

# ANÁLISE DE FLUXO GÊNICO E HETEROZIGOSIDADE EM POPULAÇÕES DE TUCO-TUCO (CTENOMYS, RODENTIA-CTENOMYIDAE) ENCONTRADOS NA REGIÃO CENTRO-OESTE DO BRASIL.

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Laboratório de Citogenética e Evolução  
Leonardo Trindade Leipnitz, Thales R. O. de Freitas

## Introdução

Os tuco-tucos (Figura 1.a - 1.e), roedores fossoriais pertencentes ao gênero *Ctenomys* (com 60 espécies descritas), habitam áreas de campo e de dunas, na metade sul da região Neotropical (Figura 1.f). Nas populações do MT e RO houve o primeiro registro de indivíduos que habitam áreas de mata.

Os tuco-tucos têm o corpo adaptado à vida subterrânea, por exemplo: dentes incisivos proeminentes e patas com cerdas que auxiliam na escavação, olhos e pavilhão auditivo reduzidos e corpo fusiforme.

Devido ao hábito fossorial, à filopatria, a pressão de predação e a influência antrópica, o baixo fluxo gênico é característico para o gênero.

Este é o primeiro trabalho a investigar as populações de tuco-tucos da região Centro-oeste e Norte do Brasil. Através da análise de microssatélites será possível caracterizar geneticamente essas populações, saber o grau de fluxo gênico, heterozigidade esperada e observada e grau de endogamia, elucidando o *status* genético dentro e entre estas populações.

Este estudo faz parte de um projeto maior que envolve morfometria geométrica do crânio, seqüenciamento (mtDNA) e cariotipagem dos mesmos indivíduos.

## Resultados Parciais:

	NMA	HMO	HME
PL	4.308	0.44933	0.63268
CA	4.333	0.60715	0.62609
NO	4.077	0.43287	0.58474
NU	3.231	0.40885	0.52140
PB	2.308	0.51042	0.55675

Tab. 1: Valores para número médio de alelos (NMA), heterozigidade média observada (HMO) e esperada (HME) para as cinco populações: PL = Pontes e Lacerda, CA = Cáceres, NO = Nova Olímpia, NU = Nova Ubiratã, PB = Pimenta Bueno.

	PL	CA	NO	NU	PB
PL	0.00000				
CA	0.28499	0.00000			
NO	0.19892	0.25719	0.00000		
NU	0.22306	0.46686	0.36831	0.00000	
PB	0.49396	0.46248	0.44969	0.63167	0.00000

Tab. 2: Valores de Fst para as cinco populações estudadas: PL = Pontes e Lacerda, CA = Cáceres, NO = Nova Olímpia, NU = Nova Ubiratã, PB = Pimenta Bueno.

Os dados da tabela 1 foram obtidos a partir do programa Arlequin 3.5.

Os Fst (Tabela 2) foram calculados com base em 4 dos 13 locos genotipados; os índices são estatisticamente significativos ( $P < 0.0001$ ) para todas as populações ( $\alpha = 0.05$ );

Não houve significância para Desequilíbrio de Ligação ( $P > 0.0035$ ). Apenas um loco da população de N. Olímpia desviou significativamente do Equilíbrio de Hardy-Weinberg (loco 10,  $P = 0.0010$ ). Ambos os resultados foram corrigidos através da Correção de Bonferroni, segundo Rice, 1989.

A análise no programa STRUCTURE 2.3.1 demonstrou estruturação populacional ( $k = 5$ ) (Figura 2), corroborando com as populações encontradas em campo.

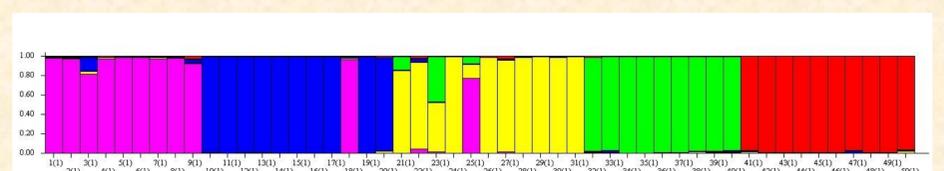


Fig. 2: Gráfico de estruturação populacional do programa STRUCTURE 2.3.1 ( $k = 5$ )

## Discussão:

Todos os valores para Fst foram significativos, indicando que há diferenciação genética real entre as populações. A diferenciação genética da população de Pimenta Bueno, em relação às demais, foi a mais alta, seguida da população de Nova Ubiratã. O desvio significativo do Equilíbrio de HW provavelmente se deve a estocasticidade amostral.

