

**FERNANDA DE MORAIS CÔRTEZ**

**VARIAÇÃO MORFOLÓGICA DE *Rhipidomys* TSCHUDI, 1845 (RODENTIA,  
CRICETIDAE) NO ESTADO DE MINAS GERAIS E DESCRIÇÃO DE NOVO  
CARIÓTIPO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientadora: Gisele Mendes Lessa del Giúdice

Coorientadora: Natália Martins Travenzoli

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

C828v  
2020 Côrtes, Fernanda Morais, 1992-  
Variação morfológica de *Rhipidomys* Tschudi, 1845  
(Rodentia: Cricetidae) no estado de Minas Gerais e descrição de  
novo cariótipo / Fernanda Morais Côrtes. – Viçosa, MG, 2020.  
57 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Gisele Mendes Lessa Del Giudice.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Inclui bibliografia.

1. *Rhipidomys* - Citogenética. 2. Crânio - Morfometria .  
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia  
Animal. Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal.  
II. Título.

CDD 22. ed. 599.35

FERNANDA DE MORAIS CÔRTEZ

VARIAÇÃO MORFOLÓGICA DE *Rhipidomys* TSCHUDI, 1845 (RODENTIA,  
CRICETIDAE) NO ESTADO DE MINAS GERAIS E DESCRIÇÃO DE NOVO  
CARIÓTIPO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

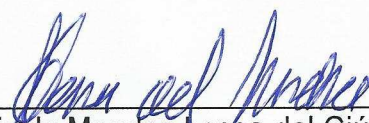
APROVADA: 16 de dezembro de 2020.

Assentimento:



---

Fernanda de Moraes Côrtes  
Autora



---

Gisele Mendes Lessa del Giúdice  
Orientadora

## AGRADECIMENTOS

À CAPES pela concessão da bolsa. Ao Programa de Pós Graduação em Biologia Animal da Universidade Federal de Viçosa pela oportunidade de desenvolver minha pesquisa.

A todos os integrantes do Museu, em especial ao laboratório de mastozologia, que, fizeram desses anos muito mais acolhedores e felizes. Vocês sempre me deram suporte e me acompanharam nos bons e maus momentos. O LabMasto será sempre lembrado com muito carinho pelo meu coração.

Porém, gostaria de agradecer à pessoas especiais: à Bianca Araújo por toda parceria, amizade, cumplicidade que tivemos. Foi um prazer aprender com você todo esse tempo e espero aprendermos muita coisa juntas ainda. À Adrielle, por todos os ensinamentos de campo e pela amizade. À Polly por ter me ajudado desde o primeiro dia no laboratório, com seu jeito doce e dedicado. Ao Marcus Brandão por ter me apresentado ao *Rhipidomys*. À Carol pela ajuda no Past.

Ao Clodoaldo Assis pelas fotos maravilhosas do *Rhipidomys tribei*.

À professora Gisele, que confiou em mim e me aceitou para este novo desafio. Sempre atenciosa e receptiva estava presente para me receber. Apreendi muito com você.

Ao professor Jorge Dergam, que me aceitou de braços abertos como uma nova maruja no Beagle. A todos os tripulantes do Beagle, em especial à Naty Travenzoli por ter me acompanhado e instruído de perto na saga da citogenética e ao Sergio Santorelli pelo suporte na estatística.

À professora Marta Svartman e ao Laboratório de Citogenômica Evolutiva, por toda disponibilidade e atenção em compartilhar perfeitamente seus ensinamentos sobre a citogenética de mamíferos.

À banca pela disponibilidade e correções.

À minha mãe, Cida, ao meu pai, Gil e à minha irmã, Gabi, pelo apoio e amor incondicional nessa minha jornada. Vocês são muito importantes para minha formação pessoal e profissional.

A todas as pessoas que apareceram na minha vida durante o mestrado, com certeza sou uma pessoa privilegiada por encontrar vocês! Cada conversa, cada questionamento, cada repetição, cada passo errado, me fizeram amadurecer cientificamente e crescer na profissão, me tornando uma pessoa cada dia melhor. Espero aprender cada dia mais com vocês!

A TODOS VOCÊS O MEU MUITO OBRIGADO, SEM VOCÊS NÃO TERIA CONSEGUIDO!

## RESUMO

CÔRTEZ, Fernanda de Moraes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2020. **Varição morfológica de *Rhipidomys* Tschudi, 1845 (Rodentia, Cricetidae) no Estado de Minas Gerais e descrição de novo cariótipo.** Orientadora: Gisele Mendes Lessa del Giúdice. Coorientadora: Natália Martins Travenzoli.

O gênero *Rhipidomys* Tschudi, 1845 possui poucos caracteres morfológicos que o distingue das espécies da subfamília Sigmodontinae, mas se destaca por apresentar filogenias moleculares e padrões citogenéticos que auxiliam na taxonomia do grupo. Este estudo tem como objetivo geral descrever o cariótipo de indivíduos do gênero *Rhipidomys* oriundos de um fragmento de Mata Atlântica em Minas Gerais através de análises citogenéticas clássica e molecular bem como analisar possíveis variações taxonômicas do gênero em diferentes populações distribuídas no Estado, utilizando morfometria craniana tradicional. As análises cromossômicas incluíram os padrões de bandeamento GTG e CBG, a marcação das regiões organizadoras de nucléolos após coloração com o nitrato de prata (Ag-NORs) e hibridação *in situ* fluorescente (FISH) com uma sonda de telômero. Para o estudo da variação craniana foram utilizadas análises morfométricas univariadas e multivariadas baseadas em 30 caracteres, em 50 espécimes. Os resultados encontrados indicam, em todos os espécimes analisados, um cariótipo composto por 44 cromossomos e um número fundamental  $NF = 50$ . Espécies de *Rhipidomys* cariotipadas apresentam complementos semelhantes com  $2n = 44$  cromossomos e números fundamentais que variaram de  $FN = 46$  a 80. Esta variação tem sido atribuída principalmente as inversões pericêntricas. A comparação do cariótipo aqui descrito com os encontrados na literatura, sugere um complemento cromossômico distinto. Já o resultado das análises morfométricas cranianas indicam que, entre as cinco populações estudadas, duas se encontram separadas no espaço multivariado e até o momento não foram descritas na literatura. Estes resultados ampliam o conhecimento citogenético e morfológico de *Rhipidomys*, indicando a necessidade de revisão taxonômica do gênero.

**Palavras-chave:** *Rhipidomys tribei*. Análises Cromossômicas Clássicas. Análises Cromossômicas Moleculares. Morfometria. Caracteres Cranianos. Variação Geográfica.

## ABSTRACT

CÔRTEZ, Fernanda de Moraes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, December, 2020. **Cranial morphological variation in populations of *Rhipidomys* Tschudi, 1845 (Rodentia, Cricetidae) in the state of Minas Gerais and description of a new karyotype.** Adviser: Gisele Mendes Lessa del Giúdice. Co-adviser: Natália Martins Travenzoli.

The genus *Rhipidomys* Tschudi, 1845 has few morphological characters that distinguish it from the species of the Sigmodontinae subfamily, but it stands out for presenting phylogenias and cytogenetic patterns that help in the taxonomy of the group. This study has the general objective of describing the karyotype of the genus *Rhipidomys* from an Atlantic Forest fragment in Minas Gerais through classical and molecular cytogenetic analyzes as well as possible possible taxonomic analysis of the genus in different groups distributed in the State, using traditional cranial morphometry. Chromosomal analyzes included the GTG and CBG banding patterns, the marking of the nucleolus organizing regions after staining with silver nitrate (Ag-NORs) and fluorescent in situ hybridization (FISH) with a telomere probe. For the study of cranial variation, univariate and multivariate morphometric analyzes based on 30 characters in 50 specimens were used. The results found indicate, in all the necessary specimens, a karyotype composed of 44 chromosomes and a fundamental number  $NF = 50$ . Karyotyped species of *Rhipidomys* present similar complements with  $2n = 44$  chromosomes and fundamental numbers that varied from  $FN = 46$  to 80. This variation has been attributed mainly as pericentric inversions. The comparison of the karyotype described here with those found in the literature, a distinct chromosome complement is indispensable. The result of the cranial morphometric analysis indicates that, among the five families studied, two stand out in the multivariate space and so far have not been different in the literature. These results expand the cytogenetic and morphological knowledge of *Rhipidomys*, indicating the need for a taxonomic revision of the genus.

**Keywords:** *Rhipidomys tribei*. Classical Chromosomal Analysis. Molecular Chromosomal Analysis. Morphometry. Cranial characters. Geographic variation.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL.....	9
2. OBJETIVOS .....	18
2.1. Objetivo geral.....	18
2.2. Objetivos específicos .....	18
2.2.1. Caracterização cariotípica .....	18
2.2.2. Caracterização morfológica.....	18
3. APRESENTAÇÃO DA DISSERTAÇÃO.....	18
CAPÍTULO I .....	20
CAPÍTULO II .....	35

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

Pequenos mamíferos não-voadores, representados pelos roedores e marsupiais presentes nas ordens Rodentia e Didelphimorphia, respectivamente, são animais cujos adultos pesam em média menos que um quilo. A importância ecológica dos pequenos mamíferos neotropicais é dada pela influência que exercem na dinâmica do ambiente, sendo assim, bons indicadores tanto de alterações locais do habitat como alterações da paisagem. Por funcionarem como dispersores de fungos micorrízicos (Janos *et al.* 1995; Colgan & Claridge 2002) e de sementes (Carvalho *et al.* 1999; Vieira & Izar 1999; Cáceres & Monteiro-Filho 2001), possuem influência direta na regeneração por meio da predação diferencial do banco de sementes e plântulas (Pizo 1997). Além disso, são presas para diversas espécies de animais (Facure & Monteiro-Filho 1996; Wang 2002; Facure *et al.* 2003). São descritas aproximadamente 289 espécies para o Brasil (Paglia *et al.* 2012), com 124 espécies na Mata Atlântica, sendo 94 espécies de roedores e 30 espécies de marsupiais (Bovendorp *et al.* 2017). A ordem Rodentia é o táxon com maior número de espécies já descritas, sendo representada por mais de 42% das espécies e 39% dos gêneros do mundo (Wilson & Reeder 2005).

Dentre os roedores, a família Cricetidae abrange cerca de 62% da diversidade genérica do grupo. Destes, 380 espécies aproximadamente, pertencem à subfamília Sigmodontinae Wagner, 1843 com ampla diversidade morfológica e ecológica, dos roedores nativos da América do Sul (Musser & Carleton 2005, Patton *et al.* 2015). Estudos mostraram que a variedade de caracteres morfológicos e moleculares dessa subfamília são capazes de subdividi-la em diferentes tribos (Smith & Patton 1993; D'elia *et al.* 2007; Patton *et al.* 2015; Salazar-Bravo *et al.* 2016). Das 11 tribos que separam os sigmodontíneos, destaca-se Thomasomyini que compreende cinco dos 84 gêneros de sigmodontíneos, com 58 espécies descritas: *Aepeomys*, *Chilomys*, *Rhagomys*, *Thomasomys* e *Rhipidomys* (Musser & Carleton 2005; Patton *et al.* 2015).

O gênero *Rhipidomys* Tschudi, 1845 apresenta uma distribuição ampla e abrange desde o leste do Panamá, atravessando a América do Sul, até o norte

da Argentina (Musser & Carleton 2005, Patton *et al.* 2015). Possuem hábito arborícola e está amplamente distribuídos pelos biomas brasileiros. São caracterizados morfologicamente por apresentarem olhos grandes, vibrissas longas e densas, um tufo de pelos na extremidade distal da cauda e a pelagem do dorso de suas patas dianteiras escura em contraste com seu ventre de cor branco puro (Tribe 1996; Patton *et al.* 2000) (Figura 1).

Atualmente, ocorrem 12 espécies de *Rhipidomys* no Brasil, destas, apenas quatro são conhecidas na região Sudeste, sendo elas: *R. macrurus* Gervais, 1855, *R. mastacalis* Lund, 1840, *R. tribei* Costa *et al.* 2011 e *R. itoan* Costa *et al.* 2011. Populações de *R. macrurus* e *R. mastacalis* ocorrem predominantemente em áreas de savanas e regiões costeiras da Mata Atlântica, respectivamente (Musser & Carleton 2005; Tribe 1996, 2005) (Figura 2). Por sua vez, *R. tribei* e *R. itoan*, recentemente descritas, são ainda pouco conhecidas. A primeira é encontrada na região da Serra da Mantiqueira em Minas Gerais e a segunda na Serra do Mar entre os estados de São Paulo e Rio de Janeiro (Costa *et al.* 2011). Embora o gênero seja de fácil identificação, a diferenciação das 23 espécies validas não é tão simples (Tribe 1996). A taxonomia do grupo é complexa e embasada principalmente em caracteres morfológicos contínuos. Assim, a associação de estudos morfológicos, citogenéticos e moleculares pode ser informativa sobre as relações filogenéticas e o limite das espécies dentro deste grupo (Tribe 1996).

A partir da década de 70, a citogenética clássica se tornou uma ferramenta imprescindível no estudo de mamíferos e outros vertebrados, permitindo a formulação de hipóteses sobre os rearranjos cromossômicos e evolução dos genomas de diversos grupos (Dobigny & Yang 2008). A partir de técnicas de bandeamento, foi possível identificar regiões específicas, como aquelas ricas em heterocromatina constitutiva (Bandas CBG) (Sumner 1972) ou organizadoras de nucléolo a partir de nitrato de prata (Ag-NOR) (Howell & Black 1980), sendo importantes na identificação de diferentes citótipos entre as espécies (Yonenaga-Yassuda 2005). Em especial, os bandeamentos GTG e RBG permitiram uma comparação cariotípica mais detalhada e confiável, principalmente entre as espécies de mamíferos, sendo muito utilizada em

estudos com roedores, devido a uma possível explicação relacionada a compartimentalização do genoma (Kasahara 2009).

O gênero *Rhipidomys* apresenta uma elevada diversidade cariotípica, com três números diploides ( $2n = 44, 48$  e  $50$ ) e uma alta diversidade no número de braços autossômicos variando de  $NF=46$  a  $80$ . Com base nesse padrão de variação, Andrades-Miranda *et al.* (2002), realizaram um estudo utilizando dados moleculares e citogenéticos, sugerindo a divisão do gênero em três grupos: grupo *Rhipidomys nitela* para espécies com  $2n = 48$  e  $50$ ; grupo *Rhipidomys mastacalis* com  $2n = 44$  e  $NF$  alto (variando de  $74$  a  $80$ ); grupo *Rhipidomys leucodactylus* com  $2n = 44$  e  $NF$  baixo (variando de  $46$  a  $52$ ).

A incorporação de técnicas moleculares a partir da década de 80, revolucionou os estudos taxonômicos nos seres vivos, aumentando a resolução das análises cromossômicas e a especificidade do diagnóstico (Lacadena 1996). Várias técnicas foram desenvolvidas com este propósito, como a reação em cadeia da polimerase (PCR) e a técnica de Hibridização *in situ* Fluorescente (FISH). O uso da FISH, tornou possível identificar com maior precisão a localização de sequências específicas de DNA nos cromossomos metafásicos utilizando sondas específicas (Kasahara 2009). Dentre os diferentes tipos de sondas fluorescentes utilizadas neste método, estão as de DNA telomérico que são comumente utilizadas em estudos citogenéticos de roedores.

