

## Sessão 1

### Genética Animal I

**001**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM JAVALI (SUS SCROFA) UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES DO TIPO STR.** *Juliano Coelho da Silveira, Ana Leboutte, Thales Freitas, Ives Sbalqueiro, Juliana da Silva (orient.)* (Dep de Genética, Lab de Citogenética, UFRGS).

O javali ou porco selvagem (*Sus scrofa scrofa* Linnaeus, 1758) europeu foi introduzido na América do Sul nas primeiras décadas do século passado. No Rio Grande do Sul (RS) estes animais vêm sendo criados desde os anos vinte possivelmente a partir de um rebanho oriundo do Uruguai. A um bom tempo animais do Uruguai foram e estão sendo introduzidos no Brasil e cruzados com formas de porco doméstico ( $2n=38$ ), tanto induzidos por criadores quanto ao acaso. Populações naturais de Javalis da Eurásia mostram um polimorfismo cromossômico com três diferentes cariótipos possíveis ( $2n=36$ ;  $2n=37$ ;  $2n=38$ ). O objetivo deste trabalho é verificar se existe variação ao nível molecular entre os diferentes cariótipos, e entre animais selvagens e domésticos. Os marcadores moleculares do tipo STR / SW857 e SW1408, descritos para porcos domésticos, estão sendo padronizados para análise de javalis. As amostras de DNA (20 porcos e 60 javalis - 20 de cada cariótipo) foram obtidas a partir de sangue total e submetidas a PCR. Os produtos da amplificação estão sendo avaliados em gel desnaturante de poliacrilamida - 8%. A comparação das frequências gênicas entre porcos domésticos e selvagens (teste exato de diferenciação populacional – genepop) demonstra diferenças significativas ( $p < 0,05$ ). Resultados preliminares indicam a existência de diferenciação quando os cariótipos de javalis são comparados entre si. Outros macadores também estão sendo avaliados com o mesmo objetivo. Apoio: UFRGS, CITOCEL, Plano Sul CNPq, FAPERGS.