



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Estudos preliminares da variabilidade genética em <i>Melanophryniscus montevidensis</i> no município de Chuí, RS.
Autor	BRUNA ELENARA SZYNWELSKI
Orientador	THALES RENATO OCHOTORENA DE FREITAS

Estudos preliminares da variabilidade genética em *Melanophryniscus montevidensis* no município de Chuí, RS.

Bruna E Szynewski, Thales R. Ochotorena de Freitas. UFRGS

Conhecido como sapinho da barriga vermelha ou sapito de Darwin, *Melanophryniscus montevidensis* ocorre no limite da costa sul do Brasil até Montevidéu no Uruguai. Está classificado na lista da IUCN como vulnerável e na lista vermelha do estado do Rio Grande do Sul como em perigo (2014), suas populações estão em declínio e seu habitat é fragmentado. O fenótipo padrão de *M. montevidensis* são manchas amarelas na lateral do corpo, mas como há grande variação fenotípica intraespecífica alguns indivíduos não apresentam essa característica. O estudo da diversidade genética possibilita a caracterização das populações e a criação de formas mais efetivas para a preservação de espécies. Uma ferramenta utilizada para isso são marcadores moleculares como os microsatélites úteis para análise de eventos históricos mais recentes, gargalos de garrafa e barreiras ao fluxo gênico. O objetivo do trabalho foi o de avaliar a diversidade genética na população do Chuí de *M. montevidensis*. Neste trabalho foram utilizadas amostras de uma população do Chuí. O DNA foi extraído com a técnica de CTAB e utilizados nove primers descritos para *M. dorsalis*. Os PCRs seguiram o protocolo desenvolvido para *M. dorsalis* e a genotipagem realizada pela empresa Macrogen. Os alelos foram verificados no programa Peak Scanner e erros de escorreamento, índices de diversidade, equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e desequilíbrio de ligação (DL) através dos programas Micro-Checker e Arlequin. Foi realizado teste para verificação de gargalos de garrafa no programa Bottleneck utilizando os modelos de mutação SMM (*Stepwise mutation model*) e TPM (*Two-phase model*). Os dados de *M. montevidensis* foram comparados com os dados de cinco populações de *M. dorsalis*. Na população de Chuí foram encontrados 2 a 12 alelos, com uma média de 6,9 alelos por *locus*. A heterozigosidade esperada variou de 0,12 até 0,87 com uma média de 0,69 enquanto que a heterozigosidade observada variou de 0,12 até 0,94 com média de 0,53. Os *loci* Medo 3, 5, 7 e 8 apresentaram alelos nulos. Os *loci* não apresentaram DL. Dois dos nove *loci* analisados apresentaram-se fora do equilíbrio de HW. Comparando os dados da população de *M. montevidensis* do Chuí com cinco populações de *M. dorsalis* para quais foram feitos os mesmos testes, *M. montevidensis* apresentou maior diversidade alélica em quatro *loci* e uma média de alelos superior à observada em todas as populações de *M. dorsalis*. As heterozigosidades observadas e esperadas foram similares nas duas espécies para a maioria dos *loci*. A estimativa de coeficiente de endogamia foi moderada e semelhante a algumas populações de *M. dorsalis*, sendo que em *M. montevidensis* foi de 0,23 e em *M. dorsalis* variou de 0,10 a 0,22. O gráfico de frequências alélicas formou uma curva em forma de L para *M. montevidensis* e fugiu do padrão L em três populações de *M. dorsalis*. Para o teste de gargalo de garrafa a população do Chuí apresentou probabilidade próxima da significância para excesso de heterozigotos apenas para o modelo TPM. A falta de equilíbrio de HW observada para os dois *loci* pode ser devido à ausência das premissas postuladas pelo teste, como população pequena, cruzamentos não-panmíticos e efeitos de deriva e fluxo gênico. O modo de reprodução deste gênero é uma reprodução explosiva após grandes precipitações e pode estar influenciando no valor significativo de endogamia, assim como outros fatores como baixa dispersão, populações pequenas ou a fragmentação do habitat. Com esses resultados podemos inferir que a população do Chuí de *M. montevidensis* possui uma diversidade genética alta e semelhante a encontradas para *M. dorsalis*. Mas para sabermos o estado atual de conservação e variabilidade genética da espécie de *M. montevidensis* é necessário ainda aplicar os testes em outras populações. Assim poderemos traçar planos de conservação para a espécie e saber quais são as populações que estão mais ameaçadas e quais as que ainda guardam uma grande variabilidade genética.

Apoio: CNPq e Fapergs