

Universidade Federal da Paraíba
Centro de Ciências Exatas e da Natureza
Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas - Zoologia

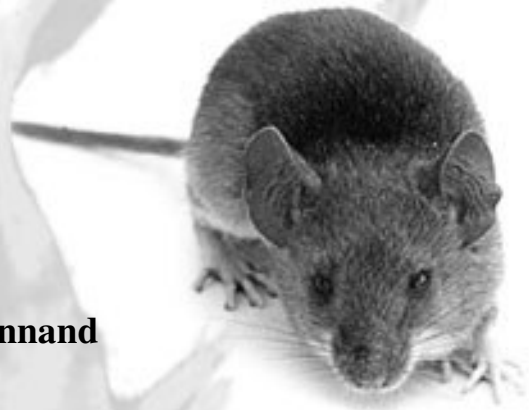
Variação geográfica e Filogeografia do gênero *Hylaeamys*
Weksler, Percequillo, Voss (2006) (Cricetidae :
Sigmodontinae) na Floresta Atlântica.

Mestranda : **Pamella Gusmão de Góes Brennand**

Orientador: Alexandre Reis Percequillo

João Pessoa

Fevereiro de 2010



Universidade Federal da Paraíba
Centro de Ciências Exatas e da Natureza
Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas

Pamella Gusmão de Góes Brennand

Variação geográfica e Filogeografia do gênero *Hylaeamys* Weksler, Percequillo, Voss
(2006) (Cricetidae : Sigmodontinae) na Floresta Atlântica.

Dissertação apresentada ao Programa
de Pós-Graduação em Ciências
Biológicas – Área de Concentração
em Zoologia do Departamento de
Sistemática e Ecologia da
Universidade Federal da Paraíba -
UFPB para a obtenção do título de
Mestre em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Alexandre Reis Percequillo

João Pessoa

Fevereiro de 2010

B838v Brennard, Pamella Gusmão de Goés.

Variação geográfica e filogeografia do gênero *Hylaeamys* Weksler, Percequillo, Voss (2006)(Cricetidae:Sigmodontinae) na Floresta Atlântica / Pamella Gusmão de Goés Brennard.- - João Pessoa : [s.n.], 2010.

126f. : il.

Orientador: Alexandre Reis Percequillo.

Dissertação (Mestrado) – UFPB/CCEN.

1.Zoologia. 2.Variação morfológica. 3.Filogeografia. 4.Hylaeamys.

Pamella Gusmão de Góes Brennand

Varição geográfica e Filogeografia do gênero *Hylaeamys* Weksler, Percequillo, Voss
(2006) (Cricetidae: Sigmodontinae) na Floresta Atlântica.

Banca Examinadora

Prof. Dr. Alexandre Reis Percequillo (Orientador)
Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ

Prof. Dr. Alfredo Ricardo Langguth Bonino
Universidade Federal da Paraíba – UFPB (suplente)

Prof. Dr. Martin Lindsey Christoffersen
Universidade Federal da Paraíba - UFPB

João Pessoa

Fevereiro de 2010

Dedico esse trabalho ao meu avô
Waldemar Fonseca (1924 – 2009)
que me ensinou que o valor de um
homem se traduz nas suas
palavras ditas, sem que haja a
necessidade de escrevê-las.

Agradecimentos

Segundo Paulo Freire “ninguém ignora tudo; ninguém sabe tudo; todos nós sabemos alguma coisa; todos nós ignoramos alguma coisa, por isso aprendemos sempre”. E nessa caminhada de aprendizados e ensinamentos algumas pessoas guiaram meus passos, outras me acompanharam e auxiliaram e algumas tornam essa jornada mais alegre e prazerosa. A todos que participaram de algum modo, dos passos dados nesses últimos dois anos, meu muito obrigada! Em especial agradeço:

Ao Prof. Dr. Alexandre Reis Percequillo por ter aceitado o desafio de ser o guia dessa jornada me auxiliando a trilhar os caminhos sinuosos, porém instigantes da ciência através de ensinamentos mastozoológicos e científicos, bem como, pela confiança e amizade imprescindíveis;

Ao Prof. Dr. Alfredo Langguth, fonte de inspiração para mim e muitos mastozoólogos. Através da sua experiência me ensinou a ver a ciência e o mundo de maneira mais questionadora.

Aos Professores Dr. Martin Christoffersen, Dr. Diego Astua de Moraes e Dr. Marcos Sousa por terem aceitado gentilmente contribuírem com esse manuscrito.

Aos curadores e auxiliares das coleções científicas visitadas pela ajuda de suma importância: Prof. Dr. Diego Astua e Raul Fonseca (UFPE), Prof. Dr. João de Oliveira e Stella Franco (MNRJ), Profa. Dra. Raquel Moura (UFMG), Prof. Dr. Mário de Vivo e Juliana Quadros (MZUSP).

Ao Prof. Dr. João Stenghel Morgante, Dra. Caroline Cotrin Aires, Dra. Nádia de Moraes Barros, Dra. Giovana Dantas e Mst. Ana Carolina Pavan assim como os demais professores e alunos de Pós-graduação e Graduação do Laboratório de Biologia Evolutiva e Conservação dos Vertebrados – LABEC/IB/USP pela parceria, paciência e auxílio imprescindíveis no aprendizado das técnicas e análises moleculares realizadas nesse trabalho.

Aos amigos Kléber Vieira, Gustavo Libardi, Ana Paloma Araújo e Bruno Campos pela ajuda estatística indispensável.

Ao amigo Eriberto de Assis pelo grande apoio logístico com o programa PAUP.

Aos amigos Dani e Everton Bongioiolo, Louisa Andrade e Nino Amazonas por me receberem com um sorriso no rosto e com muito carinho enquanto da visita às coleções científicas.

Aos primos Qeite, Elias e Sacha Santos; Kate, Alexandre e a querida Julia Di Nardi por me receberem diversas vezes em suas casas enquanto estive em São Paulo. Sempre com muito carinho, alegria e paz em todos os momentos.

Aos amigos Piracicabanos que me receberam de braços abertos: Giovanna, Napster, 100-Talento, Pipoca, Ricardo e à Elizandra (grande companheira na jornada molecular) pela troca de idéias, artigos, dúvidas e risadas.

Aos meus queridos amigos da Mastozoologia UFPB: Bruno, Gustavo, Paloma, Thiago, Anderson, Hannah, Erivana e Jadson pelos anos de convivência e amizade.

Aos Modestos: Virgínia, Flávia, Bruno, Gustavo, Nino, Claudio, Louisa, Bárbara, Rafaelle, Joyce, Paulinha e Aron, sem esquecer dos amigos Kassandra e Joafrâncio pela amizade sincera e grande carinho em vários momentos de minha vida.

Aos amigos conquistados ao longo desse grande percurso: Ludmilla, Tarsila, Aline, Guilherme, Gabi, Rudy, Danilo, Fernanda. E aqueles que já conhecia e que pude, através das disciplinas e cafezinhos, conhecê-los melhor: Aninha, Gentil e Washington.

À minha família, sobretudo meus pais, pelo apoio emocional e financeiro e principalmente pelo amor e carinho incondicional, sem os quais eu não conseguiria força e coragem para alcançar meus objetivos.

Aos Professores, Coordenadores e Funcionários do Programa de Pós-graduação em Ciências Biológicas da UFPB pelo apoio administrativos e aulas realizadas.

E por último, porém não menos importante, à CAPES pela bolsa concedida.

“Em los libros que han sido escritos solo encontramos las verdades adquiridas. Sólo en el libro de la Naturaleza, en la observación e interpretación de lo que nos rodea, es donde podemos adquirir nuevas verdades con que enriquecer nuestros conocimientos y los de La Humanidad”.

