

# Variabilidade genética no *locus* DRB de MHC (Complexo Principal de Histocompatibilidade) em três populações de *Ctenomys flamarioni* sob diferentes impactos antrópicos

AUTOR <sup>1</sup>, ORIENTADOR <sup>2</sup>,

<sup>1</sup> Franciele Lausch dos Santos, Ciências Biológicas, UFRGS  
<sup>2</sup> Thales Renato Ochotorena de Freitas

## INTRODUÇÃO

O roedor *Ctenomys flamarioni*, o tuco-tuco das dunas, possui uma distribuição restrita ao litoral gaúcho e devido à descaracterização do seu habitat e sua baixa variabilidade genética encontra-se nas listas de espécies ameaçadas de extinção.

Por meio de marcadores moleculares que codificam elementos importantes aos organismos, como, por exemplo, o Complexo Principal de Histocompatibilidade (MHC) pode-se investigar questões de ecologia evolutiva e conservação.

O objetivo desse trabalho é verificar se o MHC, *loci* DRB, apresenta o mesmo padrão de história evolutiva dos marcadores neutros em três populações de *C. flamarioni*, sob diferentes graus de impacto antrópico.

## METODOLOGIA

Os tuco-tucos foram coletados em três locais: Xangri-lá (n=11), Remanso (n=12) e Pinhal (n=10) (fig. 1), escolhidos pela intensidade do impacto humano (Xangrilá e Remanso têm um grau mais elevado de perturbação e Pinhal é uma praia menos impactada).

As amostras de tecido coletadas tiveram o DNA genômico total extraído e a região de interesse foi amplificada usando primers específicos para MHC, gene DRB. Os produtos de PCR foram clonados em vetor plasmidial para separar os alelos e identificar indivíduos homozigotos e heterozigotos. Para as análises estatísticas foram utilizados os programas MEGA 5.2, DNASP 5.0 e Network.



Figura 1. Mapa da distribuição de *Ctenomys flamarioni* com a identificação dos locais de coleta.

