



XVI Encontro de Geneticistas do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, de 27 à 29 de julho de 2008

## Estruturação populacional em *Oxymycterus nasutus* (Rodentia: Sigmodontinae) no Rio grande do Sul: Uma abordagem filogeográfica

Pereira, Jamile Queiroz<sup>1</sup>; Christoff, Alexandre Uarth<sup>2</sup>; Jung, Diego Marques Henriques<sup>1,2</sup>; Valiati, Victor Hugo<sup>1</sup>

1 Unisinos, Laboratório de Biologia Molecular; PPG em Biologia, E-mail para contato: jamile\_uni@yahoo.com.br

2 Ulbra, Museu de Ciências Naturais, Curso de Biologia

Sigmodontinae compreende várias formas de roedores cricetídeos, organizados em aproximadamente 84 gêneros atuais, sendo considerado um dos grupos mais diversificados e complexos de mamíferos do Novo Mundo. Os sigmodontíneos têm sido arranjados tradicionalmente em grupos de gêneros, dos quais alguns foram reconhecidos como tribos. Na tribo Akodontini, *Oxymycterus* destaca-se como um componente comum das comunidades de mamíferos nas latitudes médias do continente sul-americano, estando representado no Rio Grande do Sul por *O. judex* e *O. nasutus*, espécie tipo do gênero, encontrado em campos úmidos, especificamente na Estepe gramíneo lenhosa e parque. Até o presente momento, nenhum trabalho de cunho sistemático, filogenético ou filogeográfico havia tido como foco amostras provenientes do Rio Grande do Sul, de forma que o conhecimento sobre as espécies de *Oxymycterus* neste Estado está fundamentado em extrapolações a partir de estudos de taxonomia alfa, apanhados gerais e em dados não publicados. Os objetivos deste trabalho foram avaliar a existência de padrões filogeográficos entre populações de *O. nasutus* ao longo de sua distribuição geográfica reconhecida no Rio Grande do Sul, baseado no polimorfismo do gene mitocondrial da citocromo oxidase b (CitB). O DNA de 20 indivíduos provenientes de 11 populações do RS foi extraído, o fragmento alvo amplificado pela PCR e seqüenciado. As análises moleculares incluíram dois indivíduos do Uruguai, seqüências disponíveis no GenBank. As análises filogeográficas deram-se através da inferência Bayesiana, *Neighbor-joining*, Máxima Parcimônia e rede haplotípica. Foi realizada uma AMOVA, sendo os níveis hierárquicos definidos entre os grupos recuperados nas análises cladísticas. O tempo de divergência entre grupos foi estimado pelo relógio molecular. Um total de 650pb foram seqüenciados, 579pb foram idênticos em todas as amostras e 25 apresentaram polimorfismos; destes, 16 representaram mutações únicas e 9 foram informativos para parcimônia. Todas as substituições representaram mutações sinônimas e se restringiram às terceiras posições dos códons. Doze haplótipos ocorreram entre os indivíduos analisados. Todas as reconstruções utilizando o método cladístico apresentaram um padrão similar, dois clados principais (Sul e Norte), com suporte > 50% no Rio Grande do Sul. O *FST* considerando os clados Sul, Norte e Uruguai, indicou estruturação ( $FST=0,59952$ ,  $p=0,00196\pm 0,00136$ ). A rede de haplótipos recuperou uma hipótese congruente com as topologias das análises cladísticas, apontando um haplótipo de Sentinela do Sul (Clado Sul) como provável ancestral dos demais. A pequena quantidade de divergência das seqüências entre os dois clados de *O. nasutus* identificados, sugere que o padrão de variação tenha sido moldado por eventos relativamente recentes. Considerando que *O. nasutus* está restrito a áreas de estepe gramíneo-lenhosa, e que a região fitogeográfica intermediária entre os seus limites de ocorrência é composta originalmente por áreas de floresta (Estacional Decidual e Ombrófila Mista), é possível sugerir estas funcionem como limitador do fluxo gênico entre os grupos. O Rio grande do Sul foi fortemente afetado pelas mudanças climáticas ocorridas durante o Pleistoceno, registradas pela seqüência de transgressões e regressões marinhas, na planície costeira do Estado. A partir destes dados, é possível reconstruir um cenário histórico hipotético para a divergência encontrada entre os dois Clados de *Oxymycterus* no RS. *O. nasutus* apresentaria uma distribuição original relativamente ampla e a partir de um evento de elevação da temperatura média do planeta, houve um processo de expansão florestal, que terminou por isolar as populações ancestrais em refúgios de campos úmidos. Assim, as populações foram fragmentadas, levando à interrupção do fluxo gênico entre elas e por fim, a sua divergência, a aproximadamente 200 mil anos.