD, C.; CATZEFLIS, F. M.; DOUZERY, E. Phylogenetic Relationships of Artiodactyls and Cetaceans as Deduced from the Comparison of Cytochrome *b* and 12S rRNA Mitochondrial Sequences. **Molecular Biology of Evolution**, **14**: 550 - 559, 1998.

MOORHEAD, P. S.; NOWEL, P. C.; MELLMAN, J. W.; BATTISPPS, D. M.; HUMGERFORD, D. A. Chromosome Preparations of Leukocytes Cultured from Human Peripheral Blood, **Experimental Cellular Research**, **20**: 613 – 616, 1960.

NEAL, B.J. A Contribution on the Life History of the Collared Peccary in Arizona, **American Wildlife Naturalist**, **61**:177-190, 1959.

NOGUEIRA-FILHO, S. L., LAVORENTI, A. O Manejo do Caitetu (*Tayassu tajacu*) e do Queixada (*Tayassu pecari*) em Cativeiro. In: VALLADARES-PÁDUA, Claudio e BODMER, Richard E. (Eds.). **Manejo e Conservação de Vida Silvestre no Brasil**. Brasília: CNPq / Belém: Sociedade Civil Mamirauá, 1997.p. 106-115.

NOWAK, D. M., PARADISO, J. L. **Walker's Mammals of the World**, 2^a ed., EUA: The John Hopkins University Press, 1983.

PEARSON, H. S. On the Skulls of Early Tertiary Suidae, Together with an Account of the Otic Region in some Other Artiodactyla. **Philosophical Transactions of the Royal Society**, London, v. 215, p. 389 – 460, 1927 *apud* SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

PERES, C. A. Population Status of White-lipped *Tayassu pecari* and Collared Peccaries *T. tajacu* in Hunted and Unhunted Amazonian Forests. **Biological Conservation**, **77**: 115 – 123, 1996.

PICKFORD, M. A Revision of the Miocene Suidae and Tayassuidae (Artiodactyla, Mammalia) of Africa. **Tertiary Research**, 7:1 – 83, 1986 *apud* GROVES, C. P.; GRUBB, P. Chapter 1: The Suborder Suiformes. In: OLIVER, William L. R. (Ed). **Pigs, Peccaries and Hippos** IUCN, 1993.

Disponível no site: <http://www.iucn.org/themes/ssc/sgs/pphsg/APchap1.htm>

Acessado em 08/01/2005

_____. Un Etrange Suidae Nain du Neogene Superieur de Langebaanweg (Afrique du Sud). **Ann. Paleontol**, 74: 229 – 250, 1988 *apud* GROVES, C. P.; GRUBB, P. Chapter 1: The Suborder Suiformes. In: OLIVER, William L. R. (Ed). **Pigs, Peccaries and Hippos** IUCN, 1993.

Disponível no site: <http://www.iucn.org/themes/ssc/sgs/pphsg/APchap1.htm>

Acessado em 08/01/2005

_____. Update on Hippo Origins. **C. R. Academy Science of Paris II**, 309: 163-168, 1989.

_____. Old World Suoid Systematics, Phylogeny, Biogeography and Biostratigraphy, **Paleontological Evolution**, 26 – 27: 237 – 269, 1993.

PINHEIRO, M. J. P.; SILVA, F. N.; AZEVÊDO, C. M. S. Avaliação de Parâmetros Reprodutivos em Catetos (*Tayassu tajacu*) Criados em Cativeiro. **Caatinga**, 14(1/2): 71 – 74, 2001.

PINTON, A.; PAILHOUX, E.; PIUMI, F.; ROGEL-GAILLARD, C.; DARRÉ, R.; YERLE, M.; DUCOS, A.; COTINOT, C. A Case of Intersexuality in Pigs Associated with a *de novo* Paracentric Inversion 9 (p1.2; p2.2). **Animal Genetics**, 33: 69 – 71, 2002.

PIRTLE, E, C. Chromosomes of the Female Peccary (*Tayassu tajacu*). **Mammalian Chromosome Newsletter**, 8: 16, 1967.

PUERTAS, D. F., DÍAZ, I. D., ORTIZ, J. B. L. Evidencia de estructuración Cromosómica Asociada con la Distribución Geográfica de Pecari de Collar (*Tayassu tajacu*) de Centro y Suramérica. In: **VI Congreso Internacional sobre Manejo de fauna Silvestre en la Amazônia y Latinoamérica: Libro de Resúmenes**, Iquitos – Peru, 2004.

QUILTER, C. R.; WOOD, D.; SOUTHWOOD, O. I.; GRIFFIN, D. K. X/ XY/ XYY Mosaicism as a Cause of Subfertility in Boars: a Single Case Study. **Animal Genetics**, 34: 51 – 54, 2003.

RANDI, E., LUCCHINI, V., DIONG, C. H. Evolutionary Genetics of the Suiformes as Reconstructed using mtDNA Sequencing. **Journal of Mammalogy Evolution**, **3**: 163-194, 1996.

REDFORD, K. H. A Floresta Vazia. In: VALLADARES-PÁDUA, Claudio e BODMER, Richard E. (Eds.). **Manejo e Conservação de Vida Silvestre no Brasil**. Brasília: CNPq / Belém: Sociedade Civil Mamirauá, 1997. p. 1 – 22.

ROCHA, G. T. Citogenética e a Preservação de Animais Silvestres. **I Congresso de Extensão Universitária**, 2004.

Disponível no site:

http://proex.reitoria.unesp.br/congressos/Congressos/1_Congresso/Meio_Ambiente/Trabalho17.htm

Acessado em 17/04/2005

_____. Aplicações da Citogenética na Preservação de Animais Silvestres. **Tese de Doutorado**. Botucatu, Instituto de Biociências, Universidade do Estado de São Paulo, 1993. 205p.

_____; AMARO, R.C.; SANTOS, M.S. e LUCCA, E.J. Polimorfismo cromossômico em *Tayassu pecari* (queixada - MAMMALIA). **Journal of Genetics**, **v.18** suppl.3, p.495, 1995.

ROTHSCHILD, M. F.; PLASTOW, G. S. Advances in Pig Genomics and Industry Applications. **AgBiotechNet**, Wallingford, **v. 1**, p. 18, 1999.

SANTOS, P.A.; ROCHA, G.T.; LUCCA, E.J. Análise Citogenética da Espécie *Tayassu tajacu* (Cateto-Mammalia). **Journal of Genetics**, **V.18** suppl.3, p.495, 1995.

SANTOS, R.M.L.; CURI, V.S.; ROCHA, G.T. Polimorfismo Cromossômico entre Populações Naturais de *Tayassu tajacu* (cateto-Mamalia). **Brazilian Journal of Genetics**, **Vol.21** suppl.3, p.78, 1998.

_____; _____. Evolução cromossômica na espécie *Tayassu tajacu* (Cateto-Arthiodactyla-Mammalia). **Brazilian Journal of Genetics**, **v. 22**, suppl.3, p.88, 1999.

SEABRIGHT, M. A Rapid Technique for Human Chromosomes, **Lancet**, **2**: 971 – 972, 1971.

SCHERES, J. M. J. C. Identifications of Two Robertsonian Translocations with a Giemsa Banding Technique, **Humangenetik**, **15**: 253 – 256, 1972.

SHIMAMURA, M.; YASUE, H.; OHSHIMA, K.; ABE, H.; KATO, H.; KISHIRO, T.; GOTO, M.; MUNECHIKA, I.; OKADA, N. Molecular Evidence from Retroposons that Whales form a Clade within Eventoid Ungulates. **Nature**, **388**: 666-670, 1997.

SIMPSON, G. G. The Principles of Classification and a Classification of Mammals, **Bulletin of the American Museum of Natural History**, **85**: 11 – 350, 1945.

_____. **Splendid Isolation: The Curious History of South American Mammals**. New Haven: Yale University Press, 1980 *apud*. SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

SOWLS, L.K. *Tayassu tajacu* In: **The peccaries**. 1^a ed. Tucson-Arizona: The University of Arizona Press, 1984. p. 15-142.

_____. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2^a ed, 1997.

SPALDING, J. F.: BERRY, R. O. A Chromosome Study of the Wild Pig (*Pecari angulatus*) and the Domestic Pig (*Sus scrofa*). **Cytologia**, **21**: 81 – 84, 1955.

TAMBASCO, A. J.; FERRARI, I.; SCHEID, I. R.; MORES, N.; LAUS, J. E. Cytogenetic Study of Intersex Swine. **Revista Brasileira de Genética**, **13**, **3**: 521 – 530, 1990.

THENIUS, E. Zur Evolution und Verbreitungsgeschichte der *Suidae* (Artiodactyla, Mammalia), **Z. Säugetierk**, **35**: 321 – 342, 1970 *apud* BERNIRSCHKE, K., KUMAMOTO, A. T., MERITT, D. A. Chromosomes of the Chacoan Peccary, *Catagonus wagneri* (Rusconi). **The Journal of Heredity**, **76**: 95 – 98, 1985.

