



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Filogenia molecular de <i>Liolaemus arambarensis</i>
Autor	NÁDIA FRANCO PISETTA
Orientador	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

A análise filogenética é empregada para inferir a história evolutiva das espécies, sugerindo possíveis eventos que afetaram a diversificação das espécies. *Liolaemus arambarensis*, descrito recentemente, é um lagarto pequeno 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. Nesse estudo, foi utilizado um conjunto de dados de múltiplos genes para inferir a relação filogenética entre essas e outras espécies proximamente relacionadas pertencentes ao grupo *boulengeri*, e mais especificamente, ao subgrupo “wiegmanni”. Além disso, aliado a métodos de relógio molecular, o presente estudo pretende inferir tempos de divergência entre as espécies que poderão ser inferidos em um contexto geológico. Foram utilizadas amostras de DNA de *L. arambarensis*, *L. lutzae*, *L. occipitalis*, *L. salinicola*, *L. scapularis*, *L. multimaculatus* e *L. wiegmanni* que foram submetidas a amplificação de PCR para mtDNA (COI, CytB), e marcadores autossômicos (PRLR, Selt, KIF). O produto da amplificação foi conferido em gel de agarose, purificado enzimaticamente (ExoI/SAP) e sequenciadas na empresa Macrogen (Coréia do Sul). Depois do alinhamento das sequências, uma árvore de gene foi estimada para cada marcador, enquanto a árvore de espécies foi estimada de duas formas diferentes: usando dados concatenados ou baseada em uma abordagem de coalescência, permitindo lidar explicitamente com as discrepâncias entre as árvores de gene. Para calibrar o relógio molecular foi utilizada uma taxa de substituição para o gene CytB e definido um prior na raiz da árvore usando dados da literatura, tendo *L. darwinii* como um grupo externo. Todas as análises foram realizadas no Beast 1.7.3 (ou *Beast) usando os modelos evolutivos sugeridos pelo jModeltest. O clado *L. arambarensis*-*L. lutzae* foi bem suportado por todas as árvores de gene nuclear e pela árvore de espécies com dados concatenados, mesmo que essas espécies não sejam próximas em termos geográficos. Na árvore de espécies sem concatenação, esse clado também foi recuperado, mas com baixo suporte. Em contraste, a filogenia do mtDNA sugere um clado *L. occipitalis*-*L. arambarensis*, embora com pouco apoio. O clado *L. occipitalis*-*L. arambarensis*-*L. lutzae* é suportado pela filogenia mitocondrial e pelas árvores de espécies com e sem concatenação dos dados. Curiosamente, a relação irmã entre *L. arambarensis* e *L. lutzae* foi recuperada com alto suporte para a árvore de espécies coalescente baseada nos genes nucleares sozinhos, ainda que a teoria de coalescência sugira que uma maior discordância genealógica ocorra para genes autossômicos, cujo tamanho populacional é maior. Os tempos de divergência estimados entre *L. arambarensis*, *L. occipitalis* e *L. lutzae* (~3,8 milhões de anos atrás, Maa), e entre *L. arambarensis* e *L. lutzae* (~3,3 Maa) correspondem ao Plioceno e devem indicar que eventos ortogênicos associados com o levantamento da Serra do Mar, que poderiam ter sido mais importantes para a divergência das linhagens genéticas nesse grupo do que os ciclos glaciais do Pleistoceno, mais recentes, ou a origem da Planície Costeira no Sul do Brasil.