

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

Leonardo Leipnitz, José Francisco Bonini Stolz e Thales R.O. Freitas (Departamento de Genética – UFRGS)

Os Tuco-tucos (gênero *Ctenomys*) são roedores subterrâneos com distribuição conhecida desde o sul da Patagônia ao estado de Rondônia no Brasil. *Ctenomys* possui cerca de 60 espécies. Quanto a dispersão estudos sugerem que os machos são responsáveis pela dispersão mais que as fêmeas sendo estas filopátricas. As espécies de tuco-tuco conhecidas até hoje habitam áreas abertas de campo. Este trabalho abrange a análise de 14 loci de microssatélites, isolados para as espécies *C. haigi* e *C. sociabilis*. Esses loci foram utilizados em outras várias espécies do gênero apresentando um alto sucesso em amplificação cruzada. Foram feitas 5 expedições, coletados 50 indivíduos em 5 populações, sendo 4 populações do Mato Grosso e 1 de Rondônia. As populações deste estudo foram as primeiras encontradas em área de floresta. As 50 amostras foram amplificadas por PCR para os 14 loci de microssatélites marcados com fluorescência, seguindo o protocolo da descrição dos primers. Posteriormente, produtos de PCR serão genotipados e os picos analisados no programa Peak Scanner (Applied Biosystems). Os índices de diversidade genética, diferenciação populacional e heterozigosidade serão calculados pelo programa Arlequin. 50 amostras foram amplificadas para os 14 loci, totalizando 700 reações que serão genotipadas. Estimativas de fluxo gênico para a maioria das espécies são baixas em ambientes abertos. Assim, em ambientes florestados será verificado o grau de endocruzamento nas populações. Além dos dados populacionais, análises com marcadores mitocondriais procuram determinar de qual grupo filogenético esses indivíduos estão mais próximos – se do grupo torquatus, ou do boliviano. Análises com microssatélites permitirão estimar o grau de diferenciação entre essas populações, corroborando os dados de DNA mitocondrial.

CNPq, FAPERGS, PPGBM