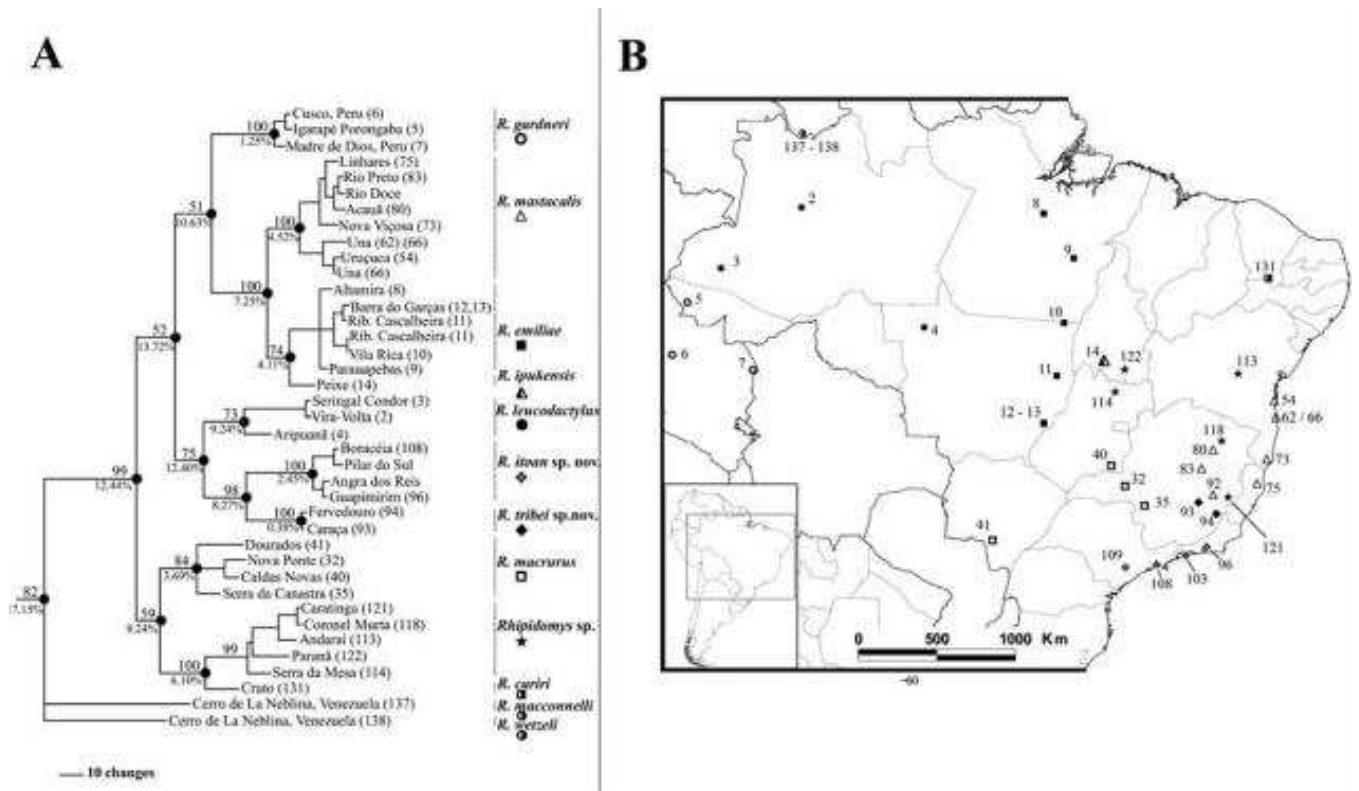
Outro método amplamente utilizado para a compreensão das relações filogenéticas é a morfometria, consistindo em um conjunto de estudos que analisam de maneira quantitativa a variação na forma e tamanho dos organismos (Monteiro & Reis 1999, Fornel & Estrela 2012). Com o desenvolvimento de computadores, a morfometria passou a utilizar técnicas multivariadas como formalizado por Blackith e Reyment no clássico *Multivariate Morphometrics* (Blackith & Reyment 1971). Essas variações podem ser analisadas dentro de um organismo ou entre amostras de organismos distintos e cujas origens podem ter diversas razões (Rohlf & Marcus 1993). A disciplina da morfologia é conceitualmente mais ampla do que o simples estudo da estrutura, preocupando-se não somente com dados anatômicos, mas também com a explicação da estrutura e de seus padrões (Hildebrand & Goslow Jr. 2006; Silva 2014).

A busca da definição e distinção criteriosa de padrões em espécies de pequenos mamíferos tem utilizado abordagens qualitativas e quantitativas da morfologia craniana e dentária (Lessa & Pessoa 2005). O emprego desta metodologia em estudos de roedores Sigmodontinae, tem sido utilizado com sucesso (Oliveira 1992).

Neste trabalho foi caracterizado, pela primeira vez, o cariótipo de uma população de *Rhipidomys tribei*, localizada em uma reserva de Mata Atlântica de Minas Gerais, Brasil através da citogenética clássica e molecular. Além disto, foram comparadas a esta população outras cinco do gênero, distribuídas no estado de Minas Gerais utilizando a morfometria craniana tradicional. Os resultados esperados deverão ampliar o conhecimento dos padrões cariotípicos e das relações filogenéticas desta espécie dentro do gênero *Rhipidomys*.



**Figura 1.** Exemplar de *Rhipidomys tribei* coletado no município de Viçosa, Minas Gerais (Foto: Clodoaldo Assis).



**Figura 2.** A) Filogenia das espécies de *Rhipidomys* que ocorrem no Brasil. B) Mapa das localidades de registro de *Rhipidomys*, referente a Figura 2.A (segundo Costa *et al.* 2011).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Andrades-Miranda, J., de Oliveira, L. F., Lima-Rosa, C. A. V., Sana, D. A., Nunes, A. P., & Mattevi, M. S. (2002). Genetic studies in representatives of genus *Rhipidomys* (Rodentia, Sigmodontinae) from Brazil. *Acta Theriologica*, 47(2), 125-135.

Blackith, R. E., & Reyment, R. A. (1971). Multivariate morphometrics. *Academic Press: New York*. IX + 412. Pp.

Bovendorp et al., (2017). Optimising sampling methods for small mammal communities in Neotropical rainforests. *Mammal Review*, 47: 148-158.

Cáceres, N. C., & Monteiro-Filho, E. L. (2001). Food habits, home range and activity of *Didelphis aurita* (Mammalia, Marsupialia) in a forest fragment of southern Brazil. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*, 36(2), 85-92.

Carvalho, F. M. V., Pinheiro, P. S., dos Santos Fernandez, F. A., & Nessimian, J. L. (1999). Diet of small mammals in Atlantic Forest fragments in southeastern Brazil. *Revista Brasileira de Zoociências*, 1(1, 2), 91-101.

Carleton, M.D. & Musser, G.M. (2005) Order Rodentia. *In*: Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Eds.) Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference. 3rd edition, vol. 2. *The John Hopkins University Press*, Baltimore, 745–752.

Colgan, W., & Claridge, A. W. (2002). Mycorrhizal effectiveness of *Rhizopogon* spores recovered from faecal pellets of small forest-dwelling mammals. *Mycological Research*, 106(3), 314-320.

Costa, B. M., Geise, L., Pereira, L. G., & Costa, L. P. (2011). Phylogeography of *Rhipidomys* (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) and description of two new species from southeastern Brazil. *Journal of Mammalogy*, 92(5), 945-962.

D'Elía, G., Pardiñas, U. F., Teta, P., & Patton, J. L. (2007). Definition and diagnosis of a new tribe of sigmodontine rodents (Cricetidae: Sigmodontinae), and a revised classification of the subfamily. *Gayana*, 71(2), 187-194.

Dobigny, G., & Yang, F. (2008). Foreword. Comparative cytogenetics in the genomics era: cytogenomics comes of age. *Chromosome Research: an International Journal on the Molecular, Supramolecular and Evolutionary Aspects of Chromosome Biology*, 16(1), 1-4.

Facure, K. G., & Monteiro-Filho, E. A. (1996). Feeding habits of the crab-eating fox, *Cerdocyon thous* (Carnivora, Canidae), in a suburban area of southeastern Brazil. *Mammalia (Paris)*, 60(1), 147-149.

Facure, K. G., Giaretta, A. A., & Monteiro-Filho, E. L. A. (2003). Food habits of the crab-eating-fox, *Cerdocyon thous*, in an altitudinal forest of the Mantiqueira Range, southeastern Brazil. *Mammalia*, 67(4), 503-512.

Fornel, R., & Cordeiro-Estrela, P. (2012). Morfometria geométrica e a quantificação da forma dos organismos. *Temas em Biologia: Edição comemorativa aos, 20*, 101-120.

Hildebrand, M., & Goslow Jr, G. E. (2006). Análise da estrutura dos vertebrados 2.ed. São Paulo: *Atheneu* Editora São Paulo. 637p.

Howell, W. T., & Black, D. A. (1980). Controlled silver-staining of nucleolus organizer regions with a protective colloidal developer: a 1-step method. *Experientia*, 36(8), 1014-1015.

Janos, D. P., Sahley, C. T., & Emmons, L. H. (1995). Rodent dispersal of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi em Amazonian Peru. *Ecology*, 76(6), 1852-1858.

Kasahara, S. (2009). Introdução à pesquisa em citogenética de vertebrados. *Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto*, 160, 39-61.

Ladadena, J R. (1996). Consumption of arbuscular mycorrhizal fungi by spiny rats (*Proechimys semispinosus*) on eight isolated populations. *Citogenética*. 1ª edição. Editora Complutense S.A. Madrid. 931p. Mangan, S. A., and G. H. Adler. 1999. *Journal of Tropical Ecology* 15:779-790.

Lessa, G. I. S. E. L. E., & Pessoa, L. M. (2005). Variação ontogenética e sexual em caracteres cranianos de *Kerodon rupestris* (Wied, 1820) (Rodentia: Caviidae). *Arquivos do Museu Nacional*, 63(3), 599-618.

Monteiro, L. R., & Reis, S.F. (1999) Princípios de morfometria geométrica. Ribeirão Preto, *Holos Editora*, 189 pp.

Oliveira, J.A., (1992) Estrutura da variação craniana em populações de *Bolomys lasiurus* (Lund, 1814) (Rodentia: Cricetidae) do Nordeste do Brasil. Rio de Janeiro. 107p. Dissertação de Mestrado, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Zoologia), *Museu Nacional*, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

Paglia et al., (2012). Lista anotada dos mamíferos do Brasil 2ª Edição Annotated checklist of Brazilian mammals. *Occasional papers in conservation biology*, 6,1-76.

Patton, J. L., Da Silva, M. N. F., & Malcolm, J. R. (2000). Mammals of the Rio Juruá and the evolutionary and ecological diversification of Amazonia. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 2000(244), 1-306.

Patton, J. L., Pardiñas, U. F., & D'Elía, G. (Eds.). (2015). Mammals of South America, volume 2: Rodents. *University of Chicago Press*.

Pizo, M. A. (1997). Seed dispersal and predation in two populations of *Cabralea canjerana* (Meliaceae) in the Atlantic Forest of southeastern Brazil. *Journal of Tropical Ecology*, 13(4), 559-577.

Rohlf, F. J., & Marcus, L. F. (1993). A revolution morphometrics. *Trends in ecology & evolution*, 8(4), 129-132.

Salazar-Bravo, J., Pardiñas, U. F., Zeballos, H., & Teta, P. (2016). Description of a new tribe of sigmodontine rodents (Cricetidae: Sigmodontinae) with an updated summary of valid tribes and their generic contents. *Museum of Texas Tech University*, 1-23.

Silva, F. A. D. (2014). Estudo das variações intra e interpopulacional em caracteres cranianos de *Kannabateomys amblyonyx* (Wagner, 1845) (Rodentia, Echimyidae). *Dissertação de Mestrado. Departamento de Biologia Animal. Universidade Federal de Viçosa*.

Sumner, A. T. (1972). A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. *Exp. Cell Res.*, 75, 304-306.

Smith, M. F., & Patton, J. L. (1993). The diversification of South American murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data. *Biological Journal of the Linnean Society*. n. July, p. 149–177.

Tribe, C. J. (1996). The neotropical rodent genus 'Rhipidomys'(Cricetidae: Sigmodontinae): a taxonomic revision. *Doctoral dissertation, University College London* (University of London).

Tribe, C. J. (2005). A new species of Rhipidomys (Rodentia, Muroidea) from north-eastern Brazil. *Arquivos do Museu Nacional, Rio de Janeiro*, 63(1), 131-146.

Vieira, E. M., & Izar, P. (1999). Interactions between aroids and arboreal mammals in the Brazilian Atlantic rainforest. *Plant ecology*, 145(1), 75-82.

Wang, E. (2002). Diets of ocelots (*Leopardus pardalis*), margays (*L. wiedii*), and oncillas (*L. tigrinus*) in the Atlantic rainforest in southeast Brazil. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*, 37(3), 207-212.

Wilson D.E, Reeder D.M, (eds.). (2005). Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference, 3rd Ed. Baltimore (MD): *Johns Hopkins University Press*; p. 1–2141.

Yonenaga-Yassuda, Y. (2005). Contribuição da FISH à citogenética de mamíferos e répteis. In: FISH, Conceitos e Aplicações na Citogenética. Ribeirão Preto: *Sociedade Brasileira de Genética*, p 89-114.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Objetivo Geral**

Este estudo tem como objetivo geral descrever o cariótipo de indivíduos do gênero *Rhipidomys* oriundos de um fragmento de Mata Atlântica em Minas Gerais, Brasil através de análises citogenéticas clássica e molecular, bem como analisar possíveis variações taxonômicas do gênero em diferentes populações distribuídas no Estado, utilizando morfometria craniana tradicional.

### **2.2. Objetivos Específicos**

#### **2.2.1. Caracterização cariotípica**

1. Estudar cariotipicamente exemplares de *Rhipidomys tribei* capturados em Minas Gerais, Brasil;
2. Aplicar as técnicas de bandeamento GTG e CBG, bem como comparar com os cariótipos das outras espécies de *Rhipidomys*;
3. Identificar as regiões organizadoras de nucléolos (RON) através da marcação pelo nitrato de prata (Ag-RON);
4. Caracterizar as regiões de sequência telomérica, utilizando a hibridação *in situ* fluorescente (FISH), e comparar os padrões obtidos com as demais espécies de *Rhipidomys*;
5. Comparar os resultados obtidos com dados na literatura para o gênero *Rhipidomys*

#### **2.2.2. Caracterização morfológica**

1. Analisar possíveis variações na morfometria craniana utilizando estatística descritiva;

2. Compreender os padrões gerais de variação no tamanho e forma ao longo das amostras utilizando estatística multivariada dos caracteres cranianos;
3. Verificar o grau de variação entre cinco diferentes populações de *Rhipidomys* oriunda de Minas Gerais para todos os caracteres cranianos, utilizando a Análise Canônica.

### **3. APRESENTAÇÃO DA DISSERTAÇÃO**

Esta dissertação será apresentada em dois capítulos:

1. DESCRIÇÃO CARIOTÍPICA E MAPEAMENTO DE SEQUÊNCIAS TELOMÉRICAS EM *Rhipidomys tribei* TSCHUDI, 1845, DE MINAS GERAIS, BRASIL
2. VARIAÇÃO MORFOLÓGICA DE *Rhipidomys* TSCHUDI, 1845 NO ESTADO DE MINAS GERAIS, BRASIL

## CAPÍTULO I

### DESCRIÇÃO CARIOTÍPICA E MAPEAMENTO DE SEQUÊNCIAS

#### TELOMÉRICAS EM *Rhipidomys tribei* TSCHUDI, 1845.

#### RESUMO

O gênero *Rhipidomys* Tschudi, 1845 possui poucos caracteres morfológicos que o distinguem das espécies da subfamília Sigmodontinae, mas se destaca por apresentar filogenias moleculares e padrões citogenéticos que auxiliam na taxonomia do grupo. Nosso estudo teve como objetivo descrever o cariótipo da espécie *Rhipidomys tribei* proveniente de Viçosa, Minas Gerais, Brasil, com o objetivo de uma melhor compreensão da posição da espécie em relação ao gênero sob uma perspectiva cromossômica. As análises cromossômicas incluíram os padrões de bandeamento GTG e CBG, a localização das regiões organizadoras de nucléolos após coloração com o nitrato de prata (Ag-NORs) e hibridação *in situ* fluorescente (FISH) com uma sonda de telômero. O novo cariótipo é composto por 44 cromossomos e possui um número fundamental  $NF = 50$ . A maioria das espécies de *Rhipidomys* apresentou complementos semelhantes com  $2n = 44$  cromossomos, mas seus números fundamentais variaram de  $FN = 46$  a 80, fato atribuído a inversões pericêntricas. Os resultados obtidos neste estudo indicam um complemento cromossômico distinto, possibilitando um melhor entendimento citogenético do grupo e corroborando a sua validade na determinação taxonômica do gênero.

