

055

INVESTIGAÇÃO DAS RELAÇÕES FILOGENÉTICAS ENTRE OS TÁXONS DE OECOMYS (RODENTIA, CRICETIDAE) PELA ANÁLISE DA SEQUÊNCIA COMPLETA DO GENE MITOCONDRIAL CITOCROMO B.*Vanessa Aparecida da Silva Mengue, Jaqueline Andrades de Miranda, Gustavo Borba de Miranda, Luis Flamarion B Oliveira, Margarete Sune Mattevi (orient.) (ULBRA).*

Os roedores compõem uma das mais numerosas ordens dos mamíferos com, aproximadamente, 43 famílias, 354 gêneros e 1.700 espécies. Todos os cricetídeos sul-americanos pertencem à subfamília Sigmodontinae a qual inclui cerca de 70 gêneros agrupados em 8 tribos bem definidas. Dentre elas, a tribo Oryzomyini (com 16 gêneros e mais de 100 espécies) é um significativo componente da fauna de mamíferos sul-americanos. Dentre os gêneros desta tribo, *Oecomys* possui um grande valor para análises filogenéticas, considerando-se que suas espécies ocorrem em simpatria em quase todos os locais onde foram coletadas e, das 13 espécies reconhecidas, sete ocorrem no Brasil. *Oecomys* é amplamente distribuído pelas florestas tropicais e subtropicais das Américas do Sul e Central, estendendo-se desde a Costa Rica até a Venezuela, Guianas, Colômbia, Equador, Peru, Bolívia, Brasil e norte do Paraguai. Este trabalho tem como objetivo analisar as relações filogenéticas das espécies de *Oecomys* através da análise da sequência completa do gene mitocondrial citocromo *b*. A amostra é composta por cinco exemplares da espécie *concolor* (três localidades), um da espécie *bicolor*, duas sequências do GenBank e duas espécies como outgroup. O DNA foi extraído de tecidos usando sal. Os produtos de PCR, obtidos pela amplificação com os primers MVZ05, MVZ16, MVZ23 e MUS15398, foram quantificados em gel de agarose 0,8%, purificados e seqüenciados em um seqüenciador automático ABI PRISM 3100 (Applied Biosystems). As sequências foram alinhadas no programa ClustalX, analisadas nos programas MEGA 3 (NJ), PAUP versão 4.0b10 (MP, ML) e MrBayes versão 3.0b4 (IB). As árvores obtidas mostraram topologias semelhantes, ficando todos os exemplares de *concolor* agrupados em um mesmo clado, seguidos pelo grupo com as espécies *superans* e *bicolor*. As espécies do outgroup se agruparam em um clado separado. Concluímos que este gene é um ótimo marcador para inferir relações filogenéticas entre os roedores desta tribo