



Gonçalves, GL; Freitas, TRO

Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Filogenia intraespecífica e variação geográfica do roedor subterrâneo *Ctenomys torquatus* nos campos sulinos baseado em seqüências do gene citocromo B

Os roedores subterrâneos constituem –se num dos modelos mais adequados para testar hipóteses sobre os processos que levam a divergência evolutiva das linhagens. Em geral, habitam áreas naturalmente fragmentadas. Devido à capacidade restrita de dispersão, ocorrem em pequenas unidades genéticas, onde a variação é baixa e a divergência interpopulacional é alta. Esse é o caso de *Ctenomys*, gênero sul-americano considerado o grupo com maior taxa de especiação dentre os roedores fossoriais. No extremo sul do Brasil, há registros de quatro espécies correspondentes, sendo que uma delas (*C. torquatus*) ocorre em uma ampla área, do Rio Grande do Sul ao Uruguai (Campos Sulinos), em populações pequenas e frequentemente isoladas fisicamente, atributos que podem promover diferenciação por deriva genética. Além disso, apresenta populações com alta variabilidade cariotípica e diferentes colorações da pelagem. Compreender as relações filogenéticas intraespecíficas entre essas populações polimórficas em cinco localidades inseridas nesse bioma é o objetivo do trabalho. Para isso, foram analisados 65 indivíduos, através de seqüências completas (1.200 pb) e parciais (470 pb) do gene mitocondrial citocromo b. Foram incorporadas às análises filogenéticas, 37 seqüências de outras espécies do gênero *Ctenomys* a partir do Genbank. As seqüências obtidas foram verificadas individualmente e alinhadas no programa Clustal X 1.83. O modelo evolutivo HKY+I foi escolhido como o mais apropriado, através de uma série de testes das taxas de *likelihood* com MODELTEST 3.06. As árvores filogenéticas foram enraizadas com seqüências de gêneros próximos filogeneticamente (*Octodon*, *Spalacopus* e *Thympanomys*) e estimadas utilizando método de *maximum likelihood* (ML) e análise baiana, implementadas através dos programas estatísticos PHYML 2.1 e MRBAYES 3.0, respectivamente. Um total de 13 haplótipos distintos foi obtido a partir de 42 seqüências. As duas análises filogenéticas apresentaram árvores com a mesma topologia, resultando grupos consistentes com forte *bootstrap* e probabilidade posterior > 90%. Em termos de unidade maior, os indivíduos agruparam um clado de *C. torquatus*, juntamente com seqüências de indivíduos provenientes no Uruguai. Dois cladros irmão ficaram próximos a *C. torquatus*: (i) *C. pearsoni*, espécie mais relacionada conforme estudos anteriores e (ii) *C. perrensis* e *C. dorbignyi*. A partir desse resultado, ficou evidente a relação filogenética ancestral que indivíduos de *C. torquatus* das cinco populações compartilham, independente do cariótipo e da morfologia. Variáveis como o número cariotípico e coloração da pelagem parecem ser resultados de processos recentes, enquanto a variabilidade do citocromo b representaria mudanças ancestrais. A próxima etapa é tentar estimar os possíveis eventos recentes que podem ter gerado essa variabilidade, através de análise das mesmas populações com marcadores nucleares biparentais (microsatélites). ■

Apoio financeiro: FAPERGS, CAPES e CNPq.