Palavras-chave: Bandamentos GTG e CBG, FISH, Heterocromatina, Regiões Organizadoras de Nucléolos, *Rhipidomys tribei*.

#### 1. Introdução

A subfamília Sigmodontinae, pertencente à família Cricetidae, é constituída por 86 gêneros e aproximadamente 400 espécies, em sua maioria restritas à América do Sul (Patton *et al.* 2015). Em território brasileiro, podem ser encontradas em todos os biomas, com algumas espécies endêmicas da Mata Atlântica, Cerrado, Caatinga e Amazônia (Bonvicino *et al.* 2008). Os estudos de

caracteres morfológicos internos e externos e de filogenias moleculares levaram à subdivisão da subfamília em 11 tribos (Abrotrichini, Andinomyini, Akodontini, Euneomyini, Ichthyomyini, Oryzomyini, Phyllotini, Reithrodontini, Sigmodontini, Thomasomyini e Wiedomyini) e cinco gêneros não agrupados em tribos (*Abrawayaomys*, *Chinchillula*, *Delomys*, *Juliomys* e *Neomicroxus*), nos quais estão inseridas 12 espécies *incertae sedis* (Smith & Patton 1999, Patton *et al.* 2015, Salazar-Bravo *et al.* 2016).

A tribo Thomasomyini compreende cinco dos 86 gêneros de sigmodontíneos, com 58 espécies descritas (Musser & Carleton 2005; Patton *et al.* 2015). Dentre estes gêneros, destaca-se *Rhipidomys* Tschudi, 1845, com ampla distribuição, ocorrendo desde o leste do Panamá, atravessando a América do Sul, até o norte da Argentina (Musser & Carleton 2005; Patton *et al.* 2015). As espécies desse gênero possuem hábito arborícola e estão amplamente distribuídas pelos biomas brasileiros (Tribe 1996; Geise *et al.* 2010). Morfológicamente, caracterizam-se por apresentar olhos grandes, vibrissas longas e densas, um tufo de pelos na extremidade distal da cauda e pelagem escura no dorso das patas dianteiras em contraste com seu ventre de cor branca pura (Tribe 1996; Patton *et al.* 2015).

Das 23 espécies reconhecidas de *Rhipidomys*, 12 ocorrem no Brasil (Tribe 1996; 2005; Costa *et al.* 2011; Rocha *et al.* 2011). Na região sudeste, a identificação taxonômica de alguns exemplares é complexa, resultando em identificações *incertae sedis* por Tribe (1996). Em 2011, foram descritas as espécies *R. tribei* em Minas Gerais e *R. itoan* entre os estados de São Paulo e Rio de Janeiro (Costa *et al.* 2011; Rocha *et al.* 2011).

Análises moleculares demonstram que os limites das relações filogenéticas dentro do gênero ainda não estão esclarecidos, gerando discussões de possíveis variações geográficas (Tribe 1996; Costa 2003; Costa *et al.* 2011; Rocha *et al.* 2011). Análises cariotípicas ainda são escassas dentro do gênero. Nos estudos realizados, a maioria dos exemplares de *Rhipidomys* apresentam um número diploide  $2n = 44$  cromossomos (Patton *et al.* 2015). Alterações no número diploide foram descritos em *R. nitela* Thomas 1901 da Guiana Francesa e de Roraima no Brasil, com  $2n = 48$ , e em *R. cf. nitela* de Manaus, Brasil, com  $2n = 50$  cromossomos (Tribe 1996; Silva & Yonenaga-

Yassuda 1999; Voloubouev & Catzeflis 2000; Andrades-Miranda *et al.* 2002). Em contraste com a conservação do número diploide, observou-se uma variação no número fundamental (NF), que vai de NF=46 a 80 (Gardner & Patton 1976; Zanchin *et al.* 1992; Svartman & Almeida 1993; Aguilera *et al.* 1994; Geise 1995; Côrrea & Pessôa 1996; Silva & Yonenaga-Yassuda 1999; Patton *et al.* 2000; Volobouev & Catzeflis 2000; Andrades-Miranda *et al.* 2002).

A citogenética tem auxiliado no esclarecimento de diferenças dentro deste gênero, mas ainda não se tem um entendimento claro das relações entre os diferentes cariótipos descritos. Este fato pode estar relacionado à falta de dados complementares que auxiliem na detecção de homologias, principalmente com técnicas de bandeamento e de citogenética molecular. Objetivando contribuir na ampliação do conhecimento taxonômico do gênero, é proposto uma análise cariotípica clássica e molecular de *Rhipidomys tribei*, proveniente da Mata Atlântica de Minas Gerais, Brasil.

## 2. Material e Métodos

Foram analisados oito espécimes (Machos: MZUFV 4487, MZUFV 4488, MZUFV 4490, MZUFV 4492, MZUFV 4494; Fêmeas: MZUFV 4495, MZUFV 4489, MZUFV 4496) de *Rhipidomys tribei* (Figura 1). Todos os exemplares foram provenientes da Estação de Pesquisa, Treinamento e Educação Ambiental (EPTEA) Mata do Paraíso, Viçosa, Minas Gerais, Brasil (20°48'08.0"S 42°51'31.0"W) (Figura 2). As preparações cromossômicas, obtidas conforme Ford & Hamerton (1956), foram tombadas na Coleção Mastozoológica do Museu de Zoologia João Moojen (MZUFV) da Universidade Federal de Viçosa (UFV). O estudo contou com a autorização de número 552/2016 do CEUA/UFV.

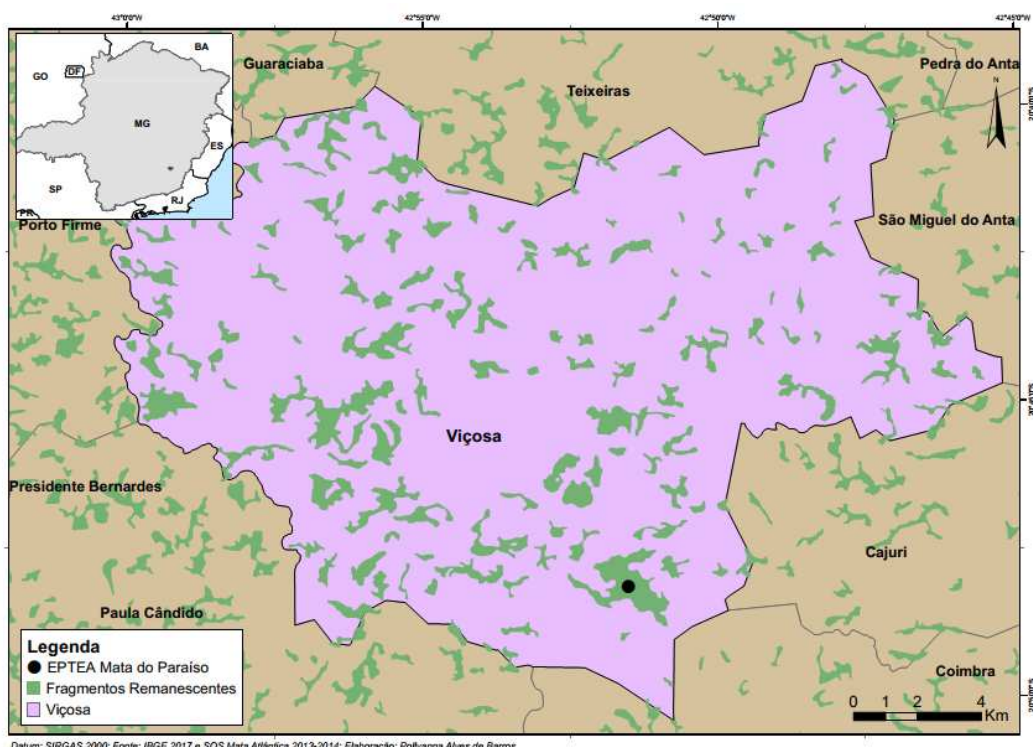
As preparações cromossômicas foram coradas com Giemsa e analisadas para contagem de metáfases, utilizadas para definição do número diploide e fórmula cariotípica. Os cromossomos metafásicos foram medidos no programa Image Pro Plus® e classificados segundo Levan *et al.* (1964) em: metacêntricos (m), submetacêntricos (sm), subtlocêntricos (st) e acrocêntricos (a). Os padrões de bandeamento GTG, CBG e a marcação das regiões organizadoras de nucléolos pelo nitrato de prata (Ag-NOR) foram obtidos de acordo com Seabright (1972), Sumner (1972) e Howell e Black (1980), respectivamente. As imagens

foram capturadas com um microscópio Olympus BX53 com câmera DP73F Olympus, utilizando o software CellSens Imaging.

O mapeamento das sequências teloméricas foi realizado pela hibridação fluorescente *in situ* (FISH) com a sonda (TTAGGG)<sub>n</sub> marcada com biotina na extremidade 5' (Invitrogen) segundo Araújo *et al.* (2017). Os resultados foram analisados sob um microscópio epifluorescente Zeiss Axioimager 2 equipado com uma câmera CCD. As imagens foram fotografadas com o programa Axion Vision (Zeiss) e posteriormente editadas no Adobe Photoshop CC.



**Figura 1.** Exemplar de *Rhipidomys tribei* coletado no município de Viçosa, Minas Gerais (Foto: Clodoaldo Assis).



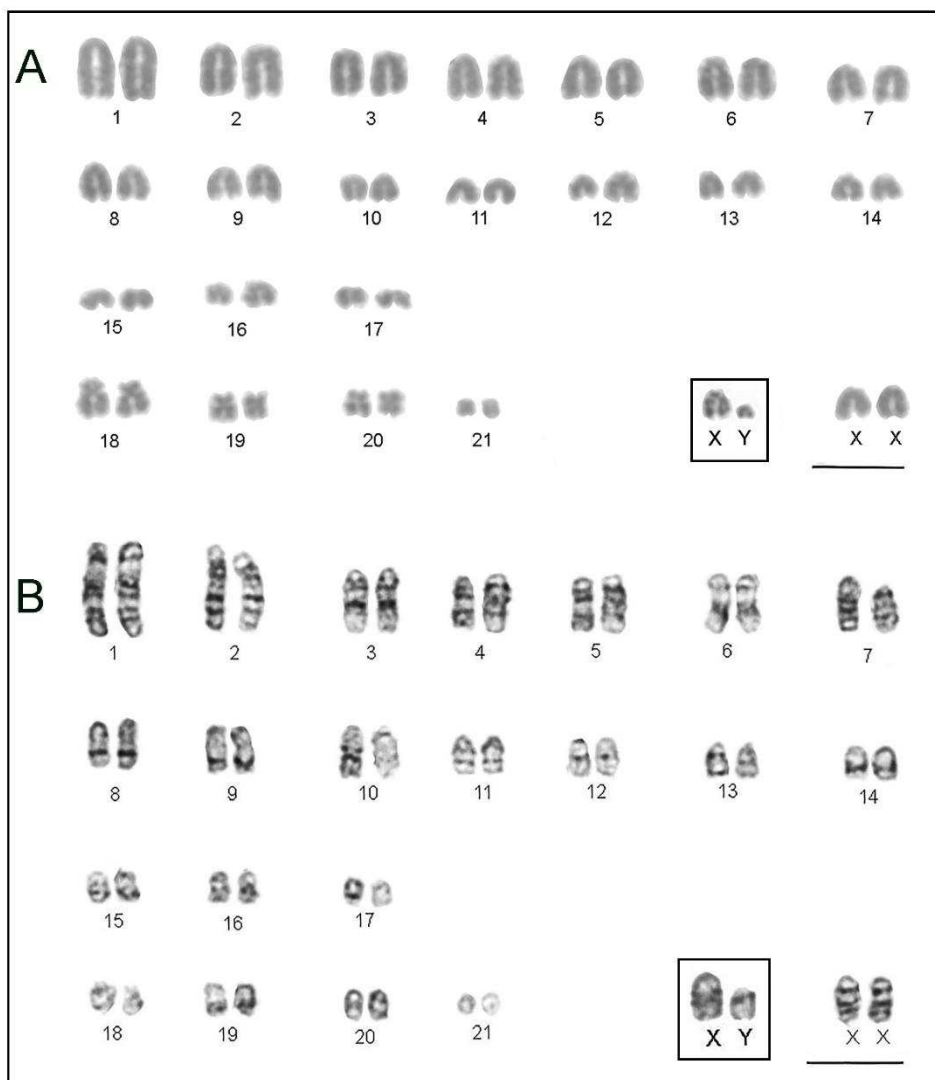
**Figura 2.** Localidade de coleta do presente estudo de *Rhipidomys tribei* no fragmento remanescente de Mata Atlântica no município de Viçosa-MG.

### 3. Resultados

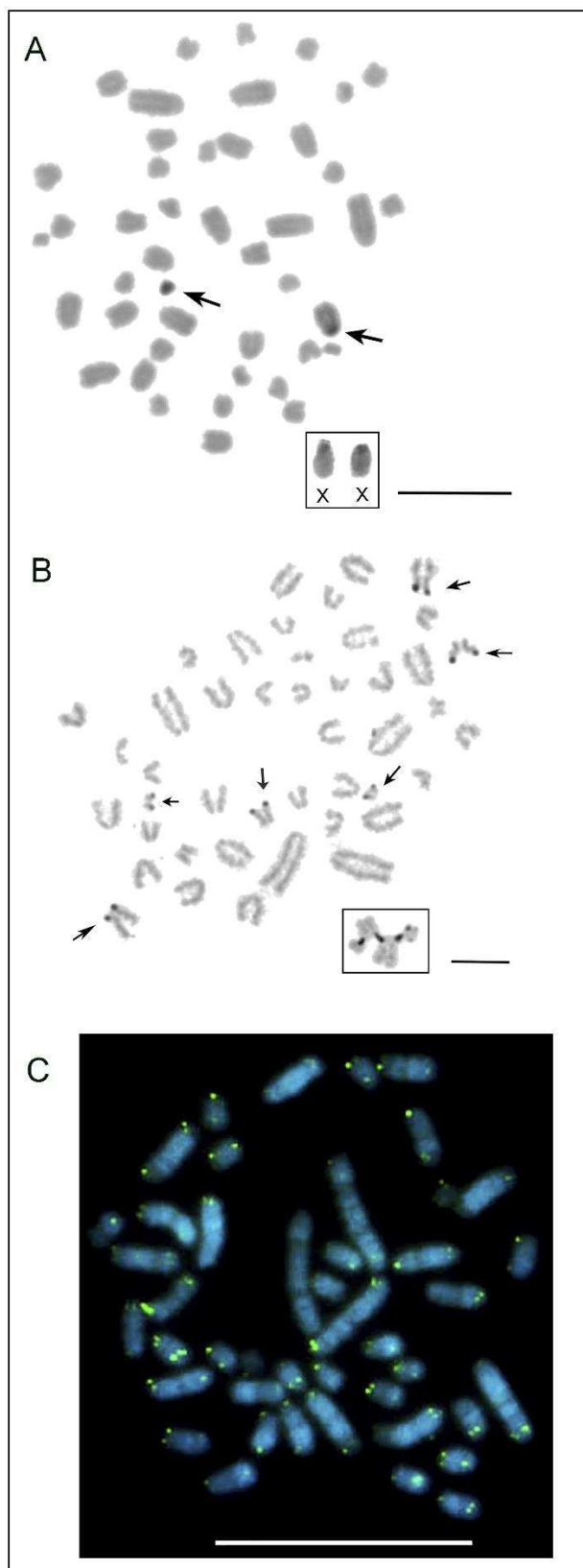
Todos os espécimes de *Rhipidomys tribei* oriundos da EPTA Mata do Paraíso, MG, apresentaram  $2n = 44$  cromossomos e número fundamental  $NF = 50$ . O cariótipo foi constituído por 17 pares de cromossomos acrocêntricos que variaram de forma gradativa em tamanho de grande a pequeno, um par submetacêntrico médio (par 18) e três pares metacêntricos pequenos (pares 19, 20 e 21). O par sexual é formado pelo cromossomo X acrocêntrico médio e pelo Y acrocêntrico pequeno (Figura 3).

