



Análise da frequência haplótípica de indivíduos sul-americanos do gênero *Conepatus* (Mammalia: Mephitidae)

Vanessa Guterres Dias¹, Manoel L. Fontoura-Rodrigues¹, Eduardo Eizirik¹ (orientador)

¹Faculdade de Biociências, PUCRS

Resumo

Os membros do gênero *Conepatus* (Carnivora; Mephitidae), popularmente conhecidos como zorrilhos, possuem ampla distribuição nos biomas campestres das Américas. Tradicionalmente cinco espécies são reconhecidas, duas com ocorrência no sul da América do Norte e outras três na América Central e do Sul. Contudo, estudos recentes indicam que as duas espécies norte-americanas constituem apenas uma entidade taxonômica. O grupo possui grande variação morfológica, referente a características como tamanho corporal e pelagem. Uma vez que os estudos que unificaram as espécies norte-americanas baseiam-se principalmente em morfologia, é possível que tais características possam não ser bons marcadores taxonômicos. Adicionalmente, estudos filogenéticos e taxonômicos com o grupo são escassos, sobretudo em relação às espécies sul-americanas. Outra incerteza se refere às distribuições das espécies do gênero, pouco estudadas até o momento. Assim, fica claro que o grupo apresenta alguns problemas taxonômicos, tanto no que se refere à delimitação e estruturação interna das espécies quanto às áreas de ocorrência. Para abordar este problema, investigou-se a estrutura populacional de uma das espécies sul americanas do gênero, *C. chinga*, através de ferramentas moleculares. Foram amostradas as regiões: Rio Grande do Sul, Uruguai, Peru e Argentina. A população do Cerrado brasileiro, descrita como *C. semistriatus*, foi incluída na análise, já que se encontra geograficamente próxima às populações de *C. chinga*. O DNA de 60 amostras foi extraído através de protocolo de fenol-clorofórmio, e um segmento mitocondrial – *Citocromo B* – foi amplificado através de PCRs. Os produtos foram purificados e sequenciados, e os haplótipos editados e alinhados. A análise de estrutura populacional foi realizada através do programa computacional Network 4.6.10, o qual agrupa e conecta os haplótipos através do número de diferenças entre eles. Os resultados desta análise

indicam que *C. chinga* é uma espécie bastante estruturada, com sub-grupos nas regiões do Rio Grande do Sul e Argentina. Além disso, a análise sugere que a população do Cerrado brasileiro de *C. semistriatus* esteja contida dentro da diversidade de *C. chinga*. Estes achados têm profunda relevância para a taxonomia do grupo, e indicam que mais estudos devam ser realizados para que novas proposições taxonômicas possam ser oferecidas.