



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Variabilidade Genética em três Populações de <i>Melanophryniscus montevidensis</i>
Autor	BRUNA ELENARA SZYNWELSKI
Orientador	THALES RENATO OCHOTORENA DE FREITAS

Variabilidade Genética em três Populações de *Melanophryniscus montevidensis*.

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

Conhecido como sapinho da barriga vermelha ou sapito de Darwin, *Melanophryniscus montevidensis* ocorre na planície costeira da costa sul do Brasil até Montevidéu no Uruguai. Seu hábitat é composto de dunas, lagoas e poças temporárias. Está classificado na lista da IUCN como vulnerável e na Lista Vermelha do Estado do Rio Grande do Sul como em perigo (2014), sendo considerado extinto em Montevidéu. Os marcadores moleculares como microssatélites são úteis para análise de eventos históricos mais recentes, como gargalos de garrafa e barreiras ao fluxo gênico, por isso podem inferir sobre o status de conservação das espécies. Portanto o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética em três populações de *M. montevidensis*. Foram utilizadas 11 amostras de Cabo Polonio (CP) e sete de La Coronilla (LC) pertencentes ao Uruguai, e 20 de uma população do Chuí (CH), no Brasil. O DNA foi extraído com a técnica de CTAB. Utilizamos seis *primers* e respectivos protocolos de PCR descritos para *M. dorsalis*. Os alelos foram verificados no programa Peak-Scanner e erros de escoramento, no programa Micro-checker. Os índices de diversidade, equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), AMOVA, F_{IS} , F_{ST} par a par e desequilíbrio de ligação (DL) através do programa Arlequin. A estruturação populacional foi verificada no programa Structure. Os *loci* Medo3, Medo6 e Medo7 apresentaram AN para CH. Os *loci* Medo1, Medo3 e Medo7 para LC, enquanto que Medo3 e Medo6, para CP. Como a frequência de AN foi inferior a 0,22, esses *loci* não foram excluídos das demais análises. O número de alelos por *locus* variou entre quatro e 12. A população CH apresentou média de 8,2 alelos; LC, 5,7 e CP obteve média de 6,3. A heterozigosidade observada (H_O) média foi de 0,63 em CH, 0,60, em LC e 0,72 em CP. Já a heterozigosidade esperada (H_E) foi de 0,76 no CH 0,82 em LC e de 0,80 em CP. Na população CH o *locus* Medo1 ficou fora do EHW, enquanto que de CP o *locus* Medo3 ficou fora do EHW. A população de LC não apresentou nenhum *locus* fora do EHW. Não foi observada estruturação populacional através do programa Structure, sendo o melhor K inferido igual a 1. Na AMOVA 97% da diferenciação observada se encontra dentro das populações e 3% entre as populações, com um valor de F_{ST} de 0,03 ($p < 0,05$). O F_{ST} par a par entre CH e LC foi 0,054 ($p < 0,05$). As demais comparações entre populações não foram significativas. O F_{IS} foi significativo para o CH, 0,18 e LC, 0,25 ($p < 0,01$). O número de alelos encontrados nas três populações de *M. montevidensis* foram similares aos encontrados para as populações de *M. dorsalis*. A ausência de EHW em alguns *loci* pode ser devido à falta de premissas postuladas pelo teste. A falta de estruturação encontrada até o momento pode estar relacionada ao baixo número de *loci* utilizados. No entanto, os mesmos *loci* recuperaram a estruturação verificada para *M. dorsalis* em trabalho prévio. Sendo assim, a falta de estruturação pode ser pela proximidade das populações amostradas e possivelmente ausência de barreiras físicas que impeçam a dispersão e fluxo gênico entre populações. Os dados de diferenciação populacional baixos de F_{ST} e AMOVA também corroboram para uma baixa estruturação populacional de CH, LC e CP. Dessa forma a ampliação do número de *loci* e de populações poderá nos dizer com clareza se há ou não uma estruturação entre as populações de *M. montevidensis*, bem como, possivelmente aumentar a diversidade de alelos amostrados e verificar se há um isolamento por distância. Os resultados obtidos até o momento indicam que as populações LC, CP e CH tem níveis consideráveis de diversidade genética que podem estar relacionados à preservação desses locais. porém o F_{IS} alto pode levar, a longo prazo, à expressão de alelos deletérios e diminuição do fitness destas populações. Adendo, cabe ressaltar a extinção de outras populações dessa espécie, alertando que pressões antrópicas podem levar ao declínio e até mesmo extinções locais da espécie. Por isso os dados preliminares são de extrema importância para o conhecimento básico e conservação desta espécie globalmente ameaçada.

Apoio: Cnpq, Fapergs e Fundação o Boticário de Proteção à Natureza.