

062

**UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES NA IDENTIFICAÇÃO DE GARGALOS DE GARRAFA EM POPULAÇÕES DO TUCO-TUCO-DAS-DUNAS (CTENOMYS FLAMARIONI) NO LITORAL SUL DO BRASIL.** Tatiane Noviski da

Silva, Gabriela Paula Fernández-Stolz, Thales Renato Ochotorena de Freitas (orient.) (UFRGS).

O gênero *Ctenomys* abrange aproximadamente 60 espécies de roedores fossoriais e ocupa a porção sul da região neotropical. O tuco-tuco-das-dunas é endêmico do litoral do Rio Grande do Sul e sua ocorrência restrita ao bioma costeiro, assim como o aumento da urbanização nas últimas décadas, coloca esta espécie na categoria de vulnerável nas listas de fauna ameaçada de extinção. Estudos indicam que populações que têm experimentado reduções severas no tamanho populacional são mais suscetíveis de sofrer degradação das características genéticas da espécie. Como consequência disto, e da importância deste tipo de informação para o desenvolvimento de planos de conservação e manejo da espécie, o objetivo deste estudo é detectar reduções recentes no tamanho populacional a partir de dados genéticos. Foi analisada uma amostra de 94 indivíduos pertencentes a quatro populações, sendo duas com ocorrência em áreas de maior impacto antrópico, Xangri-lá (n=24) e Remanso (n=27) e duas em locais mais preservados, Pinhal (n=30) e São Simão (n=13). Para cada população foram caracterizados nove *loci* de microssatélites polimórficos para a espécie. A existência de gargalos de garrafa populacionais foi determinada através do programa Bottleneck baseado no modelo de evolução mais comum para *loci* de microssatélites (TPM, *Two-phased model*) e o teste de *Wilcoxon sign-rank*. Os resultados obtidos indicam que nas localidades com maior impacto antrópico houve uma diminuição recente no tamanho populacional (diferenças significativas do esperado sob equilíbrio de mutação e deriva): Xangri-lá ( $p=0.027$ ) e Remanso ( $p=0.011$ ); o que não foi observado para Pinhal ( $p=0.230$ ) e São Simão ( $p=0.500$ ). Nossos resultados sugerem que a intervenção humana pode estar influenciando na variabilidade genética destas populações, todavia, mais estudos deverão ser encaminhados para determinar o real efeito da degradação do ambiente nas reduções populacionais observadas. (Fapergs).