

Filogenia do gênero *Cryptonanus* (Didelphimorphia: Didelphidae) baseada em sequências nucleotídicas nucleares

Mariana Dias Guilardi^{1*}; Ana Paula Carmignotto²; Ana Claudia Lessinger²

1. Bacharel em Ciências Biológicas, Centro de Ciências Humanas e Biológicas, UFSCar, Sorocaba/SP; *diasgmariana@gmail.com

2. Docente do Depto.de Biologia, Centro de Ciências Humanas e Biológicas, UFSCar, Sorocaba/SP

Palavras Chave: Marcadores Nucleares, Sistemática, Thylamyini.

Introdução

Os estudos sobre a diversificação de marsupiais neotropicais auxiliaram na compreensão dos eventos históricos que originaram os padrões atuais de biodiversidade encontrados nas regiões tropicais.

Neste contexto, este estudo integra uma iniciativa mais ampla (incluindo a distribuição geográfica, a variação morfológica e análises de marcadores do DNA mitocondrial) sobre a filogenia do gênero didelfídeo *Cryptonanus* Voss, Lunde e Jansa, 2005, que apresenta conflitos taxonômicos e relações filogenéticas indefinidas (Voss & Jansa, 2009), utilizando a análise de sequências dos genes nucleares BRCA1 e OGT. Os objetivos deste estudo foram (1) definir a posição de *Cryptonanus* dentro da tribo Thylamyini (abordagem intergenérica), (2) recuperar as relações filogenéticas entre as espécies de *Cryptonanus* (abordagem intragenérica) e (3) definir os limites das espécies.

Resultados e Discussão

Esta análise envolveu 43 espécimes de *Cryptonanus* amplamente distribuídos nas formações abertas da América do Sul, abrangendo as espécies *C. agricolai*, *C. chacoensis*, *C. guahybae*, *C. unduaviensis* e cinco prováveis novos taxóons. As relações intragenéricas foram inferidas a partir da análise de 650pb do intron 14 do gene OGT e a posição filogenética de *Cryptonanus* foi inferida através da análise de 450pb do éxon 11 do gene BRCA1.

A região BRCA1 apresentou sequências muito conservadas nas análises comparativas, resultado esperado tratando-se de um marcador amplamente utilizado para recuperar relações entre gêneros de marsupiais, um nível acima das relações interespecíficas. Este marcador recuperou com sucesso a monofilia de *Cryptonanus* entre os membros da tribo Thylamyini. Entretanto, esta análise não foi informativa para definir o grupo-irmão de *Cryptonanus* e resolver as relações de parentesco em Thylamyini, que continuam incertas.

A análise das sequências da região OGT não esclareceu as relações filogenéticas entre as espécies do gênero *Cryptonanus*. Estas sequências revelaram baixa divergência nas análises comparativas, mesmo tratando-se de uma região livre de restrição funcional, por não ser codificadora, propensa a acumular mutações a taxas mais rápidas. Sugere-se que este fato esteja relacionado a um processo de diversificação muito recente neste grupo, caracterizado como um complexo de espécies. A análise de marcadores do genoma mitocondrial definiu nove haplogrupos em *Cryptonanus* (Fegies, 2014), entretanto na análise do marcador OGT foram recuperados apenas três destes agrupamentos: o haplogrupo *C. unduaviensis*, com

alto suporte de ramo, contendo a espécie filogeneticamente mais divergente do gênero; o haplogrupo *C. agricolai* C e o haplogrupo *C. chacoensis* A, ambos com baixo valor de suporte de ramo (63% e 60% de *bootstrap*, respectivamente). Estas análises indicaram dois conflitos em relação aos marcadores mitocondriais: a presença de um espécime do haplogrupo *C. agricolai* C e outro de *C. chacoensis* D no clado *C. chacoensis* A. Estes conflitos poderiam indicar a ocorrência de introgressão oriunda de eventos de hibridação, ou, alternativamente, constituir evidências de retenção de polimorfismo ancestral.

Conclusões

Os marcadores nucleares analisados recuperaram a monofilia do gênero *Cryptonanus*. Entretanto, não foi possível definir a posição do gênero com relação aos membros da tribo Thylamyini devido à baixa resolução filogenética obtida na análise de sequências de BRCA1. Análises da região OGT não foram informativas para estabelecer os limites das espécies e suas relações filogenéticas. A discordância entre os resultados obtidos com marcadores de DNA nuclear vs DNA mitocondrial sugere uma história evolutiva complexa para o grupo, incluindo evidências de introgressão gênica ou retenção de polimorfismo ancestral.

Este é o primeiro estudo com a caracterização de marcadores moleculares do genoma nuclear para um conjunto representativo de espécimes de um dos gêneros mais complexos de Didelphidae que agrega tanto incertezas filogenéticas quanto taxonômicas.

Agradecimentos

Agradecimentos ao CNPq (Processos 484346/2011-3) e à FAPESP (Processo 2011/20022-3) pelo apoio à pesquisa.

FEIGES, A. C. Sistemática do gênero *Cryptonanus* (Didelphimorphia: Didelphidae) baseada em análises moleculares. 2014, Dissertação de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação. UFSCar campus Sorocaba.

VOSS, R. S.; JANSKA, S. A. Phylogenetic relationships and classification of didelphid marsupials, an extant radiation of New World metatherian mammals. Bulletin of the American Museum of Natural History. N. 322, p. 1 - 177. 2009.

VOSS, R. S.; LUNDE, D. P.; JANSKA, S. A. On the contents of *Gracilinanus* Gardner and Creighton, 1989, with the description of a previously unrecognized clade of small didelphid marsupials. American Museum Novitates. N. 3482, p. 1 - 35. 2005.