

Pisetta, NF¹; Silva, CM²; Verrastro, L²; Fagundes, NJR¹

¹Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS

²Departamento de Zoologia, Universidade Federal Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS

Email: fp-n@hotmail.com

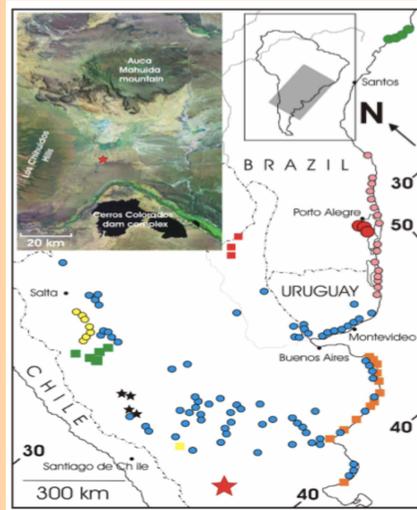
INTRODUÇÃO

A análise filogenética é empregada para inferir a história evolutiva das espécies. Principalmente quando aliada a métodos de datação, essa análise pode sugerir possíveis eventos que afetaram o surgimento e a diversificação das espécies. *Liolaemus arambarensis* é um lagarto pequeno descrito recentemente, endêmico das restingas da margem oeste da Laguna dos Patos, no estado do Rio Grande do Sul.

No Brasil, outras espécies do gênero ocupam as praias da costa Atlântica, mas a relação evolutiva entre elas é desconhecida. Enquanto *Liolaemus occipitalis* ocorre no Sul do Brasil e no Uruguai, próximo à área de ocorrência de *L. arambarensis*, *L. lutzae* é uma espécie restrita ao estado do Rio de Janeiro, distante mais de 1.000 km das outras espécies do gênero.

Nesse estudo, foi utilizado um conjunto de dados de múltiplos marcadores de sequência de DNA com o objetivo geral de inferir a relação filogenética de *L. arambarensis* em relação outras espécies proximamente relacionadas pertencentes subgrupo "wiegmannii": *L. lutzae*, *L. occipitalis*, *L. salinicola*, *L. scapularis*, *L. multimaculatus* e *L. wiegmanni*.

Figura 1 – Distribuição conhecida das espécies do grupo "wiegmannii". Quadrados vermelhos, *L. azarai*; quadrados laranjas, *L. multimaculatus*; quadrados verdes, *L. salinicola*; círculos verdes, *L. lutzae*; círculos amarelos, *L. scapularis*; círculos vermelhos, *L. arambarensis*; círculos rosas, *L. occipitalis*; círculos azuis, *L. wiegmanni*; estrelas pretas, *L. riojanus*; quadrado amarelo, *L. rabinoi*; estrela vermelha, *L. cuyumhue*.
Fonte: AVILA et al. 2009



RESUMOS DOS MÉTODOS



Figure 2 – Métodos analíticos utilizados neste estudo. Dados de sequência foram obtidos depois do PCR com primers específicos usando indivíduos da coleção científica do Laboratório de Herpetologia da UFRGS.

RESULTADOS

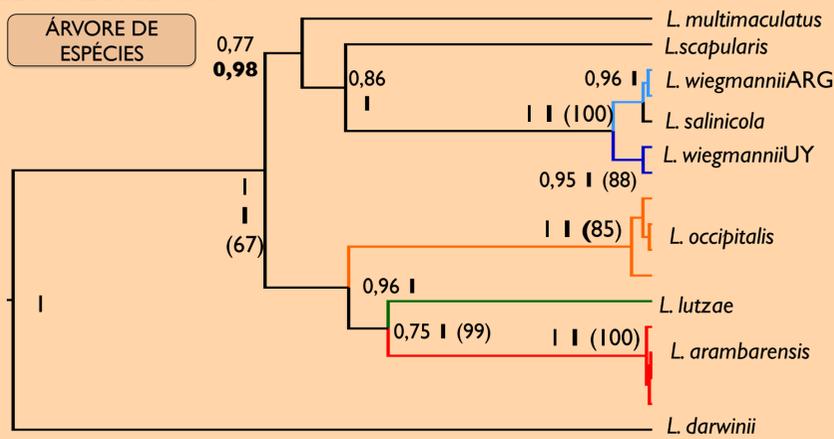


Figura 3 – Topologia obtida para árvore de espécies coalescente (*Beast). O valores para os nós correspondem a probabilidade posterior do clado na árvore de espécies coalescente. Valores em negrito são para a análise Bayesiana usando dados concatenados. Valores em parênteses são para a análise de máxima verossimilhança.

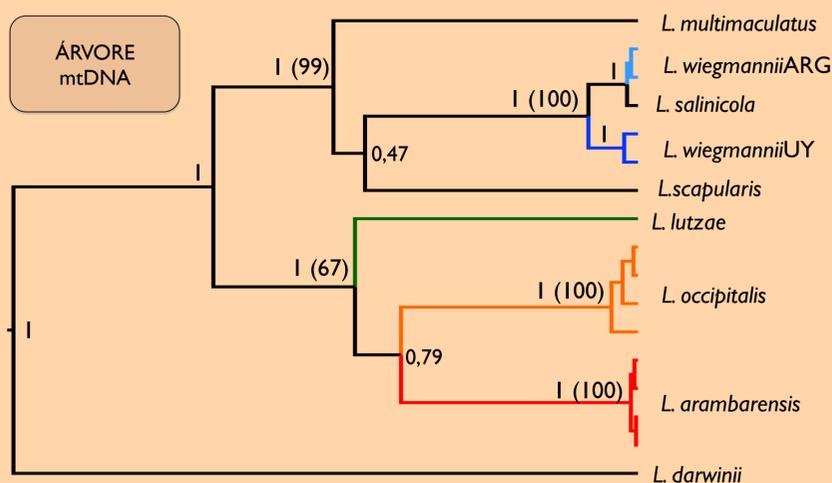


Figura 4 – Árvore do mtDNA. Legenda como na Figura 3.