O padrão de bandas GTG permitiu a identificação de todos os pares cromossômicos. O cromossomo X apresentou duas bandas: uma localizada no meio do braço longo e outra banda mais próxima ao centrômero. O Y não apresentou um padrão distinto de bandeamento (Figura 3). O bandeamento CBG evidenciou heterocromatina constitutiva apenas na região pericentromérica do cromossomo X e ao longo de todo o cromossomo Y (Figura 4).

O nitrato de prata evidenciou a presença de regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RON) nas extremidades dos braços curtos do par 18, submetacêntrico; do braço longo do par 19, metacêntrico, e do braço curto do par 20, metacêntrico (Figura 3). Associações entre as RON foram observadas, envolvendo de dois a quatro cromossomos (Figura 3). Apenas as regiões terminais de todos os braços cromossômicos apresentaram marcações após a hibridação *in situ* com a sonda da sequência telomérica (TTAGGG)<sub>n</sub> (Figura 3).



**Figura 3.** A) Coloração convencional do exemplar fêmea MZUFV4496, em destaque o par sexual XY (MZUFV4488). A barra representa 5 µm. B) Bandeamento GTG do exemplar fêmea MZUFV4495, em destaque o par sexual XY (MZUFV4494). A barra representa 10 µm.



**Figura 4.** A) Bandeamento CBG do exemplar macho MZUFV4488, em destaque o par sexual XX (MZUFV4489). A barra representa 10  $\mu\text{m}$ . B) Ag-RON do exemplar fêmea MZUFV4495, em destaque as associações entre as RON. A barra representa 5  $\mu\text{m}$ . C) FISH, em azul os cromossomos corados com DAPI e

em verde sonda telomérica do exemplar fêmea MZUFV4493. A barra representa 10  $\mu\text{m}$ .

#### 4. Discussão

O cariótipo de *Rhipidomys tribei* de Viçosa, Minas Gerais obtido no presente estudo é o primeiro identificado nesta região e atribuído à espécie. O gênero possui grande diversidade cariotípica, apresentando diferentes números diploides ( $2n = 44, 48$  e  $50$ ) e uma variação do NF de 46 a 80 (Zanchin *et al.* 1992; Geise 1995; Correa & Pessoa 1996). Andrades-Miranda *et al.* (2002), utilizando dados de filogenia molecular e citogenéticos, sugeriram a divisão do gênero de acordo com o cariótipo em três grupos: grupo *R. nitela* para as espécies com  $2n = 48$  e  $50$  cromossomos; grupo *R. mastacalis* com  $2n = 44$  cromossomos e número fundamental variando de 74 a 80 (NF alto); e grupo *R. leucodactylus* com  $2n = 44$  cromossomos e NF variando de 46 a 52 (NF baixo). A espécie *Rhipidomys tribei* ( $2n = 44, \text{NF}=50$ ) seria, portanto, parte do grupo *R. leucodactylus* nesta classificação. O cariótipo de *R. tribei* apresentado aqui é semelhante ao descrito por Zanchin *et al.* (1992b) para a espécie que ocorre no Espírito Santo, divergindo por apresentar quatro pares de metacêntricos. Por sua vez, o cariótipos de *R. tribei* difere de *R. itoan* ( $2n = 44, \text{NF}=50$ ) (Di-Nizo 2014), exclusivamente, pelo cromossomo X submetacêntrico.

O cariótipo dos exemplares analisados se assemelha ao descrito para *Rhipidomys* sp. de Minas Gerais (Carvalho 2009), com exceção dos pares 18 e 19. A análise comparativa dos padrões de bandeamento GTG de *R. tribei* e *Rhipidomys* sp. revelou homologias entre os braços cromossômicos das duas espécies. Seis pares parecem completamente conservados (pares 1, 2, 3, 9, 11 e 12), assim como os cromossomos X. Inversões pericêntricas poderiam explicar as diferenças entre o par 18 acrocêntrico de *Rhipidomys* sp. e o submetacêntrico de *R. tribei* e entre o par 19 metacêntrico de *R. tribei* e seu correspondente submetacêntrico em *Rhipidomys* sp.

Svartman & Almeida (1993) e Corrêa & Pessoa (1996) também descreveram cariótipos semelhantes para *Rhipidomys* sp. do Distrito Federal, São Paulo e Minas Gerais. Em sua revisão taxonômica do gênero baseada em caracteres morfológicos, Tribe (1996) concluiu que os espécimes do Distrito

Federal e de Minas Gerais (com NF=48, 49 e 51) pertenciam à espécie *R. macrurus*. Os espécimes de São Paulo com NF=49 foram identificados como *R. cf. macrurus*. Estudos comparativos de bandeamento GTG em *R. cf. macrurus* e *R. mastacalis* apontaram as inversões pericêntricas como o principal rearranjo cromossômico observado no gênero (Zanchin *et al.* 1992; Svartman & Almeida 1993).

As espécies de *Rhipidomys* válidas para Minas Gerais até o momento são *R. macrurus*, *R. mastacalis* e *R. tribei*. As duas primeiras são encontradas nos fragmentos remanescentes de Cerrado e na Mata Atlântica no leste e sul de Minas Gerais, respectivamente. *Rhipidomys tribei* foi descrita em apenas alguns locais do sudeste (Tribe 1996; Bonvicino *et al.* 2008; Costa *et al.* 2011). Apesar de *R. mastacalis* e *R. tribei* poderem ter alguma sobreposição nas suas áreas de ocorrência (Patton *et al.* 2015) e possuírem uma taxonomia complexa, os cariótipos das duas espécies diferem bastante. *R. mastacalis* é caracterizada por um número fundamental alto (NF=74 a 80) (Zanchin *et al.* 1992; Tribe 1996; Andrades-Miranda *et al.* 2002; Paresque *et al.* 2004), diferente daquele encontrado em *R. tribei* (FN=50). Além disso, os dois cariótipos diferem na quantidade de heterocromatina constitutiva, onde *R. mastacalis* apresenta heterocromatina em seis pares autossomos acrocêntricos e no cromossomo X (Zanchin *et al.* 1992), enquanto que *R. tribei* apresenta marcações apenas no par sexual. Desta forma, os cariótipos podem ser usados para diferenciar as duas espécies, uma vez que a identificação de espécimes de *Rhipidomys* do sudeste do Brasil ao nível de espécie provou-se especialmente complexa (Musser & Carleton 2005; Tribe 1996; Costa *et al.* 2011). *Rhipidomys tribei* foi identificado como *Rhipidomys sp.* por Geise (1995) e citado como *Rhipidomys n. sp.* por Costa (2003).

Os exemplares analisados apresentaram dois pares de autossomos submetacêntricos e um metacêntrico com Ag-NORs. Svartman *et al.* (1993) relataram a presença de até seis Ag NORs localizadas nos braços curtos de acrocêntricos em *Rhipidomys macrurus* do estado de Goiás. Associações entre as NORs foram relatadas como frequentes em outras espécies do gênero (Carvalho *et al.* 2012).

O FISH utilizando sondas teloméricas já foram anteriormente descritas em *Rhipidomys mastacalis*, *R. cf mastacalis*, *R. nitela*, *R. leucodactylus* (Andrades-Miranda *et al.* 2002), e em duas espécies não identificadas (Silva & Yonenaga-Yassuda 1999; Andrades-Miranda *et al.* 2002;). Em todos os casos, não ocorriam marcações intersticiais, assim como em *R. tribei* deste trabalho. Embora a presença de sequências teloméricas intersticiais possam indicar a ocorrência de rearranjos cromossômicos, sua ausência não os descarta (Garagna *et al.* 1995; Nanda *et al.* 1995; Silva & Yonenaga-Yassuda 1997,1998).

É sugerido que rearranjos cromossômicos possam levar ao isolamento reprodutivo, resultando em especiação. Os principais rearranjos que levariam à formação de espécies são os Robertsonianos, fusões/fissões *in tandem* e inversões pericêntricas, enquanto a variabilidade na heterocromatina constitutiva não parece criar uma barreira reprodutiva (King 1995, Romanenko & Voloboev 2012). Polimorfismos intraespecíficos são comuns em *Akodon cursor* (Fagundes *et al.* 1998) e *Oligoryzomys nigripes* (Paresque *et al.* 2007). Rearranjos como fusões cêntricas e inversões pericêntricas também estão envolvidas na diferenciação cariotípica dentro do gênero *Juliomys* (Costa *et al.* 2007). No gênero *Calomys*, Svartman & Almeida (1992) mostraram que uma única inversão pericêntrica diferenciava o cariótipo de duas espécies (*C. callosus expulsus* e *C. laucha tener*), simpátricas na área de coleta no estado de Goiás.

Paresque *et al.* (2007) sugerem que esses rearranjos em regiões geográficas restritas podem estar relacionados com valores adaptativos positivos, ao constarem alto nível de polimorfismo intraespecífico, entre os citótipos de *Oligoryzomys nigripes*, ao longo da sua distribuição espacial de ocorrência.

Segundo Baker *et al.* (1983), a seleção natural pode favorecer a fixação de rearranjos cromossômicos que promovam algum benefício, aumentando a diversidade cariotípica local. A grande frequência de inversões pericêntricas em *Rhipidomys* sugere que algum mecanismo possa estar favorecendo este tipo de rearranjo no gênero. Costa *et al.* (2007) enfatizaram a necessidade urgente de coleta em larga escala de pequenos mamíferos, mesmo em áreas supostamente "bem conhecidas", como o sudeste do Brasil (Percequillo *et al.* 2004; Emmons & Patton 2005; Weksler & Bonvicino 2005). A Mata Atlântica, um dos principais

pontos críticos da biodiversidade, vem sofrendo perda e fragmentação de habitat causadas por humanos. Esforços adequados para caracterizar a biodiversidade deste bioma é vital para a sua conservação.

Tribe 1996, responsável pela primeira revisão sistemática de *Rhipidomys* Tschudi 1845, ressaltou a importância do uso de dados complementares, para subsidiar os dados morfológicos. Embora o gênero seja de fácil identificação, a diferenciação das espécies não é simples, uma vez que sua taxonomia é complexa e embasada principalmente em caracteres morfológicos contínuos. Assim, estudos morfológicos, citogenéticos, ecológicos e moleculares devem ser informativos sobre as relações filogenéticas e os limites das espécies de *Rhipidomys*.

## 5. Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer a “Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG)”, aos pesquisadores do Laboratório de Mastozoologia-UFV, Laboratório de Sistemática e Molecular (Beagle) - UFV e o Laboratório de Citogenômica Evolutiva - UFMG. Ao Clodoaldo Assis pelas fotos do *Rhipidomys tribei* e à Pollyanna Alves pelo mapa. MS possui uma bolsa de produtividade do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq-processo 310433/2018-5). A todos os *Rhipidomys* que cederam a vida para a viabilidade da pesquisa.

## 6. Referências

Aguilera, M., Pérez-Zapata, A., Martino, A., Barros, M. A., & Patton, Y. J. (1994). Karyosystematics of *Aepeomys* and *Rhipidomys* (Rodentia: Cricetidae). *Acta Científica Venezolana*, 45, 247-248.

Andrades-Miranda, J., de Oliveira, L. F., Lima-Rosa, C. A. V., Sana, D. A., Nunes, A. P., & Mattevi, M. S. (2002). Genetic studies in representatives of genus *Rhipidomys* (Rodentia, Sigmodontinae) from Brazil. *Acta Theriologica*, 47(2), 125-135.

Araújo, N. P., Kuhn, G. C. S., Vieira, F. N., Morcatty, T. Q., Paglia, A. P., & Svartman, M. (2017). Comparative genomic in situ hybridization and the possible

role of retroelements in the karyotypic evolution of three Akodontini species. *International journal of genomics*, 2017.

Baker, R. J., Chesser, R. K., Koop, B. F., & Hoyt, R. A. (1983). Adaptive nature of chromosomal rearrangement: differential fitness in pocket gophers. *Genetica*, 61(3), 161-164.

Bonvicino, C. R., Oliveira, J. D., & D'Andrea, P. S. (2008). Guia dos roedores do Brasil, com chaves para gêneros baseadas em caracteres externos. *Rio de Janeiro: Centro Pan-Americano de Febre Aftosa-OPAS/OMS*, 120.

Carvalho, A. H. (2009). Caracterização citogenética de espécies de *Rhipidomys* (Cricetidae, Rodentia) de Minas Gerais. Doctoral dissertation, *Dissertação. Universidade Federal de Minas Gerais*, Belo Horizonte. 69.

Carvalho, A. H., Lopes, M. O. G., & Svartman, M. (2012). A new karyotype for *Rhipidomys* (Rodentia, Cricetidae) from Southeastern Brazil. *Comparative cytogenetics*, 6(3), 227.

Corrêa, M., & Pessôa, L. (1996). O cariótipo de *Rhipidomys* sp. (Rodentia: Cricetidae) do norte de Minas Gerais. In *Resumos do XXI Congresso Brasileiro de Zoologia, Porto Alegre* (p. 226).

Costa, L. P. (2003). The historical bridge between the Amazon and the Atlantic Forest of Brazil: a study of molecular phylogeography with small mammals. *Journal of Biogeography*, 30(1), 71-86.

Costa, L. P., Pavan, S. E., Leite, Y. L., & Fagundes, V. (2007). A new species of *Juliomys* (Mammalia: Rodentia: Cricetidae) from the Atlantic forest of southeastern Brazil. *Zootaxa*, 1463(1), 21-37.

Costa, B. M., Geise, L., Pereira, L. G., & Costa, L. P. (2011). Phylogeography of *Rhipidomys* (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) and description of two new species from southeastern Brazil. *Journal of Mammalogy*, 92(5), 945-962.

Di-Nizo, C. B., Neves, C. L., Vilela, J. F., & Silva, M. J. D. J. (2014). New karyological data and cytotaxonomic considerations on small mammals from Santa Virgínia (Parque Estadual da Serra do Mar, Atlantic Forest, Brazil). *Comparative Cytogenetics*, 8(1), 11.

- Emmons, L.H. & Patton, J.L. (2005) A New Species of *Oryzomys* (Rodentia: Muridae) from Eastern Bolivia. *American Museum Novitates*, 3478, 1–26.
- Fagundes, V., Christoff, A. U., & Yonenaga–Yassuda, Y. (1998). Extraordinary chromosomal polymorphism with 28 different karyotypes in the neotropical species *Akodon cursor* (Muridae, Sigmodontinae), one of the smallest diploid number in rodents ( $2n= 16, 15$  and  $14$ ). *Hereditas*, 129(3), 263-274.
- Ford, C. E., & Hamerton, J. L. (1956). The chromosomes of man. *Nature*, 178(4541), 1020-1023.
- Garagna, S., Broccoli, D., Redi, C. A., Searle, J. B., Cooke, H. J., & Capanna, E. (1995). Robertsonian metacentrics of the house mouse lose telomeric sequences but retain some minor satellite DNA in the pericentromeric area. *Chromosoma*, 103(10), 685-692.
- Gardner, A. L., & Patton, J. L. (1976). Karyotypic variation in oryzomyine rodents (Cricetinae) with comments on chromosomal evolution in the Neotropical cricetine complex (No. 49.). *Louisiana State University*.
- Geise, L. (1995). Os roedores Sigmodontinae (Rodentia, Muridae) do Estado do Rio de Janeiro. Sistemática, citogenética, distribuição e variação geográfica (*Doctoral dissertation, Universidade Federal do Rio de Janeiro*).
- Geise, L., Paresque, R., Sebastião, H., Shirai, L. T., Astúa, D., & Marroig, G. (2010). Non-volant mammals, Parque Nacional do Catimbau, Vale do Catimbau, Buíque, state of Pernambuco, Brazil, with karyologic data. *Check list*, 6(1), 180-186.
- Howell, W. T., & Black, D. A. (1980). Controlled silver-staining of nucleolus organizer regions with a protective colloidal developer: a 1-step method. *Experientia*, 36(8), 1014-1015.
- King, M. (1995). Species evolution: the role of chromosome change. *Cambridge University Press*.
- Levan, A., Fredga, K., & Sandberg, A. A. (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2), 201-220.

