



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Variabilidade genética no locus DRB (Complexo Principal de Histocompatibilidade) em três populações de <i>Ctenomys flamarioni</i> sob diferentes impactos antrópicos
Autor	FRANCIELE LAUSCH DOS SANTOS
Orientador	THALES RENATO OCHOTORENA DE FREITAS

Os roedores constituem o grupo mais diverso entre os mamíferos e ocorrem em uma grande diversidade de habitats. A família Ctenomyidae é composta por roedores subterrâneos e o gênero *Ctenomys* possui cerca de 60 espécies atuais, sendo que cinco delas ocorrem no Rio Grande do Sul. Os ctenomídeos habitam galerias escavadas no solo e apresentam diversas modificações morfológicas, como resultado da adaptação ao modo de vida subterrâneo. *Ctenomys flamarioni* Travi, 1981, o tuco-tuco das dunas, tem sua distribuição restrita ao litoral gaúcho e devido à intensa atividade humana nessa área e a instabilidade natural do ambiente, seu hábitat se torna cada vez mais fragmentado e descaracterizado, sendo esse um dos motivos pelos quais essa espécie consta nas listas de fauna ameaçada de extinção.

O uso de ferramentas moleculares que codificam elementos importantes para os organismos, como o Complexo Principal de Histocompatibilidade (MHC), refletem processos evolutivos relevantes, dentro e entre populações, sendo adequados para 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.

Os tuco-tucos foram coletados em três locais: Xangri-lá ($n=11$), Remanso ($n=12$) e Pinhal ($n=10$), 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. A amplificação de um fragmento de 270 pares de bases (éxon 2 do gene DRB) foi realizada utilizando os primers GH46 e GH50. Os produtos de PCR foram clonados em vetor plasmidial para separar os alelos e identificar indivíduos homocigotos e heterocigotos. As amostras foram sequenciadas em ambas as direções (*forward e reverse*) e uma nova variante foi considerada um novo alelo somente quando ele apareceu no mínimo em dois PCRs independentes ou em dois ou mais indivíduos. Para as análises estatísticas foram utilizados os programas MEGA 5.2, DNASP 5.0 e Network.

Foram encontrados cinco haplótipos nas populações estudadas, com uma diversidade haplotípica de 0,253, sendo que um haplótipo foi compartilhado entre as três populações, indicando a presença de um possível alelo ancestral, que no caso de MHC, pode ter sido conservado por combater um patógeno específico e comum nessas populações. Os dados sugerem um moderado fluxo gênico entre as populações vizinhas, pois um haplótipo foi compartilhado entre Xangri-lá e Remanso e outro entre Remanso e Pinhal. As populações de Xangri-lá e Pinhal apresentaram um alelo exclusivo cada, indicando um certo isolamento reprodutivo e que essas populações estão evoluindo independentemente. Os valores de heterocigosidade 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. A heterocigosidade observada (H_o) para MHC foi menor do que para microssatélites mesmo nas populações de Xangri-lá e Remanso, que passaram por reduções populacionais recentes (gargalos-de-garrafa) identificados em estudo anterior (Xangri-lá: $H_oMHC=0,18$ H_o microssatélites=0,36; Remanso: $H_oMHC=0,16$ H_o microssatélites=0,37; Pinhal: $H_oMHC=0,2$ H_o microssatélites=0,49). Mesmo para a área menos impactada, Pinhal, a diversidade do MHC mostrou-se baixa indicando que essas populações estão sofrendo com as reduções populacionais e mesmo em um *locus* para o qual se espera seleção balanceadora, a seleção não está sendo suficiente para manter a diversidade.

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.