Florentino Ameghino (1948)

SUMÁRIO

RESUMO	xvi
ABSTRACT	xvii
1 INTRODUÇÃO	18
O GÊNERO HYLAEAMYS	18
CONCEITO DE ESPÉCIE E VARIAÇÃO GEOGRÁFICA	19
A FLORESTA ATLÂNTICA E SUA DIVERSIDADE	22
2 OBJETIVOS	24
GERAL	24
ESPECÍFICOS	24
3 MATERIAIS E MÉTODOS	25
COLEÇÕES	25
LOCALIDADES DE COLETA	25
MORFOLOGIA EXTERNA	26
MORFOLOGIA CRANIANA	26
ANÁLISES DE VARIAÇÃO NÃO GEOGRÁFICA	29
Variação Sexual	29
Variação Etária	29
ANÁLISES DE VARIAÇÃO GEOGRÁFICA	30
Análise univariada	30
Análise multivariada	32
ANÁLISE MOLECULAR	32
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
ANÁLISES MORFOLÓGICAS	34
Amostras	34
Variação não geográfica	34
Variação Sexual	34
Variação Etária	39
Variação geográfica	47
Análise univariada: Diagramas de Dice-Leeras	50

Análise Multivariada	62
AS ESPÉCIES DO GÊNERO <i>HYLAEAMYS</i> DA MATA ATLÂNTICA	75
<i>Hylaeamys oniscus</i>	75
Localidade tipo	76
Coloração da Pelagem	76
Variação geográfica da pelagem	76
Morfologia craniana	77
Cariótipo	77
Distribuição	78
Materia examinado	79
<i>Hylaeamys seuanezi</i>	79
Localidade tipo	79
Coloração da Pelagem	80
Variação geográfica da pelagem	80
Morfologia craniana	81
Cariótipo	81
Distribuição	81
Materia examinado	82
CONSIDERAÇÕES BIOGEOGRÁFICAS	85
ANÁLISES FILOGEOGRÁFICAS	86
Máxima Parcimônia	88
Agrupamento de vizinhos (<i>Neighbor-Joining</i>)	89
CONSIDERAÇÕES FILOGEOGRÁFICAS	91
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	94
6 REFERÊNCIAS	95
7 ANEXOS	107
ANEXO I	107
ANEXO II	109
ANEXO III	110

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1:** Localidades de coleta do material examinado, o número de espécimes examinados em cada localidade e os agrupamentos utilizados nas análises de variação geográfica. 35
- Tabela 2:** Teste *t-student* (t) para dimorfismo sexual ($p < 0,05$ em negrito) onde M e F representam o número de indivíduos machos e fêmeas (respectivamente) de cada amostra. 38
- Tabela 3:** Teste de ANOVA e teste de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Murici. Em negrito $p < 0,05$. 41
- Tabela 4:** Teste de ANOVA e teste de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Ilhéus. Em negrito $p < 0,05$. 43
- Tabela 5:** Teste de ANOVA e teste de comparações múltiplas de Tukey na localidade da Fazenda Unacau. Em negrito $p < 0,05$. 45
- Tabela 6:** Teste de ANOVA e teste de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Una. Em negrito $p < 0,05$. 46
- Tabela 7:** Estatística descritiva dos agrupamentos São Lourenço, Murici, Nova Esperança, Ilhéus e Buerarema. Os valores apresentados são a média \pm o desvio padrão e os valores máximo – mínimo. 48
- Tabela 8:** Estatística descritiva dos agrupamentos Unacau, Una, Linhares, Rio Doce e Poço das Antas 49

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1:** Desenho esquemático das medidas cranianas e dentárias efetuadas nos espécimes examinados. 28
- Figura 2:** Distribuição geográfica dos agrupamentos de espécimes do gênero *Hylaeamys* utilizados nas análises de variação geográfica. Siglas dos Estados brasileiros em letras maiúsculas. Agrupamentos: (a) São Lourenço da Mata, (b) Murici, (c) Nova Esperança, (d) Ilhéus, (e) Buerarema, (f) Unacau, (g) Una, (h) Linhares, (i) Rio Doce, (j) Poço das Antas. 31
- Figura 3:** Distribuição das amostras do gênero *Hylaeamy* ao longo da Floreta Atlântica. Os números correspondem às localidades apresentadas na Tabela 1. 37
- Figura 4:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CSM, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 50
- Figura 5:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LFI, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 51
- Figura 6:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CPP, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 51
- Figura 7:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LPA, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 52
- Figura 8:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana ACC, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 52
- Figura 9:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LIO, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 53
- Figura 10:** Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LPZ, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 53

Figura 11: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LBU, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	54
Figura 12: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LIP, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	54
Figura 13: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CTO, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	55
Figura 14: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CCI, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	56
Figura 15: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CFO, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	56
Figura 16: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CCZ, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	57
Figura 17: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CDI, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	57
Figura 18: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LM1, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	58
Figura 19: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CFI, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	59
Figura 20: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LR1, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	59
Figura 21: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LR2, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	60
Figura 22: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CNA, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança.	60

Figura 23: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LZI, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 61

Figura 24: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CIP, o círculo representa a média e as barras representam 95% do intervalo de confiança. 61

Figura 25: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e segunda função canônica resultante de uma análise canônica discriminante empregando 21 variáveis cranianas transformadas em logaritmos na base 10 para os agrupamentos São Lourenço (◻), Murici (◻), Nova Esperança (◊), Ilhéus (▲), Buerarema (●), Unacau (■), Una (◆), Linhares (▲), Rio Doce (+), Poço das Antas (*). 63

Figura 26: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e terceira função canônica resultante de uma análise canônica discriminante empregando 21 variáveis cranianas transformadas em logaritmos na base 10 para os agrupamentos São Lourenço (◻), Murici (◻), Nova Esperança (◊), Ilhéus (▲), Buerarema (●), Unacau (■), Una (◆), Linhares (▲), Rio Doce (+), Poço das Antas (*). 64

Figura 27: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e segunda função canônica resultante de uma análise canônica discriminante empregando 21 variáveis cranianas transformadas em logaritmos na base 10 para os agrupamentos: Nova Esperança (◻), Ilhéus (◻), Buerarema (◊), Unacau (▲), Una (●), Linhares (■), Rio Doce (◆), Poço das Antas (▲). 66

Figura 28: Gráfico de proporções cranianas obtido com as 21 variáveis cranianas entre as populações ao norte (quadrado) e ao sul (triângulos) do rio São Francisco. Os quadrados e triângulos são as médias das medidas e as barras são os intervalos de confiança. 67

Figura 29: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais obtidos através de uma Análise de Componente Principal utilizando uma matriz de covariância obtida com dados logaritmizados de 21 variáveis cranianas pertencentes à populações do gênero *Hylaeamys* ao norte (◻) e ao sul (◻) do rio São Francisco.

68

Figura 30: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais obtidos através de uma Análise de Componente Principal utilizando uma matriz de covariância obtida com dados logaritmizados de sete variáveis cranianas pertencentes aos espécimes do norte do São Francisco e ao holótipo de *H. oniscus* (○), aos espécimes do sul do Rio São Francisco e ao holótipo de *H. seuanezi* (◻) e à série tipo de *H. laticeps* (▲); o espécime tipo de cada táxon nominal estão representados em vermelho.

72

Figura 31: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e de segunda função canônica obtida com dados logaritmizados de sete variáveis cranianas pertencentes aos espécimes do norte do São Francisco e ao holótipo de *H. oniscus* (○), aos espécimes do sul do Rio São Francisco e ao holótipo de *H. seuanezi* (◻) e à série tipo de *H. laticeps* (▲) e aos espécimes de *H. megacephalus* (◇); os espécimes-tipos de *oniscus*, *seuanezi* e *laticeps* estão representados em vermelho.

73

Figura 32: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais obtidos através de um Análise de Componente Principal utilizando uma matriz de covariância obtida com dados logaritmizados de 21 variáveis cranianas pertencentes três espécies de *Hylaeamys*: *H. megacephalus* (◻), *H. oniscus* (◻), *H. seuanezi* (◇).

75

Figura 33: Mapa esquemático da distribuição das espécies do gênero *Hylaeamys* (Adaptado de EMMONS E PATTON, 2005).

87

Figura 34: Relação filogenética das espécies do gênero *Hylaeamys* baseado na análise de Máxima Parcimônia por busca heurística através de seqüências de 620 pares de base do gene citocromo b apresentando os valores de bootstrap para os ramos internos (>50%). IC = 0,58 e IR = 0,76.

88

Figura 35: Relação filogenética das espécies do gênero *Hylaeamys* baseado na análise de distância (Neighbor-Joining) utilizando os valores de Kimura 2-parâmetros através 620 pares de base do gene citocromo b apresentando os valores de bootstrap para os ramos internos (>50%).

90

RESUMO

O gênero *Hylaeamys* é considerado um dos mais complexos e diversos da subfamília Sigmodontinae e se distribui nas florestas tropicais e semitropicais desde a Venezuela e as Guianas, passando pela Amazônia e pela Floresta Atlântica, até o Paraguai e norte da Argentina. Sete espécies se encontram inseridas nesse gênero, no entanto, as suas delimitações e respectivas distribuições permanecem incertas, principalmente no que diz respeito ao número de espécies que ocorrem na Floresta Atlântica. Uma análise da variação geográfica das diferentes populações do gênero, ao longo desse bioma, faz-se, então, necessária e justifica a relevância deste trabalho. Análises qualitativas e quantitativas das variações geográficas, bem como uma análise filogeográfica permitiram avaliar os padrões de variações morfológicas e biogeográficas das populações do gênero ao longo da Floresta Atlântica. Através das análises morfológicas, foi possível corroborar a hipótese de que existem, efetivamente, duas espécies do gênero na Mata Atlântica: a *H. oniscus*, que ocorre ao norte da foz do rio São Francisco, e a *H. laticeps*, ao sul do rio São Francisco, desde o sul do estado da Bahia até o estado do Rio de Janeiro. O estudo permitiu verificar que essas espécies apresentaram-se filogeneticamente mais próximas das espécies da Floresta Amazônica ocidental (*H. acritus* e *H. perenensis*) e distintas das espécies que ocorrem na Floresta Amazônica oriental (*H. yunganus*) e nas Florestas Secas do Cerrado (*H. megacephalus*). No entanto, para uma melhor compreensão das relações filogeográficas entre as espécies inseridas no bioma Mata Atlântica, é preciso incluir um maior número de amostras oriundas de diversas localidades, entre elas, a região ao norte do rio São Francisco.

Palavras-chave

Floresta Atlântica. Variação morfológica. Filogeografia. *Hylaeamys*.

ABSTRACT

The genus *Hylaeamys* is considered one of the most complex and diverse of the Sigmodontinae sub-family. They inhabit in evergreen and semi-evergreen forest of cis-Andean tropical and subtropical lowlands and foot-hills from Venezuela and Guianas southward through the Amazonian and the Atlantic rain forest to Paraguay and northern Argentina. Actually seven species can be grouped within that genera but their number and distribution remains uncertain, especially the number of species in the Atlantic Forest. Analysis of the geographic variation from this species is necessary and justify the relevance of this work. Qualitativy, quantitativy and phylogeographic analyses turn able to observe morphological and geographic variation patterns from different populations through the Atlantic forest. Morphological data corroborate the hypothesis that are two different species in this forest: *H. oniscus* at the São Francisco Northern bank and *H. laticeps* at the São Francisco southern bank from southern Bahia to Rio de Janeiro. This work shows that these species are phylogenetically closer to species from western Amazonian rain forest (*H. acritus* and *H. perenensis*) than the species that lives in the eastern Amazonian (*H. yunganus*), and the one living in the dry forests of Cerrado (*H. megacephalus*). For a better comprehension of the phylogenetically relations between Atlantic Forest species further investigation must be taken including a large number of specimens and collected localities.

Keyworlds

Atlantic Forest. Geographical variation. Phylogeography. *Hylaeamys*.

1 INTRODUÇÃO

O GÊNERO *HYLAEAMYS*

A Ordem Rodentia, é o agrupamento mais complexo e diverso dos mamíferos (MUSSEER E CARLETON, 2005). Entre os representantes dessa ordem, na América do Sul, os membros da subfamília Sigmodontinae, segundo Wilson & Reeder (2005), representam em torno de 10% das espécies de mamíferos do mundo e cerca de 20% dos roedores.

Inserido nesta subfamília, o gênero *Oryzomys* reunia um grande número de espécies que apresentavam uma ampla gama de variações morfológicas, fisiológicas e genéticas, indicando que o gênero poderia não ser uma entidade monofilética e conseqüentemente as espécies, ai reunidas, não compartilhavam a mesma história evolutiva (MUSSEER E CARLETON, 1993; MYERS *et al.*, 1995; WEKSLER, 1996; PERCEQUILLO, 1998).

Utilizando dados morfológicos, citogenéticos e moleculares, Weksler e colaboradores (2006) dividiram o gênero *Oryzomys* em dez novos gêneros. As espécies associadas ao grupo *megacephalus* foram incluídas em um novo gênero denominado *Hylaeamys*, considerado um dos mais complexos e diversos da subfamília Sigmodontinae e da tribo Oryzomyini (MUSSEER & CARLETON, 1993; PERCEQUILLO, 1998), com sete espécies distribuídas nas florestas tropicais e semi-tropicais sempre verdes cisandinas até uma altitude de 1500 metros desde a Venezuela e as Guianas, passando pela Amazônia e pela Floresta Atlântica, até o Paraguai e o norte da Argentina (Weksler *et al.*, 2006). Nesse novo gênero, os autores incluem as espécies *H.acritus*, *H.laticeps*, *H.megacephalus*, *H.oniscus*, *H.perenensis*, *H.tatei*, e *H.yunganus*,

Ao analisar espécies da subfamília Sigmodontinae do leste do Brasil, Percequillo (1998) caracterizou três espécies distintas pertencentes ao atual gênero *Hylaeamys*, uma delas (*H. megacephalus*) associada ao bioma Cerrado, e duas, à Floresta Atlântica. Uma ficou restrita ao norte do rio São Francisco (nos estados de Alagoas, Pernambuco e Paraíba), e outra, ao sul desse mesmo rio (desde o sul da Bahia até o Rio de Janeiro e parte de Minas Gerais).

Este resultado foi corroborado por Weksler e colaboradores (1999) que observaram para esse gênero uma diferença significativa, em nível morfológico e citogenético, entre populações de Pernambuco e populações da Bahia, Espírito Santo e Rio de Janeiro. Entretanto, Musser *et al.*, (1998) ao fornecerem uma diagnose das diversas espécies inseridas no antigo gênero *Oryzomys*, agrupam em um único táxon (*H. laticeps*) todos os espécimes da Mata Atlântica que atualmente estão relacionados ao gênero *Hylaeamys*.

Percebemos então, que a delimitação das espécies do gênero *Hylaeamys* e suas respectivas distribuições permanecem incertas, principalmente no que diz respeito ao número de espécies que ocorrem na Floresta Atlântica e suas respectivas áreas de ocorrência dentro do bioma.

Os trabalhos acima citados utilizaram um número reduzido de espécimes provenientes de apenas uma localidade ao norte do rio São Francisco, no presente estudo, ao ampliar o número de espécimes e de localidades, pudemos avaliar mais detalhadamente a variação morfológica, o número de espécies e suas respectivas áreas de ocorrência apresentada pelas diferentes populações desse gênero ao longo da Mata Atlântica.

CONCEITO DE ESPÉCIE E VARIAÇÃO GEOGRÁFICA

A espécie é considerada como a unidade fundamental para estudos biológicos de anatomia, comportamento, genética, biologia molecular, fisiologia, filogenia, paleontologia e sistemática (WIENS E PENKROT, 2002; de QUEIROZ, 2005). O termo espécie suscitou, ao longo do tempo, inúmeros debates e, por conseguinte, diversas propostas para sua definição foram então elaboradas. Segundo a definição escolhida, podemos, então, examinar as variações geográficas (morfológicas e genéticas) apresentadas por diferentes populações de um mesmo organismo sob diferentes ângulos, uma vez que, em todos os conceitos, considera-se o grau de diferenças ao longo do espaço.

O conceito biológico de espécie foi o primeiro proposto explicitamente com base na teoria evolutiva e foi trabalhado em conjunto pelo geneticista Theodosius Dobzhanski, pelo ornitólogo Ernest Mayr e pelo paleontólogo George Gaylord Simpson, nos anos 30 e 40 (MAYR, 1964; FUTUYAMA, 2003). Nesse conceito, a espécie é definida como um

agrupamento de populações naturais intercruzantes, reprodutivamente isolado de outros agrupamentos, constituindo, assim, uma entidade reprodutiva (MAYR 1964, FUTUYAMA 1992).

De acordo com Mayr (1964), todas as diferenças entre espécies estão sujeitas à variação geográfica, e essas diferenças, sejam elas morfológicas, fisiológicas ou ecológicas, são mecanismos potencialmente isoladores que reforçam a descontinuidade entre duas populações. A variação geográfica é, então, capaz de produzir os dois componentes da especiação: o desenvolvimento da divergência e o estabelecimento da descontinuidade entre formas divergentes. Ainda segundo o autor, o fenômeno da especiação não é abrupto, mas gradual e contínuo, e podemos encontrar na natureza todos os seus níveis.

Segundo Cracraft (1989), o conceito biológico de espécie apresenta-se como um obstáculo para a descrição e a interpretação dos padrões e processos de diferenciação evolutiva. A partir da década de 70, Willig Henning oferece a visão do processo de especiação diagnosticado pelos grupos monofiléticos, e não, através de barreiras reprodutivas (ALEIXO, 2007). Por meio do conceito filogenético de espécie, como refere Cracraft (1989), a espécie passa a ser a entidade da teoria evolucionista e a base para padrões históricos de diversidade taxonômica que refletem o padrão de classificação biológica.

Através do processo de especiação, se uma população tiver uma ou mais novidades evolutivas, essas novidades podem se fixar desde o nível genético até novas características morfológicas, bioquímicas e comportamentais (CRACRAFT 1989). Portanto, é inevitável que a classificação dos organismos, de acordo com suas semelhanças morfológicas, associadas a aspectos de seu desenvolvimento ontogenético e sua distribuição geográfica, tenham sido, cedo ou tarde, associadas à descoberta de seus diferentes graus de relação filogenética e, dessa maneira, à teoria evolutiva (HENNING, 1965).

Várias críticas ao conceito filogenético de espécie foram sugeridas com base em um desconfortável ajuste entre seu embasamento teórico e sua aplicabilidade (COLLAR, 1997; AGAPOW *et al.*, 2004). Observando justamente esse descompasso entre a teoria e sua possibilidade de ser realmente testada, Queiroz (1998) propõe uma diferenciação entre conceito e critério de espécie. O autor enfatiza que as diferenças conceituais que marcam as

distinções entre os diferentes conceitos de espécie estão relacionadas apenas à ênfase que cada um deles infere em diferentes fenômenos que acompanham o processo de cladogênese, não existindo um conflito em relação ao tipo de entidade ao qual eles se referem. Deve-se então considerar o aspecto temporal do processo de cladogênese que, no nível microevolutivo, culmina com a produção de espécies cujos genomas não mais se misturam, ou seja, o isolamento reprodutivo é consequência, e não, causa do processo de cladogênese.

Apesar das longas e históricas discussões a respeito do conceito de espécie e, independentemente de qual desses conceitos seja utilizado, as semelhanças e diferenças morfológicas encontradas nos mais diversos táxons são utilizadas como ferramenta para o entendimento evolutivo tanto do organismo em questão quanto do ambiente em que ele se encontra.

Atualmente, tanto características morfológicas quanto moleculares são utilizadas para delimitar as espécies, seja qual for sua definição. No entanto, ao se empregarem características morfológicas e moleculares em um mesmo táxon, na tentativa de delimitar espécies, os resultados encontrados podem ser distintos (WIENS e PENKROT, 2002; STEPPAN, 1998; SERB *et al.*, 2001). Essa diferença não significa que uma das hipóteses não seja válida. A discordância pode indicar que a seleção dos caracteres não reflita a real divergência entre os táxons, que podem ter sido promovidos por diferentes processos evolutivos (PARDIAL *et al.*, 2008). Segundo Smith e colaboradores (2005), o fluxo gênico e as pressões seletivas podem resultar em altos graus de divergência morfológica em algumas populações; em outros casos, a deriva genética pode promover uma rápida diferenciação genética, e não, morfológica.

A utilização de apenas uma metodologia limita as nossas possibilidades de compreender os processos evolutivos. Uma abordagem integrativa que combine várias fontes de evidências nos permite uma melhor exploração das hipóteses (PARDIAL *et al.*, 2008).

A FLORESTA ATLÂNTICA E SUA DIVERSIDADE

As florestas neotropicais sustentam as comunidades de mamíferos mais ricas do mundo (PATTON *et al.*,1997) e dentre elas, encontra-se a Mata Atlântica, considerada como um dos biomas mais ameaçados do mundo, e reconhecida como um dos “hotspots” de biodiversidade mundial (FONSECA, 1985; MYERS *et al.*, 2000), demonstrando ter um alto grau de endemismo, já que foram identificadas, até hoje, 229 espécies, das quais 73 (32%) são endêmicas (FONSECA *et al.*, 1999). Esse alto grau de endemismo ocorre, principalmente, em três ordens: marsupiais, roedores e primatas que, juntos, totalizam 84% das espécies endêmicas da Mata Atlântica (COSTA *et al.*,2000).

Essa biodiversidade por ser vista sob a ótica da biogeografia histórica, que se refere a processos evolutivos de escala ampla ou global (CRISCI, 2001). Para o bioma Mata Atlântica, duas metodologias foram adotadas pelos pesquisadores para o estudo dessa biodiversidade, na tentativa de melhor conhecer a estruturação biogeográfica dos diversos grupos que a compõem.

Alguns autores utilizam os centros de endemismo como um método para a análise biogeográfica de algumas espécies. Através de uma Análise de Parcimônia de Endemicidade (PAE) pode-se perceber a existência de rupturas longitudinais na distribuição de mamíferos ao longo da Mata Atlântica, assim como ao longo da Floresta Amazônica (COSTA *et al.*,2000). Foi observado que a Floresta Atlântica possui dois centros endêmicos distintos, um ao norte e outro ao sul, padrão que se assemelha ao proposto para as aves (CRACRAFT E PRUM, 1988; SILVA *et al.*, 2004).

No entanto, Vivo (1997) reconhece quatro áreas de endemismo para a Mata Atlântica, delimitadas com base na composição mastofaunística. Ele destaca ainda, que a região Nordeste do bioma assemelha-se mais à Amazônia do que às demais regiões.

A segunda metodologia aplicada é a filogeografia, em que as hipóteses filogenéticas fornecem meios para compreender os processos evolutivos de diversificação (PATTON *et al.*, 1997). Neste contexto, as informações sobre os mamíferos e os demais grupos são escassas e vários panoramas são propostos baseados nos resultados filogenéticos encontrados para cada táxon (CRACRAFT E PRUM, 1988; PATTON *et al.*, 1997;

COSTA, 2003;), onde alguns se revelaram monofiléticos ao longo da Floresta Atlântica (PELLEGRINO *et al.*, 2005)

Estudos acerca da distribuição das espécies das variações geográficas e das relações filogenéticas são aspectos importantes, pois, juntos, definem a base para a compreensão do desenvolvimento histórico acerca da diversidade (PATTON *et al.*, 1997) do bioma Mata Atlântica, já que este possui com alto grau de endemismo (FONSECA *et al.*, 1999; MYERS *et al.*, 2000) além de ser considerado uma área biogeográfica híbrida (CRACRAFT e PRUM, 1988; PATTON *et al.*, 1997; COSTA *et al.*, 2000), uma vez que os diferentes grupos que compõem sua fauna têm histórias biogeográficas distintas (COSTA, 2003; PELLEGRINO *et al.*, 2005).

Devido ao fato de os representantes do gênero *Hylaeamys* serem amplamente distribuídos nos diferentes biomas brasileiros, o estudo das relações biogeográficas desses táxons pode trazer informações relevantes para o estudo da estruturação biogeográfica dos pequenos mamíferos sul-americanos. O gênero também se encontra presente em toda a Floresta Atlântica, inclusive no norte do rio São Francisco, o que possibilita uma abordagem biogeográfica ao longo de um gradiente latitudinal em todo o bioma e, conseqüentemente, nas duas margens do rio São Francisco, uma vez que as espécies situadas ao norte desse rio, como por exemplo, a espécie *Hylaeamys onciscus*, até o presente momento, nunca foram incluídas em estudos dessa natureza. Por essa razão, as relações biogeográficas entre esses táxons e os demais em toda a Mata Atlântica permanecem desconhecidas. Empregando as espécies desse gênero, seria então possível preencher algumas lacunas a respeito da história evolutiva dos pequenos mamíferos da Mata Atlântica, desde a região ao norte do rio São Francisco.

2 OBJETIVOS

Considerando que, ainda hoje, pouco se sabe a respeito da biogeografia das espécies de pequenos mamíferos dessa região, este trabalho se propõe a atingir os seguintes objetivos:

GERAL

Analisar a existência de variação geográfica das diferentes populações do gênero *Hylaeamys* (Rodentia: Sigmodontinae) ao longo da Floresta Atlântica.

ESPECÍFICOS

- Verificar qualitativa e quantitativamente a existência de variação morfológica em um transecto norte –sul ao longo da Floresta Atlântica;
- Comparar a nível quantitativo a variação morfológica encontrada nas população da Mata Atlântica com outra espécie congênica
- Relacionar os padrões filogeográficos aos eventuais padrões morfológicos encontrados;
- Avaliar os padrões filogeográficos em outras espécies do gênero *Hylaeamys*, visando um maior entendimento da relação filogenética entre os diferentes táxons do gênero.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

COLEÇÕES

Foram examinadas as seguintes coleções zoológicas:

- BMNH – British Museum of Natural History, Londres, Inglaterra;
- MN - Museu Nacional da Universidade Federal do Rio de Janeiro - Rio de Janeiro;
- MZUSP – Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo - São Paulo;
- UFMG - Universidade Federal de Minas Gerais - Belo Horizonte;
- UFPB – Universidade Federal da Paraíba - João Pessoa;
- UFPE – Universidade Federal de Pernambuco - Recife;
- UnB – Universidade de Brasília – Brasília.

LOCALIDADES DE COLETA

As localidades de coleta dos espécimes examinados encontram-se em forma de um índice, as quais estão organizadas em ordem alfabética, por estado. Nesse índice, constam o nome da localidade, as coordenadas geográficas, a altitude (quando disponível) e os dados do coletor (quando disponível).

As coordenadas das localidades de coleta são as mais precisas possíveis e, ocasionalmente, foram obtidas nas etiquetas dos espécimes. Quando essa informação não estava disponível nas etiquetas, foram utilizadas outras fontes, tais como: U.S. Board on Geographic Names (USBGN - <http://geonames.usgs.gov/>); Geonames (<http://www.geonames.org/>); PAYNTER & TRAYLOR (1991) e trabalhos realizados na mesma localidade com táxons diferentes (RODA E SANTOS 2005 e RODRIGUES *et al*, 1989). Em alguns casos, os topônimos não foram encontrados em nenhuma das fontes empregadas. Nesse caso, foi necessário utilizar as coordenadas da sede do município ou da cidade mais próxima.

MORFOLOGIA EXTERNA

A morfologia externa das espécies foi avaliada com base no estudo de espécimes preparados em via seca (peles). Foram examinadas a coloração, a textura e a estrutura da pelagem e a pilosidade da cauda, das orelhas, das mãos e dos pés.

As medidas corpóreas utilizadas são aquelas disponíveis nas etiquetas originais dos coletores: comprimento total (CT), comprimento da cauda (CC), comprimento do pé com garra (CPu), comprimento do pé sem garra (CPs), comprimento da orelha (OR) e peso (P).

Os dados de morfologia externa não foram utilizados em testes estatísticos, no entanto, foram de suma importância na identificação dos espécimes nas coleções científicas e nos museus visitados, assim como na complementação de análise entre as diferentes populações observadas neste estudo.

MORFOLOGIA CRANIANA

Foram investigados processos ósseos, forâmenes, suturas e o padrão de dobras e ilhas de esmalte dos molares superiores e inferiores. Devido à grande variação morfológica encontrada no gênero *Hylaeamys*, foram utilizados os complexos morfofuncionais cranianos propostos por Percequillo (1998).

As medidas cranianas e dentárias (Figura 1), relacionadas a seguir, foram efetuadas com um paquímetro digital de precisão de 0,01 mm:

- CTO - Comprimento total: medido da extremidade anterior do nasal à porção posterior do occipital;
- CCI - Comprimento côndilo-incisivo: medido da maior curvatura do incisivo superior à superfície articular do côndilo occipital do mesmo lado do crânio;
- CDI - Comprimento do diastema: medido da base da coroa do primeiro molar superior à face interna da base do incisivo superior do mesmo lado do crânio;
- CSM - Comprimento da série molar: medido da face anterior do M1 à face posterior do M3, na base da coroa dos molares;

- LM1 - Largura do primeiro molar: maior largura do molar medida na base da coroa, na altura do protocone;
- CFI - Comprimento do forâmen incisivo: maior comprimento, medido da borda anterior à borda posterior do forâmen incisivo;
- LFI - Largura do forâmen incisivo: a maior largura interna, medida nas bordas laterais do forâmen incisivo;
- CPP - Comprimento da ponte palatal: medido da parte posterior do forâmen incisivo à parte anterior da fossa mesopterigoidea;
- LPA - Largura palatal: medida na porção lateral externa do maxilar, entre o segundo e o terceiro molares;
- LIO - Menor largura inter-orbital: menor distância através dos frontais na fossa orbital;
- LZI - Largura zigomática: maior distância externa dos arcos zigomáticos, próximos às raízes esquamosais;
- LPZ - Largura da placa zigomática: a menor distância entre a margem anterior e posterior da raiz zigomática inferior;
- CFO - Comprimento da fossa orbital: maior dimensão da fossa orbital entre as raízes esquamosal e maxilar do arco zigomático;
- LR1 - Largura do rosto 1: medida na extremidade mais posterior do bordo superior do forâmen infraorbital;
- LR2 - Largura do rosto 2: medida na superfície externa do forâmen nasolacrimal;
- CNA - Comprimento do nasal: medido da extremidade anterior do nasal à sutura naso-frantal;
- CCZ - Comprimento cêndilo-zigomático: menor distância entre o ponto mais posterior do cêndilo occipital e o ponto mais posterior do bordo superior da reentrância zigomática;
- ACC - Altura da caixa craniana: medida da sutura basisfenoide-basioccipital (sutura esfeno-occipital) à sutura fronto-parietal;
- LBU - Largura bular: medida da sutura do petroso com o basioccipital ao processo dorsal do ectotimpânico;

- CIP - Comprimento do interparietal: maior comprimento (ântero-posterior) do interparietal;
- LIP - Largura do interparietal: maior largura do interparietal.

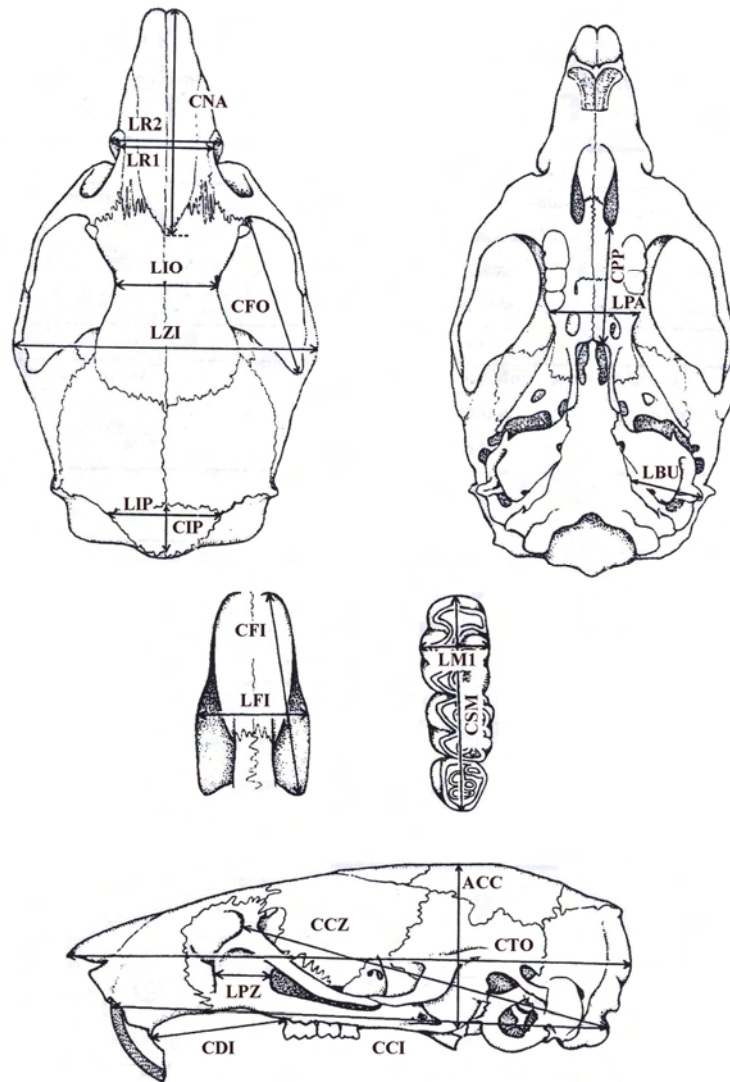


Figura 1: Desenho esquemático das medidas cranianas e dentárias efetuadas nos espécimes examinados (adaptado de CARLETON e MUSSER, 1995).

ANÁLISES DE VARIAÇÃO NÃO GEOGRÁFICA

Para a realização dos testes estatísticos de variação não geográfica, foram utilizadas as maiores amostras. Para todas as análises estatísticas aqui conduzidas, o nível de significância adotado é de 5% (VANZOLINI, 1993).

Variação sexual

As melhores amostras serão avaliadas quanto à normalidade (Kolmogorov-Smirnov para uma amostra). Quando apresentarem distribuição normal, as amostras serão analisadas por métodos paramétricos, através do teste *t-student*, ou de um teste não paramétrico correspondente a cada localidade separadamente.

Variação etária

A verificação da variação etária será realizada através do teste de análise de variância (ANOVA) e de um teste *pos hoc* de comparações múltiplas de Tukey em cada uma das localidades onde foi testada previamente a variação sexual. Para a classificação etária, foram analisados, principalmente, a erupção e o desgaste dos molares. As classes etárias propostas por Percequillo (1998) foram aqui utilizadas e correspondem a uma ordenação do mais jovem para o mais velho:

- CLASSE ETÁRIA 1 (CE 1): o primeiro (M1) e o segundo (M2) molares superiores não apresentam desgaste. O anterolofo, o mesolofo e o posterolofo são estruturas distintas e facilmente reconhecíveis. O terceiro molar superior (M3) encontra-se não eclodido ou recém-eclodido, com a coroa ainda fechada.
- CLASSE ETÁRIA 2 (CE 2): M1 e M2 apresentam um desgaste pequeno, com uma pequena exposição de dentina entre as cúspides e as dobras de esmalte. O M3 apresenta um desgaste de mínimo a moderado.

- CLASSE ETÁRIA 3 (CE 3): M1 e M2 apresentam um desgaste médio com exposição acentuada de dentina. M3 mostra um desgaste acentuado, com a superfície de oclusão plana ou levemente côncava.
- CLASSE ETÁRIA 4 (CE 4): M1, M2 e M3 apresentam um grande desgaste com cúspides planas e indistintas e grande exposição de dentina.

Os processos de desgaste dos molares são contínuos e foram observadas classes intermediárias que, depois dos testes estatísticos, foram agrupadas a uma ou a várias das classes etárias detalhadas acima.

ANÁLISES DE VARIAÇÃO GEOGRÁFICA

Para os testes de variação geográfica, as localidades foram agrupadas segundo sua proximidade geográfica. As amostras agrupadas receberam o nome da localidade com o maior número amostral (n) inicial.

Uma matriz de dados foi originada através das 21 variáveis cranianas dos diferentes espécimes examinados. Em seguida, a matriz foi logaritmizada e utilizada nos testes estatísticos uni e multivariados. Com esses agrupamentos dispostos em um mapa, estabelecemos um único transecto latitudinal (Figura 2), que orientou as análises uni e multivariadas (VANZOLINI, 1970).

Análise univariada

Realizamos análises univariadas com diagramas de Dice-Leeras, empregando a média e o desvio padrão de cada variável craniana em todos os agrupamentos com n maior ou igual a quatro indivíduos adultos (SIMPSON *ET AL.* 2003), uma vez que esse procedimento permite avaliar diretamente a existência de diferenças significativas ou não ao longo do espaço geográfico (VANZOLINI, 1993).

Caso mais de um morfotipo seja evidenciado, será feito um diagrama de proporções cranianas (MUSSER *ET AL.*, 1998), utilizando-se suas 21 variáveis.

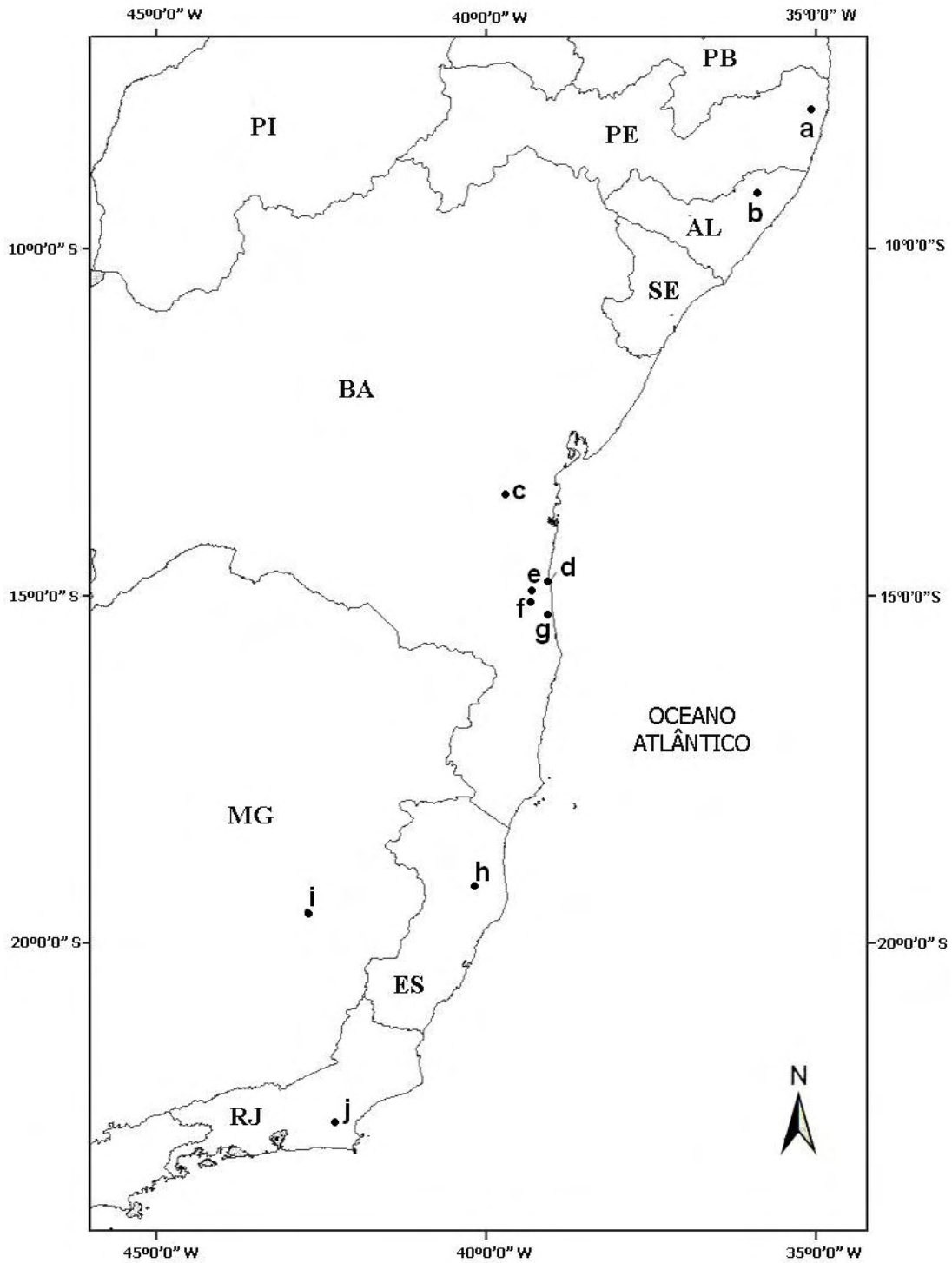


Figura 2: Distribuição geográfica dos agrupamentos de espécimes do gênero *Hylaeamys* utilizados nas análises de variação geográfica. Siglas dos estados brasileiros em letras maiúsculas. Agrupamentos: (a) São Lourenço da Mata, (b) Murici, (c) Nova Esperança, (d) Ilhéus, (e) Buerarema, (f) Unacau, (g) Una, (h) Linhares, (i) Rio Doce, (j) Poço das Antas.

Análise multivariada

As amostras foram testadas quanto a sua normalidade multivariada, através das análises de Mardia e Kurtosis, empregando-se o programa PAST (HAMMER *et al.* 2009). Se as amostras apresentarem o padrão normal, procedemos a uma análise de componentes principais (PCA), utilizando uma matriz de covariância, e uma análise canônica discriminante (ACD) e ou análises não paramétricas que visem testar eventuais diferenças entre os agrupamentos.

Caso mais de um morfotipo seja evidenciado, serão realizadas análises estatísticas multivariadas de acordo com o número de grupos evidenciados: teste t multivariado (t-hotteling), para verificar diferenças estatísticas significativas entre apenas dois agrupamentos, e uma ACD, para testar três ou mais agrupamentos simultaneamente (HAIR *et al.* 2008).

A título de comparação em nível genérico, realizar-se-á uma nova análise canônica discriminante entre os padrões morfológicos do gênero *Hylaeamys* encontrados na Mata Atlântica e uma população de *Hylaeamys megacephalus* proveniente das localidades Paracatu, Perdizes e Pedrinópolis, no estado de Minas Gerais, ambas com fitofisionomia de Cerrado (material examinado em Anexo).

ANÁLISE MOLECULAR

As amostras de tecido utilizadas nas análises moleculares oriundas do estados de Alagoas pertencem a espécimes depositados nas coleções zoológicas visitadas, os quais estão incluídos nas análises morfológicas qualitativas e quantitativas, e as demais sequências foram obtidas no genbank.

As extrações de DNA foram feitas através do protocolo de extração por NaCl/SDS/Proteinase K (BRUFORD *et al.* 1992). A primeira porção do gene Citocromo b (cit b) foi amplificada via Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Para isso, empregamos os oligonucleotídeos iniciadores (*primers*) L e H (MORAIS-BARROS e MORGANTE, 2007), num total de 650pb amplificadas. As amostras foram purificadas utilizando-se as

enzimas EXO I (Exonuclease I) e SAP (*shrimp alkaline phosphatase*). As reações de sequenciamento foram feitas com o kit ABI Prism BigDye Terminator Cycle Sequencing (Applied Biosystems), no equipamento a laser ABI Prism 3100. As sequências foram alinhadas por meio do programa CLUSTAL X (THOMPOSON *et al.*, 1997), que se encontra incluído no programa BioEdit (HALL, 1999), utilizado para conferir manualmente o alinhamento das sequências obtidas com o programa Molecular Evolution Genetics Analysis (MEGA 4; TAMURA *et al.*, 2007).

As relações filogenéticas foram analisadas através de dois métodos: a Máxima Parcimônia, com o programa PAUP (SWOFFORD, 1993), através de uma busca heurística com o algoritmo *stepwise addition*; o suporte dos ramos das árvores foi avaliado pelo método de *bootstrap*, com 100 réplicas, e o método de distância *Neighbor-joining*, utilizando-se a distância genética calculada através do modelo Kimura – 2 parâmetros (KIMURA, 1980).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

ANÁLISES MORFOLÓGICAS

Amostras

O estudo das coleções acima citadas possibilitou o exame de 299 espécimes do gênero *Hylaeamys*, sendo 152 indivíduos jovens (classes 1 e 2) e 146 adultos (classes 2.3, 3, 4) provenientes de 37 localidades (Tabela 1) pertencentes a sete estados brasileiros, todas incluídas no Bioma Mata Atlântica (Figura 3).

Variação não geográfica

Os testes de dimorfismo sexual e variação etária foram realizados apenas nas amostras de Murici, Ilhéus, Fazenda Unacau e Una, que foram selecionadas por se tratarem das amostras mais robustas e completas em termos de representatividade etária e sexual.

Variação sexual

Para a localidade de Murici, apenas uma variável (LR2) apresentou um valor de p ($p=0,02$) abaixo do nível de significância, o que sugere uma diferença entre os sexos nessa variável. Na localidade de Ilhéus, nenhuma variável apresentou diferença significativa entre os sexos. Já na Fazenda Unacau, apenas a variável ACC exibiu baixo valor de p ($p=0,04$), e na localidade de Uma, apenas a variável CSM ($p=0,031$) apresentou um valor de p abaixo do valor de significância (Tabela 2). Esses resultados não revelam um padrão recorrente de variação associado a determinada variável ou região craniana, razão por que consideramos que essas variações nas dimensões cranianas não sejam resultantes de dimorfismo sexual nas localidades aqui utilizadas.

Tabela 1: Localidades de coleta do material examinado e número de espécimes examinados em cada localidade e os agrupamentos utilizados nas análises de variação geográfica

ESTADOS	LOCALIDADES	ESPÉCIMES	AGRUPAMENTOS
Paraíba	1 Fazenda Pacatuba, 10 km. NE de Sapé	1	
Pernambuco	2 São Lourenço da Mata	5	São Lourenço
	3 Saltinho, Rio Formoso	6	São Lourenço
Alagoas	4 Mata de Coimbra, Usina Serra Grande, Ibataguara	4	Murici
	5 Estação Ecológica de Murici, Murici	36	Murici
	6 Fazenda Santa Justina, 6 Km. SSE de Matriz de Camaragibe	1	Murici
	7 Mata do Cedro, Usina Utinga-Leão, Rio Largo	1	Murici
	8 Fazenda do Prata, 13 km SSW de São Miguel dos Campos	1	Murici
Bahia	9 Fazenda Subauma, Cairu	1	Nova Esperança
	10 Estação Ecológica Nova Esperança, Wenceslau Guimarães	3	Nova Esperança
	11 Gandu	1	Nova Esperança
	12 Aritaguá, Urucutuca, Ilhéus	1	Ilhéus
	13 Fazenda Limeira, Ilhéus	1	Ilhéus
	14 Ilhéus	30	Ilhéus
	15 Banco da Vitória, Pirataquissé, Ilhéus	20	Ilhéus
	16 Parque Zoobotânico da CEPLAC, 6 km E de Itabuna	3	Buerarema

	17	Fazenda Brejo Grande, 12 Km. S 1.7 Km. W de Itabuna	8	Buerarema
	18	Buerarema, Ribeirão da Fortuna	31	Buerarema
	19	Fazenda Unacau, 8km SE de São José	45	Unacau
	20	Fazenda Orion, Serra das Lontras, Arataca	2	Unacau
	21	RPPN Serra do Teimoso, Jussari	18	Unacau
	22	Fazenda Jueirana, Una	1	Una
	23	Fazenda Dendhevea, Una	1	Una
	24	ESMAI, CEPLAC, Una	2	Una
	25	EDJAB - CEPLAC, Una	2	Una
	26	Reserva Biológica de Una, Una	35	Una
	27	Fazenda Bolandeira; 10 km S Una	7	Una
	28	Reserva Biológica Pau-brasil, 15km NW de Porto Seguro	4	Una
Espírito Santo	29	Linhares	4	Linhares
	30	Fazenda Santa Terezinha, 33 Km. NE de Linhares	4	Linhares
	31	F. M. A. Linhares	4	Linhares
	32	Santa Teresa	3	Linhares
Minas Gerais	33	Engenheiro Reeve - Matilde, Alfredo Chaves	1	Linhares
	34	Parque Estadual do Rio Doce; 13 km E Marliéira	3	Rio Doce
	35	Rio Doce	1	Rio Doce
Rio de Janeiro	36	Fazenda União, Casimiro de Abreu	1	Poço das Antas
	37	Reserva Poço das Antas, Silva Jardins	6	Poço das Antas

