

ANÁLISE DE FLUXO GÊNICO E HETEROZIGOSIDADE EM ROEDORES SUL AMERICANOS, TUCO-TUCOS (CTENOMYDAE: RODENTIA) NAS REGIÕES CENTRO OESTE E NORTE, NOS ESTADOS DO MATO GROSSO E RONDÔNIA.

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Laboratório de Citogenética e Evolução
Leonardo Trindade Leipnitz (lleipnitz@gmail.com)

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 porção 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, olhos e pavilhão auditivo reduzidos e corpo fusiforme. Devido ao hábito fossorial, à filopatria de alguns indivíduos, pressão de predação e 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, através de medidas de fluxo gênico, diversidade alélica e estruturação populacional. Este trabalho faz parte de uma abordagem maior que envolve diferentes metodologias.

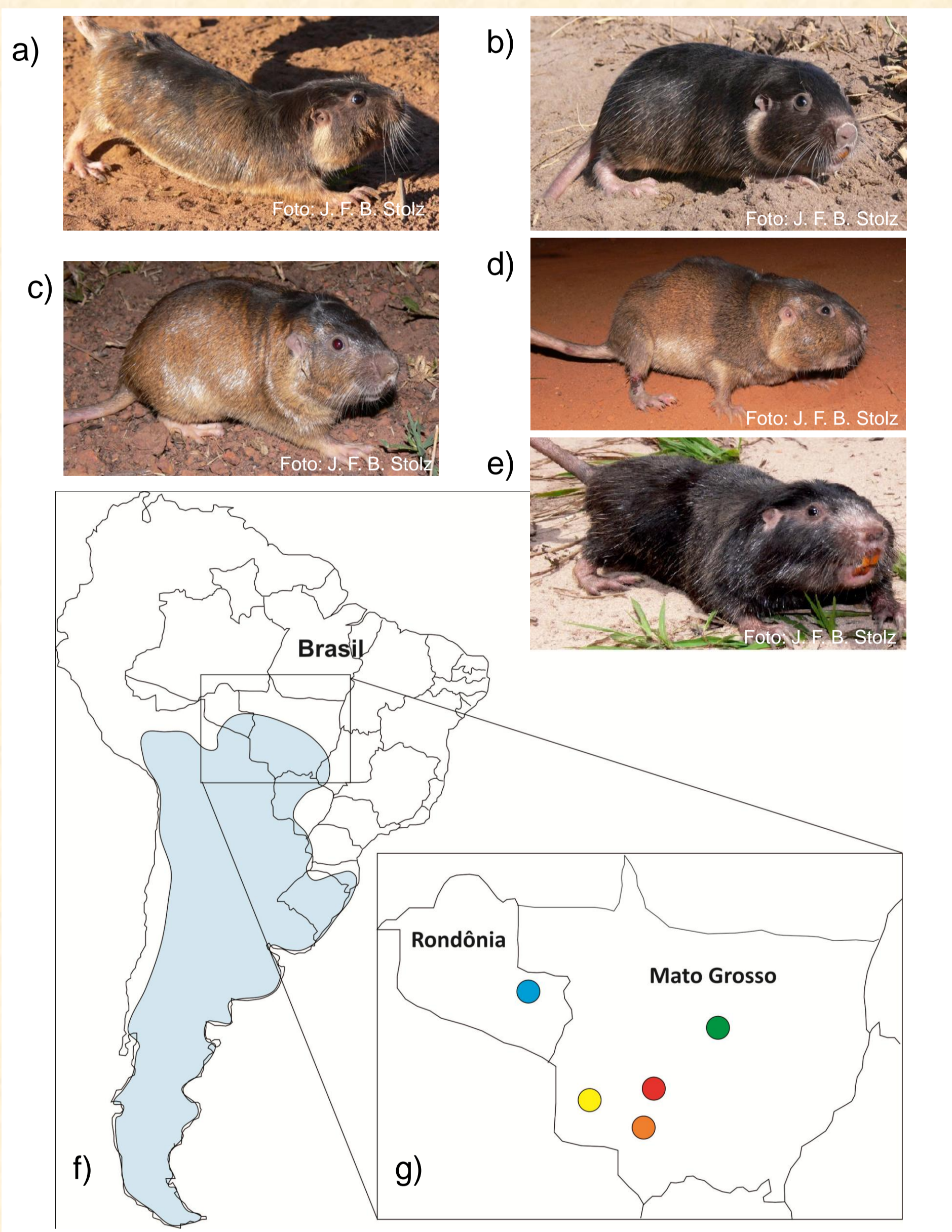


Figura 1.a - 1.e: Indivíduos representativos das cinco populações amostradas; Figura 1.f: Mapa da América do Sul com a distribuição do gênero *Ctenomys* em azul; Figura 1.g: Locais amostrados:
● Pontes e Lacerda – MT; ● Cáceres – MT; ● Nova Olímpia – MT;
● Nova Ubiratã – MT; ● Pimenta Bueno – RO.

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 (Figura 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 sequenciamento automático. Os resultados foram analisados através do programa Peak Scanner (Applied Biosystems). Uma vez tabelados, os resultados foram submetidos a análises pelos programas Arlequin 3.5, STRUCTURE 2.3.1 e Alleles in Space (AIS).

