

## Estudio comparativo de la variabilidad molecular en el ADN mitocondrial en roedores de la subfamilia Sigmodontinae (Rodentia, Cricetidae)

Rebeca M. Galeano<sup>1</sup>, Pablo Teta<sup>2</sup>, Cecilia Lanzone<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva; Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales; IBS; UNaM – CONICET. E-mail: marysel\_genetyca@hotmail.com

<sup>2</sup>División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”.

Con alrededor de 435 especies y 87 géneros repartidos en 11 tribus y varios linajes únicos, los sigmodontinos son uno de los grupos de roedores neotropicales más diversos. Diferentes regiones del ADN mitocondrial se han utilizado como marcadores moleculares para estudiar su taxonomía y sistemática. Dos de los más usados son el citocromo b (cit-b) y la región control (RC); aunque, no existen estudios comparativos de ambas regiones abarcando diferentes niveles taxonómicos. Aquí analizamos comparativamente secuencias del cit-b (codificante) y de la RC (no codificante), previamente publicadas para las tribus Wiedomyini, Akodontini y Phyllotini, para caracterizar su variabilidad en distintas escalas taxonómicas. Analizamos 378 secuencias del cit-b (1140pb o 1143pb+T) y 157 del Dominio Central (DC) de la RC (312pb). Las distancias genéticas fueron calculadas con el modelo K2P. Los análisis intraespecíficos del cit-b arrojaron en su mayoría valores menores al 5%, lo cual es lo esperado para especies plenas. Algunos valores estuvieron en el rango del 5-6% y correspondieron a especies de taxonomía conflictiva, indicando posible fragmentación poblacional, subespecies o especies aún no reconocidas. Las distancias interespecíficas intragenéricas variaron entre 0-21,8%, siendo *Calomys* el taxón más variable. Los casos con distancias bajas corresponden a problemas biológicos no resueltos, como taxonomía imperfecta o procesos de introgresión. Las distancias intergenéricas en filotinos variaron entre 16,05-24,9%. Las distancias intertribales fueron: Wiedomyini-Phyllotini 20,74-26,31%, Wiedomyini-Akodontini 22,96-28,12% y Akodontini-Phyllotini 20,46-29,41%. Las distancias intraespecíficas para el DC fueron muy bajas (0-1%) y las distancias interespecíficas intragenéricas variaron entre 0-10,94%. Las distancias intergenéricas en filotinos para el DC fueron de 4,10-13,94% y las intertribales fueron: Wiedomyini-Phyllotini 6,62-15,63%, Wiedomyini-Akodontini 11,17-17,8%, y Akodontini-Phyllotini 7,35-22,38%. Estos datos muestran que existe un escalamiento taxonómico en ambas regiones, aunque los valores del cit-b son mayores que los del DC de la RC, contrario a lo esperado considerando la funcionalidad de cada región.

**Palabras clave:** Roedores, Sudamérica, genética molecular, citocromo-b, región control

Apoyo financiero: Préstamo BID 2016 PICT N° 537, ANPCyT; PIP-CONICET 1122015 0100258 CO.