TOSCHI, A. *Tayassu tajacu*. In: **Enciclopedia Monográfica de Ciencias Naturales**, Vol 5, 1ª ed.. Madrid-España: Editorial Aguilar , 1974. p. 370-371.

URSING, B. M., ARNASON, U. The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Pig (*Sus scrofa*). **Journal of Molecular Evolution**, 47:302 – 306, 1998.

VIRET, J. Artiodactyla. In: Piveteau, J. (Ed.). **Traité de Paléontologie (Tome VI)**. Paris: Masson, 1961. p. 887-1104.

WALKER, E. P. *Tayassu tajacu*. In: **Mammals of the World**, 2ª ed., The John Hopkins University Press. **Vol.II**. p. 1355-1365, 1968.

WETZEL, R. M., DUBOS, R. E., MARTIN, R. L., MYERS, P. *Catagonus*, an "Extinct" Peccary, alive in Paraguay, **Science**, 189: 379 – 381, 1975.

WOODBURNE, M. O. The Cranial Myology and Osteology of *Dicotyles tajacu*, the Collared Peccary and its Bearing on Classification, **Memoirs of the Southern California Academy of Sciences**, 7: 1 – 48, 1968 *apud* SOWLS, L.K. **Javelinas and Other Peccaries – Their biology, Management and Use**. 2ª ed, 1997.

ANEXO I

PROTÓCOLOS DE MEIO DE CULTURA E REAGENTES

Meio de Cultura RPMI:

Solução de Colchicina 0,0016%:

- Solução Mãe:

160 mg de Colchicina ($C_{22}H_{25}NO_6$)

100 mL de água bidestilada e autoclavada

- Solução de uso:

1 mL da Solução Mãe

99 mL de água bidestilada e autoclavada

As soluções de colchicina devem ser aliqüotadas em vidros cobertos com papel alumínio e armazenados em refrigerador.

Solução Hipotônica 0,75 M

5,6 g de Cloreto de Potássio (KCl)

1 L de Água destilada

Fixador Carnoy

Mistura-se Metanol e Ácido Acético na proporção de 3:1.

Tampão Fosfato pH 6,8:

- Solução A:

8,165 g de Fosfato de Potássio Monobásico (KH_2PO_4)

1 L de água destilada

O pH da solução deve ser ajustado para 5,6 e a molaridade é 0,2.

- Solução B:

10,6794 g de Fosfato de Sódio Diidratado ($\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$)

1 L de água destilada

O pH da solução deve ser ajustado para 9,8 e a molaridade é 0,2.

- Solução de uso:

As soluções A e B são misturadas na proporção de 1:1 e o pH ajustado em 6,8. Tanto as soluções A e B quanto à solução de uso devem ser mantidas em refrigerador.

Corante Giemsa

Corante Wright

- Solução Mãe:

0,125 g de corante Wright

50 mL de Metanol

A mistura é agitada durante 1 hora em agitador magnético ao abrigo da luz e, em seguida, filtrada, incubada em estufa a 37°C por 24 horas antes do uso e armazenada em frasco escuro.

- Solução de uso:

Dilui-se 1 parte da solução mãe em 3 partes de tampão fosfato pH = 6,8.

Solução de 2xSSC

17,532 g de Cloreto de Sódio (NaCl)

8,82 g de Citrato de Sódio

1 L de água destilada

ANEXOS II

PROTOCOLOS DOS REAGENTES FOTOGRÁFICOS

Revelador para Filme D-76

- Solução Mãe:

Despeja-se lentamente o conteúdo de um envelope (110 g) de revelador D-76 Kodak em 900 mL de água destilada pré-aquecida a 52°C. Esta solução é agitada até completa dissolução do pó e, então, o volume é completado para 1 L, acrescentando-se água destilada.

- Solução de uso:

Mistura-se a solução estoque do revelador para filme com água destilada na proporção de 1:1.

Revelador para Papel Dektol

- Solução Mãe:

Dissolve-se o conteúdo de um envelope de revelador Dektol Kodak (146 g) em 900 mL de água destilada pré-aquecida a 38°C, agitando-se por aproximadamente 20 minutos. Completar o volume para 1 L com água destilada.

- Solução de uso:

Mistura-se a solução estoque do revelador para papel na proporção de 1:2 com água destilada.

Fixador Fotográfico

Em 900 mL de água destilada a 27°C, sob constante agitação, adiciona-se o fixador Kodak em pó lentamente por 5 minutos. A solução deve ser agitada até completa dissolução do pó. Em seguida, acrescenta-se água destilada para completar o volume de 1 L.