- Musser G.G., & Carleton M.D. (2005). Family Muridae. Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference. 2ed, *Smithsonian Press, Washington*.
- Nanda, I., Schneider-Rasp, S., Winking, H., & Schmid, M. (1995). Loss of telomeric sites in the chromosomes of *Mus musculus domesticus* (Rodentia: Muridae) during Robertsonian rearrangements. *Chromosome Research*, 3(7), 399-409.
- Paresque, R., Souza, W. D., Mendes, S. L., & Fagundes, V. (2004). Composição cariotípica da fauna de roedores e marsupiais de duas áreas de Mata Atlântica do Espírito Santo, Brasil. *Boletim do Museu de Biologia Mello Leitão*, 17, 5-33.
- Paresque, R., Silva, M. J. D. J., Yonenaga-Yassuda, Y., & Fagundes, V. (2007). Karyological geographic variation of *Oligoryzomys nigripes* Olfers, 1818 (Rodentia, Cricetidae) from Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 30(1), 43-53.
- Patton, J. L., Da Silva, M. N. F., & Malcolm, J. R. (2000). Mammals of the Rio Juruá and the evolutionary and ecological diversification of Amazonia. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 2000(244), 1-306.
- Patton, J. L., Pardiñas, U. F., & D'Elía, G. (Eds.). (2015). Mammals of South America, volume 2: rodents. *University of Chicago Press*.
- Percequillo, A. R., Gonçalves, P. R., & de Oliveira, J. A. (2004). The rediscovery of *Rhagomys rufescens* (Thomas, 1886), with a morphological redescription and comments on its systematic relationships based on morphological and molecular (cytochrome b) characters. *Mammalian Biology*, 69(4), 238-257.
- Rocha, R. G., Ferreira, E., Costa, B., Martins, I., Leite, Y. L., Costa, L. P., & Fonseca, C. (2011). Small mammals of the mid-Araguaia River in central Brazil, with the description of a new species of climbing rat. *Zootaxa*, 2789(1), 1-34.
- Romanenko, S. A., & Volobouev, V. (2012). Non-Sciuromorph rodent karyotypes in evolution. *Cytogenetic and Genome Research*, 137(2-4), 233-245.
- Salazar-Bravo, J., Pardiñas, U. F., Zeballos, H., & Teta, P. (2016). Description of a new tribe of sigmodontine rodents (Cricetidae: Sigmodontinae) with an updated

summary of valid tribes and their generic contents. *Museum of Texas Tech University*.

Seabright, M. (1972). The use of proteolytic enzymes for the mapping of structural rearrangements in the chromosomes of man. *Chromosoma*, 36(2), 204-210.

Silva, M. J. D. J., & Yonenaga-Yassuda, Y. (1997). New karyotypes of two related species of *Oligoryzomys* genus (Cricetidae, Rodentia) involving centric fusion with loss of nors and distribution of telomeric (TTAGGG)<sub>n</sub> sequences. *Hereditas*, 127(3), 217-229.

Silva, M. J., & Yonenaga-Yassuda, Y. (1998). Heterogeneity and meiotic behavior of B and sex chromosomes, banding patterns and localization of (TTAGGG)<sub>n</sub> sequences by fluorescence in situ hybridization in the neotropical water rat *Nectomys* (Rodentia, Cricetidae). *Chromosome Research*, 6, 455-462.

Silva, M. J. J., & Yonenaga-Yassuda, Y. (1999). Autosomal and sex chromosomal polymorphisms with multiple rearrangements and a new karyotype in the genus *Rhipidomys* (Sigmodontinae, Rodentia). *Hereditas*, 131(3), 211-220.

Smith, M. F., & Patton, J. L. (1999). Phylogenetic relationships and the radiation of sigmodontine rodents in South America: evidence from cytochrome b. *Journal of mammalian evolution*, 6(2), 89-128.

Sumner, A. T. (1972). A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. *Experimental Cell Research* 75: 304–306.

Svartman, M., & De Almeida, E. J. C. (1992). Comparative karyotypic analysis of two *Calomys* species (Rodentia, Cricetidae) from Central Brazil. *Caryologia*, 45(1), 35-42.

Svartman, M., & de Almeida, E. J. C. (1993). Pericentric inversion and X chromosome polymorphism in *Rhipidomys* sp. (Cricetidae, Rodentia) from Brazil. *Caryologia*, 46(2-3), 219-225.

Tribe, C. J. (1996). The neotropical rodent genus' *Rhipidomys*'(Cricetidae: Sigmodontinae): a taxonomic revision. *Doctoral dissertation, University College London, University of London*.

- Tribe, C. J. (2005). A new species of *Rhipidomys* (Rodentia, Muroidea) from north-eastern Brazil. *Arquivos do Museu Nacional, Rio de Janeiro*, 63(1), 131-146.
- Volobouev, V. T., & Catzeflis, F. M. (2000). Chromosome banding analysis (G-, R- and C-bands) of *Rhipidomys nitela* and a review of the cytogenetics of *Rhipidomys* (Rodentia: Sigmodontinae). *Mammalia*, 64(3), 353-360.
- Weksler, M., & Bonvicino, C. R. (2005). Taxonomy of pigmy rice rats genus *Oligoryzomys* Bangs, 1900 (Rodentia, Sigmodontinae) of the Brazilian Cerrado, with the description of two new species. *Arquivos do Museu Nacional*, 63(1), 113-130.
- Zanchin, N. I., Langguth, A., & Mattevi, M. S. (1992). Karyotypes of Brazilian species of *Rhipidomys* (Rodentia, Cricetidae). *Journal of Mammalogy*, 73(1), 120-122.

## CAPÍTULO II

### VARIAÇÃO MORFOLÓGICA DE *Rhipidomys* TSCHUDI, 1845 NO ESTADO DE MINAS GERAIS, BRASIL

#### RESUMO

A distribuição geográfica atualmente atribuída ao rato-escalador *Rhipidomys* Tschudi, 1845 é ampla, desde o leste do Panamá até o norte da Argentina. Das 23 espécies reconhecidas para o gênero, 12 ocorrem no Brasil. Destas, quatro estão presentes em Minas Gerais, além de outras duas populações, sem descrições formais. O objetivo deste trabalho foi analisar morfologicamente cinco populações de *Rhipidomys* encontradas no Estado de Minas Gerais no intuito de compreender os padrões de variações neste gênero. Análises univariadas e multivariadas foram realizadas com base em 30 caracteres craniométricos de 50 espécimes. Os resultados indicaram a ocorrência de duas novas populações para o gênero discriminadas no espaço multivariado de caracteres cranianos. Exemplares provenientes da bacia do rio Jequitinhonha foram associados à população já designada na literatura de *Rhipidomys* sp.1 e outra, proveniente da bacia do rio Pandeiros foi aqui designada de *Rhipidomys* sp. 2. A comparação desses resultados com os de outros *Rhipidomys*, ampliaram o conhecimento sobre o gênero e confirmam a similaridade morfológica entre estas espécies, principalmente aquelas geograficamente mais próximas. O uso da morfometria craniana clássica foi uma ferramenta útil para a identificação taxonômica do gênero, mas análises moleculares e citogenéticas deverão ser realizadas para corroborar estes resultados.

Palavra-Chave: Variação Geográfica; Taxonomia; Morfometria craniana; Minas Gerais

#### 1. INTRODUÇÃO

Os roedores da subfamília Sigmodontinae Wagner, 1843 constituem um grupo ecomorfológico diverso e representam uma grande parte dos roedores nativos do continente sul-americano (Patton *et al.* 2015). Dentre eles destaca-se o gênero *Rhipidomys* Tschudi, 1845 com adaptações morfológicas

predominantemente relacionadas ao hábito arborícola (Costa *et al.* 2011; Patton *et al.* 2015). Por apresentarem olhos grandes, vibrissas longas e densas, um tufo de pelos na extremidade distal da cauda e a pelagem do dorso de suas patas dianteiras escura em contraste com seu ventre de cor branco puro, exemplares do gênero distinguem-se claramente de outros sigmodontinos (Tribe 1996).

*Rhipidomys* é encontrado desde o leste do Panamá, atravessando a América do Sul, até o norte da Argentina (Musser & Carleton 2005; Patton *et al.* 2015). No Brasil sua ocorrência foi relatada em todos os biomas (Patton *et al.* 2015). Apesar da ampla distribuição, não são facilmente capturados, o que pode explicar o baixo número de estudos taxonômicos, moleculares e cariotípicos no grupo (Tribe 1996).

Morfológica e ecologicamente, as espécies de *Rhipidomys* se dividem em três grupos, dentro das quais há poucos caracteres morfológicos pelos quais as espécies constituintes podem ser distinguidas umas das outras (Tribe 1996; Pacheco 2003). A primeira, designada de “fulviventris” consiste em formas montanas das cordilheiras da Venezuela, Colômbia, sudeste do Peru e Escudo da Guiana. A segunda, designada de “leucodactylus”, é a mais expandida geograficamente das três, consistindo em espécies habitantes de planícies e montanhas baixas e a terceira compreende apenas *Rhipidomys macconnelli*, das montanhas de arenito (tepuis) do Escudo da Guiana, espécie menos especializada para a vida arbórea (Costa *et al.* 2011; Patton *et al.* 2015).

Análises de variação morfométrica do grupo são ainda restritas a poucos estudos (Tribe 1996; Patton *et al.* 2015). Patton *et al.* (2015) indicam que o dimorfismo sexual nas dimensões do crânio é insignificante na maioria dos *Rhipidomys*, mas pode ser aparente nas espécies maiores, nas quais os machos podem ser em média 2–3% maiores do que as fêmeas. Dados dentários são utilizados para caracterização etária do grupo, identificando exemplares juvenis e adultos em análises intra e interespecíficas (Tribe 1996; Costa *et al.* 2011).

Costa *et al.* (2011) foram os primeiros a apresentarem dados filogeográficos, incluindo análises morfológicas, das espécies de *Rhipidomys* que ocorrem no sudeste do Brasil. Os resultados apresentados por estes autores indicaram a presença de quatro espécies no estado de Minas Gerais: *R.*

*mastacalis*, *R. macrurus*, *R. itoan* e *R. tribei*. Ainda no estudo, os autores citam uma quinta possível espécie, que denominam *Rhipidomys* sp. Este grupo foi incluído em um clado denominado *R. aff. macrurus* por Costa (2003) e é representado por espécimes encontrados em diferentes partes do Brasil: centro da Bahia, nordeste de Minas Gerais e Goiás e sudeste do Tocantins.

Diante deste cenário de incertezas taxonômicas das espécies de *Rhipidomys* do sudeste brasileiro, foi objetivo deste estudo analisar, através da morfometria craniana clássica, possíveis variações entre cinco populações do gênero oriundas do Estado de Minas Gerais

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

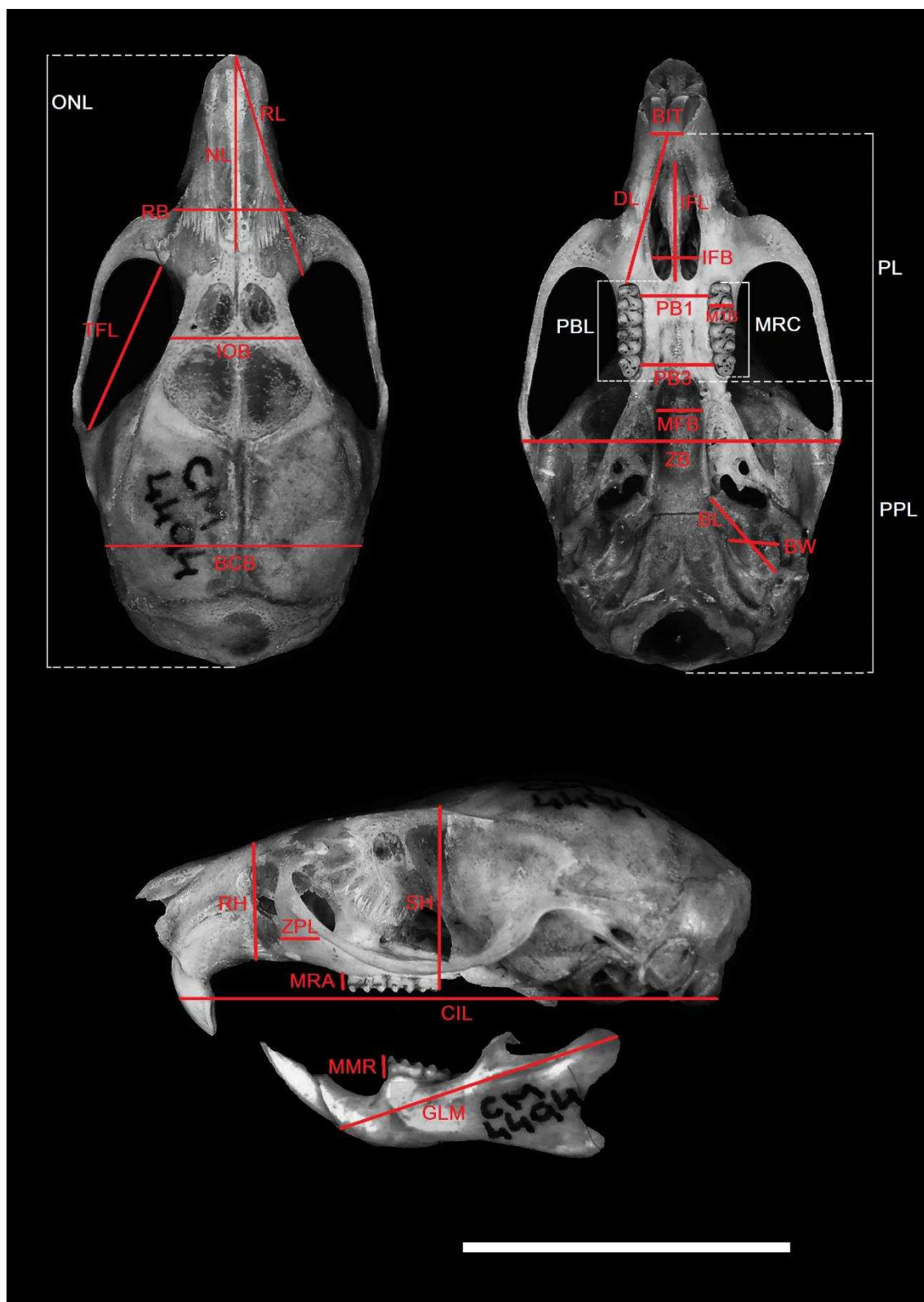
Foram examinados 50 espécimes de *Rhipidomys* (Apêndice I) depositados na coleção mastozoológica do Museu de Zoologia João Moojen (MZUFV) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, e do Departamento de Zoologia da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte.

Estes exemplares estão tombados nas referidas coleções como: *Rhipidomys tribei* (10 indivíduos) *Rhipidomys mastacalis* (12), *Rhipidomys macrurus* (8). Uma população da UFMG está designada como *Rhipidomys* sp.1 (7) por Costa *et al.* (2011). E uma população da UFV, proveniente de Pandeiros – MG será aqui identificada como *Rhipidomys* sp.2 (13). A maioria destes exemplares são oriundos de populações do estado de Minas Gerais, mas objetivando maior universo amostral, foram inclusas uma população de *R. macrurus* do Mato Grosso do Sul e duas da Bahia (*R. mastacalis* e *Rhipidomys* sp.1) (Figura 1).

