



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Variabilidade genética comparada em três espécies de <i>Melanophryniscus</i> ameaçadas de extinção e endêmicas do RS.
<b>Autor</b>	JULIANE HEYDE DOS SANTOS
<b>Orientador</b>	MARCIO BORGES MARTINS

## Variabilidade genética comparada em três espécies de *Melanophryniscus* ameaçadas de extinção e endêmicas do RS.

Juliane Heyde dos Santos, Prof. Dr. Márcio Borges Martins  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O gênero *Melanophryniscus* Gallardo, 1961, pertence à família Bufonidae e inclui 26 espécies. Sua distribuição geográfica é restrita ao sudeste da América do Sul, sendo que grande parte de suas espécies ocorrem no Pampa e sul da Mata Atlântica. *Melanophryniscus macrogranulosus*, *M. cambaraensis* e *M. admirabilis* são espécies ameaçadas e endêmicas da Mata Atlântica do Rio Grande do Sul. As três espécies têm distribuições muito restritas. Análises de variabilidade genética são importantes ferramentas para esclarecer a história evolutiva dos organismos e podem contribuir para avaliar o status de conservação das espécies. O objetivo deste estudo é a análise comparada da variabilidade genética de *Melanophryniscus macrogranulosus* e das demais espécies microendêmicas com distribuição no RS. Foram analisados tecidos depositados na coleção do Departamento de Zoologia da UFRGS, obtidos em projetos desenvolvidos anteriormente sob a licença ICMBio/MMA 35295-1. Analisamos indivíduos correspondentes a cinco populações conhecidas de *Melanophryniscus macrogranulosus* e *M. cambaraensis*, duas em São Francisco de Paula, duas em Maquiné e uma em Dom Pedro de Alcântara e da única população conhecida de *M. admirabilis* em Arvorezinha, RS, Brasil. A extração de DNA das amostras coletadas foi feita com CTAB segundo protocolo de Doyle & Doyle (1987). O material extraído foi analisado em laboratório através da técnica de PCR, amplificando fragmentos gênicos de DNA nuclear mitocondrial. Tecidos das três espécies foram utilizados para a extração de DNA Mitocondrial e amplificação de um fragmento do Citocromo b. As sequências foram alinhadas através do programa Geneious. Análises populacionais de índice de diversidade nucleotídica e haplotípica e teste de neutralidade de D de Tajima e Fs de Fu foram realizadas no programa DNAsp 5.10. Para a análise da estruturação das populações foi realizada uma Análise da Variância Molecular no programa Arlequin 3.11 e a rede de distância com o algoritmo Median Joining no programa Network 4.5.1.6. Até o presente momento não foi possível obter sequências de *M. admirabilis*, provavelmente por problemas no primer empregado. Em um primeiro momento, a análise do marcador mitocondrial Citocromo b, das duas espécies de sapinho-de-barriga-vermelha endêmicas do Rio Grande do Sul, *Melanophryniscus cambaraensis* e *M. macrogranulosus*, revelou uma distância genética muito baixa entre as populações, variando entre 0,01 a 0,05%, enquanto a comparação com outra espécie reconhecida do gênero mostrou uma distância genética de 3,5%. Estes dados moleculares, corroboram com dados morfológicos e bioacústicos e sugerem que estas populações pertencem a uma única espécie. Na sequência, as análises populacionais foram feitas juntando todas as populações conhecidas. A análise do marcador molecular citocromo oxidase I resultou em 13 haplótipos, sendo um deles compartilhado apenas por indivíduos das populações da altitude (São Francisco de Paula), outro haplótipo compartilhado entre sítios da altitude com indivíduos dos vales de Maquiné e o último compartilhado apenas por indivíduos de Dom Pedro de Alcântara. Nesta última região, os haplótipos foram exclusivos. Além disso, as cinco populações apresentam haplótipos exclusivos, porém o número de mutações existentes entre eles é baixa. Através da análises dos haplótipos, encontramos uma diversidade haplotípica alta ( $Hd= 0,929$ ) e um índice de diversidade nucleotídica baixa ( $Pi= 0,006$ ), o que pode estar explicando um rápido crescimento populacional. O teste de neutralidade apresentou um valor negativo, indicando um excesso de polimorfismos de baixa frequência, o que poderia estar indicando expansão no tamanho da população.