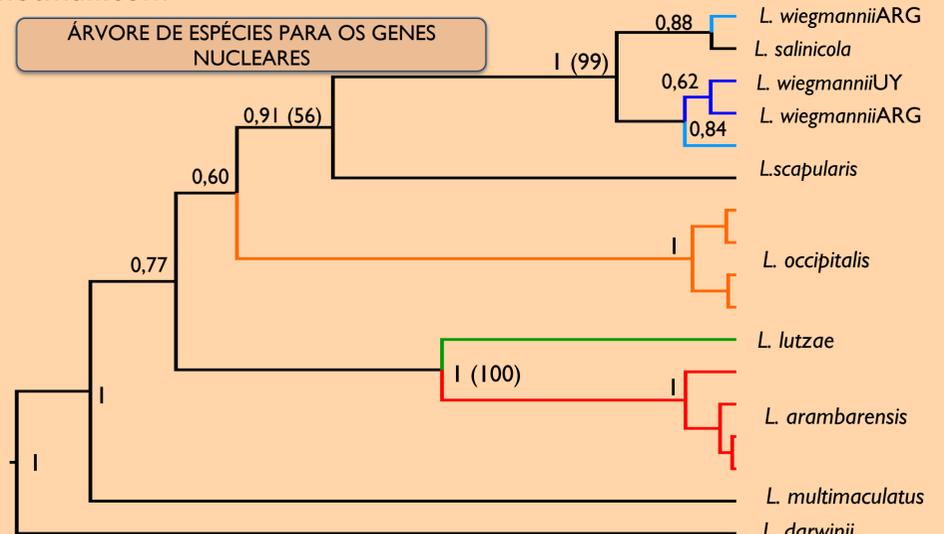


Figura 5 – Árvore dos genes nucleares concatenados. Legenda como na Figura 3.

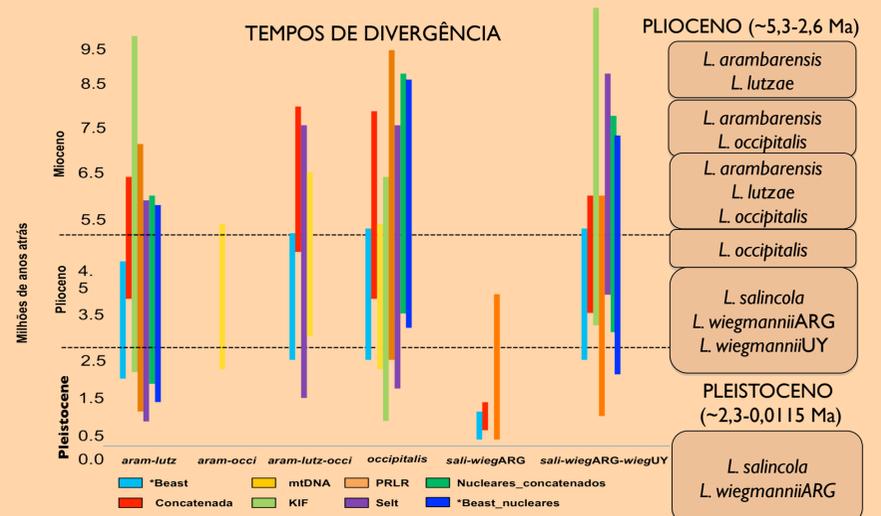
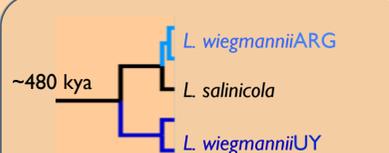


Figura 6 – Intervalos de confiança para os tempos de divergência de alguns clados de interesse.

DISCUSSÃO

Liolaemus wiegmanni



~480 kya

Divergência de dois subclados separados pelo Rio de la Plata:
Uruguai e Argentino

Pleistoceno (~480 kya)

***L. wiegmanni* pode representar um complexo de espécies**

Uma formação **continental** (Barra Del Rio) e outra **marinha** (Puerto Olivos) durante o Pleistoceno.

Puerto Olivos: 0,98-1,76 Maa— pode ser importante na separação das linhagens ARG e UY

Liolaemus arambarensis, L. occipitalis, L. lutzae

- L. arambarensis* é irmã de *L. lutzae*, mas com baixo suporte
- Principal causa da discordância da árvore de gene: mtDNA vs. nDNA
- Todas as árvores de gene de nDNA sugerem *L. arambarensis* irmã de *L. lutzae*
- Dada a diferença no tamanho efetivo, por que não há discordância genes nDNA?
- Possível hibridização antiga entre *L. occipitalis* e *L. arambarensis* resultando na introgressão de mtDNA?

<i>L. occipitalis</i> - TMRCA	<i>L. arambarensis</i> e <i>L. lutzae</i> - TMRCA
3,77 Maa	3,28 Maa

Plioceno

- As datas coalescentes são mais antigas do que 400kya, que é a origem da formação geológica onde alguma dessas espécies ocorrem atualmente.
- Os pesquisadores devem ter cautela ao associar a história de uma espécie à região geológica que ela ocupa no presente.

APOIO: CNPq, PROBIC FAPERGS-UFRGS