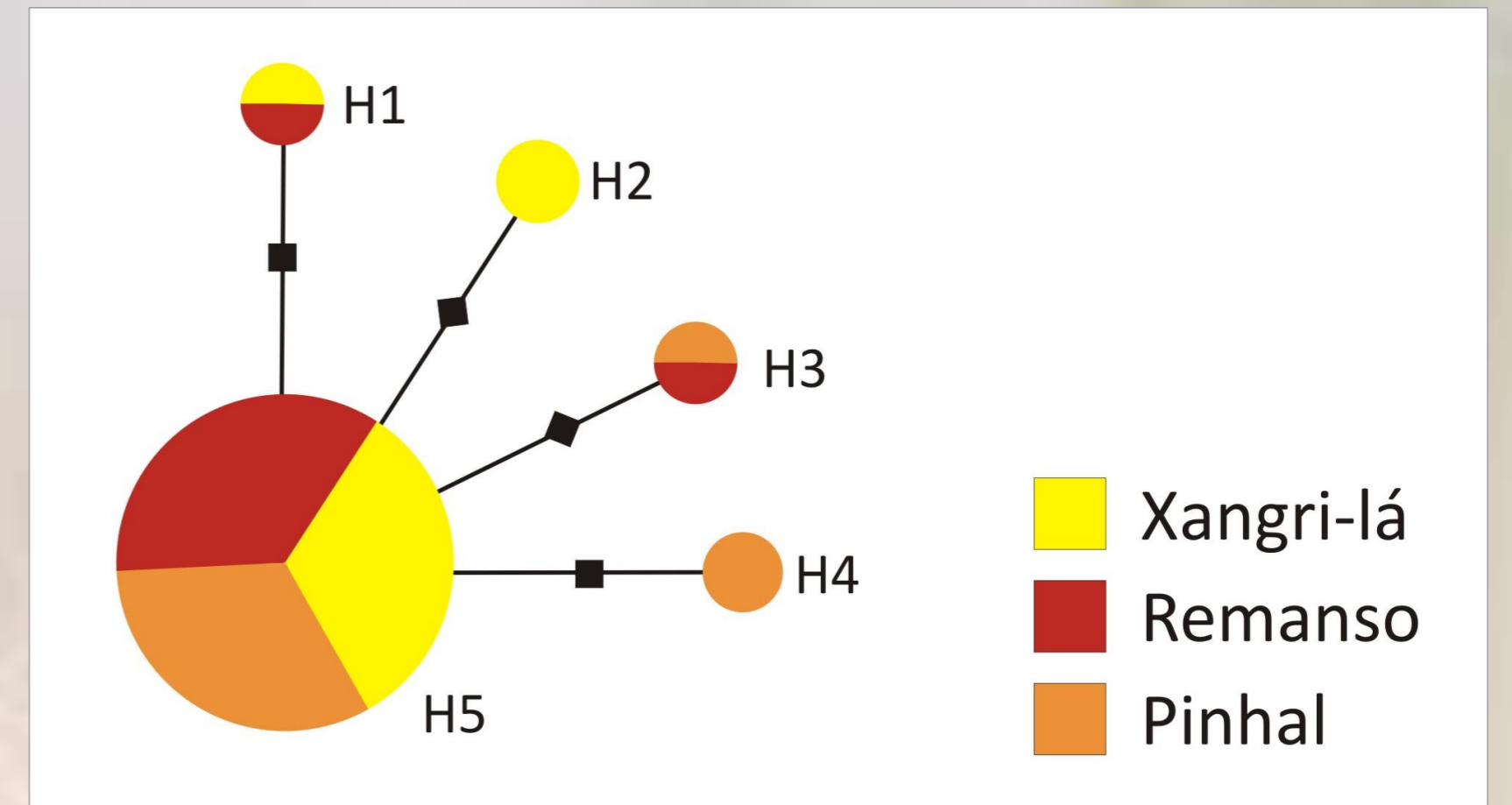


Figura 2. Relações entre os alelos observados para as sequências do éxon 2 do locus DRB (MHC) para as populações de *Ctenomys flamarioni*, amostradas ao longo de sua distribuição geográfica. O tamanho dos círculos representa a frequência do alelo e os quadrados pretos uma mutação cada.

Os valores de heterozigosidade observada foram mais baixos para MHC, tanto quando comparados com o mesmo *locus*, estudado em outra espécie do gênero, quanto quando comparados com marcadores microssatélites para a mesma espécie (fig. 3).