Resultados

Os dados da tabela 1 foram obtidos a partir do programa Arlequin 3.5; Os F_{ST} (Tabela 2) foram calculados com base nos 14 locos analisados; os índices são estatisticamente significativos ($P < 0,0001$) para todas as populações ($\alpha = 0,05$);

	MNA	H _O	H _E
PL	4.429	0.4071	0.6030
CA	3.286	0.5846	0.5534
NO	4.071	0.4026	0.5748
NU	3.000	0.4273	0.5274
PB	2.500	0.4200	0.4989

Tabela 1: Valores para número médio de alelos (MNA), heterozigosidade média observada (H_O) e esperada (H_E) para as cinco populações: PL = Pontes e Lacerda, CA = Cáceres, NO = Nova Olímpia, NU = Nova Ubiratã, PB = Pimenta Bueno.

F _{ST} \ M [^]	PL	CA	NO	NU	PB
PL	0.0000	0.8428	0.9568	0.6615	0.4448
CA	0.2287	0.0000	0.6991	0.4066	0.3767
NO	0.2071	0.2633	0.0000	0.4730	0.3917
NU	0.2742	0.3807	0.3457	0.0000	0.2759
PB	0.3597	0.3989	0.3895	0.4753	0.0000

Tabela 2: Esquerda: Valores de F_{ST} para cada comparação par a par; Direita: Média de migrantes por geração (M[^]) para cada comparação par a par; PL = Pontes e Lacerda, CA = Cáceres, NO = Nova Olímpia, NU = Nova Ubiratã, PB = Pimenta Bueno.

Não houve significância para Desequilíbrio de Ligação ($P > 0,0035$); apenas os loco 13 para a população de CA ($P = 0,0031$) e os locos 8 ($P = 0,0004$) e 10 ($P = 0,0008$) para NO desviaram significativamente do Equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P = 0,0035$). 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).

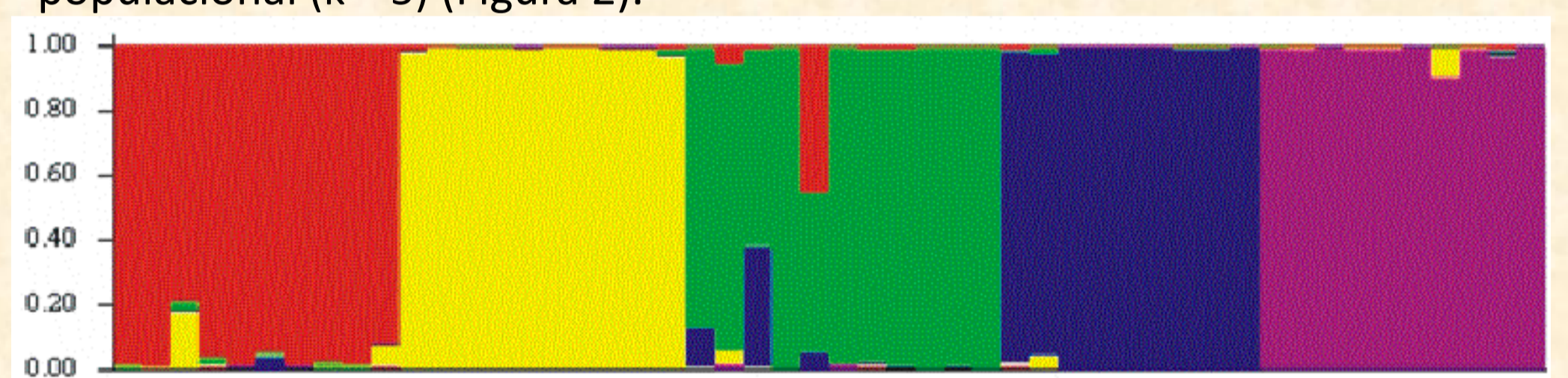


Figura 2: Gráfico de estruturação populacional do programa STRUCTURE 2.3.1 ($k = 5$)

Resultados para AMOVA foram estatisticamente significativos ($P < 0,0001$) tanto para comparações entre populações ($F_{ST} = 0,3204$; $V_a = 32,02\%$) como entre indivíduos ($F_{IT} = 0,4661$; $V_c = 53,18\%$) e entre indivíduos dentro de uma população ($F_{IS} = 0,2100$).

Testes de Mantel foram estatisticamente significativos tanto no programa Arlequin 3.5 ($r = 0,7535$; $P < 0,0001$) quanto no AIS ($r = 0,4626$; $P = 0,0009$).

Discussão

Os valores de F_{ST} demonstram que há estruturação genética entre todas as populações, sendo 5 populações genéticas, corroborando com o número de populações geográficas; Apesar de forte isolamento, há fluxo gênico entre algumas populações (de PL e NU para NO).

Os valores pra AMOVA indicam que a divergência genética entre as populações explica 32,02% da variabilidade molecular encontrada, enquanto que a variabilidade entre indivíduos explica mais da metade da variação (53,18%) indicando variabilidade genética dentro das populações, afastando a possibilidade de um efeito de gargalo de garrafa que possa causar depressão endogâmica.

Finalmente, os resultados do Teste de Mantel indicam alta correlação entre distância genética e distância geográfica, embora esta correlação não seja perfeita. Barreiras geográficas como rios e chapadas, e divergência genética no início da expansão do gênero podem ser fatores que influem para a alta estruturação genética encontrada.

Conclusões e Perspectivas

Há estruturação genética acentuada entre as populações mesmo com a presença de fluxo gênico, presumivelmente em função da distância geográfica. Maior amostragem é necessária para maximizar a diversidade alélica e possibilitar a identificação de padrões de dispersão dos indivíduos dessas populações de *Ctenomys* nos estados do MT e RO. A associação desta metodologia com outras (DNA mitocondrial, morfometria de crânio e cariotipagem) é essencial para caracterizar estas populações a nível de espécie.