Os espécimes foram separados por categorias etárias para análises quantitativas, estabelecidas a partir da avaliação das condições do desgaste e erupção dentária seguindo Tribe (1996). A nomenclatura anatômica foi a definida por Reig (1977), Carleton & Musser (1989), Voss (1993), Tribe (1996) e Weksler (2006).

Foram medidas 30 variáveis cranianas (Tribe 1996; Costa *et al.* 2011) utilizando paquímetro digital de precisão 0,01 mm: (1) Comprimento Occipito Nasal (ONL); (2) Comprimento Côndilo Incisivo (CIL); (3) Comprimento Palatino

(PL); (4) Comprimento Pós - Palatal (PPL); (5) Comprimento da Coroa da Fileira Molar (MRC); (6) Comprimento Alveolar da Fileira Molar (MRA); (7) Largura do Primeiro Molar (M1B); (8) Comprimento da Ponte Palatal (PBL); (9) Comprimento da Fossa Temporal (TFL); (10) Comprimento do Diastema (DL); (11) Comprimento do Forame Incisivo (IFL); (12) Largura do Forame Incisivo (IFB); (13) Largura do Forame Incisivo em M1 (PB1); (14) Largura do Palatal em M3 (PB3); (15) Largura da Fossa Mesopterigóide (MFB); (16) Largura nas Pontas dos Incisivos (BIT); (17) Largura da Bula (BW); (18) Comprimento da Bula (BL); (19) Largura da Caixa Cerebral (BCB); (20) Altura do Crânio (SH); (21) Altura Rostral (RH); (22) Largura Rostral (RB); (23) Comprimento Rostral (RL); (24) Comprimento Nasal (NL); (25) Comprimento da Placa Zigomática (ZPL); (26) Largura Interorbital (IOB); (27) Largura Zigomática (ZB); (28) Comprimento Máximo da Mandíbula (GLM); (29) Comprimento Alveolar da Fileira Molar Mandibular (MMR); (30) Profundidade da Mandíbula (DR) (Figura 2).

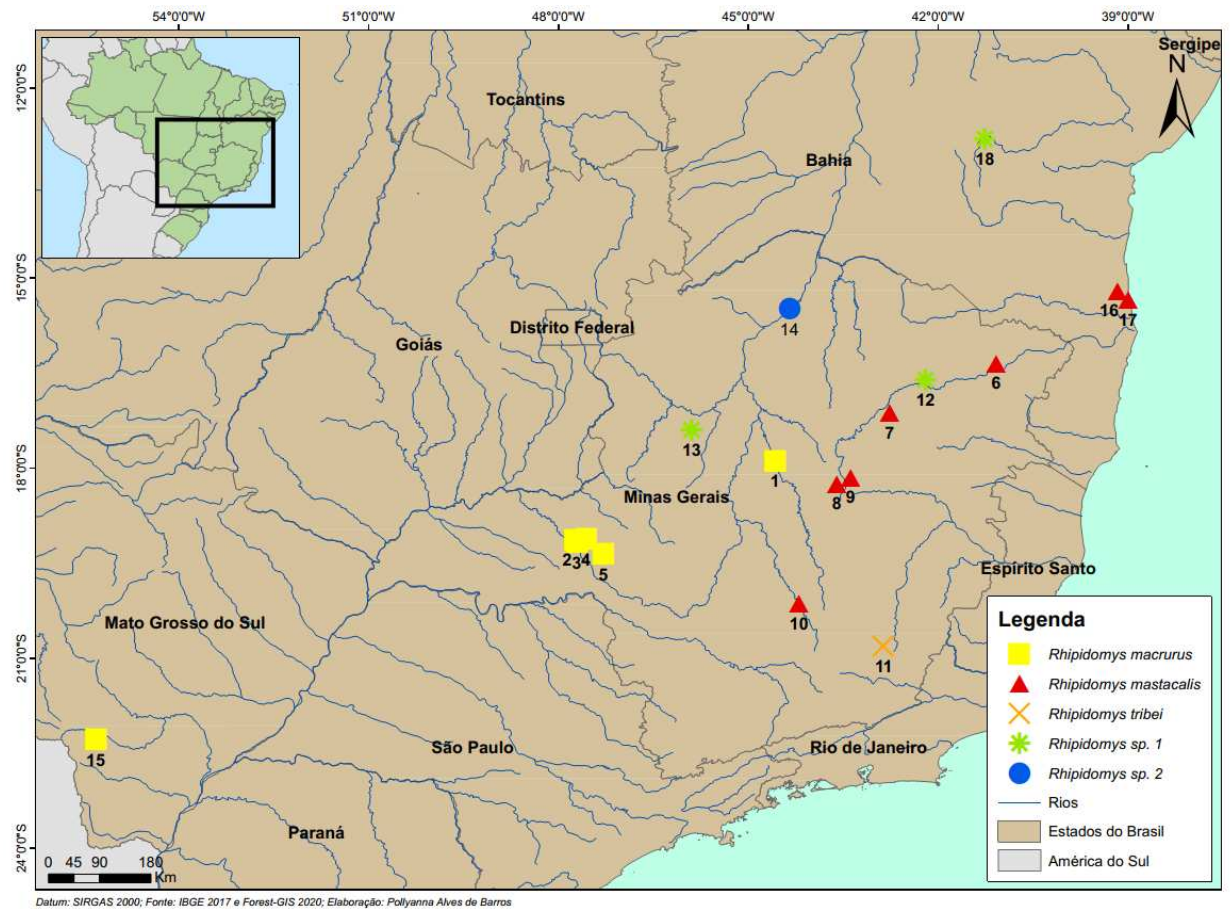


**Figura 2.** Vista dorsal, ventral e lateral do crânio de *R. tribei* (MZUFV 4494) ilustrando os caracteres morfométricos medidos. O carácter morfométrico DR (Profundidade Mandibular) não foi ilustrado por fazer parte da vista interna da mandíbula, aqui não figurada (Ver Tribe 1996). A barra representa 10 mm.

Para cada espécime, foram realizadas análises descritivas com cálculos da média e um boxplot para todas as variáveis. Para verificar a hipótese de normalidade das variáveis foi aplicado o teste Shapiro-Wilk (Shapiro & Wilk 1965; Royston 1982). A comparação entre as espécies também foi realizada através do teste t, comparando cada classe etária. Apenas os exemplares considerados adultos, segundo Costa *et al.* (2011), foram analisados.

Na busca por padrões de variação em tamanho e forma entre as diferentes espécies de *Rhipidomys*, os dados foram explorados através da análise de Componentes Principais (“Principal Component” – PC) (Manly 1994). Os valores de todas as variáveis foram transformados em logaritmos, objetivando a equalização das escalas de variação dos diferentes caracteres (Neff & Marcus 1980). Devido às correlações positivas e significativas entre as variáveis morfométricas originais e o Primeiro Componente Principal, esse eixo foi interpretado como uma estimativa de tamanho multivariado (Strauss 1985). Os escores do Componente Principal dos dois primeiros eixos foram representados graficamente para revelar padrões de variação de tamanho e forma entre as espécies de *Rhipidomys*. Uma Análise Canônica Discriminante (“Canonical Discriminant Analysis – ADC) foi realizada para verificar o grau de variação entre as espécies.

Todos estes procedimentos estatísticos foram implementados utilizando funções descritas no programa PAST 3.26 (Hammer & Harper 2008).



**Figura 1.** Populações de *Rhipidomys* examinadas no estado de Minas Gerais. As localidades estão numeradas de acordo com o Apêndice I.

### 3. RESULTADOS

Análises estatísticas descritivas indicam diferenças entre as populações para todos os caracteres craniométricos mensurados. Os valores das médias mostram que as populações aqui definidas como *Rhipidomys* sp.1 e *Rhipidomys* sp.2 possuem maiores dimensões cranianas quando comparadas às de *R. mastacalis*, *R. macrurus* e *R. tribei*. Esta última se mostrou com os menores valores nas dimensões cranianas (Tabela 1).

Tabela I

Medidas cranianas das espécies de *Rhipidomys* analisadas, utilizando paquímetro digital de precisão 0,01 mm.

Variáveis	<u><i>R. tribei</i></u>		<u><i>R. mastacalis</i></u>		<u><i>R. macrurus</i></u>		<u><i>R. sp. 1</i></u>		<u><i>R. sp. 2</i></u>	
	$\bar{X} \pm SD (n)$	Mínimo-máximo	$\bar{X} \pm SD (n)$	Mínimo-máximo	$\bar{X} \pm SD (n)$	Mínimo-máximo	$\bar{X} \pm SD (n)$	Mínimo-máximo	$\bar{X} \pm SD (n)$	Mínimo-máximo
Comprimento Nasal (ONL)	32,527 ± 1,1014 (10)	30,72 – 34,04	33,463 ± 0,7629 (11)	32,07 – 34,48	33,111 ± 2,2607 (7)	29,02 – 36,26	34,2916 ± 1,8133 (6)	31,97 – 36,6	34,8566 ± 2,2686 (12)	30,42 – 37,77
Comprimento Incisivo (CIL)	29,187 ± 1,1011 (10)	27,68 – 30,55	30,1418 ± 0,5599 (11)	29,01 – 30,82	29,9071 ± 2,2925 (7)	25,58 – 33,16	29,3333 ± 2,4522 (6)	27,07 – 32,91	31,6158 ± 2,1234 (12)	27,25 – 34,14
Comprimento (PL)	13,122 ± 0,4932 (10)	12,55 – 13,93	13,6999 ± 0,2553 (11)	13,31 – 14,13	13,4242 ± 0,8950 (7)	12,14 – 14,89	13,615 ± 0,7298 (6)	12,41 – 14,22	14,3558 ± 1,0746 (12)	12,35 – 16,14
Comprimento Palatal (PPL)	12,177 ± 0,7603 (10)	11,24 – 13,59	12,852 ± 0,4197 (11)	12,31 – 13,39	12,6485 ± 1,2518 (7)	10,11 – 14,16	13,2616 ± 1,0230 (6)	12,06 – 14,68	13,4433 ± 1,1296 (12)	11,22 – 14,85
Comprimento da Coroa da Fileira Molar (MRC)	4,882 ± 0,1222 (10)	4,76 – 5,11	4,9372 ± 0,1603 (11)	4,66 – 5,23	5,092 ± 0,1431 (7)	4,89 – 5,26	5,005 ± 0,3908 (6)	4,52 – 5,58	5,1908 ± 0,1052 (12)	5,05 – 5,36
Comprimento Alveolar da Fileira Molar (MRA)	4,923 ± 0,1396 (10)	4,75 – 5,18	4,9618 ± 0,1982 (11)	4,65 – 5,43	5,1214 ± 0,1089 (7)	4,95 – 5,25	5,0233 ± 0,4007 (6)	4,53 – 5,58	5,3783 ± 0,3744 (12)	5,15 – 6,53
Largura do Primeiro Molar (M1B)	1,341 ± 0,0923 (10)	1,25 – 1,52	1,3454 ± 0,0488 (11)	1,27 – 1,43	1,39 ± 0,0553 (7)	1,32 – 1,46	1,3683 ± 0,1045 (6)	1,27 – 1,52	1,4058 ± 0,0450 (12)	1,31 – 1,47
Comprimento da Ponte Palatal (PBL)	5,002 ± 0,1587 (10)	4,82 – 5,33	5,2263 ± 0,1868 (11)	4,97 – 5,53	5,0571 ± 0,3622 (7)	4,52 – 5,46	5,1183 ± 0,2694 (6)	4,82 – 5,51	5,4733 ± 0,3537 (12)	5,01 – 6,13
Comprimento da Fossa Temporal (TFL)	9,392 ± 0,3671 (10)	8,83 – 10,11	9,7645 ± 0,2939 (11)	9,27 – 10,11	9,9185 ± 0,6241 (7)	8,79 – 10,71	11,4566 ± 0,9463 (6)	10,51 – 12,79	10,5208 ± 0,5798 (12)	9,25 – 11,21
Comprimento do Diastema (DL)	8,438 ± 0,3520 (10)	7,79 – 8,89	8,9290 ± 0,2965 (11)	8,37 – 9,27	8,6885 ± 0,9212 (7)	7,01 – 10,04	8,89 ± 0,5781 (6)	8,28 – 9,6	9,245 ± 0,8160 (12)	7,89 – 10,74
Comprimento do Forame Incisivo (IFL)	6,594 ± 0,3564 (10)	5,85 – 7,1	6,5290 ± 0,2077 (11)	6,1 – 6,88	6,6928 ± 0,4363 (7)	5,95 – 7,17	6,9183 ± 0,3459 (6)	6,46 – 7,26	7,1266 ± 0,5826 (12)	5,87 – 7,97
Largura do Forame Incisivo (IFB)	2,841 ± 0,2468 (10)	2,4 – 3,18	2,6136 ± 0,1395 (11)	2,44 – 2,9	2,7485 ± 0,2219 (7)	2,44 – 3,15	2,6866 ± 0,2148 (6)	2,48 – 3,05	2,55 ± 0,1984 (12)	2,27 – 2,98