## Conclusões e Perspectivas:

Os resultados parciais apontam para uma estruturação populacional e divergência genética significativas para todas as populações (em especial para Pimenta Bueno e Nova Ubiratã). No entanto, ainda falta um considerável número de amostras por serem genotipadas. Quando completo, o estudo de microssatélites, juntamente com os resultados de mtDNA, cariotipagem e morfometria geométrica do crânio, contribuirá significativamente para elucidar o *status* genético da população e posicionar os indivíduos filogenética e filogeograficamente.

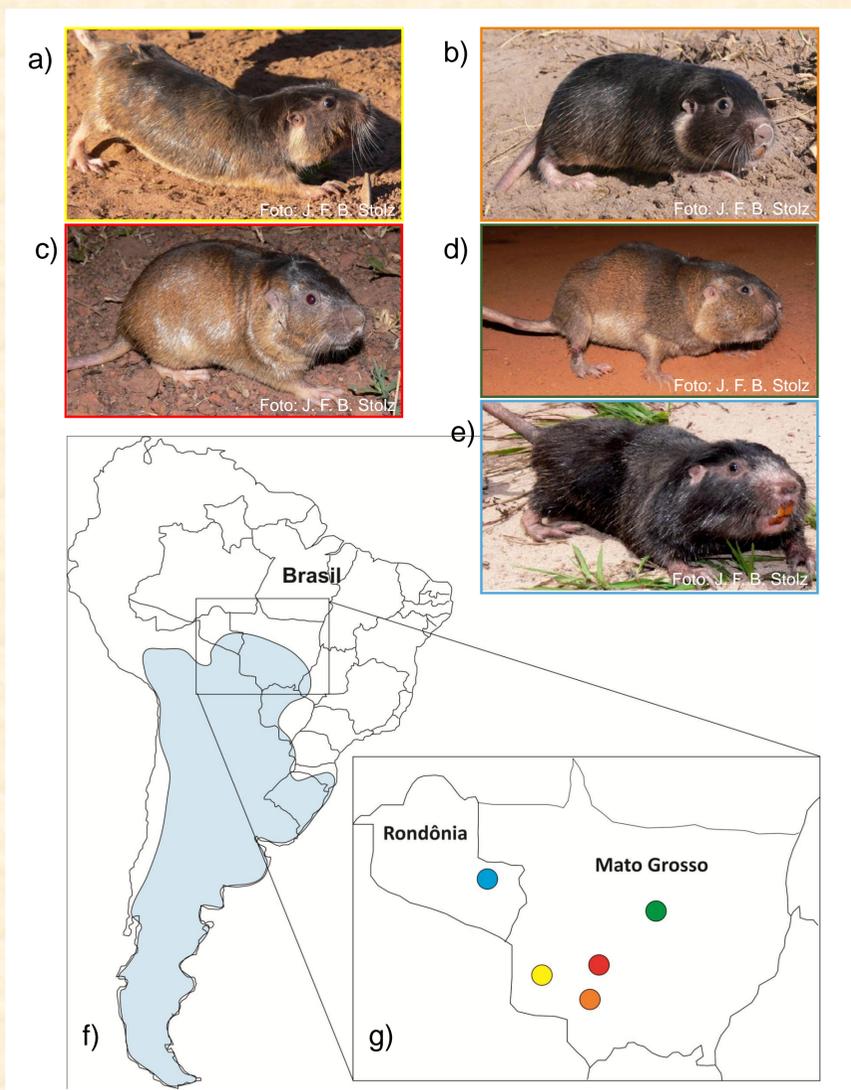


Fig.1.a - 1.e: Indivíduos representantes das cinco populações amostradas;  
Fig.1.f: Mapa da Am. do Sul com a distribuição do gênero *Ctenomys* em azul;  
Fig.1.g: Locais amostrados:  
● Pontes e Lacerda – MT; ● Cáceres – MT; ● Nova Olímpia – MT;  
● Nova Ubiratã – MT; ● Pimenta Bueno – RO.

## Material e Métodos

Foram realizadas quatro expedições ao estado do Mato Grosso (MT) e uma a Rondônia (RO), com um total de 50 indivíduos amostrados distribuídos em cinco populações (Fig. 1.g).

O DNA foi extraído pelo método de Medrano e Col. com modificações, seguido de amplificação por PCR de 14 loci de microssatélites. Os produtos de PCR foram genotipados por seqüenciamento automático. Os resultados foram analisados através do programa Peak Scanner (Applied Biosystems). Uma vez tabelados, os resultados foram submetidos a análises no programa Arlequin 3.5 e STRUCTURE 2.3.1.

APOIO:

