Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" Centro de Energia Nuclear na Agricultura

Variação geográfica de *Hylaeamys yunganus* (Thomas, 1902) na América do Sul (Rodentia: Sigmodontinae)

Claudia Renata Jorge Rodrigues

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Ecologia Aplicada

Piracicaba 2011 Claudia Renata Jorge Rodrigues Bacharel em Ciências Biológicas

Variação geográfica e filogeografia de *Hylaeamys yunganus* (Thomas, 1902) (Rodentia: Sigmodontinae)

Orientador: Prof. Dr. ALEXANDRE REIS PERCEQUILLO

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Ecologia Aplicada

Piracicaba 2011

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP

Rodrigues, Claudia Renata Jorge

Variação geográfica de *Hylaeamys yunganus* (Thomas, 1902) na América do Sul (Rodentia: Sigmodontinae) / Claudia Renata Jorge Rodrigues. - - Piracicaba, 2011. 129 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Centro de Energia Nuclear na Agricultura, 2011.

1. Amazônia 2. Biogeografia 3. Filogenia 4. Florestas tropicais 5. Morfometria 6. Populações animais 7. Rodentia I. Título

CDD 599.323 R696v

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

"Aos meus pais que são o meu maior exemplo de vida e ao meu grande amor Thiago que sempre esteve ao meu lado."

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela proteção em todos os momentos.

Ao Prof. Dr. Alexandre Reis Percequillo por me transmitir seu conhecimento sobre roedores e também pelo incentivo, orientação, apoio e amizade.

Ao meu marido, Thiago Simon Marques (Salmão), por estar sempre ao meu lado, me ajudando, apoiando em todas as dificuldades e vitórias. Agradeço também pelo amor incondicional e por me ajudar a muito neste trabalho.

À toda a minha família, incluindo meus pais (Jorge e Guida), pelo amor sincero e apoio em todos os momentos; e meus irmãos (Neto e Gui) e demais familiares por me ensinarem a lutar pelos meus ideais e por me apoiarem sempre nas alegrias e nas dificuldades.

Aos meus grandes amigos, incluindo minhas irmãs da República Balaio, a 100-Talento, o Napster, o Fuda, a Dani, a Samia, o Tokia, a Viviane, pelo amor dedicado à mim e apoio sempre durante este dois anos.

Aos meus colegas do laboratório de Mamíferos/ESALQ-USP: Eli, Napster, Saldanha, Kop, Gaúcho, Pam, 100-Talento entre outros, pela ajuda no desenvolvimento do trabalho e amizade.

Aos curadores das coleções pelo espaço cedido e auxílio durante as minhas visitas aos museus.

À prof(a). Tsai por ceder a estrutura do Laboratório de Biologia Celular e Molecular para a realização das análises moleculares e também ao Elias e o Tokia que sempre me ajudaram neste processo.

Às demais pessoas, cuja ajuda foi essencial para a realização deste trabalho; Viviane, obrigada pela ajuda com as análises das moléculas e 100, obrigada por me ajudar com a edição das imagens.

À Fapesp pela bolsa de mestrado.

À Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP) pela estrutura concedida.

Às pessoas que neste momento não estão mais aqui entre nós, eu agradeço, pois foram pessoas que sempre acreditaram muito em mim.

Às demais pessoas que me auxiliaram no desenvolvimento deste projeto.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	
1 INTRODUÇÃO	
1.1 Variação geográfica e sistemática	
1.2 Hylaeamys yunganus	
1.3 Objetivos	
2 DESENVOLVIMENTO	
2.1 Material e Métodos	
2.1.1 Amostragem	19
2.1.2 Localidades de coleta e agrupamentos	20
2.1.3 Variação não geográfica	20
2.1.4 Variáveis corpóreas e crânio-dentárias	21
2.1.5 Obtenção das seqüências de DNA	22
2.1.6 Análise de dados	23
2.1.6.1 Variação não geográfica	
2.1.6.2 Variação geográfica	
2.1.6.3 Análise filogeográfica	
2.2 Resultados e Discussão	
2.2.1 Amostras e agrupamentos	25
2.2.2 Teste de normalidade	25
2.2.3 Variação não-geográfica	
2.2.3.1 Variação sexual	
2.2.3.2 Variação etária	
2.2.4 Variação geográfica	
2.2.4.1 Abordagem univariada	
2.2.4.2 Abordagem multivariada	
2.2.4.2 Abordagem filogenética	
2.2.4.3 Resumo da variação	
3 CONSIDERAÇÕES FINAIS	43

REFERÊNCIAS	
APÊNDICES	
ANEXOS	62
ANEAUS	

RESUMO

Variação geográfica e filogeografia de *Hylaeamys yunganus* (Thomas, 1902) (Rodentia: Sigmodontinae)

Hylaeamys yunganus, é um roedor da tribo Oryzomyini que apresenta amostras distribuídas ao longo das florestas tropicais da Amazônia e ocupa um amplo gradiente altitudinal, que se estende do nível do mar até altitudes ao redor de 2000m. Informações disponíveis na literatura sugerem que as populações de H. yunganus da Venezuela, Colômbia, Equador, Peru e oeste do Brasil apresentam grande tamanho corpóreo, enquanto que é característico das populações da Guiana Francesa, Guyana, Suriname e ao longo da região leste da Bacia Amazônica, um tamanho menor. Dentro deste contexto, considerando novas amostras disponíveis e novas abordagens metodológicas (morfológicas quantitativas e moleculares), o presente estudo buscou avaliar as diferenças entre as populações do leste e oeste de H. yunganus. Além disso, buscou verificar a existência de similaridade morfológica entre as populações da Amazônia oriental e da Amazônia ocidental com populações simpátricas de H. megacephalus e H. perenensis, respectivamente. Localidades geográficas próximas foram agrupadas com o propósito de obter amostras mais robustas para as análises estatísticas. As análises morfométricas e morfológicas foram conduzidas em indivíduos adultos de acordo com o desgaste dos molares e de ambos os sexos. Os caracteres morfométricos consistiram em 17 crânio-dentárias. As normalidades foram testadas uni e multivariadamente utilizando os testes de Kolmogorov-Smirnov e Kurtose de Mardia, respectivamente. As análises de variação geográfica basearam-se em diagramas Dice-Leraas, Análises de Componentes Principais e Análises Discriminantes. Utilizando um fragmento de 414 pb do gene mitocondrial do citocromo b foram realizadas árvores filogenéticas pelos métodos de Neighbour-Joining e Bayesiana. Foi também conduzida uma análise da rede de haplótipos para reconhecer os agrupamentos dos haplótipos na espécie. Ao longo da distribuição da espécie foram encontrados padrões de divergência baseados em dados morfológicos (nas análises uni e multivariadas). As populações do leste são menores em diversas dimensões cranianas que os indivíduos da porção oeste da distribuição. As análises moleculares revelam uma congruência parcial com as análises morfológicas: os indivíduos da porção oeste são mais próximos entre si e formam um clado divergente dos indivíduos do leste. A diferença existente é que o clado leste, tem a presença de espécimes de Potaro e Barima-Waini (Guiana), localidades que apresentam diferenças morfológicas tanto com o grupo leste como oeste, dependendo da análise estatística. Concluiu-se que existe variação geográfica em H. yunganus ao longo da distribuição na Amazônia, porém de forma gradual e não abrupta, entre as populações do leste e do oeste da Amazônia.

Palavras-chave: Biogeografia; América do Sul; Gene mitocondrial

ABSTRACT

Geographic variation and phylogeography of *Hylaeamys yunganus* (Thomas, 1902) (Rodentia: Sigmodontinae)

Hylaeamys yunganus is a rodent of the Oryzomyini tribe presenting samples distributed through the Amazon rainforests and occupies a wide altitudinal gradient, which extends from sea level up to ca. 2,000m. Information available in the literature suggests that populations of H. yunganus from Venezuela, Colombia, Ecuador, Peru and western Brazil have large body size, whereas populations from French Guiana, Guyana, Suriname and the eastern Amazon Basin have a smaller size. Within this context, considering new samples available and new methodological approaches (quantitative morphological and molecular), this study evaluated the differences between the eastern and western populations of *H. yunganus*. In addition, investigates the existence of morphological similarity between the populations of the eastern Amazon and the western Amazon with sympatric populations of *H. megacephalus* and *H. perenensis*, respectively. Close geographic locations were grouped in order to obtain samples for more robust statistical analysis. The morphometric and morphological analysis were conducted in adults according to the molar wear in both sexes. The morphometric characters consisted of 17 cranio-dental measurements. The normality was tested using univariate and multivariate tests of Kolmogorov-Smirnov and Mardi kurtosis, respectively. Geographic variation analysis was based on Dice-Leraas diagrams, Principal Components Analysis and Discriminant Analysis. Using a fragment of 414 bp of the mitochondrial cytochrome b gene were performed phylogenetic trees by the Neighbour-Joining and Bayesian methods. It was also conducted a haplotype network analysis in order to recognize groups of haplotypes in the species. Through the species distribuition divergent patterns were found in morphology (uni and multivariate analyses). The eastern populations presented smaller cranial dimentions than the western ones. The molecular analyses revealed partial congruence with this pattern. The western samples are close to each other forming a separated group from the eastern samples. The eastern clade has samples from Potaro and Barima-Waini (Guyana) that present mophological differences with the eastern group as well as with the western one, depending on the statistical analysis. In short, H. yunganus presents geographical variation through its distribution in a gradual pattern between the eastern and the western Amazon.

Keywords: Biogeography; South America; Mitochondrial gene

1 INTRODUÇÃO

1.1 Variação geográfica e sistemática

Populações de uma espécie podem se encontrar segregadas espacialmente, e em geral, estas podem apresentar divergências e descontinuidades (p.ex., morfológicas, citogenéticas, moleculares, comportamentais), o que se pode chamar de variação geográfica (MAYR, 1977). As espécies dentre as suas características, podem apresentar divergências e essas são mecanismos potencialmente isoladores que reforçam a descontinuidade entre populações. A variação geográfica é capaz de produzir os dois componentes da especiação: o desenvolvimento dessas divergências e o estabelecimento da descontinuidade entre as formas divergentes. Esse fenômeno da especiação não é abrupto, mas gradual e contínuo, e podemos encontrar na natureza todos os seus níveis (MAYR, 1964).

Desta forma, nem todas as populações se distribuem de forma contígua, com fluxo gênico; algumas populações de uma espécie são independentes de outras, pois estão isoladas geograficamente e assim não trocam genes (MAYR, 1977). Esse isolamento geográfico surge, pois a área ecologicamente favorável a uma espécie muda ao longo do tempo: ela pode diminuir ou aumentar em tamanho, ou passar por um processo de fragmentação, seja natural ou artificial. Estas alterações podem ocorrer em função de eventos geológicos ou mudanças climáticas (ou atualmente, em função de alterações antrópicas na paisagem) que limitam o território da população em questão, promovendo o isolamento (VANZOLINI, 1970). Contudo, os padrões de variação ao longo da geografia ocorrem de forma diferenciada ao longo dos táxons, sugerindo assim que diferentes processos e/ou eventos históricos afetam a diversidade dentro de cada linhagem (COSTA, 2003).

Nesse sentido, o estudo da variação geográfica é fundamental à identificação e reconhecimento de padrões e processos evolutivos, desde a detecção de descontinuidades entre populações e o reconhecimento de espécies até a compreensão da história biogeográfica das populações e espécies (ENDLER, 1977). Gould e Johnston (1972) ressaltam também a importância do estudo da variação geográfica, pois esta representa um dos fundamentos mais importantes para a formação da teoria evolutiva. O hábitat ocupado e as grandes áreas geográficas fornecem grandes possibilidades para testar as divergências morfológicas e moleculares resultantes dos isolamentos temporais e geográficos (DAITCH; GURALNICK, 2007).

Todo estudo de variação geográfica deve ter seu início e sua base maior com a utilização de marcadores morfológicos, onde são verificadas diferenças entre as populações. (VANZOLINI, 1970). Para estudar mais detalhadamente a taxonomia e sistemática é possível utilizar além dos marcadores morfológicos, os marcadores moleculares (PATTON; SILVA; MALCON, 2000). A fim de unir essas informações provenientes de dados morfológicos e moleculares é possível utilizar ferramentas, como a filogeografia, onde os genes do DNA mitocondrial fornecem informações importantes por apresentarem alta taxa de mutação (AVISE, 2000; AVISE et al., 1987; MATIOLI; PASSOS-BUENO, 2001).

A filogeografia estuda os princípios e processos que governam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas, especialmente entre e dentro de espécies estritamente relacionadas e, consequentemente, seu objetivo é caracterizar a organização filogenética dessas linhagens através do cenário geográfico (ARBOGAST; KENAGY, 2001; AVISE, 2000; AVISE et al., 1987).

Miranda et al. (2007) encontraram estruturação geográfica ao longo da distribuição de *H. megacephalus* na América do Sul utilizando dados moleculares do gene mitocondrial citocromo *b* e o gene nuclear IRBP; e Jorge-Rodrigues (2008) encontrou divergências entre as populações ao longo da geografia para essa mesma espécie utilizando dados morfológicos. Assim, fica evidenciado a importância de união de dados morfométricos e moleculares para verificar divergências ao longo da distribuição geográfica da espécie em questão.

Na última década, diversos estudos têm sido conduzidos com a utilização de marcadores morfológicos e moleculares a fim de verificar de forma mais abrangente a existência de variação geográfica nas populações de uma mesma espécie ao longo da distribuição geográfica (BONVICINO et al., 2009; COSTA, 2003; MOREIRA; OLIVEIRA, 2011; PATTON; SILVA; MALCOLM, 2000; WESKLER, 2006; WEKSLER; PERCEQUILLO; VOSS, 2006; PERCEQUILLO; WEKSLER; COSTA, 2011).

1.2 Hylaeamys yunganus

Thomas (1902) descreveu *Hylaeamys yunganus*, baseado em espécimes coletados na região de Yungas na Bolívia, e afirmou a proximidade entre esta espécie e *H. perenensis*. Gyldenstolpe (1932) e Tate (1932) em seus respectivos estudos citaram *H. yunganus* e afirmaram seu parentesco com *H. perenensis*. Já Cabrera (1961), colocou *H. yunganus* como subespécie de *Oryzomys capito*.

Em 1976, Gardner e Patton, descreveram o cariótipo da espécie *Hylaeamys yunganus*, baseado em cinco espécimes do Peru, dois coletados em San José no rio Santa Rosa em Ayacucho e três coletados em Balta no departamento de Loreto. Neste estudo, houve uma variação de 2n=58 à 2n=60 cromossomos no cariótipo.

Em Musser e Carleton (1993, 2005), *H. yunganus* volta a ser classificada como uma espécie válida e plena. Musser et al. (1998) afirma *H. yunganus* também como uma espécie válida, apesar de ter encontrado diferenças ao longo da geografia da espécie.

Volobouev e Aniskin (2000) estudaram também o cariótipo de *H. yunganus*, sendo que foi verificada neste estudo uma variação de 2n=58 a 2n=62 cromossomos, e esses autores afirmaram também, que a espécie junto com *H. megacephalus* e *H. laticeps* forma um grupo monofilético em relação ao número de cromossomos. Em 2000, Andrades-Miranda et al. estudaram um espécime de *H. yunganus* coletado na Níquelândia em Goiás-BR e encontraram resultados parecidos com Gardner e Patton (1976) em relação ao cariótipo de *H. yunganus*, com 2n=60.

H. yunganus é uma espécie que apresenta o corpo de tamanho moderado, com cauda de tamanho geralmente igual ao corpo; partes superiores cobertas por densos e aveludados pêlos avermelhados escuros, partes inferiores do corpo acinzentadas, com presença de um anel largo e escuro em volta de cada olho; a cauda geralmente é bicolor e quase totalmente despida, finamente escamosa; as superfícies dorsais das patas anteriores e posteriores esbranquiçadas, garras cobertas de forma esparsa por tufos e a superfície plantar com a redução da almofada hipotênar, que pode estar ausente em alguns indivíduos. As vibrissas presentes são as superciliares, genais e misticiais, não sendo excepcionalmente longas, estendendo-se somente até a orelha (MUSSER et al., 1998; THOMAS, 1902).

A distribuição geográfica conhecida de *H. yunganus* é parcialmente coincidente com *H. megacephalus* em especial na porção oriental da Floresta Amazônica, e também com *H. perenensis* na porção da Amazônia ocidental. *H. yunganus* apresenta distribuição ao longo das florestas tropicais da Amazônia e ocupa um amplo gradiente altitudinal dentro da Amazônia, desde o nível do mar até altitudes ao redor de 2000m. Limites longitudinais se estendem dos Andes Equatorianos, em Zamora (longitude 78°58'W), leste do Brasil no Macapá (longitude 51°05'W) no norte do delta do Amapá do Rio Amazonas/Solimões, até na Serra do Roncador (longitude 51°46'W) no Mato Grosso, sul do Rio Amazonas. Limites latitudinais são definidos

por Santa Cruz (latitude 07°40'N) no norte da Guyana, e perto de Cerro Amboró (latitude 17°45'S) em Santa Cruz, Bolívia. *H. yunganus* está presente principalmente em florestas tropicais úmidas, mas também são encontrados em habitats alterados pela presença humana (MUSSER et al., 1998).

Embora apresentem extensa simpatria na bacia Amazônica, Voss, Lund e Simmons (2001) perceberam que *H. yunganus* é mais freqüentes em hábitats úmidos de floresta primária, em comparação com *H. megacephalus*. Estas duas espécies apresentam muitas similaridades na configuração do crânio, porém diferenças absolutas e proporcionais existem. Musser et al. (1998) perceberam que o tamanho geral do crânio não é um discriminante confiável entre *H. yunganus* e *H. megacephalus* em muitas regiões onde elas ocorrem simpatricamente. Apesar disso, a combinação de uma placa zigomática mais larga e um forâmen incisivo mais longo e estreito em *H. yunganus* oferece um melhor critério para diferenciar estas duas espécies, assim como a presença de duas ilhas de esmaltes no segundo molar superior em espécimes de *H. yunganus* (MUSSER et al., 1998; PATTON; SILVA; MALCON, 2000). Já Patton, Silva e Malcon (2000) afirmam que *H. yunganus* apresenta características cranianas e externas muito parecidas com *H. perenensis*, embora Thomas já houvesse afirmado em 1902 que o crânio de *H. yunganus* é mais curtos que *H. perenensis*.

Estudando as populações de *H. yunganus* Musser et al. (1998), encontraram que nas populações da Venezuela, Colômbia, Equador, Peru e oeste do Brasil exibem maior tamanho corpóreo e craniano, enquanto que é característico das populações da Guiana Francesa, Guyana, Suriname e ao longo da região leste da Bacia Amazônica um tamanho menor (PATTON; SILVA; MALCON, 2000). Por exemplo, a amplitude de variação no comprimento da série molar encontrada por Musser et al. (1998: tabela 7) para as populações do leste da Bacia Amazônica (4.3–4.6 mm) não se sobrepõe àquela encontrada nas populações do oeste da Bacia Amazônica (4.8–5.6mm). Dessa forma, Musser et al. (1998), usando medidas cranianas e dos molares como fator de distinção, encontraram que os dois conjuntos de espécimes de *H. yunganus* do norte da Amazônia apresentam aspectos de diferentes espécies. Para determinar a significância biológica das diferenças morfológicas entre as regiões, novas análises poderiam determinar se o grupo amazônico ocidental de tamanho corpóreo maior está restrito à porção oeste da Bacia Amazônica e se as populações de tamanho corpóreo pequeno da porção oriental estariam confinadas às

florestas do leste ou se as duas aparentes classes de tamanho na verdade formam um gradiente em algum local entre estas duas regiões. Esse conhecimento da variação geográfica intraespecífica de *H. yunganus*, poderia fornecer componentes históricos acerca da diversificação dessa espécie.

Nos estudos de Emmons e Patton (2005) e Patton, Silva e Malcom (2000), foi evidenciado uma pequena estruturação geográfica ao longo da distribuição de *H. yunganus*, onde as populações do Rio Juruá estão mais proximamente relacionadas entre si e o mesmo acontece com as populações do Suriname. Porém estes estudos, por disporem de apenas poucas amostras, não tiveram por objetivo avaliar a filogeografia de *H. yunganus* e são, em geral inconclusivos quanto a este aspecto.

Desta forma, dentro deste contexto, o presente estudo avaliou utilizando marcadores morfológicos e moleculares se há diferenças geográficas consistentes entre as populações de *H. yunganus,* ou seja, detalhar se há ou não variação geográfica ao longo da distribuição geográfica deste táxon.

1.3 Objetivos

Com base nos dados descritos anteriormente, os objetivos deste trabalho compreendem:

- Verificar a existência das variações não geográficas (sexuais e etárias) presentes na espécie *Hylaeamys yunganus*;

- Verificar a existência e descrever em detalhe a variação geográfica e avaliar a existência de padrões de estruturação geográfica e divergência entre as populações do oeste e do leste da Amazônia de *H. yunganus*.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Material e Métodos

A análise de variação envolveu o estudo de características morfológicas, em nível qualitativo e quantitativo, e de características moleculares e a maneira como estas características se comportaram em relação à idade, sexo, populações e geografia.

2.1.1 Amostragem

Ao longo do desenvolvimento deste estudo foram estudados espécimes de *Hylaeamys yunganus* (tradicionalmente preservados, como peles, crânios e em meio líquido, e também preservados na forma de alíquotas de tecido, para extração de DNA) depositados nas instituições abaixo listadas:

AMNH - American Museum of Natural History, Nova Iorque BMNH - The Natural History Museum, Londres CIT - Laboratório de Citogenética de Vertebrados, Instituto de Biologia da Universidade de São Paulo CMNH - Cleveland Museum of Natural History INPA - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus LHE- Louise H. Emmons JLP – James L. Patton JUR - Material coletado no rio Juruá LPC – Leonora P. Costa LSU - Louisiana State University, museum of Zoology MJ – Material coletado na hidrelétrica Jirau MNFS - Maria Nazareth Ferreira da Silva MPEG - Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém MZUSP - Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, São Paulo MVZ - Museum of Vertebrate Zoology, Berkeley ROM - Royal Ontario Museum, Toronto UMMZ - University of Michigan Museum of Zoology, Ann Arbor USNM - United States National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, DC

2.1.2 Localidades de coleta e agrupamentos

As coordenadas geográficas das localidades de coleta dos espécimes de *H. yunganus* foram obtidas de diversas fontes, tendo como fonte inicial de informação os dados já coletados por Percequillo (1998, 2003). As localidades restantes foram obtidas principalmente a partir do United States Board on Geographical Names (USBGN, NIMA), mas também de outras fontes (ANDERSON, 1997; HANDLEY, 1976; PAYNTER, 1982, 1985, 1992, 1993, 1997; PAYNTER; TRAYLOR, 1991; STEPHENS; TRAYLOR, 1983; VANZOLINI, 1992). As coordenadas geográficas foram obtidas de forma mais precisa possível de acordo com as informações apresentadas pelos coletores; quando não foi possível encontrar uma localidade, foram utilizadas as coordenadas da sede do município ou cidade. Estas localidades foram reunidas em um índice de localidades ordenado em ordem alfabética por país, estado e localidade de coleta (Apêndice B).

Com o intuito de obter amostras mais significativas para utilizar nas análises subseqüentes, agrupamentos foram realizados, sendo que foram utilizados parâmetros como proximidade geográfica e ausência de rios entre as amostras. Estes agrupamentos foram realizados em localidades bastante próximas e quando essas localidades estavam distribuídas na mesma margem do rio.

2.1.3 Variação não geográfica

Nas melhores amostras, os espécimes foram separados em relação ao sexo para a verificação de dimorfismo sexual. Estes também foram agrupados em classes etárias relativas. Os critérios utilizados na delimitação destas classes foram: erupção e o desgaste diferencial da superfície de oclusão dos molares superiores, critérios etários mais comumente usados para a realização de análises morfométricas (BRANDT; PÊSSOA, 1994; OLIVEIRA, 1992; VOSS, 1991). Segundo Percequillo (1998), os espécimes podem ser organizados em cinco classes etárias, a saber:

Classe etária 1: O primeiro e o segundo molar não apresentam desgastes aparentes ainda, o terceiro molar normalmente está não-eclodido ou recém-eclodido, com as cúspides ainda fechadas.

Classe etária 2: Nesta classe, o primeiro e o segundo molar já apresentam um desgastes, porém em pequeno grau, sendo que as cúspides ainda são perceptíveis. O terceiro molar já apresenta desgaste, porém mínimo à moderado.

Classe etária 3: O primeiro e segundo molar nesta classe, já estão com desgaste de médio a acentuado, com as cúspides mais baixas e com grande exposição de dentina. O terceiro molar também já existe desgaste acentuado.

Classe etária 4: Primeiro e segundo molar com desgaste acentuado, com cúspides planas e indistintas. O terceiro molar também se apresenta totalmente plano.

Classe etária 5: Os três molares estão completamente desgastados, com grandes bacias de dentina.

2.1.4 Variáveis corpóreas e crânio-dentárias

Foram analisadas as medidas corpóreas segundo o padrão usado em estudos de mamíferos, como:

Comprimento do corpo (CC); Comprimento da cauda (CA); Comprimento do pé, com garra (CPG); Comprimento do pé, sem garra (CP); Comprimento da orelha (CO); Peso (P).

As medidas cranianas e dentárias (Figuras 1 e 2) foram realizadas com um paquímetro digital, com precisão de 0,01mm, acoplado ao computador (ver PERCEQUILLO, 1998), sendo elas:

Comprimento total (CTO); Comprimento de diastema (CDI); Comprimento da série molar (CSM); Largura do primeiro molar (LM1); Comprimento do forâmen incisivo (CFI); Largura do forâmen incisivo (LFI); Comprimento da ponte palatal (CPP); Largura palatal (LPA); Menor largura interorbital (LIO); Largura zigomática (LZI); Altura da caixa craniana (ACC); Largura da placa zigomática (LPZ); Comprimento da fossa orbital (CFO); Largura do rostro 1 (LR1); Comprimento do nasal (CNA); Comprimento côndilo- zigomático (CCZ).

2.1.5 Obtenção das seqüências de DNA

Diversas seqüências de DNA do fragmento do gene mitocondrial citocromo *b* foram cedidas por J. Patton do Museum of Vertebrate Zoology, Berkeley. As demais seqüências de DNA do gene mitocondrial do citocromo *b* foram extraídas no tecido hepático ou muscular com o uso do kit Charge Switch gDNA Mini Tissue, da InvitrogenTM, seguindo o protocolo da empresa, no laboratório de Biologia Molecular e Celular, Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA), Universidade de São Paulo (USP), campus Piracicaba-SP.

Estas seqüências foram amplificadas por PCR (*Polymerase-chain reaction*) com o emprego dos primers MVZ05, *light strand* (5' CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG 3') e MVZ16, *heavy strand* (5' AAATAGGAARTATCAYTCTGGTTTRAT 3') (ver apêndice C).

Para verificar se o DNA amplificado corresponde ao tamanho do gene desejado e estimar a concentração do produto de PCR, foi realizada eletroforese em gel de agarose com base no padrão *low mass* cujos tamanhos dos fragmentos são conhecidos.

A partir das reações de purificações, os fragmentos foram enviados à empresa Helixxa para a realização do seqüenciamento. O protocolo de purificação foi padronizado in house, e envolve separação de fragmentos por corrida eletroforetica em agarose e posterior purificação da banda desejada. Os procedimentos posteriores (BigDye, precipitação e corrida) foram realizados de acordo com o fabricante do equipamento (Life Technologies). As reações de sequenciamento foram realizadas no sequenciador ABI PRISM 3130xL.

2.1.6 Análise de dados

2.1.6.1 Variação não geográfica

Nesta análise foram avaliados, nas maiores amostras disponíveis de *H. yunganus*, a normalidade, a diferenciação etária entre as classes de idade estabelecidas, e o dimorfismo sexual. Para testar a normalidade univariadamente, foi realizado teste Kolmogorov-Smirnov e para testá-la de forma multivariada foi realizado o teste Curtose de Mardia.

Para a diferenciação sexual foram conduzidos testes t de Student para comparação entre as médias de machos e fêmeas, também para indivíduos da mesma localidade, com o nível de significância de 5%.

O teste de variação etária foi realizado para determinar se as classes de idade poderão ser agrupadas ou não, através do teste Análise de variância (ANOVA) e testes *pós hoc* Bonferroni, comparando as classes etárias da mesma localidade. Além disso, nas amostras com mais espécimes disponíveis foram realizadas análises de variância multivariada (MANOVA), a fim de verificar a existência de diferenças etárias e sexuais, bem como a interação entre estes parâmetros intra-populacionais.

2.1.6.2 Variação geográfica

Assim que os parâmetros não geográficos foram estudados, as localidades da espécie foram organizadas em um mapa de distribuição, para o estabelecimento de transectos latitudinais e longitudinais para nortear as análises subseqüentes de variação geográfica (PERCEQUILLO, 2003; VANZOLINI, 1970; VANZOLINI; WILLIAMS, 1970). Os critérios de estabelecimento dos transectos consideraram tanto a morfologia das amostras quanto a geografia.

Para nortear o estabelecimento desses transectos foram consideradas as melhores amostras, incluindo os agrupamentos realizados. As amostras com tamanho amostral muito reduzido (menor que 4 indivíduos) foram consideradas com cuidado nas análises qualitativas e descartadas das análises quantitativas; quando possível, estas amostras pequenas foram agrupadas a amostras geográficas próximas, independentemente de seu tamanho amostral.

As análises de variação geográfica foram realizadas através de testes univariados, ao longo dos transectos; primeiramente as amostras foram comparadas com diagramas Dice-Leraas (ver SIMPSON; ROE; LEWONTIN, 2003). Este foi o procedimento mais adequado, pois

permitiu avaliar diretamente ao longo da geografia a existência de descontinuidades significativas ou não.

Foram realizadas análises de componentes principais (PCA) com as populações da espécie *H. yunganus*, empregando as melhores amostras geográficas e os agrupamentos. Também foram feitas análises canônicas discriminantes empregando a matriz de dados logaritmizada na base 10, para avaliar padrões de similaridade e dissimilaridade entre as diferentes populações de *Hylaeamys yunganus* na bacia Amazônica

Além disso, foram conduzidas análises de componentes principais (PCA) para comparar amostras geográficas do gênero *Hylaeamys*, nas quais, possivelmente, *H. yunganus* ocorre em simpatria com *H. megacephalus* (na Amazônia Oriental) e *H. perenensis* (na Amazônia Ocidental). O propósito destas análises foi avaliar qual o nível de diferenciação existente entre amostras congenéricas em diferentes localidades e testar a existência de mais de uma espécie. Nos gráficos entre os escores dos componentes principais, os espécimes foram agrupados por espécie. Além disso, foram realizados testes t de Student quando necessário, visando a perceber as diferenças existentes entre as espécies.

2.1.6.3 Análise filogeográfica

As sequências cedidas por Patton e as sequências obtidas por sequenciamento foram alinhadas utilizando o programa ClustalW dentro do programa BioEdit (HALL, 1999) e, posteriormente, inspecionadas e ajustadas manualmente. Foram utilizados 414 pares de base do gene mitocondrial citocromo b.

As análises filogenéticas foram realizadas com os programas PAUP* versão 4.0b10 (SWOFFORD, 2000) e Mr. Bayes v3.1.2 (RONQUIST; HUELSENBECK, 2003). Modelos evolutivos apropriados para cada matriz de alinhamento foram selecionados com o uso dos programas jModelTest (POSADA, 2008) e MrModeltest 2.2 (NYLANDER, 2004) utilizando o critério AIC (Akaike information criterion).

O dendrograma baseado no método de Neighbor-Joining (NJ) (SAITON; NEI, 1987) foi construído seguindo o modelo de Tamura e Nei (1993). Análises de bootstrap (FELSENSTEIN, 1985) foram realizadas com 2000 réplicas pelos métodos descritos acima. Apenas os valores de bootstrap acima de 70% foram apresentados nas figuras. O grupo externo utilizado foi *Oligoryzomys microtis*.

Além disso, foi realizada uma análise Bayesiana, com duas corridas de quatro cadeias de Markov sobre 5.000.000 de gerações, amostrando-se a cada 100. Apenas os valores acima de 70% foram apresentados nas figuras, para os valores de probabilidade a posteriori (PP), que foi representada multiplicando os valores por 100. O grupo externo utilizado foi *Oligoryzomys microtis*.

2.2 Resultados e Discussão

2.2.1 Amostras e agrupamentos

Um total de 253 espécimes de *Hylaeamys yunganus* foram analisados neste estudo, a lista do material examinado neste trabalho está organizada no Apêndice A. Na tabela 1 estão apresentados o número de espécimes para cada coleção visitada.

Estes espécimes estão distribuídos em 66 localidades ao longo da Amazônia. Na figura 3 as coordenadas geográficas das localidades foram organizadas em um mapa e no apêndice B está presente o índice de localidades por ordem alfabética.

Com base nos critérios já descritos na metodologia, foram definidos os agrupamentos e verificadas as melhores amostras, que estão apresentados na tabela 2. Utilizando esses agrupamentos e as amostras mais representativas na distribuição da espécie, foi traçado um transecto descendo ao longo da porção andina e posteriormente no sentido oeste-leste a fim de nortear as análises de variação geográfica do estudo (ver figura 4).

2.2.2 Teste de normalidade

Foram realizados testes de normalidade para as melhores amostras utilizadas tanto nos testes univariados como multivariados. Nas amostras Meta, Napo, Chinchao, Cuzco, Sena Madureira, Alto Juruá, Médio Juruá, Baixo Juruá, Potaro, Paracou, Serra do Navio, Xavantina e Jirau todas as variáveis apresentaram distribuição normal (tabela 3). Testando a normalidade multivariadamente, utilizou-se o teste Curtose de Mardia, cujo valor foi igual a 290,089 (p=0,647), e novamente foi obtida uma distribuição normal para as amostras estudadas.

2.2.3 Variação não-geográfica

2.2.3.1 Variação sexual

Em geral, quando se dispõe de grandes amostras, as análises de variação etária são realizadas anteriormente com os sexos separados e assim os testes de variação sexual são realizados dentro de cada classe etária separadamente (ver, p.ex., BRANDT; PÊSSOA, 1994), porém como neste estudo não há a disponibilidade de amostras robustas, o estudo de variação sexual foi realizado primeiro, pois se os sexos fossem separados, não haveria amostras representativas. Nas melhores amostras disponíveis foram realizadas as análises de variação não-geográfica: Serra do Navio (N=25), Baixo Juruá (N=22) e Médio Juruá (N=29).

Na amostra da Serra do Navio (tabela 4), nenhuma variável apresentou diferenças significativas em relação ao sexo, enquanto na amostra de Baixo Juruá (tabela 5) somente a variável LIO, que representa a largura da região interorbital, exibiu diferença significativa em relação ao sexo, com os machos apresentando maiores valores médios que as fêmeas. Por outro lado, na amostra de Médio Juruá (tabela 6), assim como na amostra de Serra do Navio, nenhuma variável apresentou diferença significativa para o sexo nesta espécie.

Apesar da ausência de um padrão de dimorfismo sexual nesta espécie, foi encontrado que na amostra Serra do Navio que os machos são sutilmente maiores que as fêmeas (tabela 4), como por exemplo, nas variáveis como comprimento total do crânio (CTO), comprimento côndiloincisivo (CDI), comprimento do forâmen incisivo (CFI), largura do forâmen incisivo (LFI), largura do palato (LPA), largura do rostro (LR1), comprimento do nasal (CNA), comprimento da ponte palatal (CPP), altura do crânio (ACC), largura do interorbital (LIO), largura da placa zigomática (LPZ), comprimento do côndilo-zigomático (CCZ) e comprimento do forâmen orbital (CFO); porém essas diferenças não são estatisticamente confirmadas. Na amostra Baixo Juruá ocorre o inverso, para as variáveis como comprimento total do crânio (CTO), comprimento côndilo-incisivo (CDI), comprimento da série molar (CSM), comprimento do forâmen incisivo (CFI), largura do palato (LPA), largura do rostro (LR1), comprimento do nasal (CNA), comprimento da ponte palatal (CPP), largura do zigomático (LZI), largura da placa zigomática (LPZ), comprimento do côndilo-zigomático (CCZ) e comprimento do forâmen orbital (CFO); as fêmeas são sutilmente maiores que os machos. E por fim, na amostra do Médio Juruá, em algumas variáveis, como comprimento total do crânio (CTO), comprimento côndilo-incisivo (CDI), comprimento da série molar (CSM), largura da série molar (LM1), comprimento do nasal (CNA), comprimento da ponte palatal (CPP), largura do interorbital (LIO) e largura da placa zigomática (LPZ) as fêmeas são maiores e em outras como o comprimento do forâmen incisivo (CFI), largura do forâmen incisivo (LFI), largura do palato (LPA), largura do rostro (LR1), altura do crânio (ACC), largura do zigomático (LZI), comprimento côndilo- zigomático (CCZ) e comprimento do forâmen orbital (CFO) os machos são maiores.

Esses resultados sugerem que, em geral, não há evidências da presença de dimorfismo sexual em Hylaeamys yunganus, pois somente uma amostra apresentou uma variável com diferença significativa em relação ao sexo (largura do interorbital na amostra do Alto Juruá), o que sugere a ausência de um padrão congruente de diferenciação entre os machos e as fêmeas. Mesmo ao observar as tendências de variação nas estatísticas descritivas é possível verificar a ausência de um padrão congruente de variação, pois ambos os sexos apresentam maiores valores médios dependendo da amostra considerada. Estes dados são similares àqueles encontrados na literatura corrente, que sugere que nos sigmodontíneos e mais precisamente na tribo Oryzomyini, o dimorfismo sexual não é um componente importante da variação nas dimensões cranianas em algumas espécies. (CARLETON; MUSSER, 1989; GOLDMAN, 1918; PERCEQUILLO, 1998, 2003; PERCEQUILLO; HINGST-ZAHER; BONVICINO, 2008; VOSS, 1988; VOSS; MARCUS, 1992). Da mesma forma, no estudo de Musser e Williams (1985) foi considerado que o dimorfismo sexual não é representativo para o grupo, assim os dois sexos podem ser unidos em análises posteriores. Outro fato que confirma esses dados é o estudo realizado com outra espécie do mesmo gênero, Hylaeamys megacephalus, na qual não foram encontrados padrões de dimorfismo sexual ao longo da distribuição da espécie (JORGE-RODRIGUES, 2008). Há também o estudo realizado com outras duas espécies do gênero, H. laticeps e H. oniscus, nas quais também não foi detectada diferença relativa ao sexo (BRENNAND, 2010).

Por outro lado, para outras espécies da tribo Oryzomyini alguns estudos evidenciaram a existência de diferenças significativas entre os sexos: Brandt e Pessoa (1994), estudando *Cerradomys langguthi*, em Pernambuco no Brasil; e Carmardella, Pessoa e Oliveira (1998), em um estudo com *Cerradomys langguthi* baseado em amostras de Alagoas, Brasil, e também encontraram dimorfismo sexual nesta espécie, assim como estudo realizado por Prado e Percequillo (no prelo) com a espécie *Aegialomys xanthaeolus*.

2.2.3.2 Variação etária

Nas amostras de Serra do Navio, Baixo Juruá e Médio Juruá foram realizadas ANOVAs para testar possíveis diferenças entre as classes etárias. Além disso, nas amostras do rio Juruá foram realizadas análises de variância multivariada (MANOVA), a fim de verificar multivariadamente as diferenças etárias (as demais amostras foram descartadas em função do tamanho amostral reduzido).

Na amostra da Serra do Navio, em comparações entre as classes etárias 1, 2 e 3 (tabela 7), apenas quatro variáveis apresentaram diferenças significativas, sendo elas comprimento total do crânio (CTO), comprimento da ponte palatal (CPP), comprimento do côndilo-zigomático (CCZ) e comprimento do forâmen orbital (CFO). Essas são medidas que, em geral, variam ao longo do desenvolvimento do indivíduo, ao contrário das medidas dos molares, região interorbital e palato que são mais conservadas ao longo do desenvolvimento ontogenético. Nos testes *pos hoc* Bonferroni realizados com a finalidade de verificar quais classes apresentavam divergências, foram encontradas diferenças apenas entre as classes 1 e 2 no comprimento total do crânio (CTO) e entre e 1 e 3 no comprimento total do crânio (CTO) e comprimento do forâmen orbital (CFO). Nesta amostra conclui-se que, em geral, não há muita divergência entre as classes etárias 1, 2 e 3, pois apresentam médias semelhantes.

Na amostra de Baixo Juruá (tabela 8), para as classes 1, 2, 3 e 5, treze variáveis apresentaram diferença significativa, dentre elas comprimento total do crânio (CTO), comprimento côndilo-incisivo (CDI), comprimento do forâmen incisivo (CFI), largura do forâmen incisivo (LFI), largura do palato (LPA), largura do rostro (LR1), comprimento do nasal (CNA), comprimento da ponte palatal (CPP), altura do crânio (ACC), largura do zigomático (LZI), largura da placa zigomática (LPZ), comprimento do côndilo-zigomático (CCZ) e comprimento do forâmen orbital (CFO). Novamente, variáveis como aquelas relacionadas às dimensões dos molares e da região interorbital não apresentaram diferenças significativas, assim como na amostra anterior. A maior parte da variação encontrada, se concentra entre a classes juvenis (1 e 2) e as classes adultas (3 e 5), evidenciada na análise *pós hoc* de Bonferroni (tabela 8), mostrando que em geral as classes 1 e 2 (juvenis) apresentam médias semelhantes, mas distintas das classes 3 e 5, que também se assemelham em termos quantitativos.

Na amostra Médio Juruá (N=29), dez variáveis apresentaram diferença significativa em relação às classes etárias 2, 3 e 4. Essas variáveis são comprimento total do crânio (CTO),

comprimento côndilo-incisivo (CDI), comprimento do forâmen incisivo (CFI), largura do palato (LPA), largura do rostro (LR1), comprimento do nasal (CNA), comprimento da ponte palatal (CPP), largura do zigomático (LZI), comprimento do côndilo-zigomático (CCZ) e comprimento do forâmen orbital (CFO). Mais uma vez, os resultados indicam que as variáveis relacionadas aos molares e a região interorbital se mantêm constantes ao longo do desenvolvimento ontogenético. No teste *pos hoc* Bonferroni, as classes etárias adultas (3 e 4) se mostram semelhantes quando à média, enquanto que a classe juvenil 2, apresenta divergências significativas quanto à estas duas classes adultas (ver tabela 9).

Nas amostras do Médio Juruá e Alto Juruá foram realizadas análises de variância multivariada (MANOVA) (Tabelas 10 e 11), e não foram encontradas diferenças significativas para os diferentes sexos nessas amostras. Também não foram encontradas diferenças quanto as classes etárias analisadas (classes adultas 3, 4 e 5), e não foram encontrados valores para a interação sexo e idade em função do pequeno tamanho amostral disponível.

Os dados analisados mostram que algumas variáveis ligadas ao comprimento do crânio, comprimento e largura do forâmen incisivo, comprimento e largura do rostro, largura do arco zigomático e comprimento da fossa orbital apresentam maior variação ao longo do desenvolvimento do indivíduo à medida que avança o crescimento, pois elas acompanham o crescimento geral do indivíduo. De acordo com estudos com espécies da mesma tribo (gêneros *Zygodontomys* e *Microryzomys*) a maior variação encontrada é referente às medidas craniofaciais e dos incisivos, porque eles têm crescimento mais prolongado, revelando uma expansão geral do crânio de acordo com o crescimento do indivíduo (CARLETON; MUSSER, 1989; VOSS, 1991).

Por outro lado, existem variáveis ligadas às dimensões de algumas regiões do crânio, como os molares e região interorbital, que apresentam baixas taxas de crescimento, ou mesmo se mantém constantes, ao longo do desenvolvimento dos indivíduos. Este fato é confirmado pelos estudos de Carleton e Musser (1989), Giannini et al. (2009) e Voss (1991), que sustentam que as dimensões dos molares e neurocrânio são relativamente menos variáveis, exibindo o seu crescimento no início da vida pós-natal.

As análises acima foram conduzidas nas melhores amostras disponíveis para as análises de variação etária, mas estas em geral não são robustas, pois nem todas as classes etárias estão representadas nestas amostras (mais ainda, poucos exemplares das classes 4 e 5 estão disponíveis nas diversas coleções examinadas). Como conseqüência, não há uma indicação objetiva de qual é

o padrão de variação etária nas amostras de *H. yunganus*: os resultados sugerem que para apenas uma amostra (Serra do Navio) as classes 1 e 2 são semelhantes entre si e que as classes 2 e 3 também exibem considerável similaridade (com poucas variáveis diferentes significativamente; é importante deixar claro que não estão disponíveis espécimes com desgastes dentários referentes às classes 4 e 5 nessa amostra); considerando as amostras do Rio Juruá (Médio e Alto) é mais evidente uma maior diferenciação entre as classes 1 e 2, em relação às classes 3, 4 e 5. Dessa forma, a fim de valorizar os resultados obtidos com as amostras mais consistentes, e buscando diminuir a variação em cada amostra para as análises de variação geográfica, foram empregados apenas os indivíduos considerados das classes 3 a 5, quando houver todas essas classes etárias.

Esta decisão é sustentada ainda em estudos conduzidos com outras espécies do mesmo gênero, como *H. megacephalus*: Jorge-Rodrigues (2008), avaliando amostras mais robustas sugeriu que exemplares das classes 1 e 2 eram semelhantes entre si e distintos daqueles das classes 3, 4 e 5. Resultados semelhantes foram obtidos por Brennand (2010), Musser et al. (1998), Percequillo (1998, 2003), Percequillo, Hingst-Zaher e Bonvicino (2008), entre outros, em análises com outros gêneros da tribo Oryzomyini.

2.2.4 Variação geográfica

2.2.4.1 Abordagem univariada

Ao longo do transecto estabelecido (Figura 4) para comparar as amostras de *H. yunganus*, algumas variáveis (como o comprimento total do crânio CTO, comprimento do forâmen incisivo CFI e largura zigomática LZI) apresentam um padrão consistente de variação no qual se observa que nas amostras Meta, Napo, Chinchao e Cuzco, que estão localizadas nos contrafortes orientais dos Andes, os indivíduos são sutilmente maiores; e depois ao longo dos transectos há uma quebra separando num primeiro grupo formado pelas amostras de Meta, Napo, Chinchao e Cuzco mais Sena Madureira (bacia Alto Purus), Alto Juruá, Médio Juruá, Baixo Juruá (bacia Juruá), Auyán-Tepuí e Potaro (áreas altas do escudo guianense); e um segundo grupo, formado pelas amostras de Paracou e Serra do Navio nas áreas baixas costeiras das guianas, e Xavantina, na bacia dos rios Araguaia/Tocantins (Figuras 5 e 6). O padrão geral para estas três variáveis sugere que os indivíduos das localidades mais orientais são menores em tamanho, enquanto que os espécimes da Amazônia ocidental e partes altas do escudo das Guianas apresentam tamanho intermediário e os indivíduos do grupo mais a oeste, nos contrafortes andinos, apresentam crânios maiores e mais

robustos; o rostro é um dos componentes que apresenta maior variação (CTO, CCI, CFI e LR1) de tamanho ao longo da geografia nestas amostras.

A amostra de Jirau não está representada nos diagramas por apresentar tamanho amostral muito pequeno, apenas dois indivíduos. Todavia, na tabela 14 estão apresentadas as estatísticas descritivas de todas as amostras utilizadas neste estudo e a amostra Jirau apresenta médias para a maior parte das variáveis crânio-dentárias mais semelhantes àquelas exibidas pelas amostras de Paracou, Serra do Navio e Xavantina.

A variável da altura do crânio (ACC) apresenta um padrão mais em mosaico ao longo da geografia, sendo que há uma quebra entre as amostras Potaro e Paracou, porém neste caso, a amostra de Xavantina não está unida a elas, apresentando média parecida com o restante das amostras (figura 7).

Outro conjunto de variáveis (figuras 8, 9 e 10), tais como o comprimento do forâmen orbital (CFO), comprimento da série molar (CSM), largura do primeiro molar (LM1), largura do palato (LPA), e comprimento do côndilo zigomático (CCZ) evidencia de forma mais consistente a diferenciação das amostras de Paracou, Serra do Navio e Xavantina em relação às demais amostras. Nestas três amostras, estas variáveis, associadas em sua maioria à região oral e ao aparato mastigador, exibem dimensões menores que nas demais amostras (Figuras 10 e 11): dentes menores e mais estreitos (CSM e LM1) e palatos mais estreitos (LPA) e arcos zigomáticos mais curtos (CCZ). Além disso, nessas variáveis há uma tendência clinal da amostra Napo até Potaro, diminuindo sutilmente de tamanho no sentido leste-oeste.

As demais variáveis analisadas, como comprimento do diástema (CDI), largura do forâmen incisivo (LFI), largura do rostro (LR1), comprimento do nasal (CNA), comprimento da ponte palatal (CPP), largura do interorbital (LIO) e largura da placa zigomática (LPZ) apresentaram distribuições de tamanho menos consistentes com a geografia, distintas daquelas descritos até o momento (Figuras 11, 12, 13 e 14). Para algumas destas variáveis (LFI, LIO, CPP e LPZ), é possível observar ainda que de forma pouco consistente em decorrência de uma tendência de variação clinal de oeste para leste (amostras ocidentais com valores médios maiores, decrescendo em direção ao leste), que a amostra de Potaro, na Guiana, é mais semelhante às amostras de Paracou, Serra do Navio e Xavantiva. As variáveis, comprimento do diastema (CDI), comprimento da ponte paatina (CPP) e largura da placa zigomática (LPZ) mostram um padrão de variação em clina, com algumas amostras com valores médios fora do padrão clinal; já as

variáveis LR1 e CNA apresentam uma variação em mosaico, embora o padrão de variação exibido por ambas seja muito semelhante.

2.2.4.2 Abordagem multivariada

Análise de componentes principais:

Observando o gráfico (Figura 15) que mostra o primeiro e o segundo componente principal, o primeiro componente principal separa sutilmente a espécie em dois grupos, o primeiro formado por Sena Madureira, Alto, médio e baixo Juruá, Auyán-Tepuí, e Potaro; e o segundo formado por Paracou, Serra do Navio, Jirau e Xavantina; porém há sobreposição entre esses dois grupos. Estes resultados se assemelham àqueles obtidos nas análises univariadas, com as amostras do leste levemente menores que as do oeste da Bacia Amazônica. É relevante salientar, ainda que as amostras Meta, Napo, Chinchao e Cuzco também apresentam valores maiores, se localizando na parte superior do gráfico segundo o primeiro componente principal (ver figura 15). Este primeiro componente representa 48,75% da variação e as variáveis responsáveis por isso são Comprimento total do crânio (CTO), Comprimento do Diástema (CDI), Largura do Palato (LPA) e Largura do zigomático (LZI) (ver tabela 12). O segundo componente principal representa 10,05% da variação em função das variáveis, comprimento da série molar (CSM), largura da série molar (LM1) e comprimento no nasal (CNA) separa sutilmente também à esquerda do gráfico as amostras Paracou, Serra do Navio, Xavantina e Jirau.

Na figura 16, onde estão plotados o primeiro e o terceiro componente principal, não há separações muito claras entre as amostras. O terceiro componente principal representa 8,135% da variação, e as variáveis responsáveis são largura do rostro (LR1), comprimento da série molar (CSM) e largura do interorbital (LIO).

Na figura 17, onde estão apresentados o segundo e o terceiro componente principal, não há padrões evidentes de separação ao longo da geografia.

Análise discriminante:

Na figura 18 a primeira função discriminante mostra que as amostras do oeste da bacia Amazônica estão mais concentradas na parte superior esquerda da nuvem de pontos, com escores acima de -1; alguns exemplares das amostras de Meta e Napo estão discretamente localizados na porção mais superior do gráfico, porém sem evidenciar uma separação clara das demais amostras. Esta função também mostra que as localidades Paracou, Serra do Navio, Jirau e Xavantina, estão deslocados para a parte inferior, com valores menores para esta primeira função. Estas amostras do leste também mostram um padrão de variação ao longo da segunda função canônica, orientadas de acordo com a geografia: as amostras mais à esquerda são mais setentrionais e as mais à direita mais do sul. Esta análise mostra que dois indivíduos da amostra Sena Madureira, uma amostra da Amazônia Ocidental, se sobrepõe às amostras do leste, provavelmente pelo fato de que estes dois indivíduos são mais jovens (e, no geral, menores) que os demais da amostra. A primeira função discriminante representa 35,4 % da variação encontrada e as variáveis responsáveis por essa variação são ligadas ao comprimento do diastema (CDI), e ao arco zigomático (LZI). A segunda função discriminante é responsável por 28,4% da variação encontrada na análise e as variáveis que tiveram maior influência são largura do rostro e comprimento do nasal (ver tabela 13).

Já na figura 19, estão representadas a primeira e a terceira função discriminante, sendo que novamente a primeira função separa Paracou, Serra do Navio, Xavantina e Jirau. Ao longo da terceira função discriminante, que apresenta 13,5% da variação encontrada (e as variáveis que mais influenciaram nesta função são: comprimento total do crânio (CTO) e comprimento do côndilo zigomático (CCZ), é possível observar uma variação entre estas localidades, com os espécimes ordenados ao longo de um eixo Paracou-Jirau, de norte para sudoeste. Na figura 20, não é recuperado um padrão de variação evidente e semelhante àqueles descritos acima, porém a amostra de Jirau, novamente se encontra separada das demais, de acordo com a segunda e a terceira função discriminante.

Em termos gerais, as análises conduzidas sugerem um padrão de descontinuidade entre as amostras, sendo as quebras observadas coincidentes com o curso do Rio Madeira, na margem sul do Solimões, e do Rio Branco, na margem norte do Amazonas. A fim de verificar o limite entre as populações de *H. yunganus* a leste e a oeste dos rios acima definidos, foi realizada uma análise discriminante utilizando todas as amostras da espécie e não somente os indivíduos dos agrupamentos, separando-as em dois grupos: leste e oeste (ver figura 21); porém para concluir a análise e gerar as funções canônicas, foram utilizados três grupos: amostra da distribuição leste de *H. yunganus*, amostra da distribuição oeste de *H. yunganus* e uma amostra amazônica de *H. megacephalus* (ver apêndice A).

Na figura 22, estão plotadas a primeira e segunda função canônica desta análise, e existe uma separação de grupos, sendo eles: um grupo formado pela população de *H. megacephalus*; um segundo grupo, que reúne escores individuais de espécimes de *H. yunganus* a oeste dos rios Madeira e Branco; e, por fim, um grupo formado por indivíduos de *H. yunganus* a leste dos rios Madeira e Branco. É importante salientar que há uma sobreposição dos escores dos espécimes de *H. yunganus*, e alguns indivíduos do oeste saem nitidamente associados aos escores de espécimes do leste: estes exemplares são provenientes das amostras brasileiras de Altamira, Nova Vida e Sena Madureira, e de localidades da Guiana, como Potaro e Barima-Waini. As localidades da Guiana (Potaro e Barima-Waini) nesta análise são mais próximas do "grupo" leste.

As variáveis responsáveis pela primeira função canônica são largura da série molar (LM1), largura da placa zigomática (LPZ) e comprimento do forâmen incisivo (CFI), sendo que representa 79,1% da variação encontrada. Já a segunda função canônica representa 20,9% da variação e a variáveis responsáveis são comprimento da série molar (CSM), comprimento do diastema (CDI) e largura da série molar (LM1) (tabela 15).

Estes resultados ainda permitem supor que a variação ao longo da geografia é gradual, e que os resultados obtidos nas análises com as melhores amostras podem decorrentes de deficiência amostral; nas análises com todas as amostras, este padrão de descontinuidade é menos evidente.

Comparação entre as espécies do gênero Hylaeamys:

Como foram encontradas diferenças quantitativas entre as amostras ao longo da distribuição geográfica de *H. yunganus*, foram feitas análises comparativas entre as amostras de simpátricas e sintópicas de *Hylaeamys yunganus* e *H. megacephalus*, e também de *H. yunganus* e *H. perenensis*. Estas comparações foram conduzidas para avaliar a existência de descontinuidades entre estas espécies, uma vez que qualitativamente são muito semelhantes, sendo a parafosseta (ilha de esmalte) do segundo molar, presente em todas as amostras de *H. yunganus*, o caráter diagnóstico mais consistente para separar estas espécies.

É possível verificar mapa da figura 23 que a *Hylaeamys yunganus* ocorre em sintopia com *H. megacephaus* na Venezuela, na Guiana, no Suriname, na Guiana Francesa e na porção leste da Amazônia no Brasil. Já *H. perenensis* ocorre em sintopia com *H. yunganus* no Equador, no Peru, na Colômbia e na Amazônia Ocidental do Brasil.
Hylaeamys yunganus X Hylaeamys megacephalus

A primeira análise realizada visa comparar as amostras de *H. yunganus* e *H. megacephalus* na localidade de Auýan-Tepuín na Venezuela. O primeiro componente principal é responsável por 56,5 % da variação, enquanto que o segundo e o terceiro são responsáveis por 12,9% e 8,5%, respectivamente (ver tabela 16). É possível observar na figura 24, onde estão organizados o primeiro e o segundo componentes principais, que os escores individuais que representam estas duas espécies estão separados especialmente em relação ao primeiro componente, sendo que as variáveis que representam em maioria o primeiro componente são o comprimento do forâmen incisivo e a largura da placa zigomática. Da mesma forma, quando analisados o primeiro e o terceiro componente principal, na figura 25, novamente as duas espécies estão separadas.

A segunda análise realizada comparou as espécies *H. yunganus* e *H. megacephalus* na localidade de Paracou, na Guiana Francesa. Nesta análise, o primeiro componente principal é responsável por 43,4% da variação encontrada entre as duas espécies, o segundo componente principal é responsável por 20,8% da variação e o terceiro componente principal por 13,04% da variação presente (tabela 17). Nesta comparação, quando utilizados o primeiro e o segundo componentes principais (ver figura 26), as espécies também se encontram separadas. Já na análise do primeiro e do terceiro componente principal (figura 27), as espécies, de forma sutil, estão mais próximas e sobrepostas. Ocorre o mesmo quando o segundo e o terceiro componente principal são analisados (figura 28).

Foi realizada outra análise, comparando as espécies *H. yunganus* e *H. megacephalus* na localidade Serra do Roncador, no Mato Grosso, Brasil. Nesta análise, o primeiro componente principal é responsável por 29,8% da variação encontrada entre as espécies, enquanto que o segundo é responsável por 17,01% e o terceiro por 15,9% (tabela 18). Considerando o primeiro e o segundo componente principal (ver figura 29), nesta amostra, as espécies se apresentam com sobreposição. Isto também ocorre quando são analisados o primeiro e o terceiro (ver figura 30) e também com o segundo e o terceiro componente principal (ver figura 31).

Além das análises multivariadas, com o intuito ainda de comparar *H. yunganus* e *H. megacephalus* nas localidades onde ocorrem em simpatria, estas espécies foram comparadas através de test *t* de Student (ver tabela 19).

Na amostra de Auýan-Tepuí, sete variáveis apresentaram diferença significativa (CDI, LM1, CFI, LFI, LPA, CPP e LPZ) entre as espécies *H. yunganus* e *H. megacephalus*, sendo que cinco apresentaram p<0,05 (CDI, LM1, CFI, LFI, LPA), uma apresentou p<0,01 (CPP) e um p<0,001 (LPZ), o que representa bastante divergências entre as espécies em questão. Esta análise corrobora a análise multivariada (figuras 24-25) exibida anteriormente, onde as espécies estavam separadas segundo os componentes principais.

Quando analisada a amostra de Paracou, na Venezuela, somente três variáveis apresentaram diferença significativa (LM1, LFI e CFO), com p<0,05. Na análise multivariada (figuras 26-28), as espécies não apresentam tanta proximidade como neste teste univariado.

Na amostra de Serra do Roncador, no Mato Grosso, Brasil, quando realizado o test t, cinco variáveis apresentaram diferença significativa (CTO, LM1, CFI, CNA e LZI), sendo quatro variáveis com p<0,05 e uma variável com p<0,01. Na análise multivariada (figuras 29-31), as espécies também não apresentaram grande divergência entre elas.

A existência da diferença entre os resultados dos testes univariados e dos testes multivariados pode ser justificada por causa do acúmulo de evidência das variáveis individuais no teste global (MANLY, 2008).

Hylaeamys yunganus X Hylaeamys perenensis

A análise realizada visando comparar *H. yunganus* com *H. perenensis*, foi realizada utilizando a amostra de Viravolta, na margem esquerda do Rio Juruá. Nesta análise o primeiro componente principal é responsável por 67,05% da variação enquanto que o segundo componente principal é responsável por 8,09% (tabela 20).

É possível verificar na figura 32, que as espécies se encontram próximas, porém separadas segundo o primeiro e o segundo componente principal nesta localidade onde ocorrem em simpatria. É notável que há um indivíduo em *H. yunganus* que apresenta o maior tamanho dentro da amostra e assim se assemelha ao menores indivíduos de *H. perenensis*. Também o menor indivíduo de *H. perenensis* se assemelha aos maiores indivíduos de *H. yunganus*. Este fato pode ser esperado, pois o primeiro componente principal está relacionado ao tamanho dos indivíduos.

Quando realizado o test t de Student na amostra de Viravolta no rio Juruá (tabela 21), à esquerda do Rio Juruá, com o intuito de comparar as espécies H. *yunganus* com H. *perenensis*, dez variáveis apresentaram diferença significativa, sendo que cinco com p<0,001, quatro com

p<0,01 e uma variável com p<0,05. Estes dados confirmam o padrão encontrado na análise multivariada de componente principal realizada nesta mesma amostra, onde as espécies estão bastante separadas (ver figura 32), representando a divergência entre elas.

2.2.4.2 Abordagem filogenética

Utilizando as sequências cedidas por J. L. Patton e amostras seqüenciadas neste estudo (figura 33), ver apêndice I, foram realizadas análises filogenéticas no programa PAUP* versão 4.0b10 (SWOFFORD, 2000) e Mr. Bayes v3.1.2 (RONQUIST; HUELSENBECK, 2003).

Na figura 34 está apresentada a árvore filogenética segundo este método; foram encontrados três grandes clados com valores altos de bootstraps, sendo o clado I formado pela espécie *H. megacephalus*, com bootstrap 99,1; o clado II representado pela espécie *H. perenensis*, e valor de bootstrap 100; e o clado III pela espécie *H. yunganus* e com bootstrap 100 também. Isto mostra que as três espécies são monofiléticas e formam clados com valores significativos de bootstrap.

No clado I (figura 35), analisando as relações filogenéticas dentro das populações de *H. mgacephalus*, há a formação de dois grandes clados com bom suporte estatístico (99,7 e 90,6), sendo um formado por localidades da margem norte do Rio Amazonas e outro clado formado por localidades da margem sul do Rio Amazonas, padrão semelhante ao encontrado por Costa (2003) em seu estudo com essa mesma espécie e também por Miranda et al. (2007). Análises morfológicas conduzidas por Jorge-Rodrigues (2008) revelam um padrão semelhante de variação onde as populações ao norte do Rio Amazonas divergem das populações ao Sul do Rio Amazonas.

No clado II (figura 36), é formado pela espécie *H. perenensis*, não há padrões de divergências nesta espécie, o que corrobora os dados encontrados por Costa (2003), que também não encontrou padrões de variação nesta espécie.

Por fim, o terceiro clado (III; figura 37), com valor de bootstrap igual a 100, é representado pela espécie *H. yunganus*. Analisando este clado, há a presença de uma linhagem mais basal formada somente por um espécime de 4.5 km N, 1.5 km E Cerro Amboro, Río Pitasama, Santa Cruz. Bolívia (MSB 56001). Depois desta primeira separação, há novamente um clado formado por somente um indivíduo de Parque Nacional Yasuni, 38 KM S de Pompéia, Napo, Equador (F40483). Há ainda a recuperação de mais dois clados com valores de suporte

(bootstrap) iguais a 94,9 e 85,6; o clado com maior valor de suporte é representado por amostras do Suriname (CMNH76936, CMNH76933, CMNH76923) e da Guiana (espécimes de Barima-Waini e Potaro) (FN31569, FN31543, F46497, F46070). O clado com menor valor de suporte é formado por indivíduos da porção oeste da distribuição. Estes resultados não corroboram totalmente as análises morfológicas, embora apareça nas análises um clado de amostras mais orientais (Suriname e Guiana); no entanto, nas análises quantitativas, para a maioria das variáveis analisadas, a amostra de Potaro (Guiana) aparenta ser mais semelhante às amostras mais ocidentais; para outras variáveis, Potaro se assemelha mais às amostras do leste, como Paracou, Serra do Navio e Xavantina. Ainda assim, este clado está enraizado dentro de um clado mais inclusivo que reúne as demais amostras de *H. yunganus* empregadas nas análises.

Foi também realizada uma análise Bayesiana, com uma corrida de quatro cadeias de Markov sobre 5.000.000 de gerações, amostrando-se a cada 100 gerações. Apenas os valores acima de 70% foram apresentados na figura, para os valores de probabilidade a posteriori (PP). Na figura 38, está ilustrada a árvore filogenética obtida através da análise Bayesiana. É possível verificar a divisão em três clados monofiléticos, sendo o primeiro (I; figura 39), com probabilidade a priori de 100, representado pela espécie H. yunganus. Analisando este clado I, é possível verificar que há separação de um espécime do Parque Nacional Yasuni, 38 KM S de Pompéia, Napo no Equador (F40483) e e de um clado, com probabilidade a priori igual a 95, que reúne as demais amostras. Este clado está dividido em dois clados: um com probabilidade a priori de 94 para, que reúne as amostras de Amazonas, Acre e Loreto, localidades da Amazônia Ocidental; e outro clado com probabilidade a priori de 99, no qual saem agrupados espécimes do Suriname (CMNH76936, CMNH76933, CMNH76923), da Guiana (FN31569, FN31543, F46497, F46070) e por um indivíduo da Bolívia (MSB56001; este último apresenta um grande grau de divergência das demais amostras analisadas). Este espécime da Bolívia é proveniente de 4.5 km N, 1.5 km E Cerro Amboro, Río Pitasama, Santa Cruz; localidade esta presente na cabeceira da bacia Madeira/Mamoré, e que poderia apresentar mais afinidade com a amostra de Jirau e as amostras de Xavantina, Serra do Navio e Paracou. Embora este espécime não tenha sido empregado nas análises estatísticas, as estatísticas descritivas (tabela 15), mostram que este indivíduo de Santa Cruz apresenta valores semelhantes e dentro dos limites de variação das amostras da porção leste (ver tabela 22).

O clado II (Figura 40) é composto pela espécie *H. megacephalus*, assim é possível afirmar que nesta análise a espécie forma um clado monofilético, com probabilidade a priori de 97. É possível perceber que há uma separação em dois clados, com probabilidades a priori de 100 e 97, sendo que no clado com maior suporte estão amostras procedentes da margem norte do Rio Amazonas e o clado com menor suporte reúne indivíduos da margem sul do Rio Amazonas, padrão semelhante ao encontrado por Costa (2003) em seu estudo com essa mesma espécie.

Na figura 41, o terceiro clado (III) está aumentando, e é possível verificar que é formado pela espécie *H. perenensis*, formando também um clado monfilético, com probabilidade a priori 100. Dentro desta espécie não há novamente padrões definidos.

E ainda na figura 42, está representada a rede de haplótipos de *H. yunganus*, com a representação de 21 haplótipos diferentes.

Os haplótipos encotrados estão apresentados na tabela 23. Na figura 42 é possível verificar um padrão geográfico na rede de haplótipos, pois na porção direita representados pelos haplótipos 15, 16, 17, 18, 19 e 21, estão presentes os indivíduos da porção leste da Amazônia, sendo formados por localidades da Guiana, do Suriname e da Bolívia. E na parte direita da rede, estão presentes os demais haplótipos que representam as localidades do oeste da Amazônia.

O haplótipo 3 presente no grupo da porção oeste, com representantes do Acre e da Amazônia no Brasil; é considerado ancestral da linhagem de *H. yunganus*, pois é o haplótipo que compartilha o maior número de localidades. Já o haplótipo 15; que faz parte do grupo da porção leste, formado por um indivíduo de Santa Cruz, Bolívia; é considerado o mais derivado por apresentam o maior número de mutações dentre todos os haplótipos.

Somente o haplótipo 3 é compartilhado por espécimes de mais de uma localidade, enquanto que os demais haplótipos são exclusivos de localidades específicos.

Apesar das divergências verificadas nestas análises filogenéticas e filogeográficas, os resultados seriam mais robustos com o uso e outros marcadores moleculares, com amostras significantes ao longo de toda geografia, porém as sequências disponíveis ainda são escassas e não permitem um teste de hipóteses mais adequado à compreensão do padrão filogenético deste grupo na bacia amazônica.

2.2.4.3 Resumo da variação

As análises morfológicas e moleculares realizadas com as amostras disponíveis de *H*. *yunganus* permitem reconhecer que existem divergências ao longo da geografia em *Hylaeamys yunganus* na bacia Amazônica.

Há uma divisão em dois grupos: o primeiro formado pelas amostras de Meta, Napo, Chinchao, Cuzco (nos contrafortes orientais dos Andes); Sena Madureira (bacia Alto Purus), Alto Juruá, Médio Juruá, Baixo Juruá (bacia Juruá); Auyán-Tepuí e Potaro (áreas altas do escudo guianense); e o segundo grupo formado pelas amostras de Paracou e Serra do Navio nas áreas baixas costeiras das guianas, e Xavantina, na bacia das bacias Araguaia/Tocantins e Jirau na margem esquerda do rio Madeira. Nas figuras 43 e 44 é possível observar a morfologia craniana de um espécime da porção ocidental e um da porção oriental e perceber as diferenças em tamanho.

Porém as localidades da Guiana (Potaro e Barima-Waini) se mostram em algumas análises (como as univariadas e algumas multivariadas) mais próximas ao "grupo" oeste, enquanto que em outras análises (como a análise discriminante com todas as amostras e as análises filogenéticas) se mostram mais parecidas com o "grupo" leste, ficando difícil definir o limite dessa divisão leste-oeste.

Os resultados não são conclusivos para o reconhecimento de duas espécies distintas, se considerarmos a topologia das árvores obtidas: existe a distinção de um clado das amostras das Guianas, mas este não apresenta monofilia recíproca com um clado de amostras do oeste da bacia Amazônia; mais ainda: não existe uma concordância entre os dados morfológicos (que apontam Potaro como sendo mais similar fenotipicamente às amostras ocidentais) e os moleculares (que mostram que Potaro, nas duas análises conduzidas, compartilha um ancestral comum com as amostras do Suriname, da Amazônia oriental).

Já foi exposto que as populações de uma espécie podem apresentar divergências e descontinuidades, o que se chama de variação geográfica, o que foi verificado neste presente estudo. As características de *H. yunganus* apresentaram divergências, essas que são mecanismos potencialmente isoladores que reforçam a descontinuidade entre populações, porém aqui ainda não é possível concluir se está acontecendo ou não o desenvolvimento dessas divergências e o estabelecimento da descontinuidade entre esses grupos (MAYR, 1977).

Esta variação geográfica encontrada em *H. yunganus* é semelhante àquela descrita por Musser et al. (1998), porém aqui foram detectadas descontinuidades mais consistentes nas amostras ocidentais, nas quais as populações das vertentes dos Andes (Meta, Napo, Chinchao e Cuzco) são sutilmente maiores; além disso, os resultados aqui apresentados permitem identificar áreas a serem melhor amostradas, como a borda do escudo guianense, na região da Guiana e a bacia do Rio Madeira: são nestas áreas que as descontinuidades entre as amostras são mais evidentes e pode ser que estas áreas representem os limites de distribuição entre estas "possíveis" duas espécies.

Ao contário de Musser et al. (1998: tabela 7) onde o comprimento da série molar nas populações do leste da Bacia Amazônica (4.3–4.6 mm) não se sobrepõe àquela encontrada nas populações do oeste da Bacia Amazônica (4.8–5.6mm); neste estudo houve uma sobreposição entre os valores do comprimento da série molar, sendo que o "grupo" do leste apresentam valores entre 4,24 e 4,81mm e o "grupo" oeste entre 4,43 e 5,52mm.

É interessante observar que estes dois "grupos" reconhecidos se sobrepõem parcialmente às áreas de endemismo propostas por Cracraft (1985): as amostras mais orientais ao Centro das Guianas e Pará; as amostras mais ocidentais, localizadas no interflúvio Negro-Madeira, abrangeriam os centros Napo, Inambari e Andes Peruanos. Análises filogenéticas com aves do gênero *Pionopsitta* e *Pteroglossus* (EBERHARD; BERMINGHAM, 2005), recuperaram táxons monofiléticos associados ao centro das Guianas, um padrão semelhante ao encontrado por Voss, Lund e Simmons (2001) em mamíferos não-voadores do Paracou.

Outros estudos também evidenciam divergências com semelhanças a este estudo. Na espécie *Marmosa murina* foram encontradas divergências entre as populações no Peru (oeste da América do Sul) e da Guiana Francesa (Leste da América do Sul), sendo que foi descrita uma nova subespécie utilizando dados moleculares do gene mitocondrial citocromo *b* (STEINER; CATZEFLIS, 2003). Neste estudo, utilizando dados morfológicos, os autores encontraram que a população da Venezuela apresenta molares maiores que as populações do Suriname, Guiana Francesa e Amapá, dados que são semelhantes a este estudo.

Em estudo realizado por Costa et al. (2010), verificando padrões de distribuição de mamíferos neotropicais, utilizando análise parsimoniosa de endemismo (PAE), foram encontrados clados divergentes: sendo um formado pela região da Guianas e Suriname; um outro

formado pela região do Andes; e mais um grupo formado pela região do Pará, Maranhão e Bolívia.

Na espécie *Cercodyon thous*, também foi encontrada estruturação geográfica entre as populações do leste e do oeste da América do Sul; sendo que as populações que estão localizadas mais ao noroeste apresentam maior caixa craniana, maior arco zigomático e rostro menor que as populações do oriente, fato que corrobora parcialmente os dados encontrados neste estudo, pois as populações do oeste de *H. yunganus* também apresentam maior caixa craniana (MACHADO; HINGST-ZAHER, 2009).

Samuels (2009) percebeu em estudos com roedores e suas respectivas dietas que espécimes com dieta herbívora apresentam crânio e rostro maiores, maior fossa temporal, arco zigomático mais amplo e mais espesso, incisivos mais amplos, com séries molares maiores que os roedores com dieta mais carnívoros. Seria relevante verificar com um estudo de historia natural de *H. yunganus*, se o fato dos indivíduos do leste apresentar medidas menores que os indivíduos de oeste pode ser justificado pela dieta.

Deve-se ainda salientar que este padrão de estruturação geográfica encontrado em *H. yunganus* pode estar refletindo, ainda, uma deficiência amostral ao longo da Amazônia, principalmente no limite leste-oeste estabelecido neste estudo, pois Moreira e Oliveira (2011) verificaram a presença de padrões de estruturação geográfica na espécie *Thaptomys nigrita* ao longo da mata atlântica no Brasil. Estes autores encontraram divergências morfológicas e moleculares entre as populações da Bahia e as demais populações localizadas mais ao sul o Brasil. Porém observaram que há uma lacuna amostral de 540 km entre os grupos do norte e do sul da mata atlântica, então esse grupos estão isolados por modelo de distância. Esta lacuna, se amostrada, poderia alterar os resultados encontrados acerca dos padrões de estruturação geográfica.

É possível que os resultados aqui obtidos, possam ser explicados por esse modelo de distância, embora os hiatos amostrais aqui existentes não sejam tão extensos quanto àqueles observados por Moreira e Oliveira (2011), pois neste presente estudo, há uma deficiência amostral pequena entre as amostras de Guiana, Suriname e Guiana Francesa. Há também um hiato na região mais central do Brasil, entre Xavantina e Jirau, porém esse hiato mostra não representar a quebra leste-oeste, pois Jirau é mais próximo de Xavantina que das localidades do oeste.

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A respeito do estudo realizado, onde o intuito foi verificar a existência de padrões morfológicos e moleculares ao longo da distribuição geográfica de *Hylaeamys yunganus*, foram obtidas as seguintes conclusões:

- Há a presença de divergência entre as populações *H. yunganus* ao longo da geografia, porém esta variação parece ocorrer de forma gradual ao longo da geografia; e apesar da divisão em duas populações: leste e oeste da Amazônia, os dados morfológicos e moleculares não apresentaram resultados totalmente coerentes e não é possível afirmar que essas populações formam duas espécies diferentes;

- Ainda há a necessidade de um novo estudo, com amostras mais robustas de tecidos para as análises filogenéticas e filogeográficas seria de grande importância para responder questões acerca do limite dos padrões de variação geográfica encontrados em *H. yunganus*.

REFERÊNCIAS

ANDERSON, S. Mammals of Bolivia: taxonomy and distribution. **Bulletin of the American Museum of Natural History**, New York, v. 231, p. 1-652, 1997.

ANDRADES-MIRANDA, J.; ZACHIN, N.I.T.; OLIVEIRA, L.F.B.; LANGGUTH, A.R.; MATTEVI, N.S. Cytogenetic studies in nine taxa of the genus *Oryzomys* (Rodentia, Sigmodontinae) from Brazil. **Mammalia**, Paris, v. 65, n. 4, p. 461-472, 2000.

ARBOGAST, B.; KENAGY, G.J. Comparative phylogeography as an integrative approach to historical biogeography. **Journal of Biogeography**, Oxford, v. 28, n. 7, p. 819-825, 2001.

AVISE, J.C. The history and purview of phylogeography. In: _____. **Phylogeography**: the history and formation of species. Cambridge: Harvard University Press, 2000. chap. 1, p. 3-36.

AVISE, J.C.; ARNOLD, J.; BALL, R.M.; BERMINGHAM, E.; LAMB, T.; NEIGEL, J.E.; REEB, C.A.; SAUNDERS, N.C. Intraespecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 18, n. 1, p. 489-822, 1987.

BONVICINO, C.R.; GONÇALVEZ, P.R.; OLIVEIRA, J.A; OLIVEIRA, L.F.B.; MATTEVI, M.S. Divergence in *Zygodontomys* (Rodentia: Sigmodontinae) and Distribution of Amazonian Savannas. **Journal of Heredity**, Washington, v. 100, n. 3, p. 322-328, 2009.

BRANDT, R.S.; PÉSSOA, L.M. Intrapopulacional variability in cranial characters of *Oryzomys subflavus* (Wagner, 1842) (Rodentia: Cicretidae), in northeastern Brazil. **Zoologischer Anzeiger**, Jena, v. 233, n. 1/2, p. 45-55, 1994.

BRENNAND, P.G. Variação geográfica do gênero *Hylaeamys* Weksler, Percequillo, Voss (2006) (Cricetidae: Sigomodontinae) na Floresta Atlântica. 2010. 110 p. Dissertação (Mestrado em Zoologia) – Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, 2010.

CABRERA, A. Catalogo de los mamíferos de America del Sur. **Revista del Museo Argentino** de Ciencias Naturales Bernadino Rivadavia. Zoología, Buenos Aires, v. 4, n. 2, p. 309-732, 1961.

CARLETON, M.D.; MUSSER, G.G. Systematic studies of oryzomyine rodents (Muridae, Sigmodontinae): a synopsis of *Microryzomys*. Bulletin of the American Museum of Natural History, New York, v. 191, p. 1-83, 1989.

CARMADELLA, A.R.; PESSOA, L.M.; OLIVEIRA, J.A. Sexual dimorphism and age variability in cranial characters of *Oryzomys subflavus* (Wagner, 1842) (Rodentia: Sigmodontinae) from northeastern Brazil. **Bonner Zoologische Beiträge**, Bonn, v. 48, n. 1, p. 9-18, 1998.

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

COSTA, L.P.; LEITE, Y.L.R.; FONSECA, G.A.B.; FONSECA, M.T. Biogeography of South American Forest Mammals: Endemism and Diversity in the Atlantic Forest. **Biotropica**, Lawrence, v. 32, n. 4b, p. 872-881, 2010.

CRACRAFT, J. Historical biogeography and patterns of differentiation within the South American avifauna: areas of endemism. **Ornithological Monographs**, Lawrence, v. 36, p. 49-84, 1985.

DAITCH, D.J.; GURALNICK, R.P. Geographic Variation in tooth morphology of the Arctic fox, *Vulpes (Alopex) lagopus*. Journal of Mammalogy, Baltimore, v. 88, n. 2, p. 384-393, 2007.

EBERHARD, J.R.; BERMINGHAM, E. Phylogeny and comparative biogeography of *Pionopsitta parrots* and *Pteroglossus toucans*. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Orlando, v. 36, n. 2, p. 288-304, 2005.

EMMOMS, L.H.; PATTON, J.L. A new species of *Oryzomys* (Rodentia: Muridae) from Eastern Bolivia. **American Museum Novitates**, New York, v. 3478, p. 1-26, 2005.

ENDLER, J.A. **Geographic variation, speciation and clines** (monographs in population biology). New Jersey: Princeton University Press, 1977. 262 p.

FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: an approaching using bootstrap. **Evolution**, Lancaster, v. 39, p. 783-791, 1985.

GARDNER, A.L.; PATTON, J.L. Karyotypic variation in oryzomyine rodents (Cricetinae) with comments on chromosomal evolution in neotropical cricetine complex. **Ocasional Papers**, **Museum of Zoology, Louisiana State University**, Eunice, v. 49, p. 1-48, 1976.

GIANNINI, N.P.; SEGURA, V.; GIANNINI, M.I.; FLORES, D. A quantitative approach to the cranial ontogeny of the puma. **Mammalian Biology**, Rundbrief, v. 75, p. 547-554, 2009.

GOLDMAN, E.A. The rice rats of North America. **North America Fauna**, Washington, v. 43, p. 1-98, 1918.

GOULD, S.J.; JHONSTON, R.F. Geographic variation. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 3, p. 457-498, 1972.

GYLDENSTOLPE, N.A Manual of Neotropical Sigmodont Rodents. **Kunglinga Svenska** Science Bulletin. Biological Series, Stockholm, v. 20, n. 5, p. 1-89, 1932.

HALL, T.A. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, Oxford, v. 41, p. 95-98, 1999.

HANDLEY, C.O. Mammals of the Smithsonian Venezuelan project. **Brigham Young University Science Bulletin**. Biological Series, Provo, v. 20, n. 5, p. 1-89, 1976.

JORGE-RODRIGUES, C.R. Variação geográfica de *Hylaeamys megacephalus* (Fischer, 1814) (Rodentia: Sigmodontinae) na América do Sul. 2008. 110 p. Monografia (Bacharelado em Ciências Biológicas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

MACHADO, F.A.; HINGST-ZAHER, E. Investigating South American biogeographic history using patterns of skull shape variation on *Cerdocyon thous* (Mammalia: Canidae). **Biological Journal of the Linnean Society**, London, v. 98, p. 77-84, 2009.

MANLY, B.F.J. **Métodos estatísticos multivariados**: uma introdução. Porto Alegre: Artmed; Bookman, 2008. 229 p.

MATIOLI, S.R.; PASSOS-BUENO, M.R.S. Métodos baseados em PCR para análise de polimorfismos em ácidos nucléicos. In: MATIOLI, S.R. (Ed.). **Biologia molecular e evolução.** Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001. cap. 15, p. 153-161.

MAYR, E. **Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist**. Cambridge: Harvard University Press, 1964. 372 p.

MAYR, E. **Populações, espécies e evolução**. São Paulo: Companhia Editora Nacional; EDUSP, 1977. 486 p.

MIRANDA, G.B.; ANDRADES-MIRANDA, J.; OLIVEIRA, L.F.B.; LANGGUTH, A.; MATTEVI, S.M. Geographic patterns of genetic variation and conservation consequences in three South American Rodents. **Biochemestry Genetic**, New York, v. 45, p. 839-856, 2007.

MOREIRA, J.C.; OLIVEIRA, J.A. Evaluating diversification hypotheses in the South American Cricetid *Thaptomys nigrita* (Lichtenstein, 1829) (Rodentia: Sigomodontinae): an appraisal based on different character systems. **Journal of Mammalian Evolution**, Pittsburgh, v. 18, n. 3, p. 1-14, 2011.

MUSSER, G.G.; CARLETON, M.D. Family Muridae. In: WILSON, D.E.; REEDER, D.A. (Ed.). **Mammals especies of the world:** a taxonomic and geographic reference. Washington: Smithsonian Institution Press, 1993. p. 501-755.

MUSSER, G.G.; CARLETON, M.D. Superfamily Muroidea. In: WILSON, D.E.; REEDER, D.A. (Ed.). **Mammal species of the world:** a taxonomic and geographic reference. Baltimore: Johns Hopkins University Press, 2005. p. 894-1531.

MUSSER, G.G.; WILLIAMS, M.M. Systematic studies of Oryzomyine Rodents (Muridae): definitions of *Oryzomys talamancae*. **American Museum Novitates,** New York, v. 2810, p. 1-22, 1985.

MUSSER, G.G.; CARLETON, M.D.; BROTHERS, E.; GARDNER, A.L. Systematic studies of Oryzomyine rodents (Muridae, Sigmodontinae): diagnoses and distributions of species formerly assigned to *Oryzomys "capito*". Bulletin of the American Museum of Natural History, New York, v. 236, p. 1-376, 1998.

NYLANDER, J.A.A. **MrModeltest 2.2.** Program distributed by the author. Upsalla: Uppsala University, Evolutionary Biology Centre, 2004.

OLIVEIRA, J.A. Estrutura da variação craniana em populações de *Bolomys lasiurus* (Lund, 1841) (Rodentia: Cicretidae) do Nordeste do Brasil. 1992. 150 p. Dissertação (Mestrado em Ecologia) - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro.1992.

PATTON, J.L.; SILVA, M.N.F.; MALCOM, J.R. Mammals of the Rio Juruá and the evolutionary and ecological diversification of Amazonia. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** New York, v. 244, p. 1-306, 2000.

PAYNTER, R.A. **Ornithological Gazetteer of Venezuela**. Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1982. 245 p.

_____. **Ornithologial Gazetteer of Argentina**. Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1985. 1043 p.

_____. **Ornithological Gazetteer of Bolivia**. 2nd ed. Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1992. 187 p.

_____. **Ornithological Gazetteer of Ecuador**. 2nd ed. Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1993. 247 p.

_____. **Ornithological Gazetteer of Colombia**. 2nd ed. Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1997. 537 p.

PAYNTER, R.A.; TRAYLOR, M.A. **Ornithological Gazeteer of Brazil.** Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1991. 788 p.

PRADO, J.R.; PERCEQUILLO, A.R. Ontogenetic and Sexual Variation in cranial characters of *Aegialomys xanthaeolus* (Thomas, 1894) (Cricetidae: Sigmodontinae) from Ecuador and Peru, **Papéis Avulsos de Zoologia**, São Paulo, v. 51, 2011. No prelo.

PERCEQUILLO, A.R. **Sistemática de** *Oryzomys* **Baird, 1858 do leste do Brasil (Muroidea, Sigmodontinae).** 1998. 2 v. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas, Zoologia) – Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, 1998.

_____. **Sistemática de** *Oryzomys* **Baird, 1858:** definição dos grupos de espécies e revisão do grupo albigularis (Rodentia, Sigmodontinae). 2003. 434 p. Tese (Doutorado em Zoologia) - Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2003.

PERCEQUILLO, A.R.; HINGST-ZAHER, E.; BONVICINO, C.R. Systematic review of genus Cerradomys Weksler, Percequillo and Voss, 2006 (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with the description of two new species from eastern Brazil . **American Museum Novitates**, New York, v. 3622, p. 1-46, 2008. PERCEQUILLO, A.R.; WEKSLER, M.; COSTA, L.P. A new genus and species of rodent from Braziliam Atlantic Forest (Rodentia:Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with comments on oryzomyine biogeography. **Zoological Journal of the Linnean Society**, London, v. 161, p. 357-390, 2011.

POSADA, D. jModelTest: phylogenetic model averaging. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 25, p. 1253-1256, 2008.

RONQUIST, F.; HUELSENBECK, J.P. Mr Bayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, Oxford, v. 19, p. 1572-1574, 2003.

SAITON, N.; NEI, M. The neighbor joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 4, p. 406-425, 1987.

SAMUELS, J.X. Cranial morphology and dietary habits of rodents. **Zoological Journal of the** Linnean Society, London, v. 156, n. 4, p. 864-888, 2009.

SIMPSON, G.G; ROE, A.; LEWONTIN, R.C. **Quantitative zoology**. New York: Dover Publications, 2003. 440 p.

STEINER, C.; CATZEFLIS, F. Mitochondrial diversity and morphological variation of *Marmosa murina* (Didelphidae) in French Guiana. **Journal of Mammalogy**, Baltimore, v. 84, n. 3, p. 822-831, 2003.

STEPHENS, L.; TRAYLOR, M.A. **Ornithological Gazetteer of Peru**. Cambridge: Harvard University, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, 1983. 233 p.

SWOFFORD, D.L. **Phylogenetic analysis using Parsimony PAUP*.** (* and Other Methods). Version 4. Sunderland: Sinauer Associates, 2000.

TAMURA, K.; NEI, M. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitocondrial DNA and humans and chimpanzees. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 10, p. 512-526, 1993.

TATE, G.H.H. The taxonomic history of the South and Central American cricetid rodents of the genus *Oryzomys*. Part 1: subgenus *Oryzmys*. **American Museum Novitates**, New York, v. 579, p. 1-18, 1932.

THOMAS, O. On mammals from Cochabamba, Bolívia, and the Region north of that place. **Annals and Magazine of Natural History**, London, v. 7, n. 9, p. 125-143, 1902.

UNITED STATUS BOARD ON GEOGRAPHICAL NAMES. Disponível em: http://gnswww.nga.mil/geonames/GNS/index.jsp>. Acesso em: 05 jan. 2011.

VANZOLINI, P.E. **Zoologia sistemática, geografia e a origem das espécies.** São Paulo: USP, Instituto de Geografia, 1970. 56 p. (Série Teses e Monografias, 3).

_____. A supplement to the Ornithological Gazetteer of Brazil. São Paulo: USP, Museu de Zoologia, 1992. 252 p.

VANZOLINI, P.E.; WILLIAMS, E.E. South American Anoles: the geographic differentiation and evolution of the *Anolis chrysolepis* species group (Sauria, Iguanidae). **Arquivos de Zoologia**, São Paulo, v. 19, n. 1/2, p. 1-298, 1970.

VOLOBOUEV, V.T.; ANISKIN, V.M. Comparative chromosome banding analysis of three South-American species of rice rats of the genus *Oryzomys* (Rodentia:Sigmodontinae). **Chromosome Research**, Oxford, v. 8, p. 295-304, 2000.

VOSS, R.S. Systematics and ecology of Ichthyomyine rodents (Muroidea): patterns of morphological evolution in a small adaptive radiation. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** New York, v. 188, n. 2, p. 259-493, 1988.

_____. An introduction to the neotropical muroid rodent genus *Zygodontomys*. Bulletin of the American Museum of the Natural History, New York, v. 210, p. 1-113, 1991.

VOSS, R.S.; MARCUS, L.F. Morphological evolution in muroid rodents II. Craniometric factor divergence in seven neotropical genera, with experimental results from Zygodontomys. **Evolution,** Lancaster, v. 46, n. 6, p. 1918-1934, 1992.

VOSS, R.S.; LUND, D.P; SIMMONS, N.B. The mammals of Paracou, French Guiana: A neotropical lowland rainforest fauna (Nonvolant species). **Bulletin of the American Museum of Natural History**, New York, v, 263, p. 1-236, 2001.

WEKSLER, M. Phylogenetic relationships of oryzomyine rodents (Muroidea: Sigmodontinae): separate and combined analyses of morphological and molecular data. **Bulletin of the American Museum of Natural History**, New York, v. 296, p. 1-149, 2006.

WEKSLER, M.; PERCEQUILLO, A.R.; VOSS, R.S. Ten new genera of Oryzomyine Rodents (Cricetidae: Sigmodontinae). American Museum Novitates, New York, v. 3537, p. 1-29, 2006.

APÊNDICES

APÊNDICE A - MATERIAL EXAMINADO

Hylaeamys yunganus

Material examinado: BOLÍVIA: Cochabamba: Charuplaya: BMNH 21139. Pando: Las Piedras: AMNH 262736. Santa Cruz: 4.5 km N, 1.5 km e Cerro Amboro, Río Pitasama: MSB 56001, AMNH 262081, 262079. BRASIL: Acre: Porongaba: margem direita do Rio Juruá: INPA 3363, 3364, 3365, 3367, 3362. Nova Vida: margem direita do Rio Juruá: INPA 3372, 3375, JUR 214, MNFS 1557. Ocidente: INPA 3361. Oposto Porongaba: margem esquerda do Rio Juruá: INPA 3368, 3366, 3371, 3370, MNFS 1245. Sena Madureira: Manuel Urbano: NMNH 545297, 545300, 545302, 545304, MPEG 13180, 13178, 10594, 10599, 10602, 10611, 10603. Bairro do triâgulo: MPEG 10754, 10763, 10767, 10756, 10751, 10750, 10764, 10765, 10766, 10745, 10748. Segundo Distrito: MPEG 13181. Sobral: margem esquerda do Rio Juruá: INPA 3372. Amapá: Serra do Navio: Terezinha: MPEG 15031, 15042, 15046, 15029, 13165, 15041, 15033, 15022, 15021, 13160, 15023, 15040, 15038, 15047, 15048, 15051, 15043, 15123, MZUSP 20464, 20463, 20462, 20460, 24482. C3 e C5: MPEG 2525, 15059, 15058. EFA: MPEG 8428. ICOMI: MPEG 8653. Macapá: Rio Amapari: MPEG 6686, 6705. Amazonas: Altamira: margem direita do Rio Juruá: MVZ 190588, 190589. 18 km Sul e 19 km W de Altamira, Agrovila da União: NMNH 521519, 521521, 521444, 521445. Barro Vermelho: margem esquerda do Rio Juruá: MVZ 192083. Condor: margem esquerda do Rio Juruá: MVZ 190579, 190580, 190581, 190582, 190583, 190584, INPA 3391, 3390, 3392. Jainu: margem direita do Rio Juruá: INPA 3393, MVZ 190585. Manaus: MPEG 7196. Oposto Altamira: margem esquerda do Rio Juruá: INPA 3394. Penedo: margem direita do Rio Juruá: MVZ 190551, 190555, 190549, 190559, 190560, 190561, 190562, 190572, 190564, 190565, 190566, 190567, 190568, 190569, 190570, 190571, 190563, INPA 3381, 3382, 3378, 3380, 3379. Nova Empresa: margem esquerda do Rio Juruá: INPA 3201, 3349, 3356, 3348, JUR 5, MVZ 190577. Viravolta: margem esquerda do Rio Juruá, Igarapé Arabidi: INPA 3351 e 3353, MPEG 474, 483, 475, 212, 557, 5, 412, 373, 392, 35, 37, 543, 45, 509, 41, 489, 386, 524, 110, 214, 46, 12, MNFS1245. Mato Grosso: Xavantina: Serra do Roncador: BMNH 81473, 81474, 81521, 81523, 81535, 81538, 81545, 81548, 81549, 81554, 81576,861133, 861134, 861138, 861147. Pará: Belém: MPEG 1106, MZUSP 23483, 23382. Capim: MPEG 8422, 8388. Itaituba: Itaituba-Jacareacanga, km 12, Flexal: MPEG 12676. Santarém: MPEG 8351, MZUSP 23133. Rondônia: Hidrelétrica Jirau: MJ 201, 219, 222. COLÔMBIA: Caquetá: Rio Caquetá: EMNH 72036, 72051. Cundimarca: Guaicaramos: AMNH 71328. Meta: Serrania de la Macarena: EMNH 87969, 87970. Parque la Macarena: EMNH 58778, 58779. EQUADOR: Napo: Llunchi: UMMZ 80095, 80106. Perto do Rio Napo: UMMZ 65181. PNYasuni: El Saladero: ROM 105288, 105259, 105320, 104561, 105054. Pompeya: ROM 104054, 104047, 104052. San Jose Abajo: AMNH 68115, 68106, 68082, 68059, 68049. Pastaza: Rio Capahuari: EMNH 43270, 43271. Rio Yana-Rami: EMNH 43265. Zamora-Chinchipe: Zamora: AMNH 47830. GUIANA: North West: Barima-Waini: Kwabanna: ROM 98719. Santa Cruz: ROM 9882. 98771. Rupunumi: Potaro-Siparuni: ROM 114713, 115840, 115839, 115821, 115827, 114714, 114742, 115822, 115814, 115775. GUIANA FRANCESA: Guiana Francesa: Paracou: AMNH 267017, 266520, 266516, 26503, 266495, 266496. PERU: Amazonas: Uscho: AMNH 73182. Ayacucho: Rio Santa Rosa: LSU16685. Cuzco: Quince Mil: EMNH 75253, 75254, 75259, 75261, 75262, 75263, 75164, 75272. Marcapata: EMNH 66399, 68630, 68631. Santa Ana: NMNH 194887. Huanaco: Chinchao: EMNH 23721, 23722. Hacienda Buena Vista: EMNH 24546, 24549, 24551. Loreto: Balta: MVZ 136585, 136587, AMNH 98257. Boca Rio Curaray: AMNH 71570. El Chino: margem esquerda do Río Tahuayo: MV 970118. Pasco: Pozuzo: EMNH 126707. SURINAME: Sipaliwini: Centro da Bacia Arrowhead: Augustus Creek: CMNH 76926. Geyskes Creek: Tafelberg: CMNH 76933, 76936. Kaiserberg airstrip: EMNH 93284, 93286. VENEZUELA: Amazonas: Tamatama: NMNH 409869. Mt Duida: AMNH 77337. Bolívar: Auyán-Tepuí: AMNH 130998, 130901, 130905, 130906, 130914, 130916, 130933, 130959, 130960, 130955, 130940, 130941, 131125, 131126. Monte Roraima: AMNH 57770.

Hylaeamys megacephalus

Material examinado: BRASIL: <u>Amazonas</u>: Lago Meduiním: margem esquerda do Rio Negro: JLP 16787, 16791, 16800, 16815, MNFS 2115. Macaco: margem esquerda do Rio Jaú: JLP 16731, LPC 125, YL 119. PDBFF: 82 km N Manaus: LOTE 42. Rio Jaú: margem direita acima da boca: JLP 16781. Tambor: margem esquerda do Rio Jaú: MNFS 1990, 2015. <u>Acre:</u> Serra do Navio: Terezinha: MPEG 15050, 15024, 15028, 15035, 15036, 15124, 15049, 15027, 15044, 15039, 15030, 15032. C3 e C5: MPEG 15054, 15125, 15060. EFA: MPEG 15069. ICOMI: MPEG 15070. <u>Goiás</u>: Catalão: LPC 1305, 1308. Parque Nacional das Emas: LPC 1121, 1243. <u>Mato Grosso</u>: Aripuanã: CIT 672, LPC 679. Cláudia: LPC 532, 535, 509. Fazenda Lagoa

Bonita: 36 km N Barra do Garças: LPC 403. Fazenda Noirumbá: 34 Km NW Ribeirão Cascalheira: LPC 734, 743, 761, 785. Fazenda São Luis: 30 km N Barra do Garças: LPC 391, 418, 469, 449. Gaúcha do Norte: LPC 548, 538, 574. Juruena: LPC 647, 652. Reserva Ecológica Cristalino: 40 km N Alta Floresta: LPC 556, 557. Vila Rica: LPC 727, 734, 736. Xavantina: Serra do Roncador: EMNH 20056. BMNH 81505, 81506, 81508, 81512, 81528, 81529, 81530, 81550, 81551, 81557, 81558, 81559, 81560, 81587, 861144, 861145. Mato Grosso do Sul: Balança Velha: 55 km W Dourados: LPC 626. Fazenda Maringá: 54 km W Dourados: JLP 16988, LPC 686. Minas Gerais: Fazenda Brejão: Brasilândia: AP 52. Pará: Floresta Nacional de Carajás: Distrito de Sossego: Parauapebas: CJ 15. Floresta Nacional Tapirapé-Aquiri: Município de Marabá: CS 3, 23. Mata do Vasco: 12 km W Nova Ponte: LPC 377, 354, 353, 300, 378, 332. Mata do Sequeirinho: Distrito de Sossego: Parauapebas: CJ 11. Rio Xingu: margem orienal 52 km SSW Altamira: USNM 549548. Tocantins: Parque Nacional do Araguaia: LPC 1160, 1145, 1146. 717. Rio Santa Teresa: 20 km NW Peixe: LPC 695, 701, 702. GUIANA: Potaro-Siparuni: 30 km NE Surama: ROM 97979, 98090, 98089. GUIANA FRANCESA: Guiana Francesa: Paracou: AMNH 266494, 266497, 266502, 266504, 266508, 266518, 266527, 266530, 266533, 266538, 267018, 267566. SURINAME: Sipaliwini: Geyskes Creek: Tafelberg: CMNH 76933. VENEZUELA: Amazonas: Neblina base campo: Río Mawarinuma: ALG 14292. Bolívar: Auyán-Tepuí: AMNH 130894, 130893, 130897, 130900, 130904, 130912, 130973, 130977, 130979, 130982, 130985, 130981.

Hylaeamys perenensis

Material examinado: BOLÍVIA: <u>Beni:</u> 1 km SW Estación Biológica del Beni: Totaisal: MSB 55998. <u>Pando</u>: Isla Garantua: MSB 57161. Oposto Hamburgo: west bank Rio Beni: MSB 57160. Oposto Providencia: margem direita do Río Madre de Dios: MSB 57163. <u>Santa Cruz</u>: 2 km SW Las Cruces: MSB 63362. 6 km W Ascension (by rd.): MSB 56000. San Rafael de Amboro: MSB 56004.

BRASIL: <u>Acre</u>: **Nova Vida**: margem direita do Rio Juruá: INPA 3272, 3273, MNFS 1608. **Oposto Porongaba**: margem esquerda Rio Juruá: INPA 3235. Porongaba: margem direita do Rio Juruá: INPA 3227, MNFS 1146. **Sobral**: margem esquerda do Rio Juruá: JUR 216, 218, MNFS 1444. <u>Amazonas</u>: **Altamira**: margem direita do Rio Juruá: MVZ 190520, 190521. **Barro Vermelho**: margem esquerda do Rio Juruá: MVZ 190496, 190497, 191244. **Boa Esperança**: 56

margem direita do Rio Juruá: MNFS 921, 923, INPA 3344, 3345. **Ilhazinha**: margem esquerda do Rio Juruá: Igarapé Arabidi: JUR 551, INPA 3221. **Jainu:** margem direita do Rio Juruá: MVZ 190519, INPA 3311. **Lago Vai-Quem-Quer**: margem direita do Rio Juruá: JUR 288, 295. **Nova Empresa:** margem esquerda do Rio Juruá: JUR 14. **Oposto Altamira**: margem esquerda do Rio Juruá: INPA 3258, MNFS 897. **Penedo**: margem direita do Rio Juruá: MVZ 190466, 190467. **Sacado**: margem direita do Rio Juruá: JUR 147, INPA 3305, 3308, MNFS 632. **Seringal Condor**: margem esquerda do Rio Juruá: MVZ 190486, 190487. **Viravolta**: margem esquerda do Rio Juruá: JUR 418, MVZ 190529, 190531, 190533, 190535, 190540, INPA 3206, 3208, 3205, 3209, 3215, 3219, 3204, 3212. **COLÔMBIA**: <u>Napo</u>: **San Jose Abajo**: AMNH 68047, 68048, 68060, 68084, 68085, 68086, 68087, 68104, 68107. **PERU:** <u>Amazonas</u>: **Huampami**: Río Cenepa: MVZ 154944, 154945. <u>Cusco</u>: **Kiteni**: Rio Urubamba: MVZ 166676, 166677. **2 km SW Tangoshiari**: LHE 1474, LLW 474. <u>Loreto</u>: **Nuevo San Juan**: Río Gálvez: RSV 2074, 2117. <u>Madre de Dios</u>: **Hda. Erika**: Rio Alto Madre de Dios oposto a Salvación: MVZ 166674. 166675. **Reserva Cusco Amazónico**: 14 km E Puerto Maldonado: MVZ 166026.

APÊNDICE B - ÍNDICE DE LOCALIDADES DE Hylaeamys yunganus

BRASIL

<u>Acre</u>

- 1. Bairro do Triângulo, Sena Madureira, 09°04'S, 68°40'W.
- 2. Nova Vida, direita do rio Juruá, 08°22'S, 72°49'W.
- 3. Porongaba, direita do rio Juruá, 08°40'S, 72°47'W.
- 4. Ocidente, direita do rio Juruá , 08°34'S, 72°48'W.
- 5. Oposto à Porongaba, esquerda do rio Juruá, 08°40'S, 72°47'W.
- 6. Segundo Distrito (Niterói), Sena Madureira, 09°04'S, 68°40'W.
- 7. Sena Madureira, BR 364, Manuel Urbano Km. 8, 09°04'S, 68°40'W.

<u>Amapá</u>

8. Macapá, Rio Amapari, 00°02'S, 51°03'W.

- 9. Margem direita do Rio Maracá, Município Mazagão, 00°26'S, 51°26'W.
- 10. Terezinha, Rio Amapari, Serra do Navio, 00°58'N, 52°02'W.
- 11. Serra do Navio, C3 e C5, 00°59'N, 52°04'W.
- 12. Serra do Navio, Km. 190 EFA, 00°59'N, 52°04'W.
- 13. Serra do Navio, ICOMI, 00°59'N, 52°04'W.

<u>Amazonas</u>

- 14. Altamira, direita do Rio Juruá, 6°35' S, 68°54'W.
- 15. Condor, esquerda do rio Juruá, 06°45'S, 70°51'W.
- 16. Igarapé Nova Empresa, esquerda do rio Juruá, 06°48'S, 70°44'W.
- 17. Jainú, direita do rio Juruá, 06°28'S, 68°46'W.
- 18. Manaus, Estrada Manaus-Itacoatiara, Manaus, 00°26'S, 51°26'W.
- 19. Oposto à Altamira, esquerda do rio Juruá, 06°35'S, 68°54'W.
- 20. Penedo, direita do rio Juruá, 06°50'S, 70°45'W.
- 21. Viravolta, esquerda do rio Juruá no igarapé Arabidi, afluente do Paraná Breu, 03°17'S, 66°14'W.

Mato Grosso

22. 264 km N Xavantina, Serra do Roncador. BMNH, 12°49'S, 51°46'W.

<u>Pará</u>

- 23. 18 Km. S e 19 Km. W de Altamira (Agrovila da União), 03°22'S, 52°23'W.
- 24. Belém, 01°27'S, 48°29'W.
- 25. Capim [= São Domingos do Capim], BR 14, km 87, 93 e 94, 02°10'S, 47°35'W.
- 26. Itaituba, Itaituba-Jacareacanga, Km. 212, Flexal, 05°45'S, 57°23'W.
- 27. Santarém, Estrada Santarém-Cuiabá, BR165, km 217, 04°09'S, 55°40'W.

Rondônia

28. Hidrelétrica Jirau, localizado em Abunã e Mutum, cidade de Porto Velho, 09°42'00''S, 65°23'00''W.

Cochabamba

29. Charuplaya; 1350m. P. O. Simons (col.), junho de 1091. BMNH., 17°22'S, 66°45'W

Pando

30. Las Piedras; 170 m. 11°02'S, 66°07'W.

Santa Cruz

31. 4.5 km N, 1.5 km E Cerro Amboro, Rio Pitasama; 620 m. 17°45'S, 63°40'W. COLÔMBIA

<u>Caquetá</u>

32. Rio Caquetá, La Taqua, Tres Troncos; 185 m., 00°08'N, 74°41'W.

Cundinamarca

33. Guaicaramo, 04°43'N, 73°02'W.

<u>Meta</u>

34. El Parque La Macarena, camp Izawa, in caño near camp., 02°33'N, 74°02'W.

35. Serrania de La Macarena, Pico Renjifo, 4500 ft. ca 3°06' N, 73°55' W.

EQUADOR

<u>Napo</u>

36. Llunchi, Rio Napo; 250 m., 00°37'S, 76°46'W.

37. Near the River Napo; 2400 ft., 03°20'S, 76°40'W.

38. PN Yasuni, El Saladero, 76 km S Pompeya Sur. Emgstrom, Sornoza & Lim (cols.), coordenadas do Rio Yasuní, 00°09'S, 78°19'W.

39. PN Yasuni, 42 km S, 1 km E Pompeya Sur. Engstrom, Reid, Sornoza (cols.), coordenadas do Rio Yasuní, 00°09'S, 78°19'W.

40. San José, na realidade San José Nuevo; circa 500-1000m. 00°26'S, 77°20'W.

<u>Pastaza</u>

41. Rio Capahuari, Oriente., 02°31'S, 76°51'W.

41. Rio Yana-Rami, Oriente (ou Yano-Rami), 01°38'S, 76°59'W.

Zamora-Chinchipe

43. Zamora; 3250 ft. 04°04'S, 78°58'W.

GUIANA

North West

- 44. Barima-Waini, Kwabanna, 07°34'N, 59°09'W.
- 45. Barima-Waini, Santa Cruz, 07°40'N, 59°14'W.

Rupunumi

46. Potaro-Siparuni, Mt. Ayanganna, first plateau camp, 1100 m. Lim, BK (col.), 05°20'N, 59°57'W.

47. Potaro-Siparuni, first plateau camp, 1130 m. Lim, BK and Kilburn (cols.), 05°07'N, 59°49'W.

48. Potaro-Siparuni, Mt. Wokomung, Base of first escarpment camp, 670 m. Lim, BK and Kilburn (cols.), 05°08'N, 59°49'W.

GUIANA FRANCESA

Cayenne

49. French Guiana, Cayenne, Kaw, 100 m, 4°28'48''N, 52°01'48''W.

Guiana Francesa

50. Paracou, perto de Sinnamary. 05°23'S, 52°57'W.

PERU

Amazonas

51. Uscho, aproximadamente 50 milhas E de Chachapoyas, NE Peru; 5000 ft., 06°11'S, 77°13'W.

Ayacucho

52. Rio Santa Rosa, San Jose, 12°42'S, 73°44'W.

<u>Cuzco</u>

53. Marcapata, Hacienda Cadena, 13°35′23′′S, 70°58′20′′W.

54. Quince Mil; 68 m., 13°13′44′′S, 70°45′36′′W.
55. Santa Ana, 12°52′S, 72°43′W.

Huanaco

56. Chinchao; 5700 ft., 09°38'S, 76°04'W.

57. Chinchao, Hacienda Buena Vista; 3500 ft., 09°38'S, 76°04'W.

Loreto

58. Balta, Rio Curanja, 300 m, 10°06'S, 71°14'W.

59. Boca Rio Curaray; Ollala y hijos, col.; 30 de Novembro 1925, 02°22'S, 74°05'W.

60. Mouth of Santiago River. J. Schunke (col.), janeiro de 1929. AMNH, 04°25'S, 77°38'W.

<u>Pasço</u>

61. Pozuzu ou Pozuzo, 10°04´S, 75°32´W.

SURINAME

<u>Nickerie</u>

62. Kaiserberg airstrip, Zuid River (ou Kaiser Gebergte Airstrip), 03°06'N, 56°28'W.

VENEZUELA

Amazonas

63. Mt. Duida, Agüita; 3250 ft. Tyler Duida Expedition. Irmãos Ollala (col.), janeiro de 1929. AMNH., 05°55'N, 62°32'W.

64. Tamatama, Rio Orinoco; 135 m., 03°10'N, 65°49'W.

<u>Bolívar</u>

65. Auyán-Tepuí; 1100 m. AMNH, 05°55'N, 62°32'W.

66. Monte Roraima, Arabupu; 4200 ft. GHHTate & Carter, cols. 4687, 05°12'N, 60°44'W.

APÊNDICE C - PROTOCOLO UTILIZADO NAS ANÁLISES MOLECULARES

Protocolo de Polymerase-chain reaction

- Buffer [10] pmol, 2,5 µL;
- MgCl2 [50] mM, 1,5 μL;
- dNTP's [10] mM, 1,25 μL;
- Primer MVZ 05 [10] moles/µL, 2,50 µL;
- Primer MVZ 16 [10] moles/µL, 2,50 µL;
- Taq DNA Polimerase Platinum[®], 0,20 µL;
- DNA, 1 µL;
- Água milliQ, completar para um total de 25 µL.

A reação foi conduzida seguindo o seguinte programa de termociclagem:

- 10 min a 95 °C;
- 5 vezes 1 min a 95°C, 1 min a 55°C, 1,5 min a 72°C;
- 15 vezes 1 min a 95°C, 1 min a 52°C, 1,5 min a 72°C;
- 15 vezes 1 min a 95°C, 1 min a 50°C, 1,5 min a 72°C;
- 7 min a 72°C.

ANEXOS

ANEXO A – TABELAS

Coleção Científica	Número de espécimes mensurados
BMNH - British Museum of Natural History, Londres	16
MPEG - Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém	75
MVZ – Museum of Vertebrate Zoology, Berkeley	28
USNM – National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington	10
INPA- Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus	23
FMNH – The Field Museum, Chicago	28
AMNH – Americam Museum of Natural History, Nova Iorque	35
UMMZ – University of Michigan Museum of Zoology, Ann Arbor	3
LSUMZ - Louisiana State University, Museum of Zoology, Baton Rouge	1
ROM – Royal Ontario Museum, Toronto	23
MZUSP - Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, São Paulo	8
Alexandre Reis Percequillo	3
Total	253

Tabela 1- Relação de espécimes utilizados nas análises morfológicas e suas respectivas coleções

Agrupamento	Localidades			
Meta	Guaicaramo. N=1			
	Rio Dahua, N=2			
	Coast Range W of Popayan; Paramo, $N=2$			
Napo	Llunchi, Rio Napo, N=2			
-	San José Abajo, N=5			
	PN Yasuni, El Saladero. N=4			
	PN Yasuni, 42 km S, 1 km E Pompeya Sur. Engstrom, N= 2			
Chinchao	Chinchao: 5700 ft $N=2$			
Chinenuo	Chinchao, Hacienda Buena Vista: 3500 ft. N=3			
	Pozuzu ou Pozuzo, N=1			
Cuzeo	Marcanata Hacianda Cadana N-3			
Cuzeo	Ouince Mil. N=8			
	Santa Ana, N=1			
Timon.	Using Hidrolétnics liney N-2			
JIFau	Usina Hidreletrica Jirau, N=2			
Sena Madureira	Sena Madureira, BR 364, Manuel Urbano Km. 8, N=10			
	Bairro do Triângulo, Sena Madureira, N= 5			
Alto Juruá	Porongaba, N= 4			
	Oposto Porongaba, N=3			
	Nova Vida, N=2			
	Ocidente, N=1			
Médio Juruá	Oriximiná, Porto Trombetas, Rio Sacarazinho (Km. 43), N=1			
	Chiqueirinho, margem direita Rio Tocantins, 70 Km, N=1			
	26 km N e 30 km W de Marabá, perto de Itupiranga, Gleba 5, lote 5, N=5			
	54 Km S, 150 Km W de Altamira (Gleba 61. Lote 02), N=1			
	Itaituba, Itaituba-Jacareacanga, Km. 212, Flexal, N=4			
	18 Km. S e 19 Km. W de Altamira (Agrovila da União), N=15			
Baixo Juruá	Viravolta, esquerda do rio Juruá no igarapé Arabidi, afluente do Paraná			
	Breu, N= 10			
Auyán-Tepuí	Auyán-Tepuí; 1100 m., N= 13			
Potaro	Potaro-Siparuni, Mt. Ayanganna, first plateau camp, N=3			
	Potaro-Siparuni, Mt. Wokomung, Base of first escarpment camp, N=2			
Paracou	Paracou, perto de Sinnamary, N=10			
Serra do Navio	Terezinha, Rio Amapari, Serra do Navio, Amapá, Brasil, N= 18			
	Serra do Navio, C3 e C5, Amapá, Brasil, N=2			
	Serra do Navio, Km. 190 EFA, Amapá, Brasil, N = 1			
	Serra do Navio, ICOMI, Amapá, Brasil, N= 1			
Xavantina	264 km N Xavantina, Serra do Roncador , N= 15			

Tabela 2 - Agrupamentos e localidades mais representativas nas amostras de Hylaeamys yunganus

Vaniával	Valor de <i>p</i> do teste				
variavei	Kolmogorov-Smirnov				
СТО	0,972				
CCI	0,719				
CDI	0,377				
CSM	0,371				
LM1	0,101				
CFI	0,804				
LFI	0,886				
LPA	0,348				
LIP	0,959				
CIP	0,417				
LR1	0,200				
LR2	0,873				
CNA	0,783				
CPP	0,953				
ACC	0,787				
LIO	0,359				
LZI	0,521				
LPZ	0,536				
CCZ	0,758				
CFO	0,521				
LBU	0,924				

Tabela 3 - Valores de p do teste Kolmogorov-Smirnov

Variável	Sig. Teste t	SEXO	N	Média	Desvio Padrão
СТО	0,593	М	12	29,79	1,67
		F	8	29,42	1,17
CDI	0,099	М	14	7,82	0,49
		F	11	7,29	1,02
CSM	0,405	М	14	4,53	0,14
		F	11	4,40	0,58
LM1	0,966	М	14	1,39	0,08
		F	11	1,39	0,10
CFI	0,177	М	14	4,43	0,26
		F	10	4,24	0,40
LFI	0,873	М	14	2,17	0,10
		F	10	2,16	0,21
LPA	0,200	М	13	5,34	0,17
		F	11	5,13	0,54
LR1	0,684	М	10	5,22	0,31
		F	11	5,13	0,60
CNA	0,346	М	13	11,29	0,76
		F	10	10,78	1,72
CPP	0,103	М	11	6,73	0,46
		F	10	6,41	0,40
ACC	0,168	М	13	8,89	0,25
		F	9	8,69	0,41
LIO	0,154	М	14	5,08	0,21
		F	11	4,93	0,28
LZI	0,783	М	5	14,40	0,66
		F	6	14,50	0,57
LPZ	0,446	М	13	3,37	0,30
		F	10	3,27	0,31
CCZ	0,223	М	12	20,32	0,95
		F	9	19,78	1,02
CFO	0,279	М	14	9,92	0,43
		F	8	9.71	0.43

Tabela 4 - Estatística descritiva e resultados do teste *t* de student, para avaliar a variação Sexual em *Hylaeamys yunganus*, na amostra de Serra do Navio (N= 25). Na coluna Sexo, a letra M representa os machos e F as fêmeas

Variável	Sig. Teste t	SEXO	Ν	Média	Desvio Padrão
СТО	0,463	М	10	29,36	2,11
		F	11	30,04	2,01
CDI	0,907	Μ	10	7,88	0,79
		F	11	7,92	0,69
CSM	0,587	Μ	10	4,71	0,15
		F	11	4,74	0,12
LM1	0,633	М	10	1,49	0,04
		F	11	1,48	0,06
CFI	0,896	М	10	4,45	0,36
		F	11	4,47	0,35
LFI	0,699	М	10	2,36	0,14
		F	11	2,33	0,19
LPA	0,727	М	10	5,58	0,34
		F	11	5,62	0,23
LR1	0,925	Μ	10	4,99	0,29
		F	11	5,00	0,25
CNA	0,205	Μ	10	10,69	1,03
		F	11	11,25	0,92
CPP	0,513	Μ	10	6,56	0,50
		F	11	6,69	0,39
ACC	0,735	М	10	9,20	0,40
		F	11	9,15	0,25
LIO	0,019	М	10	5,16	0,11
		F	10	5,00	0,16
LZI	0,823	М	9	15,40	1,19
		F	10	15,50	0,64
LPZ	0,713	М	10	3,33	0,39
		F	11	3,39	0,37
CCZ	0,836	М	9	20,76	1,30
		F	11	20,89	1,51
CFO	0,696	Μ	9	10,12	0,65
		F	11	10,24	0,67

Tabela 5 - Estatística descritiva e resultados do teste *t* de student, para avaliar a variação Sexual em *Hylaeamys yunganus*, na amostra de Baixo Juruá (N= 21). Na coluna Sexo, a letra M representa os machos e F as fêmeas

Variável	Sig. Teste t	SEXO	N	Média	Desvio Padrão
СТО	0,984	М	18	30,43	0,29
		F	11	30,78	0,38
CDI	0,970	М	17	8,09	0,12
		F	11	8,13	0,15
CSM	0,591	М	18	4,76	0,03
		F	11	4,82	0,04
LM1	0,870	М	18	1,49	0,01
		F	11	1,50	0,01
CFI	0,540	М	18	4,70	0,07
		F	11	4,61	0,11
LFI	0,426	М	18	2,38	0,03
		F	11	2,26	0,05
LPA	0,292	Μ	18	5,68	0,05
		F	11	5,67	0,07
LR1	0,171	М	18	5,10	0,07
		F	11	5,03	0,06
CNA	0,759	М	18	11,30	0,13
		F	11	11,49	0,20
СРР	0,509	М	18	6,70	0,08
		F	11	6,90	0,09
ACC	0,299	М	18	9,32	0,05
		F	11	9,22	0,10
LIO	0,613	М	18	5,08	0,03
		F	11	5,14	0,05
LZI	0,577	М	18	15,70	0,14
		F	11	15,45	0,17
LPZ	0,327	М	18	3,52	0,06
		F	11	3,59	0,06
CCZ	0,939	М	18	21,28	0,19
		F	11	21,21	0,28
CFO	0,874	М	18	10,39	0,09
		F	11	10,23	0,13

Tabela 6 - Estatística descritiva e resultados do teste *t* de student, para avaliar a variação Sexual em *Hylaeamys yunganus*, na amostra do Médio Jurá (N= 29). Na coluna Sexo, a letra M representa os machos e F as fêmeas
Variával	ANOVA		Bonferron	ni
variavei	F	1/2	1/3	2/3
СТО	8,921*	0,031	0,002	0,103
CDI	2,861	1,000	0,279	0,136
CSM	0,240	1,000	1,000	1,000
LM1	0,616	1,000	1,000	1,000
CFI	0,230	1,000	1,000	1,000
LFI	1,016	1,000	1,000	0,606
LPA	0,059	1,000	1,000	1,000
LR1	0,840	-	-	-
CNA	2,349	1,000	0,382	0,199
CPP	4,410*	-	-	-
ACC	0,159	-	-	-
LIO	2,851	1,000	1,000	0,083
LZI	1,971	-	-	-
LPZ	0,096	1,000	1,000	1,000
CCZ	3,591*	0,273	0,053	0,415
CFO	4,764*	0,079	0,020	0,683

Tabela 7 - Resultados do teste ANOVA, para avaliar a variação Etária em Hylaeamys yunganus, na amostra de Serra
o Navio (N= 25). Na coluna ANOVA valor de F da análise, e nas demais colunas valor de p do pós hoc
Bonferroni. * represente p<0,05 e *** p<0,01

Variával	ANOVA		Bonferroni				
variavei	F	1/2	1/3	1/5	2/3	2/5	3/5
СТО	18,105***	0,123	0,001	0	0,034	0	0,025
CDI	18,940***	0,287	0,002	0	0,033	0	0,008
CSM	1,219	1	1	1	1	0,620	0,959
LM1	0,240	1	1	1	1	1	1
CFI	14,504***	1	0,027	0	0,091	0	0,008
LFI	3,578*	1	1	0,104	1	0,032	0,103
LPA	26,747***	0,005	0	0	0,001	0,001	0,620
LR1	4,337*	1	0,874	0,019	1	0,043	0,106
CNA	9,507*	0,425	0,010	0,001	0,142	0,010	0,305
CPP	5,647***	0,647	0,038	0,015	0,408	0,103	1
ACC	3,244*	0,506	0,060	0,204	0,944	1	1
LIO	1,962	-	-	-	-	-	-
LZI	13,969***	-	-	-	-	-	-
LPZ	7,194***	0,245	0,007	0,010	0,192	0,155	1
CCZ	13,259***	1	0,019	0,001	0,030	0,001	0,053
CFO	14,075***	0,955	0,022	0	0,048	0	0,021

Tabela 8 - Resultados do teste ANOVA, para avaliar a variação Etária em *Hylaeamys yunganus*, na amostra de Baixo Juruá (N= 21). Na coluna ANOVA valor de F da análise, e nas demais colunas valor de *p* do pós hoc Bonferroni. * represente *p*<0,05 e *** *p*<0,01

Variával	ANOVA		Bonferron	ui 👘 👘
variavei	\mathbf{F}	2/3	2/4	3/4
СТО	8,544***	0,007	0,007	0,308
CDI	4,570*	-	-	-
CSM	0,399	1	1	1
LM1	0,583	0,866	1	1
CFI	4,457*	0,025	0,261	1
LFI	2,947	0,115	0,279	1
LPA	5,151***	0,014	0,229	1
LR1	4,494*	0,093	0,045	0,462
CNA	4,401*	0,120	0,041	0,384
CPP	4,132*	0,739	0,025	0,082
ACC	0,287	1	1	1
LIO	0,131	1	1	1
LZI	6,366***	0,025	0,019	0,417
LPZ	2,313	0,137	0,783	1
CCZ	8,845***	0,004	0,010	0,540
CFO	7,120***	0,014	0,015	0,435

Tabela 9 - Resultados do teste ANOVA, para avaliar a variação Etária em *Hylaeamys yunganus*, na amostra de Médio Juruá (N= 29). Na coluna ANOVA valor de F da análise, e nas demais colunas valor de *p* do pós hoc Bonferroni. * represente *p*<0,05 e *** *p*<0,01

	Wilk's Lambda	F	Hipótese df	Erro df	Sig.
Idade	0,030	1,641	5	1	0,291
Sexo	0,109	6,419	5	1	0,530
Idade*Sexo	-	-	-	-	-

Tabela 10 - Resultados do teste MANOVA, para avaliar a variação Etária e Sexual em Hylaeamys yunganus, na amostra de Alto Juruá (N= 21)

Tabela 11 - Resultados do teste MANOVA, para avaliar a variação Etária e Sexual em *Hylaeamys yunganus*, na amostra de Médio Juruá (N= 29)

	Wilk's Lambda	F	Hipótese df	Erro df	Sig.
Idade	0,005	12,703	15	1	0,217
Sexo	0,013	5,2	15	1	0,333
Idade*Sexo	-	-	-	-	-

Variával	С	omponentes principal	is
variavei —	1 °	2 °	3 °
СТО	0,939	-0,193	0,001
CDI	0,782	-0,350	-0,261
CSM	0,567	0,617	0,345
LM1	0,569	0,614	0,135
CFI	0,613	0,115	0,069
LFI	0,589	0,215	-0,191
LPA	0,735	0,382	-0,179
LR1	0,505	-0,230	0,641
CNA	0,699	-0,460	0,304
СРР	0,632	-0,340	0,114
ACC	0,457	0,098	-0,527
LIO	0,489	0,218	0,365
LZI	0,892	0,077	-0,223
LPZ	0,690	-0,114	0,049
CCZ	0,934	-0,117	-0,119
CFO	0,815	-0,125	-0,169
AutoValor	7,801	1,609	1,302
% da variância	48,75%	10,05%	8,135%

Tabela 12 - Valores do scores, autovalores e % de variância dos componentes principais de Hylaeamys yunganus

Variánal		Discriminante	
variavei —	1 °	2 °	3 °
СТО	0,039	-0,665	-1,836
CDI	-0,913	-0,883	0,544
CSM	0,417	0,062	0,075
LM1	0,200	0,295	0,132
CFI	0,252	0,120	-0,392
LFI	0,117	0,181	0,729
LPA	0,114	-0,768	-0,483
LR1	-0,480	0,674	0
CNA	-0,283	0,888	-0,322
СРР	0,353	-0,144	-0,127
ACC	0,049	-0,604	-0,176
LIO	-0,056	0,274	0,164
LZI	0,669	0,470	-0,400
LPZ	0,013	0,040	0,691
CCZ	0,786	0,527	1,329
CFO	-0,091	0,060	0,408
AutoValor	4,282	3,434	1,631
% da variância	35,4%	28,4%	13,5%

Tabela 13 - Valores do scores, autovalores e % de variância dos componentes principais de Hylaeamys yunganus

				(c	ontinua)
	META	NAPO	CHINCHAO	CUZCO	JIRAU
СТО	5 31,93±0,77	12 32,36±0,91	4 32,47±0,40	12 32,68±1,05	3 30,46±1,72
CIU	31-33	31,4-34,1	32-32,90	31,2-35,2	28,97-32,10
CDI	5 8,47±0,476	12 8,48±0,41	6 8,46±0,52	12 8,48±0,32	3 7,95±0,46
CDI	8,04-9,08	8,11-9,21	8,25-8,73	8,08-9,18	7,45-8,36
COM	5 4,96±0,23	13 5,07±0,15	6 4,89±0,11	12 5,07±0,18	3 4,57±0,18
CSIM	4,77-5,29	4,85-5,33	4,71-5,01	4,79-5,52	4,38-4,75
T N / 1	5 1,56±0,076	13 1,59±0,062	6 1,51±0,035	12 1,53±0,059	3 1,49±0,08
	1,50-1,65	1,48-1,69	1,48-1,58	1,45-1,65	1,42-1,58
CEI	5 5,01±0,49	13 4,94±0,30	6 5,30±0,27	12 5,10±0,31	3 4,24±0,49
CFI	4,21-5,55	4,47-5,56	4,87-5,63	4,38-5,52	3,94-4,82
ТЕТ	5 2,50±0,16	13 2,49±0,16	6 2,47±0,12	12 2,38±0,21	3 2,50±0,11
LFI	2,26-2,68	2,23-2,74	2,24-2,58	2,00-2,77	2,40-2,63
TDA	5 5,96±1,48	13 5,95±0,22	6 5,99±0,18	11 5,97±0,22	3 5,03±0,36
LPA	5,81-6,19	5,68-6,49	5,75-6,31	5,59-6,36	4,74-5,44
T D 1	5 5,31±1,88	13 5,32±0,20	5 5,52±0,075	11 5,71±0,19	3 5,57±0,26
LKI	5,14-5,60	5,02-5,66	5,46-5,65	5,55-6,22	5,36-5,87
CNIA	5 11,72±0,53	13 12,19±0,40	5 12,66±0,77	12 12,71±0,57	3 12,24±0,63
CNA	11,15-12,28	11,67-12,90	11,59-13,77	12,08-13,86	11,86-12,97
CDD	5 5,98±0,22	13 7,11±0,53	6 6,77±0,50	12 7,10±0,32	3 6,51±0,65
CPP	6,76-7,28	6,25-7,83	6,31-7,54	6,52-7,76	5,76-6,97
ACC	5 9,02±0,30	12 9,5±0,36	6 9,46±0,20	11 9,12±0,18	3 8,62±0,16
ACC	8,53-9,35	8,93-10,02	9,21-9,74	8,88-9,52	8,67-8,79
1 10	5 5,09±0,14	13 5,12±0,15	6 5,29±0,25	11 5,25±0,16	3 5,06±0,17
LIU	4,92-5,30	4,77-5,32	4,93-5,70	5,04-5,60	4,88-5,23
171	5 16,28±0,64	11 16,57±0,66	5 16,36±0,11	11 16,76±0,44	3 14,77±1,24
	15,27-16,97	15,74-17,77	16,17-16,49	16,16-17,54	13,54-16,03
I D7	5 3,72±0,30	151 3,78±0,16	6 3,52±0,27	12 3,64±0,19	3 3,46±0,55
	3,42-4,15	3,54-4,10	3,09-3,92	3,38-4,01	3,05-4,09
007	5 22,30±0,51	12 22,59±0,79	5 22,69±0,44	12 22,48±0,78	3 21,13±1,72
ιιL	21,43-22,72	21,73-24,07	22,19-23,14	21,34-24,11	19,15-22,31
CEO	5 10,90±0,34	13 10,88±0,31	6 10,66±0,39	12 10,89±0,78	3 10,34±0,92
CrU	10,32-11,23	10,23-11,37	10,17-11,09	10,46-11,44	9,29-11,02

Tabela 14 - Estatística descritiva contendo o número amostral (esquerda), a média±desvio padrão (direita) e os valores mínimo-máximo (abaixo) de cada medida, para cada amostra.

				(conti	nuação)
	SENA	ALTO JURUÁ	MÉDIO JURUÁ	BAIXO JURUÁ	AUYÁN-TEPUÍ
	MADUREIRA				
СТО	13 31,08±1,00	10 31,60±1,30	25 31,32±1,17	10 31,24±1,33	14 31,54±0,87
010	28,9 -32,3	28,6-32,9	28,8-33,3	29,5-33,7	30,1-33,2
CDI	15 8,05±0,47	10 8,48±0,56	24 8,43±0,52	10 8,43±0,52	14 8,28±0,37
CDI	7,24-8,66	7,21-9,05	7,63-9,48	7,81-9,44	7,57-9,13
COM	15 4,89±0,15	10 4,91±0,20	25 4,78±0,13	10 4,69±0,15	14 5,04±0,12
CSM	4,58-5,11	4,48-5,15	4,50-5,11	4,43-4,89	4,86-5,24
T 3/1	13 1,56±0,055	10 1,53±0,048	25 1,50±0,046	10 1,49±0,064	14 1,54±0,036
	1,48-1,69	1,47-,162	1,42-1,59	1,40-1,59	1,50-1,60
CEI	11 4,49±0,30	10 4,56±0,34	25 4,79±0,30	10 4,69±0,29	14 4,85±0,20
CFI	4,07-4,90	3,96-5,00	4,10-5,41	4,34-5,23	4,54-5,24
трт	9 2,31±0,16	10 2,42±0,14	25 2,40±0,14	10 2,39±0,18	14 2,45±0,13
LFI	2,03-2,54	2,15-2,60	2,14-2,66	2,17-2,77	2,26-2,72
TDA	15 5,78±0,34	10 5,91±0,26	25 5,76±0,20	10 5,82±0,12	14 5,75±0,21
LPA	5,14-6,33	5,52-6,38	5,41-6,12	5,61-5,98	5,38-6,13
T D 1	13 5,46±0,24	10 5,12±0,20	25 5,18±0,24	10 5,09±0,26	14 5,63±0,21
LKI	5,07-5,95	4,91-5,46	4,77-5,83	4,63-5,61	5,27-6,09
CNIA	15 11,81±0,42	10 11,81±0,63	25 11,66±0,56	10 11,68±0,65	14 12,23±0,46
CNA	11,32-12,91	10,54-12,84	10,29-12,84	10,59-12,55	11,62-12,97
CDD	12 6,82±0,44	10 7,07±0,26	25 6,92±0,35	10 6,91±0,34	13 7,19±0,22
CPP	5,88-7,30	6,56-7,38	6,14-7,50	6,32-7,30	6,76-7,71
	10 9,15±0,40	10 9,51±0,40	25 9,39±0,29	10 9,32±0,21	13 9,36±0,28
ACC	8,33-9,54	8,94-10,15	8,71-9,94	8,97-9,65	8,79-9,68
T TO	15 5,17±0,19	10 5,08±0,12	25 5,12±0,15	9 5,11±0,22	14 5,29±0,17
LIU	4,75-5,47	4,90-5,31	4,82-5,46	4,66-5,36	4,94-5,58
T 7T	13 15,94±0,50	10 16,09±0,72	25 15,99±0,61	10 16,05±0,65	12 15,74±0,40
LLI	14,90-16,61	14,46-16,96	14,96-16,99	14,99-17,28	15,39-16,80
I D7	15 3,78±0,26	10 3,62±0,31	25 3,65±0,24	10 3,60±0,23	14 3,91±0,21
	3,39-4,27	3,03-3,93	3,11-4,07	3,38-3,93	3,60-4,40
CCZ	12 21,58±0,65	10 22,13±0,98	25 21,84±0,75	10 21,82±0,92	14 22,1±0,76
UL	20,22 -22,44	19,95-23,28	20,51-23,33	20,40-23,52	20,67-23,47
CEO	15 10,15±0,64	10 10,75±0,51	25 10,55±0,30	10 10,63±0,50	14 10,61±0,39
CrU	8,99-10,94	9,89-11,45	10,02-11,09	9,84-11,41	10,07-11,43

Tabela 14 - Estatística descritiva contendo o número amostral (esquerda), a média±desvio padrão (direita) e os valores mínimo-máximo (abaixo) de cada medida, para cada amostra.

				(conclusão)
	POTARO	PARACOU	SERRA DO	XAVANTINA
			NAVIO	
СТО	10 31,16±0,93	6 29,54±0,79	6 30,76±0,91	15 29,85±0,67
010	30,1 -33,0	28,4-30,6	30-32,30	28,7-31,2
CDI	10 8,23±0,37	6 8,09±0,31	9 8,06±0,24	15 7,96±0,33
CDI	7,77-8,84	7,49-8,36	7,73-8,48	7,31-9,18
CCM	10 4,85±0,19	6 4,37±0,102	9 4,53±0,17	14 4,50±0,13
CSM	4,48-5,17	4,26-4,50	4,24-4,80	4,25-4,81
T M 1	10 1,49±0,075	6 1,37±0,024	9 1,43±0,094	15 1,38±0,067
	1,39-1,63	1,34-1,41	1,29-1,56	1,23-1,47
CEI	10 4,69±0,20	6 4,39±0,21	9 4,49±0,21	15 4,62±0,32
CFI	4,29-5,07	4,25-4,82	4,30-4,90	4,01-5,33
ГГТ	10 2,21±0,14	6 2,08±0,16	9 2,24±0,11	15 2,33±0,18
LFI	1,99-2,37	1,81-2,29	2,07-2,39	1,92-2,64
ТРА	10 5,71±0,17	6 5,32±0,19	8 5,27±0,13	14 5,36±0,16
LIA	5,47-6,06	5,02-5,59	5,11-5,50	5,19-5,73
T D 1	10 5,32±0,21	6 5,29±0,25	7 5,41±0,34	15 5,19±0,20
LNI	5,03-5,64	5,08-5,70	5,05-5,92	4,95-5,64
CNA	10 11,97±0,65	6 11,59±0,43	8 11,87±0,57	13 11,48±0,46
CNA	10,84-13,03	11,02-12,20	10,75-12,73	10,08-12,82
СРР	10 6,79±0,19	6 6,65±0,24	9 6,73±0,38	14 6,52±0,20
CII	6,42-7,03	6,29-6,93	6,39-7,63	6,24-7,06
ACC	10 9,39±0,23	6 8,85±0,20	9 8,74±0,33	15 9,27±0,17
nee	9,05-9,74	8,57-9,03	8,35-9,33	9,01-9,56
LIO	10 5,03±0,16	6 4,97±0,19	9 5,18±0,14	15 4,80±0,18
	4,84-5,39	4,75-5,30	4,96-5,37	4,54-5,11
LZI	10 15,63±0,35	6 14,31±0,63	5 $14,85\pm0,44$	13 14,86±0,38
	15,26-16,33	13,20-14,91	14,13-15,32	14,20-15,51
LPZ	10 3,51±0,14	6 3,31±0,18	9 3,45±0,31	15 3,41±0,18
	3,27-3,71	3,05-3,58	2,91-3,79	3,13-3,72
CCZ	10 21,45±0,63	6 20,09±0,70	7 20,85±0,59	14 20,63±0,49
	20,67 -22,64	19,21-21,25	20,03-21,77	19,72-21,61
CFO	10 10,29±0,33	6 9,84±0,38	9 10,05±0,27	15 10,29±0,35
	9,88-10,75	9,25-10,41	9,64-10,50	9,78-10,88

Tabela 14 - Estatística descritiva contendo o número amostral (esquerda), a média±desvio padrão (direita) e os valores mínimo-máximo (abaixo) de cada medida, para cada amostra.

Variánal	Componentes principais			
variavei —	1 °	2 °		
СТО	-0,073	0,194		
CDI	-0,118	0,465		
CSM	-0,308	1,112		
LM1	0,742	-0,379		
CFI	0,593	-0,231		
LFI	-0,257	-0,073		
LPA	-0,143	-0,004		
LR1	-0,258	0,108		
CNA	-0,553	-0,142		
CPP	0,217	-0,236		
ACC	-0,242	0,135		
LIO	-0,122	0,009		
LZI	0,295	0,125		
LPZ	0,665	-0,340		
CCZ	0,297	0,171		
CFO	-0,353	0,012		
AutoValor	1,959	0,518		
% da variância	79,1	20,9		

Tabela 15 - Valores do *scores*, autovalores e % de variância das funções canônicas de cada variável, com todas as amostras de *H. yunganus*.

Vaniával –	С	omponentes principa	is
variavei —	1 °	2 °	3 °
СТО	0,007	0,008	0,004
CDI	0,016	0,006	0,002
CSM	0,002	-0,002	0,007
LM1	0,012	-0,006	0,001
CFI	0,029	0,000	-0,009
LFI	0,018	0,011	-0,016
LPA	0,011	-0,004	0,008
LR1	0,003	0,007	0,005
CNA	0,002	0,016	0,003
CPP	0,012	0,001	0,007
ACC	0,000	0,002	0,008
LIO	0,008	0,002	0,003
LZI	0,005	0,009	0,005
LPZ	0,048	-0,012	0,002
CCZ	0,012	0,008	0,006
CFO	0,011	0,011	0,000
AutoValor	0,004	0,001	0,001
% da variância	56,536	12,975	8,539

Tabela 16 - Valores do *scores*, autovalores e % de variância dos componentes principais de cada variável, na amostra Auýan- Tepuí

V /l	C	componentes principa	is
variavei —	1 °	2 °	3 °
СТО	0,000	0,000	0,000
CDI	0,000	0,000	0,000
CSM	0,000	0,0002	0,000
LM1	0,000	0,0009	0,000
CFI	0,000	0,000	0,000
LFI	0,002	0,002	0,002
LPA	0,000	0,0009	0,000
LR1	0,001	0,001	0,001
CNA	0,000	0,000	0,000
CPP	0,000	0,000	0,000
ACC	0,000	0,0007	0,000
LIO	0,000	0,000	0,000
LZI	0,000	0,000	0,000
LPZ	0,001	0,001	0,001
CCZ	0,000	0,000	0,000
CFO	0,000	0,000	0,000
AutoValor	0,003	0,001	0,001
% da variância	43,489	20,803	13,045

Tabela 17 - Valores do *scores*, autovalores e % de variância dos componentes principais de cada variável, na amostra Paracou

Variánal	Componentes principais			
variavei —	1 °	2 °	3 °	
СТО	0,006	0,006	0,000	
CDI	0,004	0,009	0,003	
CSM	0,005	0,007	0,003	
LM1	0,013	0,001	0,012	
CFI	0,018	-0,012	0,010	
LFI	0,031	-0,008	-0,012	
LPA	0,007	0,002	-0,001	
LR1	0,011	0,014	-0,005	
CNA	0,008	0,007	-0,001	
CPP	0,000	0,011	0,005	
ACC	0,004	0,009	-0,006	
LIO	-0,003	0,008	-0,010	
LZI	0,007	0,008	-0,007	
LPZ	0,006	0,008	0,019	
CCZ	0,006	0,007	-0,001	
CFO	0,003	0,004	0,003	
AutoValor	0,002	0,001	0,001	
% da variância	29,811	17,011	15,949	

Tabela 18 - Valores do *scores*, autovalores e % de variância dos componentes principais de cada variável, na amostra Serra do Roncador

	H. megacephalus X H. yunganus				
Variável	Valor de t				
	Auýan-Tepuí	Paracou	Serra do Roncador		
СТО	-0,837	1,951	2.134*		
CDI	-2,637*	0,812	0,386		
CSM	-1,382	1,893	0,777		
LM1	-5,9798*	-2,484*	-2,136*		
CFI	-5,101*	0,495	-2,652*		
LFI	-2,248*	4,129*	-,491		
LPA	-2,311*	-0,925	-1,762		
LR1	0,086	2,058	1,361		
CNA	1,055	2,036	2,654*		
CPP	-3,585**	-0,535	0,540		
ACC	0,461	1,226	-0,788		
LIO	-1,933	1,208	0,646		
LZI	0,255	1,538	3,329**		
LPZ	-7,234***	-2,113	-1,390		
CCZ	-1,690	2,075	1,950		
CFO	-1,336	2,596*	0,713		

Tabela 19 - Resultados do test t de Student (t) nas amostras de Auýan-Tepuí, Paracou e Serra do Roncador, α=0,5

Notas: *p<0,05; **p<0,01; ***p<0,001.

Vaniánal	Componentes principais			
variavei —	1 °	2 °		
СТО	0,025	-0,002		
CDI	0,033	-0,001		
CSM	0,009	-0,002		
LM1	-0,007	0,002		
CFI	0,019	0,014		
LFI	0,020	0,022		
LPA	0,007	0,002		
LR1	0,034	-0,002		
CNA	0,032	-0,004		
CPP	0,027	-0,011		
ACC	0,012	0,001		
LIO	0,013	0,004		
LZI	0,018	0,000		
LPZ	0,018	0,004		
CCZ	0,021	-0,004		
CFO	0,023	-0,005		
AutoValor	0,007	0,001		
% da variância	67,050	8,097		

Tabela 20 - Valores do *scores*, autovalores e % de variância dos componentes principais de cada variável, na amostra à esquerda do Rio Juruá, em Viravolta

	H. megacephalus X H. yunganus		
Variável	Valor de t		
	Viravolta, à esquerda Rio Juruá		
СТО	-4,989***		
CDI	-3,990**		
CSM	-4,234***		
LM1	-0,833		
CFI	-0,928		
LFI	-0,243		
LPA	0,578		
LR1	-6,428***		
CNA	-3,317**		
CPP	-5,079***		
ACC	-3,384**		
LIO	-2,527*		
LZI	-1,928		
LPZ	-1,263		
CCZ	-3,521**		
CFO	-4,016***		

Tabela 21 - Resultados do test *t* de Student (t) na amostra à esquerda do Rio Juruá, em Viravolta, α=0,5

Notas: *p<0,05; **p<0,01; ***p<0,001

Variável	Las piedras, ariável Pando Bolívia		C Ca	Charuplaya, Cochabamba.		Cerro Amboró, Santa Cruz.		
				Bolívia	Bolívia			
СТО	1	30.06	1	31.33	2	29.84±0.67		
CIU						32-32,90		
CDI	1	8.22	1	8.13	2	7.44±0.34		
CDI						7.2-7.69		
CSM	1	4.44	1	4.75	2	4.68 ± 0.04		
COM						4.65-4.72		
LM1	1	1.51	1	1.56	2	1.43 ± 0.05		
					_	1.39-1.47		
CFI	1	4.83	1	4.72	2	4.57±0.35		
-	1	0.46	1	2.07	2	4.32-4.82		
LFI	1	2.46	1	2.27	2	2.63 ± 0.02		
	1	576	1	5 65	2	2.01-2.05		
LPA	1	5.70	1	5.05	2	5.46±0.04		
	1	5 17	1	5.6	2	5 66+0 01		
LR1	1	5.17	1	5.0	2	5 65-5 67		
	1	11 43	1	12.22	2	12 26+0 41		
CNA	-	11110	-		-	11.97-12.55		
CDD	1	6.27	1	6.41	2	6.06±0.03		
СРР						6.04-6.09		
	1	9.57	1	9.5	2	9.1±0.09		
ACC						9.03-9.17		
L IO	1	5.1	1	4.87	2	5.15 ± 0.05		
LIO						5.11-5.19		
LZI	1	15.72	1	16.57	2	15.38 ± 0.27		
					_	15.19-15.58		
LPZ	1	3.38	1	3.31	2	3.25±0.15		
		21 10		01.75	-	3.14-3.36		
CCZ	1	21.19	1	21.75	2	20.45±0.59		
	1	10.2	1	10.22	2	20.03-20.87		
CFO	1	10.5	1	10.32	2	9.35±0.24		
						9.18-9.32		

Tabela 22- Estatística descritiva contendo o número amostral (esquerda), a média±desvio padrão (direita) e os valores mínimo-máximo (abaixo) de cada medida, para as amostras da Bolívia.

		(continua)
Haplótipo	Espécimes e suas localidades	
1	H. yunganus (MVZ190589)-Amazonas-BR	
2	H. yunganus (MVZ190579)-Amazonas-BR	
3	H. yunganus (MVZ190581)-Amazonas-BR;	
	H. yunganus (MVZ190555)-Amazonas-BR;	
	H. yunganus (MVZ190549)-Amazonas-BR;	
	H. yunganus (MVZ190560)-Amazonas-BR;	
	H. yunganus (INPA3349)-Amazonas-BR;	
	H. vunganus (JUR5)-Amazonas-BR:	
	H. vunganus (INPA3356)-Amazonas-BR:	
	H. yunganus (INPA3348)-Amazonas-BR:	
	H yunganus (IUR214)-Acre-BR	
	H yunganus (INPA3367)-Acre-BR	
	H yunganus (MNFS1557)-Acre-BR	
	H yunganus (INPA3375)-Acre-BR	
	H. yunganus (INPA3372)-Acre-BR	
	11. yungunus (INI ASS72)-Acto-DK	
4	H. yunganus (MVZ192083)-Amazonas-BR	
5	H. yunganus (MVZ190585)-Amazonas-BR	
6	H. yunganus (INPA3351)-Amazonas-BR	
7	H. yunganus (INPA3353)-Amazonas-BR	
8	H. yunganus (INPA3363)-Acre-BR;	
	H. yunganus (INPA3364)-Acre-BR;	
	H. yunganus (INPA3365)-Acre-BR	
9	H. yunganus (INPA3367)-Acre-BR	
10	H. yunganus (INPA3393)-Amazonas-BR	
11	H. yunganus (INPA3394)-Amazonas-BR	
12	H. yunganus (INPA3368)-Acre-BR	
13	H. yunganus (MNFS1245)-Acre-BR	
14	H. yunganus (MV970118)-Loreto-PE	
15	H. yunganus (MSB56001)-Santa Cruz-BO	

Tabela 23- Haplótipos encontrados na rede de haplótipos para a espécie H. yunganus

Tabela 22- Haplótipos encontrados na rede de haplótipos para a espécie H. yunganus

	(60	metusao)
Haplót	po Espécimes e suas localidades	
17	H. yunganus (CMNH76933)-Sipaliwini-SUR	
18	H. yunganus (CMNH76936)-Sipaliwini-SUR	
19	H. yunganus (FN31569)-Barima-Waini-GUI; H. yunganus (FN31543)-Barima-Waini-GUI	
20	H. yunganus (F40483)-Napo-EQ	
21	H. yunganus (F46497)-Potaro-GUI ; H. yunganus (F47060)-Potaro-GUI	

(conclusão)

ANEXO B – FIGURAS



Figura 1 - Medidas crânios-dentárias mensuradas para utilização nas análises quantitativas



Figura 2 - Medidas crânios-dentárias mensuradas para utilização nas análises quantitativas



Figura 3 - Distribuição dos pontos de coleta de *Hylaeamys yunganus* na América do Sul; os números se referem aos topônimos listados no índice de localidades no Apêndice II







Figura 5 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas CTO e CFI na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 6 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas LZI na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 7 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas ACC na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 8 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas CFO e CSM na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 9 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas LM1 e LPA na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 10 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas CCZ na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 11 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas CDI, LFI na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 12 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas LR1 e CNA na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 13 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas CPP e LIO na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 14 - Diagramas dice-lerras das variáveis cranianas LPZ na ordem do transecto leste-oeste estabelecido ao longo da geografia



Figura 15 - Gráfico de valores para o primeiro e segundo componente principal de Hylaeamys yunganus



Figura 16 - Gráfico de valores para o primeiro e terceiro componente principal de Hylaeamys yunganus



Figura 17 - Gráfico de valores para o segundo e terceiro componente principal de Hylaeamys yunganus


Figura 18 - Gráfico de valores para a primeira e segunda função discriminante de Hylaeamys yunganus



Figura 19 - Gráfico de valores para a primeira e terceira função discriminante de Hylaeamys yunganus



Figura 20 - Gráfico de valores para a segunda e terceira função discriminante de Hylaeamys yunganus







Figura 22 - Gráfico de valores da primeira e segunda função discriminante para as amostras do leste e do oeste da distribuição de *H. yunganus* e *H. megacephalus*



Figura 23 - Mapa de distribuição das espécies *Hylaeamys yunganus*, *H. megacephalus* e *H. perenensis* e os locais em que ocorrem em simpatria



Figura 24 - Gráfico de valores do primeiro e segundo componentes principais para a amostra de Auyán Tepuí



Figura 25 - Gráfico de valores do primeiro e terceiro componentes principais para a amostra de Auyán-Tepuí



Figura 26 - Gráfico de valores do primeiro e segundo componentes principais para a amostra de Paracou



Figura 27 - Gráfico de valores do primeiro e terceiro componentes principais para a amostra de Paracou



Figura 28 - Gráfico de valores do segundo e terceiro componentes principais para a amostra de Paracou



Figura 29 - Gráfico de valores do primeiro e segundo componentes principais para a amostra de Serra do Roncador



Figura 30 - Gráfico de valores do primeiro e terceiro componentes principais para a amostra de Serra do Roncador



Figura 31 - Gráfico de valores do segundo e terceiro componentes principais para a amostra de Serra do Roncador



Figura 32 - Gráfico de valores do segundo e terceiro componentes principais para a amostra à esquerda do Rio Juruá, em Viravolta



0

ນິ

10°

പ്



20°

40°

45°

 50°

 55°

°09

 65°

20°

75°

80°

85°

Z

20°

15°

80°

85°

10°





 H. megacepitalus (UIP) 16613 (Amazonas-BR H. megacepitalus (UIP) 16813 (Amazonas-BR H. megacepitalus (UNFS) 950), Amazonas-BR H. megacepitalus (UNFS) 950), Amazonas-BR H. megacepitalus (UNFS) 950), Amazonas-BR H. megacepitalus (UNFS) 950), Pointo-GUI H. megacepitalus (CNNH76953), Sipalumi-SUI H. megacepitalus (CNN5059), Pointo-GUI H. megacepitalus (CNN5059), Pointo-GUI H. megacepitalus (CNS33), Paris-BR H. megacepitalus (CIT652), Mato Grosso-BR H. megacepitalus (CIT651), Mato Grosso-BR H. megacepitalus (CIT651), Mato Grosso-BR H. megacepitalus (LPC18), Mato Grosso-BR H. megacepitalus (LP SUR ppdates (FE311) Minas Gerars Br ppdates (FE312) Minas Gerars Br ppdates (CF132) Minas Gerars Br ppdates (CF1333) Minas Gerars Br ppdates (CF1333) Minas Gerars Br ppdates (FE333) Minas Gerars Br ppdates (FE333) Minas Gerars Br TL1111451 focamins-BK (CT7240) Mato Grosso-BR (CT727) Mato Grosso-BR LPC734) Mato Grosso-BR CT11213 Jouis-BR CT11213 Jouis-BR TT233 Jouis-BR TT233 Jouis-BR CIT538) Mato Grosso-BR (CIT736)-Mato Grosso-BR PC695) Tocantins-BR DC701) Tocantins-BR DC702) Tocantins-BR DC701/1 Tocantins-BR DC714) Tocantins-BR DC761) Mato Grosso-B DC761) Mato Grosso-BR CT11160) Tocantins-BR Amazonas-BR megaceph megacep megacep megacep megacep me me тe тe 87,17 74,37 77.37 70.8⁷ 2 <u>90,8</u> 76,9⁻ 28 99.7 90.6 99,1

Figura 35 - Clado I da árvore filogenética resultante da análise neighboor-joining com sequências do gene mitocondrial citocromo b. Valores bootstrap maiores que 70 foram apresentados. Grupo externo: Oligoryzomys microtis 1321, INPA, Acre Brasil, utilizado na análise, mas não mostrado

Figura 36 - Clado II da árvore filogenética resultante da análise neighboor-joining com sequências do gene mitocondrial citocromo b. Valores bootstrap maiores que 70 foram apresentados. Grupo externo: *Oligoryzomys microtis* 1321, INPA, Acre Brasil, utilizado na análise, mas não mostrado

		— — — — — — — — — — — — — — — — — — —	renensis (MVZ190520) - Amazonas - BR
		H no	ramancie (MV/Z100521) - A mazonae - BP
			menerate (MV7100406) Amorone DD
	92,8	H. Pe	renensis (MVZ19049/) - Amazonas - BK
		н. рег	renensis (INIV 2191244) - Amazonas - BK
	90.3	H. pe	renensis (MVZ154944) - Amazonas - BR
		H. pe	renensis (MVZ154945) - Amazonas - BR
		H. mei	renensis (MVZ190519) - Amazonas - BR
	03.1		venensis (MV7166676) -Cuzco-PF
	- 500		manania (MV7166677) Cu200 DE
			renensis (NIVZ1000//) -Cuzco-FE
			ALE COLOR (IN V ZI 20400) - ALIAZOHAS - A
		H. per	renensis (MVZ19046/) - Amazonas - BK
		н. рен	renensis (INPA3345) - Amazonas - BK
		H. pe	renensis (MVZ190486) - Amazonas - BR
		H ne	venensis (MVZ190487) - Amazonas - BR
			monomic (IIID/19) Americane DD
			reneratio (AAV7100520) Amorana DD
			renensis (IN V Z 190229) - MIIazolilas - DN
		H. pe	renensis (JUR551)-Amazonas-BR
		H. pe	renensis (INPA3221) - Amazonas - BR
		H. me	renensis (JUR14) - Amazonas - BR
		H ne	venensis (IIIB147)-Amazonas-BR
		11. 25	
		— — — — — — — — — — — — — — — — — — —	renensis (JUK216) - Acre - BK
		H. pe	renensis (MNFS1444) - Acre - BR
		H. pe	renensis (JUR218) - Acre - BR
		H me	venensis (IIIR 288) - Amazonas - BR
		H	prenensis (IIIR 295) - Amazonas - BR
100			
	80.3		Prenensis (LHE14/4) -CUZCO-PE
		H. Pe	erenensis (LLW474) -Cuzco-PE
		H. pe	renensis (F37648)-Napo-EQ
		Н — — — — — — — — — — — — — — — — — — —	erenensis (MNFS921) - Amazonas - BR
		H BC	erenensis (MNFS923) - Amazonas - BR
		H	erenensis (INPA 3344) - Amazonas - BR
		A	prenensis (INPA 3227) - Acre - BR
		H. Pe	Prenensis (MNFS1146) - Acre - BK
		H. pe	renensis (INPA3311) - Amazonas - BR
		H. De	prenensis (INPA3272) - Acre - BR
		H me	prenensis (INPA3273) - Acre - BR
			Annual Antes (600) Anno BD
			AG VIELAND (CONTE INTRI) SISTERA
			renensis (INFA3236) -Alliazollas -BK
			erenensis (IMINF5697) - AIIIaZ0IIas - DK
		H. Pe	renensis (INPA3235) -Acre-BK
			Arenensis (INFACCUC) - Alliazolias - DK
		H. Pe	<pre>renensis (INPA3308) -Amazonas-BK</pre>
		H. pe	renensis (MNFS632) - Amazonas - BR
		H De	vanensis (MSB55008) - Beni- BO
		H	vrenensis (MSB63362) - Santa Cruz-BO
			Activities (MSD56000) Same DO
			renensis (MSD30000) -Salita CIUZ-DO
			reference (ASD57160) Dende DO
			OCTODIA (NUCLEAR OF CONTRACTION) -1 AURO-DO
		H no	renensis (MSB56004) - Falluo - BO
	0000	H m	remensis (RSV2074) -I oreto-PE
		H. pe	renensis (RSV2117) -Loreto-PE







Figura 38 - Árvore filogenética resultante da análise Bayesiana com sequências do gene mitocondrial citocromo b. Valores de probabilidade a posteriori (PP). Apenas valores de PP maiores que 70 foram apresentados. Grupo externo: *Oligoryzomys microtis* 1321, INPA, Acre Brasil, utilizado na análise, mas não mostrado. A barra de escala corresponde a 0,4 substituições







Figura 40 - Clado II da Árvore filogenética resultante da análise Bayesiana com sequências do gene mitocondrial citocromo b. Valores de probabilidade a posteriori (PP). Apenas valores de PP maiores que 70 foram apresentados. Grupo externo: *Oligoryzomys microtis* 1321, INPA, Acre Brasil, utilizado na análise, mas não mostrado. A barra de escala corresponde a 0,4 substituições



Figura 41 - Clado III da Árvore filogenética resultante da análise Bayesiana com sequências do gene mitocondrial citocromo b. Valores de probabilidade a posteriori (PP). Apenas valores de PP maiores que 70 foram apresentados. Grupo externo: *Oligoryzomys microtis* 1321, INPA, Acre Brasil, utilizado na análise, mas não mostrado. A barra de escala corresponde a 0,4 substituições







Figura 43 - Prancha de demonstração do espécime MJ201 da localidade Jirau, representante das populações ao leste, comprimento total do crânio= 28,65



Figura 44 - Prancha de demonstração do espécime MNFS1245 da localidade Viravolta, representante das populações ao oeste, comprimento total do crânio= 30,80