

072

**VARIABILIDADE GENÉTICA NAS POPULAÇÕES DO GATO-DO-MATO-PEQUENO (LEOPARDUS TIGRINUS – MAMMALIA, FELIDAE) E DO GATO-DO-MATO-GRANDE (ONCIFELIS GEOFFROYI) DO SUL DO BRASIL.** Luana Cardoso da Silva, Gilis Kunzler,

Eduardo Eizirik, Sandro Luis Bonatto (orient.) (UFRGS).

O gato-do-mato-pequeno (*Leopardus tigrinus* Schreber, 1775) e o gato-do-mato-grande (*Oncifelis geoffroyi* d'Orbigny & Gervais, 1844) compartilham uma zona de contato no sul do Brasil, e é de interesse do estudo conhecer os mecanismos de interação entre os indivíduos destas espécies. O objetivo do trabalho é investigar a diversidade genética existente em populações de gato-do-mato-pequeno e de gato-do-mato-grande amostradas principalmente na Região Sul e Sudeste do Brasil com base na região controladora e no gene ND5 do DNA mitocondrial. As amostras de DNA previamente extraído de sangue e tecidos foram submetidas a amplificação da primeira porção da região controladora e de parte do gene ND5. Foram analisados até o momento 57 indivíduos de *L. tigrinus* e 11 de *O. geoffroyi*, destes foram seqüenciadas e alinhadas 61 seqüências da região controladora e 53 do gene ND5. A filogenia dos haplótipos apresenta dois clados bastante divergentes, e evidências obtidas com outros trabalhos indicam que os clados representam os haplótipos originais de cada uma das espécies. Porém alguns indivíduos identificados como *O. geoffroyi* possuem seqüências mitocondriais de *L. tigrinus* e vice-versa. Uma hipótese que explica estes indivíduos com haplótipos de mtDNA de outra espécie é a existência de fluxo gênico recente entre elas. O clado de *L. tigrinus* apresenta baixa diversidade nucleotídica (1, 27%) e as análises indicam evidência significativa de expansão populacional recente ( $D$  de Tajima = -1, 41727). Ocorrem quatro subgrupos principais neste clado e, analisando cada um desses, há indicação de expansão populacional, entretanto apenas um dos subgrupos obteve valor com significância estatística. Constata-se a falta de estruturação geográfica entre os indivíduos desta espécie. No clado de *O. geoffroyi* a diversidade nucleotídica encontrada foi um pouco maior (1, 66%) e a análise dos dados não sugere a existência de “bottleneck” e de expansão populacional ( $D$  de Tajima = 0, 45906) recentes.