

## CITOGENÉTICA APLICADA A CONSERVAÇÃO DE BUBALINOS NA REGIÃO AMAZONICA, BRASIL

Degrandi, TM<sup>1</sup>; Reimche, RB<sup>1</sup>; Gunski, RJ<sup>1</sup>; Costa, MR<sup>2</sup>; Marques, JRF<sup>2</sup>; Marcondes CR<sup>3</sup>; Garnero, AV<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Pampa, UNIPAMPA, São Gabriel, RS;

<sup>2</sup>Empresa Brasileira de pesquisas Agropecuária, EMBRAPA, Belém, PA;

<sup>3</sup>Empresa Brasileira de pesquisas Agropecuária, EMBRAPA, São Carlos, SP

*tdegrandi@hotmail.com*

Palavras- chave: Carabao, alterações cromossômicas, búfalos híbridos, Baio, Cromossomos

Os búfalos domésticos podem ser divididos em dois grupos cariotípicos com diferentes características: “búfalos de rio”  $2n=50$  cromossomos, “búfalos de pântano”  $2n=48$ . Ainda é conhecido a existência de um grupo de búfalos híbridos (rio x pântano) com  $2n=49$  cromossomos. Com isso, o objetivo deste trabalho foi aplicar a análise citogenética para identificar a presença de alterações cromossômicas em bubalinos da raça Carabao e tipo Baio do programa brasileiro de conservação dos recursos genéticos mantidos pela EMBRAPA. Para isso, foram amostrados 55 búfalos candidatos ao programa (30 eram da raça Carabao e 25 do tipo Baio). A obtenção de metáfases deu-se a partir do cultivo de linfócitos de sangue periférico e o número e morfologia foram avaliados a partir de 40 metáfases por exemplar. Para os 25 animais do Tipo Baio o número cromossômico observado foi  $2n=50$ , já para os 27 da raça Carabao foi  $2n=48$ , estes resultados estão de acordo com os descrito para os búfalos de rio e de pântano respectivamente. Ainda, foram identificados três indivíduos com alterações numéricas correspondendo a búfalos híbridos  $2n=49$  cromossomos caracterizados por apresentar: heteromorfismo cromossômico do par um e ausência do homólogo no par 24. Além disso, foram encontrados heteromorfismos para os pares autossômicos, um e quatro e para o par sexual X. A partir destes resultados foram analisados os dados de genealogia para mapeamento das alterações cromossômicas, com isso foi possível concluir que estas tiveram origem de cruzamentos de híbridos F1, F2 e F3 com animais da raça Carabao.