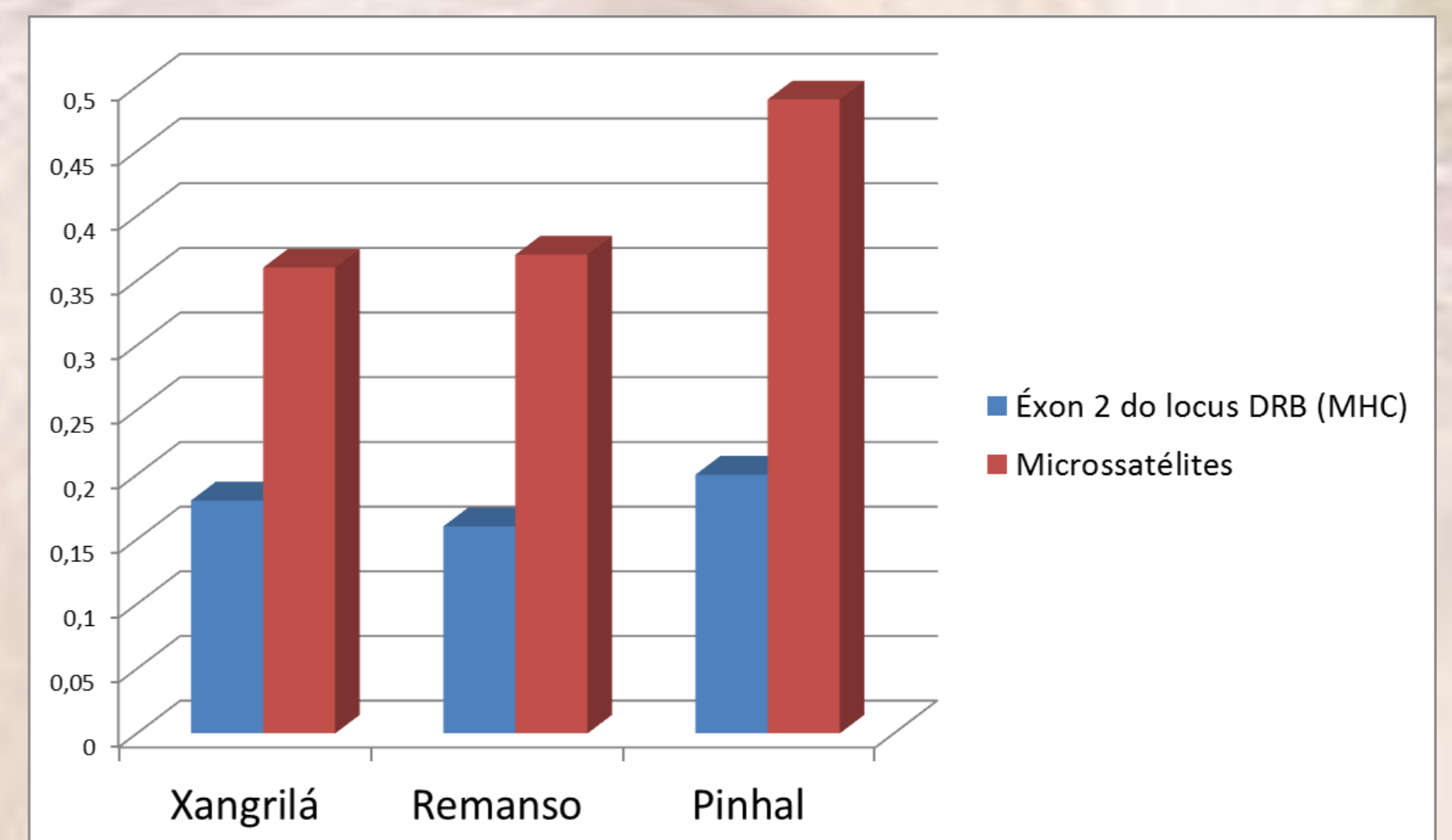


Figura 3. Comparação dos valores para heterozigosidade observada em nove loci de microssatélites e para o éxon 2 do locus DRB (MHC), em três populações de *C. flamarioni*: Xangrilá, Remanso e Pinhal.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram encontrados cinco haplótipos nas populações estudadas (fig. 2), com uma diversidade haplotípica de 0,253. Um haplótipo foi compartilhado entre Xangri-lá e Remanso e outro entre Remanso e Pinhal o que sugere um moderado fluxo gênico entre as populações vizinhas. As populações de Xangri-lá e Pinhal apresentaram um alelo exclusivo cada, indicando um certo isolamento reprodutivo e que essas populações estão evoluindo independentemente. Um único haplótipo foi compartilhado entre as três populações, indicando fluxo gênico, ou ainda um alelo ancestral, que no caso de MHC, pode ter sido conservado por combater um patógeno específico e comum nessas populações.

Assim, a variabilidade baixa, refletida pelo MHC, demonstra uma vulnerabilidade da espécie, pois esse *locus* confere imunidade a patógenos e com essa redução em sua variabilidade as populações tornam-se mais suscetíveis a doenças, que podem acarretar em perda de aptidão adaptativa, contribuindo, dessa forma, com os outros fatores, para o aumento do risco de extinção.

## REFERÊNCIAS

- Cutrer AP, Zenuto RR and Lacey EA (2011) MHC variation, multiple simultaneous infections and physiological condition in the subterranean rodent *Ctenomys talarum*. *Infection, Genetics and Evolution* 11: 1023–1036
- Fernández-Stolz GP, Stolz JFB and Freitas TRO (2007) Bottlenecks and dispersal in the tuco-tuco-das-dunas, *Ctenomys flamarioni* (Rodentia: Ctenomyidae) in southern Brazil. *J. Mammal.* 88: 935–945.
- Fornel, TN (2003) Variabilidade genética em genes do Complexo Principal de Histocompatibilidade (DRB e DQA) em populações de *Ctenomys flamarioni* (Rodentia – Ctenomyidae), implicações em conservação.