Largura do Forame Incisivo em M1 (PB1)	3,521 ± 0,2328 (10)	3,05 – 3,82	3,6045 ± 0,2317 (11)	3,17 – 3,96	3,7171 ± 0,0534 (7)	3,31 – 4,05	3,6183 ± 0,2199 (6)	3,33 – 3,98	3,6733 ± 0,2118 (12)	3,32 – 3,99
Largura do Palatal em M3 (PB3)	3,968 ± 0,2063 (10)	3,71 – 4,39	3,9145 ± 0,1408 (11)	3,74 – 4,18	4,0328 ± 0,2713 (7)	3,56 – 4,35	4 ± 0,2451 (6)	3,69 – 4,23	3,9633 ± 0,2636 (12)	3,56 – 4,41
Largura da Fossa Mesopterigóide (MFB)	2,444 ± 0,2546 (10)	2,04 – 2,79	2,1890 ± 0,2104 (11)	1,78 – 2,56	2,1314 ± 0,2183 (7)	1,83 – 2,38	2,165 ± 0,1807 (6)	1,98 – 2,44	2,1558 ± 0,1997 (12)	1,84 – 2,46
Largura entre as Pontas dos Incisivos (BIT)	2,088 ± 0,2005 (10)	1,83 – 2,44	2,06 ± 0,1833 (11)	1,73 – 2,33	2,1528 ± 0,1634 (7)	1,83 – 2,35	2,1166 ± 0,1647 (6)	1,89 – 2,37	2,1158 ± 0,2531 (12)	1,63 – 2,35
Largura da Bula (BW)	4,361 ± 0,1741 (10)	4,05 – 4,55	4,5372 ± 0,1461 (11)	4,33 – 4,75	4,5657 ± 0,2736 (7)	4,08 – 4,88	4,6683 ± 0,1735 (6)	4,47 – 4,95	4,4516 ± 0,2035 (12)	4,19 – 4,76
Comprimento da Bula (BL)	4,808 ± 0,4096 (10)	3,7 – 5,14	3,8763 ± 0,2729 (11)	3,3 – 4,2	3,5642 ± 0,2146 (7)	3,2 – 3,76	3,535 ± 0,4626 (6)	3,01 – 4,21	3,9741 ± 0,3185 (12)	3,16 – 4,4
Largura da Caixa Cerebral (BCB)	13,21 ± 0,4477 (10)	12,7 – 13,92	13,3672 ± 0,4182 (11)	12,59 – 13,93	12,9 ± 0,1994 (7)	12,53 – 13,11	12,54 ± 0,2985 (6)	12,2 – 13,04	13,85 ± 0,4768 (12)	12,99 – 14,63
Altura do Crânio (SH)	9,564 ± 0,2498 (10)	9,16 – 9,88	9,3409 ± 0,2067 (11)	9,09 – 9,66	9,48 ± 0,4347 (7)	8,86 – 10,08	9,7416 ± 0,5055 (6)	8,96 – 10,1	9,7458 ± 0,5538 (12)	8,77 – 10,69
Altura Rostral (RH)	6,251 ± 0,2905 (10)	5,86 – 6,66	6,2736 ± 0,2243 (11)	6,01 – 6,56	6,3228 ± 0,6649 (7)	5,05 – 7,09	6,55 ± 0,4647 (6)	5,91 – 7,08	6,5308 ± 0,6761 (12)	5,45 – 7,51
Largura Rostral (RB)	5,288 ± 0,2074 (10)	4,93 – 5,63	5,1145 ± 0,1759 (11)	4,77 – 5,4	5,29 ± 0,2880 (7)	4,87 – 5,79	5,16 ± 0,4310 (6)	4,58 – 5,67	5,8975 ± 0,4210 (12)	5,28 – 6,47
Comprimento Rostral (RL)	10,691 ± 0,4188 (10)	9,95 – 11,18	11,2745 ± 0,4578 (11)	10,51 – 11,96	11,2785 ± 0,9072 (7)	9,78 -12,62	11,805 ± 0,9961 (6)	10,73 – 13,25	11,93 ± 1,0308 (12)	9,99 – 13,34
Comprimento Nasal (NL)	10,826 ± 0,5994 (10)	9,67 – 11,51	11,1227 ± 0,3625 (11)	10,47 – 11,64	10,7842 ± 0,6097 (7)	9,64 – 11,55	11,225 ± 1,0818 (6)	9,51 – 12,44	11,1108 ± 1,1611 (12)	9,52 – 13,34
Comprimento da Placa Zigomática (ZPL)	2,929 ± 0,1140 (10)	2,79 – 3,09	2,9254 ± 0,1576 (11)	2,74 – 3,21	2,8942 ± 0,2904 (7)	2,34 – 3,25	3,16 ± 0,2239 (6)	2,92 – 3,47	3,2625 ± 0,2728 (12)	2,87 – 3,7
Largura Interorbital (IOB)	5,531 ± 0,2238 (10)	5,2 – 5,81	5,6081 ± 0,4053 (11)	5,18 – 6,3	5,4014 ± 0,1818 (7)	5,13 – 5,71	5,5283 ± 0,3068 (6)	5,14 – 6,06	5,795 ± 0,4287 (12)	4,93 – 6,37
Largura Zigomática (ZB)	17,468 ± 0,4393 (10)	16,5 – 17,94	17,4663 ± 0,4862 (11)	16,75 – 18,37	17,3857 ± 1,223 (7)	15,18 – 19,26	17,605 ± 1,2000 (6)	15,72 – 18,9	18,0908 ± 1,2268 (12)	16 – 19,85
Comprimento Máximo da Mandíbula (GLM)	16,148 ± 0,4045 (10)	15,48 – 16,69	16,8672 ± 0,5134 (11)	16,24 – 17,71	16,7114 ± 1,007 (7)	14,85 – 18,09	17,06 ± 1,1194 (6)	15,57 – 18,68	17,5241 ± 1,1136 (12)	15,53 – 18,94
Comprimento Alveolar da Fileira Molar Mandibular (MMR)	5,011 ± 0,1416 (10)	4,81 – 5,2	5,0672 ± 0,1779 (11)	4,76 – 5,33	5,2114 ± 0,1811 (7)	4,97 – 5,48	5,1633 ± 0,3734 (6)	4,72 – 5,6	5,3366 ± 0,1696 (12)	5,17 – 5,77
Profundidade da Mandíbula (DR)	2,715 ± 0,1666 (10)	2,41 – 2,91	2,6718 ± 0,1919 (11)	2,4 – 2,98	2,8471 ± 0,2653 (7)	2,4 – 3,2	2,8833 ± 0,2915 (6)	2,42 – 3,21	2,8075 ± 0,1904 (12)	2,43 – 3,01

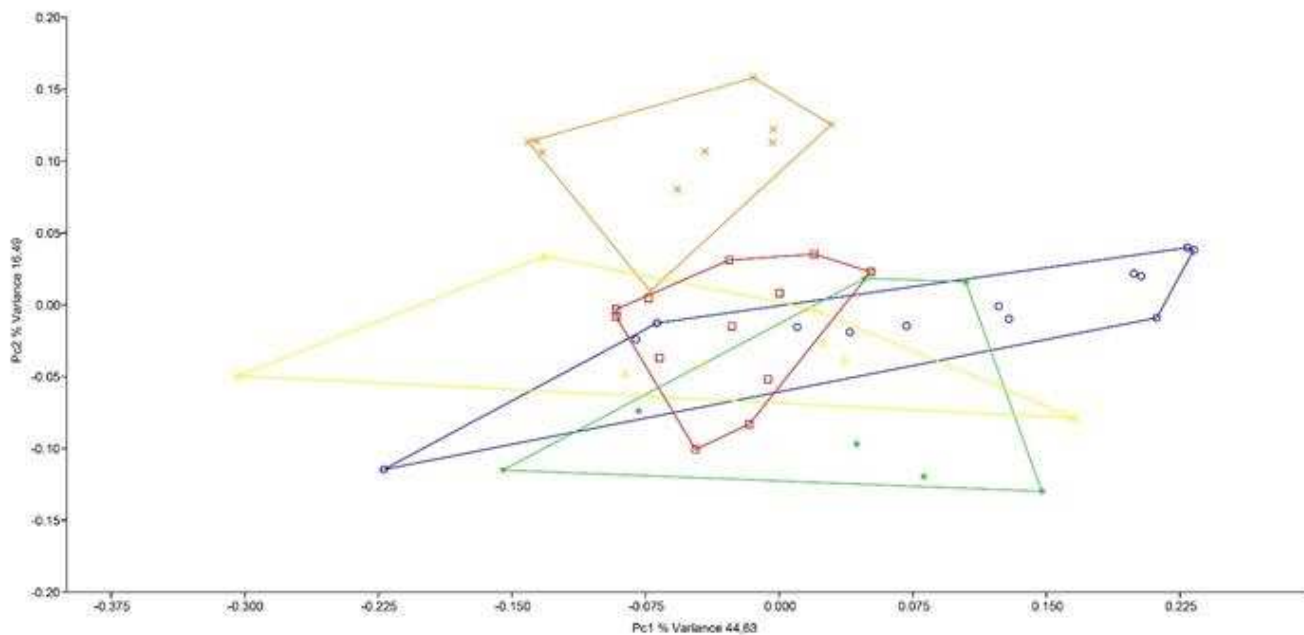
Quando a variação craniana presente nas amostras reunidas foi analisada de forma multivariada o Primeiro Componente Principal (PC1) respondeu por 44,63% do total da variação enquanto o Segundo Componente Principal (PC2) explicou 16,49% (Figura 3). Todas as 30 variáveis são interpretadas no PC1 como um eixo de variação geral do tamanho (Strauss 1985). Assim, a maior parte da variabilidade morfométrica (44,63%) nas amostras das diferentes populações de *Rhipidomys* aqui analisadas, pode ser atribuída ao fator geral de tamanho e a variabilidade restante, como expressão da forma.

Os resultados das análises do PC1 indicam uma variação nos limites dos escores de tamanho entre as cinco populações (Figura 3), apesar da ocorrência de uma sobreposição entre elas. Este resultado corrobora os valores da estatística descritiva onde os indivíduos de *Rhipidomys tribei* apresentam menor tamanho enquanto as espécies das populações de *Rhipidomys* sp.1 e *Rhipidomys* sp.2 são as maiores. As demais amostras situam-se em posições intermediárias no espaço multivariado.

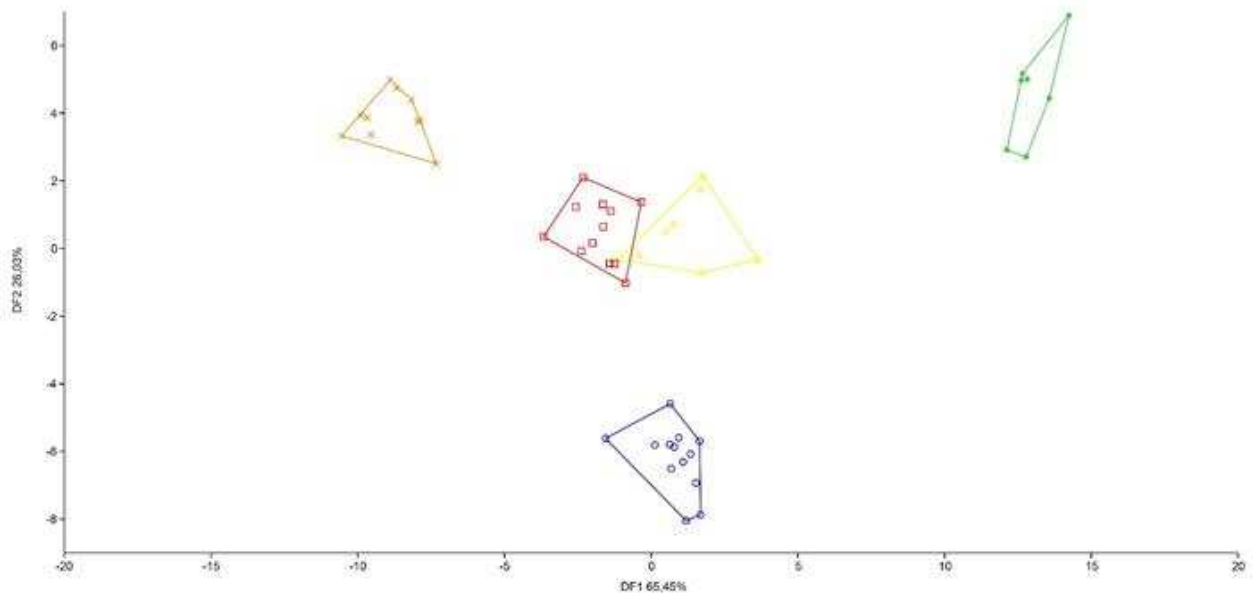
Os eixos de maior variação diferem ao longo do segundo componente principal (PC2) e indicam que também ocorre uma sobreposição entre as cinco espécies de *Rhipidomys* avaliadas. Entretanto é possível observar uma discriminação evidente no espaço multivariado dos indivíduos de *R. tribei*. Em menor grau de distinção devido a sobreposição de escores individuais, o mesmo pode ser observado para as populações de *Rhipidomys* sp.1 e *Rhipidomys* sp.2 (Figura 3).

Na Análise Discriminante Canônica (ADC), as duas primeiras variáveis explicam 65,45% e 26,03% respectivamente, da discriminação morfométrica craniana existente (Figura 4). As populações de *Rhipidomys tribei*, *R. sp.1* e *R. sp.2* ficaram completamente discriminadas no espaço morfométrico, enquanto *R. mastacalis* e *R. macrurus* apresentaram pequena sobreposição entre si. Comprimento da coroa da fileira molar (MRC), Comprimento da Fossa Temporal (TFL), Comprimento do Forame Incisivo (IFL), Altura Rostral (RH), foram os caracteres que mais contribuíram para a diferenciação das amostras em relação às demais (Figura 4). Os resultados obtidos na ADC corroboraram as análises descritivas e de variância, na indicação do menor tamanho para os indivíduos de

*R. tribei*, e os maiores para *R.sp.2*, seguido de *R. sp1*. As populações de *R. mastacalis* e *R. macrurus* ocuparam um espaço intermediário.



**Figura 3.** Análise do Componente Principais (PC1 e PC2) para diferentes populações de *Rhipidomys* provenientes dos Estados de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e Bahia. Os símbolos representam: triângulo amarelo *R. macrurus*; quadrado vermelho *R. mastacalis*; círculo azul *R. sp. 2*; asterisco verde *R. sp. 1* e a cruz marron *R. tribei*.



**Figura 4.** Análise Discriminante Canônica, representando os escores individuais das cinco espécies de *Rhipidomys* provenientes dos Estados de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e Bahia. Os símbolos representam: triângulo amarelo *R. macrurus*, quadrado vermelho *R. mastacalis*, círculo azul; *R. sp. 2*, asterisco verde *R. sp. 1* e a cruz marron *R. tribei*.

#### 4. DISCUSSÃO

As análises quantitativas realizadas neste estudo mostraram a existência de variação geográfica em caracteres morfométricos cranianos em populações do gênero *Rhipidomys* oriundos do estado de Minas Gerais. Os resultados das Análises Descritivas e do Componente Principal evidenciam diferenças de tamanhos entre as espécies analisadas de *Rhipidomys tribei*, as de menor tamanho, enquanto *Rhipidomys sp 1* e *Rhipidomys sp 2* são as maiores. *R. mastacalis* e *R. macrurus* encontram-se como formas de tamanho intermediário. Os resultados corroboram a semelhança morfológica entre *R. mastacalis* e *R. macrurus* do sudeste do Brasil citada por Costa *et al.* (2011).

A análise Discriminante Canônica, indicou três populações isoladas no espaço multivariado, aquelas atribuídas a *R. tribei*, *Rhipidomys sp 1* e *Rhipidomys sp 2*, daquelas de *R. mastacalis* e *R. macrurus*. Os resultados obtidos para *R. tribei* corroboram os descritos por Costa *et al.* (2011). A distinção morfológica com base em caracteres cranianos morfométricos de *R. sp.1* é confirmada, corroborando os resultados moleculares (mtDNA - CytB) proposto por Costa *et al.* (2011). Essa concordância de características moleculares e dados morfológicos é consistente com o conceito de espécies de McKittrick e Zink (1988). *Rhipidomys sp.2* se mostra aqui como uma possível nova identidade

taxonômica, separada significativamente de todos os grupos estudados. A pequena sobreposição encontrada em *R. mastacalis* (Lund 1840) e *R. macrurus* (Gervais 1855) difere dos dados encontrados no trabalho de Costa *et al.* (2011). Entretanto, este fato pode ser explicado pelo diferente número amostral dos táxons.

O padrão de variação craniana em *Rhipidomys* pode ser interpretado à luz do conhecimento da origem do gênero. Costa (2003) sugere uma divisão recente para o grupo, que ocorreu há cerca de 6 milhões anos atrás, e os eventos de diversificação para a maioria dos táxons no gênero ocorreu aproximadamente 3 milhões de anos atrás. Porém, Costa *et al.* (2011) em um estudo mais complexo, indicam uma origem mais recente do gênero *Rhipidomys*, com implicações importantes para a história evolutiva e biogeografia do grupo. Este espaço de tempo pode ser insuficiente para uma separação taxonômica destas populações geograficamente próximas (Costa *et al.* 2011).

Costa (2003) dispendo de dados moleculares de CytB entre cinco espécies do gênero, inferiu relações filogeográficas, e identificou a existência de pelo menos dois clados distintos no leste do Brasil: um ao norte e outro ao sul da Mata Atlântica. Porém, estes clados não são próximos entre si, visto que as populações do Norte são grupo-irmão dos espécimes de Cerrado e o clado do Sul é grupo-irmão dos espécimes da Amazônia. Esse padrão de quebra dentro da Mata Atlântica foi observado em diversos trabalhos com mamíferos (Costa *et al.* 2003; Gomes 2008; Coutinho 2008; Nogueira & Fagundes 2008). Inclusive, Thomazini (2009), sugere que o Rio Jequitinhonha funcione como uma possível barreira vicariante na Mata Atlântica.

Os domínios morfoclimáticos da Amazônia e da Mata Atlântica na América do Sul (Ab'Saber 1977) correspondem às mais diversas florestas tropicais do mundo. Entre essas duas áreas florestadas encontram-se as áreas abertas da Caatinga e o Cerrado. Embora, as florestas Amazônica e Atlântica pareçam atualmente isoladas, os mapas da vegetação mostram uma série de fragmentos florestais e matas de galerias constituindo uma rede de conexão através das paisagens abertas (Oliveira-Filho & Ratter 1995; Vivo 1997). Rizzini (1963) e Andrade-Lima (1964) referem-se a uma rota de migração através de um corredor

florestal que atravessava a Caatinga em certos períodos, desde o final do Terciário. Os brejos que existem atualmente na região semiárida seria de fato relíquias de um cobertura florestal antiga e mais ampla (Andrade-Lima 1982), que funcionaria como um corredor florestal contínuo ou como uma série de trechos florestais (Oliveira-Filho & Ratter 1995). Vivo (1997) indica a existência de uma floresta capaz de suportar mamíferos arbóreos típicos de uma floresta tropical, na área atualmente ocupada pela Caatinga, conectando as florestas tropicais da Amazônia Oriental e a Mata Atlântica.

