

184

**ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM *CTENOMYS TORQUATUS* (RODENTIA - OCTODONTIDAE).** *Camila Rocha de Moraes, Juliana da Silva, Adriana Gava e Thales Renato O. Freitas.* (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS)

O *Ctenomys torquatus* é uma espécie de roedor fossorial que vive nos campos que ocorrem do centro-sul do Rio Grande do Sul (RS) até o norte do Uruguai. Até o momento foram estudadas três populações do RS: Pelotas, Candiota e Butiá. Entre estes três pontos há uma grande distância geográfica. Entre Candiota e Butiá: 210km; entre Pelotas e Butiá: 180km; entre Candiota e Pelotas: 125km. Os indivíduos analisados citogeneticamente são cromossomicamente iguais, ou seja, todos eles tem mesmo número cromossômico ( $2n=44$ ). Foram estudados 35 indivíduos (8 de Pelotas: 5 fêmeas:3 machos; 10 de Butiá: 7 fêmeas: 3 machos; 17 de Candiota: 14 fêmeas: 3 machos), a fim de obter a extração de DNA de rim, para poder realizar este presente estudo. O objetivo deste é analisar a variabilidade genética das três populações, utilizando a técnica de microsatélites. Os primers utilizados nesta técnica são os Hai I e Hai III, que foram descritos por Lase e cols (1999). Para visualização dos produtos de PCR foram feitos géis desnaturantes de poliacrilamida. Para o primer Hai I, não ocorreu variação o que pode-se concluir que as populações analisadas são monomórficas com um alelo com 121 pares de base para este locus. Apesar das três populações estarem muito distantes, elas apresentam grande similaridade genética. Em relação ao primer Hai III, ainda não se pode fazer nenhuma observação, pois as análises ainda estão em curso. (FINEP, CAPES, CNPq, FAPERGS, PROJETO TUCO-TUCO)