

Diversidade genética e história evolutiva de *Cavia intermedia* e sua espécie-irmã, *Cavia magna*, com base em 12 loci de microsatélites

Camila Barros de Mello (bolsista); Manuel Adrian Riveros Escalona; Sandro Luis Bonatto (orientador);
Faculdade de Biociências, Laboratório de Biologia Genômica e Molecular, PUCRS;

A espécie *Cavia intermedia* é uma espécie endêmica das ilhas de Moleques do Sul cuja espécie-irmã, *Cavia magna*, apresenta distribuição ampla, do Uruguai até Santa Catarina. Estudos anteriores mostraram que a *C. intermedia* tem um tamanho populacional total ao redor de 40 indivíduos. Estudos do nosso grupo utilizando marcadores mitocondriais e microsatélites nucleares demonstrou que *C. intermedia* apresenta uma diversidade genética sete vezes menor que uma população de *C. magna* do Uruguai, compatível com o pequeno tamanho estimado via censo para a primeira. Esse conjunto de características faz de *C. intermedia* uma das espécies de mamíferos mais raros do planeta e um objeto interessante de estudo quanto aos processos evolutivos em pequenas populações, em relação à diversidade genética e a diferenciação entre essas duas espécies-irmãs que vivem tão próximas e ao mesmo tempo isoladas uma da outra. Pretendemos comparar a história evolutiva de *C. intermedia* com uma população de *C. magna* localizada muito próximo de Moleques do Sul, usando novas tecnologias de sequenciamento de larga escala (*next-generation sequencing*). Entretanto, devido ao custo e a complexidade dos procedimentos, é importante avaliar se esta população de *C. magna* é adequada para este tipo de metodologia. O objetivo específico deste trabalho é avaliar os parâmetros genéticos de 23 amostras da população de *C. magna* obtida no litoral de Santa Catarina em 2012, em local próximo ao arquipélago, através do uso de 12 marcadores de microsatélites usados previamente para caracterizar as outras populações. O material biológico será extraído com kit DNeasy Blood and Tissue Kit (QIAGEN), amplificado usando os mesmos 12 primers utilizados em trabalhos prévios e genotipado no sequenciador MEGABACE. A diversidade da população será estimada usando várias estatísticas populacionais padrão, as quais serão comparadas com os valores obtidos nas outras populações.

Palavras-chave: microsatélites; história evolutiva; marcador molecular; *Cavia*