

Sessão 1
GENÉTICA ANIMAL

003

FILOGEOGRAFIA COMPARADA DAS ESPÉCIES PERTENCENTES AO GÊNERO LEOPARDUS (MAMMALIA, FELIDAE) NA AMÉRICA LATINA. *Taiz Leonor Lopes Simão, Eduardo Eizirik (orient.)* (PUCRS).

O gênero *Leopardus* compreende uma linhagem de felídeos Neotropicais que migrou para a América do Sul há cerca de três milhões de anos. Pouco se conhece quanto aos processos evolutivos envolvidos em seus eventos de divergência. Neste trabalho temos o objetivo de analisar seus padrões filogeográficos intraespecíficos utilizando segmentos nucleares que possibilitem um melhor entendimento dos processos biogeográficos que influenciaram a diversificação deste gênero. Amostras de DNA genômico das espécies *L. wiedii*, *L. pardalis*, *L. tigrinus*, *L. geoffroyi* e *L. colocolo* coletadas em oito países da América latina (do México ao Brasil), foram amplificadas para seis segmentos nucleares. Sequências consenso foram geradas com auxílio dos programas Phred, Phrap e Consed. Utilizando o programa Mega 3.1, as sequências foram alinhadas e editadas. Construímos redes (*networks*) de haplótipos através do programa *Network* 4.1 para inferir as relações genealógicas entre as sequências. O programa DnaSP foi utilizado para estimar o número de haplótipos (H) e o valor da diversidade haplotípica (Hd). Análises preliminares identificaram a ocorrência de variação intra-específica em três locos. Foram estes os segmentos CYP1A1, CHRNA1 e SILV. CYP1A1 (n=20 indivíduos) apresentou H = 5 e Hd = 0, 7038; enquanto os valores equivalentes foram H = 11 e Hd = 0, 8597 para CHRNA1 (n=26), e H = 4 e Hd = 0, 750 para SILV (n=8). Por outro lado, o segmento ATP7A (n=15) apresentou baixa variação, apresentando apenas um sítio variável (Hd = 0, 2084), que separa a espécie *L. wiedii* das demais. Outros dois segmentos nucleares, DGKG e RAG2, começaram a ser sequenciados, porém a análise dos dados obtidos ainda não foi iniciada. As próximas etapas deste estudo incluem a análise dos segmentos CYP1A1, CHRNA1 e SILV, a análise dos dados dos fragmentos DGKG e RAG2, e a busca continuada de segmentos nucleares informativos para o problema em questão. (CNPq).