Apesar do gênero *Rhipidomys* se destacar pela associação a habitats florestais, as espécies não habitam exclusivamente estes ambientes. Um exemplo é o *Rhipidomys cariri* Tribe 2005, espécie endêmica dos brejos nordestinos, na região da Caatinga. Esta espécie está intimamente relacionada a *Rhipidomys sp.1* dentro da relação filogenética proposto por Costa *et al.* (2011), cujos exemplares foram encontrados em habitats florestais no Cerrado ou em porções semidecíduas da Mata Atlântica. Este caso ilustra o isolamento destes habitats florestais e ambientes secos no Nordeste e no centro do Brasil, reafirmando aspectos importantes da história evolutiva destas espécies (Costa 2003; Santos *et al.* 2007).

Posto isso, as hipóteses de relações filogenéticas entre as espécies que atualmente ocorrem nos brejos nordestinos: *R. mastacalis*, *R. macrurus*, *R. cariri* e *Rhipidomys sp.1* devem ser avaliados com amostras mais representativas de cada região. Alterações subsequentes na população podem ser resultado do isolamento e/ou do contato secundário destas populações em zonas de transição causando sobreposição de linhagens (Lessa 2005).

A complexidade taxonômica do gênero pode ser ainda observada nos estudos de exemplares do Nordeste brasileiro. Tribe (2005) dividiu *R. cariri* em 2 subespécies. As subespécies consiste em *Rhipidomys cariri baturiteensis*, respectivamente, de Cariri e Baturité e *Rhipidomys cearanus* correspondem a um grupo descrito por Thomas (1910) de espécimes de *Rhipidomys* de São Benedito e Guaraciaba no oeste do Ceará. No entanto, Tribe (1996) considerou *R. cearanus* sinônimo de *R. macrurus* baseado em análises morfométricas e possíveis genes fluem através das florestas tropicais do Ceará e florestas semi-

decíduas do Piauí entre o centro e o nordeste do Brasil. Entretanto, amostras de populações de *R. macrurus* de ambas as localidades, Guaraciaba e São Benedito, mostram caracteres morfológicos externos e características cranianas diferentes dos da amostra de *R. macrurus* do Sudeste e Centro do Brasil. Fortes evidências sugerem que as populações do nordeste brasileiro devem ser melhor avaliadas. Costa *et al.* (2011) sugere restaurar *R. cearanus* como uma espécie válida e elevar as subespécies de *R. cariri* ao nível de espécies. O *status* específico de *R. cearanus*, *R. c. cariri* e *R. c. baturiteensis* ainda deve ser mais avaliado.

*R. macrurus* foi sinônimo de *R. mastacalis* (Cabrera 1961; Musser & Carleton 1993) até Tribe (1996) considerar as duas como entidades taxonômicas distintas. O autor se baseou principalmente em dados citogenéticos, separando-as de acordo com o número de braços autossômicos (NF), em um valor alto (*R. mastacalis*) e baixo (*R. macrurus*) (Zanchin *et al.* 1992; Svartman & Almeida 1993). Trabalhos filogeográficos subsequentes sugerem que *R. macrurus* como entendido por Tribe (1996) é, no Brasil Central, um composto de várias espécies (Costa 2003; Costa 2007; Rocha *et al.* 2011). Isto se mostra evidente nos resultados obtidos neste estudo onde as duas espécies não foram completamente separadas no espaço multivariado discriminante. Este resultado também vai de encontro com Costa *et al.* (2011) que indicam uma grande similaridade morfológica entre as espécies no gênero, especialmente entre *R. mastacalis* e *R. macrurus* do sudeste do Brasil.

Tribe (1996), responsável pela primeira revisão sistemática de *Rhipidomys* ressalta a importância do uso de dados integrativos, como estudos morfológicos, citogenéticos e moleculares para gerarem informações mais precisas sobre as relações filogenéticas e o limite das espécies de *Rhipidomys*. Quando associadas a distribuições geográficas, essas informações nos permitem entender processos de diversificação, construir relações de padrões filogenéticos e testar hipóteses explícitas da história biogeográfica (Smith & Patton 1993). Existe uma necessidade de ter amostras mais representativas de *Rhipidomys* do Sudeste e Nordeste do Brasil para aprimorar o conhecimento sobre o posicionamento filogenético das espécies no grupo, variação morfológica e os limites de distribuição.

## 5. AGRADECIMENTOS

Os autores gostariam de agradecer aos responsáveis pelos acervos do Museu de Zoologia João (MZUFV) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, e do Departamento de Zoologia da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, pela disponibilidade do material e apoio durante os trabalhos nas respectivas coleções de mamíferos. Em especial os pesquisadores do Laboratório de Mastozologia - UFV pela assistência para o trabalho final, à Pollyanna Alves pela ajuda com o mapa. Ao apoio financeiro “Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais” (FAPEMIG). A todos os *Rhipidomys* que cederam a vida para a viabilidade da pesquisa.

## 6. REFERÊNCIAS

Ab'Saber, A. N., & AB'SABER, A. N (1977). Os domínios morfoclimáticos na América do Sul. *Primeira aproximação*, 52:1-21.

Andrade-Lima, D. D. (1964). Contribuição à dinâmica da flora do Brasil. *Arquivo Instituto Ciência da Terra*, 2, 15-20.

Andrade-Lima, D. D. (1982). Present-day forest refuges in northeastern Brazil. *Biological diversification in the tropics*, 245, 251.

Cabrera, A. (1961). Catálogo de los mamíferos de América del Sur. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”*, 4:309–732.

Carleton, M. D., & Musser, G. G. (1989). Systematic studies of oryzomyine rodents (Muridae, Sigmodontinae): a synopsis of *Microryzomys*. *Bulletin of the AMNH*; no. 191.

Costa, L. P. (2003). The historical bridge between the Amazon and the Atlantic Forest of Brazil: a study of molecular phylogeography with small mammals. *Journal of Biogeography*, 30(1), 71-86.

Costa, B. M. A. (2007). Sistemática de *Rhipidomys* (Mammalia: Rodentia) do leste do Brasil. *Universidade Federal do Espírito Santo Masters Thesis, Vitória, Brazil*, 72.

Costa, B. M., Geise, L., Pereira, L. G., & Costa, L. P. (2011). Phylogeography of *Rhipidomys* (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) and description of two new species from southeastern Brazil. *Journal of Mammalogy*, 92(5), 945-962.

Coutinho, L. C. (2008). Diversificação de populações em um gradiente latitudinal da Mata Atlântica: evidências de rios atuando como barreiras geográficas em *Oligoryzomys nigripes* (Rodentia, Cricetidae). Monografia de graduação. *Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória, ES*.

Gomes, J. A. S. (2008). Sistemática molecular de *Thaptomys nigrita*. Dissertação de Mestrado, *Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória, ES*.

Hammer, Ø., & Harper, D. A. (2008). Paleontological data analysis. *John Wiley & Sons*. 368p.

Lessa, G., Gonçalves, P. R., & Pessoa, L. M. (2005). Variação geográfica em caracteres cranianos quantitativos de *Kerodon rupestris* (Wied, 1820) (Rodentia, Caviidae). *Arquivos do Museu Nacional*, 63(1), 75-88.

Manly, B. F., & Alberto, J. A. N. (2016). Multivariate statistical methods: a primer. 2nd Edition. *London Chapman and Hall*.

McKittrick, M. C., & Zink, R. M. (1988). Species concepts in ornithology. *The Condor*, 90(1), 1-14.

Musser, G. G., & Carleton, M. D. (1993). Mammal species of the world, 2d ed. *Washington and London: Smithsonian Institution Press*.

- Musser G.G., & Carleton M.D. (2005). Family Muridae. Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference. 2ed, *Smithsonian Press, Washington*.
- Neff, N.A. & Marcus, L.F., 1980. A Survey of Multivariate Methods for Systematics. *New York: Publicação privada*. 230p.
- Nogueira, C. D., & Fagundes, V. (2008). *Akodon cursor* Winge, 1887 (Rodentia: Sigmodontinae): one or two species? New evidences based on molecular data. *Zootaxa*, 1768(1), 41-51.
- Oliveira-Filho, A. T., & Ratter, J. A. (1995). A study of the origin of central Brazilian forests by the analysis of plant species distribution patterns. *Edinburgh journal of botany*, 52(2), 141-194.
- Pacheco, V. R. (2003). Phylogenetic analyses of the Thomasomyini (Muroidea: Sigmodontinae) based on morphological data. *Ph.D. dissertation, City University of New York*.
- Patton, J. L., Pardiñas, U. F., & D'Elfa, G. (Eds.). (2015). Mammals of South America, volume 2: rodents. *University of Chicago Press*.
- Reig, O. A. (1977). A proposed unified nomenclature for the enamelled components of the molar teeth of the Cricetidae (Rodentia). *Journal of Zoology*, 181(2), 227-241.
- Rizzini, C. T. (1963). Nota prévia sobre a divisão fitogeográfica do Brasil. *Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, Conselho Nacional de Geografia*.
- Rocha, R. G., Ferreira, E., Costa, B., Martins, I., Leite, Y. L., Costa, L. P., & Fonseca, C. (2011). Small mammals of the mid-Araguaia River in central Brazil, with the description of a new species of climbing rat. *Zootaxa*, 2789(1), 1-34.

Royston, J. P. (1982). An extension of Shapiro and Wilk's *W* test for normality to large samples. *Journal of the Royal Statistical Society: Series C (Applied Statistics)*, 31(2), 115-124.

Santos, A. M., Cavalcanti, D. R., Silva, J. M. C. D., & Taberelli, M. (2007). Biogeographical relationships among tropical forests in north-eastern Brazil. *Journal of Biogeography*, 34(3), 437-446.

Shapiro, S. S., & Wilk, M. B. (1965). An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika*, 52(3/4), 591-611.

Smith, M. F., & Patton, J. L. (1993). The diversification of South American murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data for the akodontine tribe. *Biological Journal of the Linnean Society*, 50(3), 149-177.

Strauss, R. E. (1985). Evolutionary allometry and variation in body form in the South American catfish genus *Corydoras* (Callichthyidae). *Systematic Zoology*, 34(4), 381-396.

Svartman, M., & de Almeida, E. J. C. (1993). Pericentric inversion and X chromosome polymorphism in *Rhipidomys* sp. (Cricetidae, Rodentia) from Brazil. *Caryologia*, 46(2-3), 219-225.

Thomazini, N. B. (2009). *Correlação entre estrutura cariotípica e filogenia molecular em Rhipidomys (Cricetidae, Rodentia) do leste do Brasil* (Doctoral dissertation, Master's Dissertation, Universidade Federal do Espírito Santo, Brazil, 95 pp. [In Portuguese]).

Tribe, C. J. (1996). The neotropical rodent genus 'Rhipidomys'(Cricetidae: Sigmodontinae): a taxonomic revision. *Doctoral dissertation, University College London, University of London*.

Tribe, C. J. (2005). A new species of *Rhipidomys* (Rodentia, Muroidea) from north-eastern Brazil. *Arquivos do Museu Nacional, Rio de Janeiro*, 63(1), 131-146.

Vivo, M. D. (1997). Mammalian evidence of historical ecological change in the Caatinga semiarid vegetation of northeastern Brazil. *Journal of Comparative Biology*, 2(1), 65-73.

Voss, R. S. (1993). A revision of the Brazilian muroid rodent genus *Delomys*: with remarks on "thomasomyine" characters. *American Museum novitates*; no. 3073, 1-44.

Weksler, M., Percequillo, A. R., & Voss, R. S. (2006). Ten new genera of oryzomyine rodents (Cricetidae: Sigmodontinae). *American Museum Novitates*, 2006(3537), 1-29.

Zanchin, N. I., Langguth, A., & Mattevi, M. S. (1992). Karyotypes of Brazilian species of *Rhipidomys* (Rodentia, Cricetidae). *Journal of Mammalogy*, 73(1), 120-122.

## APÊNDICE I:

Espécimes de *Rhipidomys* amostrados. As localidades de coleta dos espécimes estão numeradas no mapa, e correspondem aos números em negrito (Figura 1). Países e os estados estão listados em letras maiúsculas em negrito, seguidos pelos municípios, localidades específicas, latitude e longitude e altitude (quando possível). Números de identificação específicos, números de museus, estão listados em parênteses. O parátipo examinado está marcado com o símbolo (\*).

*Rhipidomys macrurus*.— **BRASIL, MINAS GERAIS: 1.** Lassance: Fazenda São Francisco, 17°53'12"S, 44°34'39"W (UFMG 2351, 1703); **2.** Nova Ponte: Mata do Edésio, 8 km NW Nova Ponte, 19°07'50"S, 47°44'22"W [854 m] (UFMG 2943); **3.** Mata do Vasco, 12 km W Nova Ponte, 19°10'15"S, 47°42'29"W, 878 m (UFMG 1936, 2944); **4.** Pedrinópolis: Fazenda Cafundó, 13 km NE Nova

Ponte, 19°07'20"S, 47°33'45"W [850 m] (UFMG 1776); **5.** Perdizes: Mata Ciliar do João Alonso, 19°21'10"S, 47°17'34"W (UFMG 1775); **MATO GROSSO DO SUL: 15.** Ponta Porã: Fazenda Maringá; 54 km W Dourados, 22°16'47"S, 55°18'36"W, 427 m (UFMG 2945).

*Rhipidomys mastacalis*. — **BRASIL, BAHIA: 16.** Fazenda Jueirana, 15°12'23"S, 39°09'57"W (UFMG 2040, 2041); **17.** Fazenda Bolandeira; 10 km S Una, 15°21'S, 39°00'W (UFMG 2236, 2931, 2933); **MINAS GERAIS: 6.** Jequitinhonha: Torre da Telemig, 16°21'00"S, 41°05'00"W [1,050 m] (UFMG1460); **7.** Leme do Prado: Estação Ecológica de Acauã; 17 km N Turmalina, 17°08'00"S, 42°46'00"W, 800 m (UFMG 2930); **8.** Diamantina: Mineração Tejucana, 18°14'58"S, 43°36'01"W (UFMG 1605); **9.** São Gonçalo do Rio Preto: Parque Estadual do Rio Preto; 15 km S São Gonçalo do Rio Preto, 18°09'00"S, 43°23'00"W, 950 m (UFMG 2925–2928); **10.** Brumadinho: Área de Proteção Especial do Rio Manso, 20°08'36"S, 44°11'59"W (UFMG 1649, 1657).

*Rhipidomys tribei*. — **BRASIL, MINAS GERAIS: 11.** Viçosa: Estação de Pesquisa, Treinamento e Educação Ambiental (EPTEA) Mata do Paraíso, 6 Km da Universidade Federal de Viçosa, 20°48'08.0"S, 42°51'31.0"W (MZUFV 4488, 4489, 4490, 4491, 4493, 4494, 4495, 3674, 2786, 388\*)

*Rhipidomys sp1*. — **BRASIL, BAHIA: 18.** Andaraí: Fazenda Santa Rita; 8 km E Andaraí, 12°48'06"S, 41°15'41"W [399 m] (UFMG 2935–2938); **MINAS GERAIS: 12.** Coronel Murta: Ponte do Colatino; margem esquerda do Rio Jequitinhonha, 16°36'S, 42°12'W (UFMG 2934); **13.** Bocaiúva: Fazenda Corredor, 17°23'20"S, 45°53'43"W (UFMG 2463, 2465).

*Rhipidomys sp2*. — **BRASIL, MINAS GERAIS: 14.** Pandeiros, 15°29'15" S, 44°21'40" W: (MZUFV 2718, 2743, 2742, 2701, 2700, 2702, 3493, 2725, 2724, 2562, 2723, 2942, 2563)