

322

ESTUDO PRELIMINAR DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM *CTENOMYS aff. TORQUATUS* (RODENTIA: CTENOMYDAE) ATRAVÉS DA ANÁLISE COM MICROSSATÉLITES. Gislene L. Gonçalves¹, Jorge R. Marinho², Thales R. O. Freitas^{1,2} (1-Departamento de Genética; 2-Programa de

Pós-Graduação em Biologia Animal, IB-UFRGS)

A especiação do gênero *Ctenomys* é considerada como uma das mais explosivas dentre os gêneros de mamíferos, originando mais de 56 espécies distribuídas na região Neotropical. A variabilidade cromossômica deste gênero é uma das maiores entre os mamíferos variando de $2n=10$ até $2n=70$, sendo que o cariótipo mais comum é $2n=48$. No Rio Grande do Sul são encontradas quatro espécies: *C. lami* ($2n=54, 55, 56, 57, e 58$), *C. minutus* ($2n=50, 49, 48, 47, 46 e 42$), *C. torquatus* ($2n=44 e 46$) e *C. flamarioni* ($2n=48$). *Ctenomys aff. torquatus* é uma forma recentemente descoberta e que esta sendo descrita. Os indivíduos capturados apresentam características fenotípicas diferentes entre as espécies do gênero *Ctenomys* tais como três tipos de pelagem: pelagem preta com manchas brancas, marrom com manchas brancas e agouti (selvagem). Cariotipicamente possui $2n=40$ e $NA=70$, diferentes das demais espécies já descritas. Uma amostra com 20 animais coletados em uma população de *C. aff. torquatus* proveniente do município de Alegrete será analisada com quatro locus de DNA microsatélites. Até o momento foi verificado com apenas um locus HAI-2 de microsatélite uma moderada variabilidade. CNPq, Fapergs, PIBIC-CNPq