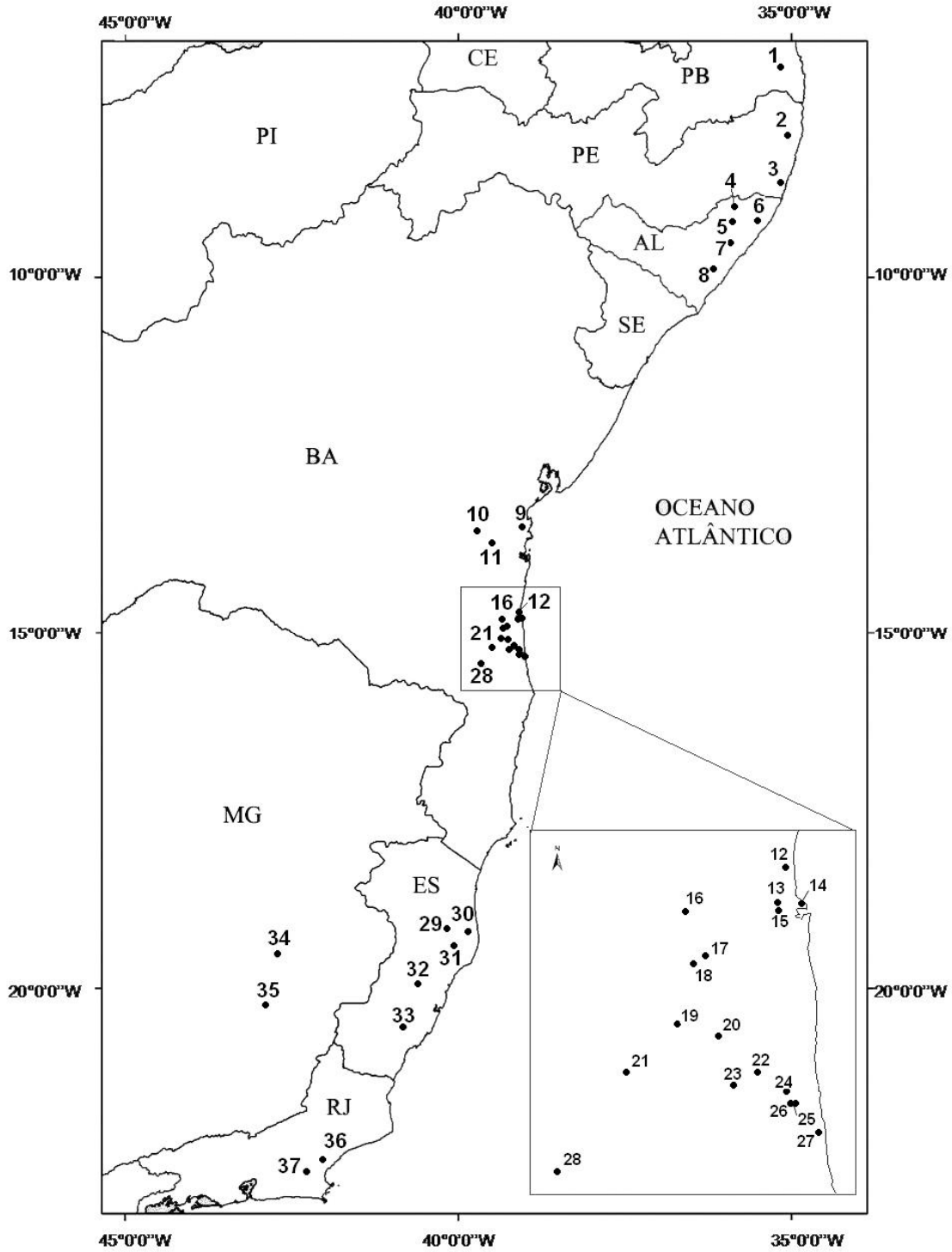


Figura 3: Distribuição das amostras do gênero *Hylaeamy* ao longo da Floresta Atlântica. Os números correspondem às localidades apresentadas na Tabela 1.

Tabela 2: Teste *t-student* (t) para dimorfismo sexual ($p < 0,05$ em negrito), em que M e F representam o número de indivíduos machos e fêmeas (respectivamente) de cada amostra.

Variáveis	Localidades							
	Murici		Ilhéus		Fazenda Unacau		Una	
	M=20, F=15		M=19, F=14		M=32, F=23		M=26, F=9	
	t	p	t	p	t	p	t	p
CTO	-1.304	0.439	1.832	0.815	0.385	0.762	1.352	0.813
CCI	-1.393	0.708	1.158	0.566	0.829	0.544	1.941	0.598
CDI	-1.246	0.462	1.474	0.839	1.080	0.551	2.266	0.667
CSM	-0.192	0.240	-0.784	0.539	0.610	0.704	-0.755	0.031
LM1	-0.455	0.982	-1.448	0.627	0.799	0.499	-1.277	0.337
CFI	-1.033	0.796	0.428	0.554	0.454	0.862	1.122	0.496
LFI	-1.338	0.165	1.357	0.184	-0.609	0.759	-0.015	0.335
LPA	-1.291	0.115	0.365	0.803	1.071	0.231	-0.128	0.837
LIP	1.200	0.656	1.354	0.990	2.167	0.545	1.093	0.702
CIP	-1.435	0.612	0.627	0.536	0.026	0.399	0.398	0.088
LR1	-0.924	0.337	1.502	0.844	1.167	0.514	0.074	0.149
LR2	-1.292	0.021	1.220	0.523	1.573	0.607	1.284	0.994
CNA	-1.316	0.444	0.926	0.542	-0.175	0.476	0.590	0.434
CPP	-1.679	0.373	1.323	0.906	2.358	0.646	-0.087	0.652
ACC	-0.924	0.616	0.547	0.430	2.003	0.040	1.061	0.100
LIO	0.951	0.502	0.487	0.947	0.341	0.524	0.546	0.196
LZI	-0.781	0.385	2.246	0.529	0.581	0.122	1.496	0.450
LPZ	-1.203	0.491	0.988	0.573	0.563	0.350	0.615	0.831
CCZ	-1.157	0.372	1.240	0.374	0.577	0.271	1.729	0.283
CFO	-1.099	0.417	1.012	0.439	0.181	0.405	2.033	0.635
LBU	-1.651	0.755	0.660	0.639	-0.955	0.422	1.353	0.152

Esse resultado também foi encontrado em estudos anteriores dentro da subfamília Sigmodontinae, em especial, na tribo Oryzomyini (CARLETON e MUSSER, 1989; VOSS e MARCUS, 1996; PERCEQUILLO *et al.* 2008). Em alguns raros casos, o dimorfismo sexual se mostrou mais relacionado com o peso, com machos mais pesados que as fêmeas (WEKSLER *et al.*, 1999).

Variação etária

De acordo com os resultados obtidos no teste de variação sexual, machos e fêmeas foram agrupados. Nessas mesmas amostras, foi testada a variação entre as diversas classes etárias, visando possíveis agrupamentos de classes etárias para análises posteriores de variação geográfica.

O teste de comparações múltiplas de Tuckey, para as amostras de Murici, Ilhéus e Fazenda Unacau (Tabelas 3, 4 e 5 respectivamente), mostra que a classe 1 é significativamente diferente das demais classes na maioria das variáveis. As classes 2.3, 3 e 4 não apresentam diferenças significativas em nenhuma das variáveis, em Murici (Tabela 3), e os indivíduos dessas três classes etárias foram, portanto, agrupados para os testes de variação geográfica.

Já na amostra de Ilhéus, os indivíduos da classe etária 2.3 não apresentaram diferença significativas entre as classes 2 e 3. No entanto, os indivíduos das classes 2 e 4 se mostraram significativamente diferentes em dez variáveis, e os das classes 3 e 4, iguais em todas as variáveis. Porém, os da classe 2.3 se mostraram sobremaneira iguais aos da classe 4 em 15 variáveis (Tabela 4). Assim, em Ilhéus, foram agrupados para análises de variação geográfica os indivíduos das classes 2.3, 3 e 4.

Na Fazenda Unacau, não foram observados indivíduos da classe 4. Já os da classe 2.3 se mostraram significativamente semelhantes aos das classes 2 e 3 em todas as variáveis (Tabela 5). Entretanto, os indivíduos da classe 2 se mostraram muito semelhantes aos da classe 3, em apenas seis variáveis. Logo, os das classes 2.3 e 3 foram agrupados para análises de variação geográfica.

Em Una, os indivíduos das classes etárias 2.3, 3 e 4 apresentaram semelhanças significativas em todas as variáveis (Tabela 6) e foram agrupados em análises de variação geográfica.

Em todas as localidades, as variáveis CSM e LM1 não apresentam diferenças significativas ($p > 0.05$) entre as classes de idade. Esse resultado sugere que o tamanho da série dentária é bastante conservado ao longo do desenvolvimento ontogenético nesse grupo, desde que todos os molares tenham eclodido completamente (assim como em outras espécies do gênero *Hylaeamys*, como *H. megacephalus* (PERCEQUILLO, 1998; JORGE-RODRIGUES, 2008).

Isso indica que, para essas duas variáveis, jovens e adultos podem ser agrupados. Mais ainda, que essas variáveis dentárias podem ser empregadas para comparar quantitativamente amostras ou mesmo espécies distintas, sem a necessidade de preocupação em separar classes etárias nos mamíferos, tanto entre populações quanto entre espécies.

Nas demais localidades onde não foi possível a utilização de testes estatísticos para testar a variação entre as diferentes classes etárias, foram utilizados indivíduos das classes etárias 2.3, 3 e 4 nos testes de variação geográfica, uma vez que essas classes foram agrupadas em todas as localidades testadas e representam, provavelmente, os indivíduos adultos de suas respectivas populações.

Tabela 3: Teste de ANOVA e de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Murici. Em negrito $p < 0,05$.

Variáveis	F	Sig.	Classes				
			1 e 2	1 e 2.3	1 e 3	1 e 4	2 e 2.3
CTO	27.922	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037
CCI	28.305	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.087
CDI	23.917	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.150
CSM	0.857	0.499	0.770	0.560	0.583	0.650	0.959
LM1	2.643	0.049	0.497	0.080	0.056	0.792	0.519
CFI	18.764	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
LFI	3.733	0.012	0.606	0.308	0.009	0.267	0.880
LPA	6.548	0.000	0.166	0.060	0.000	0.066	0.796
LIP	3.454	0.017	0.410	0.118	0.133	0.015	0.726
CIP	4.321	0.006	0.694	0.549	0.013	0.040	0.976
LR1	9.605	0.000	0.035	0.003	0.000	0.000	0.343
LR2	16.496	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.018
CNA	20.036	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.259
CPP	14.510	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.605
ACC	20.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016
LIO	3.853	0.010	0.506	0.031	0.232	0.021	0.264
LZI	19.699	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.132
LPZ	23.193	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.348
CCZ	26.911	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.062
CFO	26.080	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.160
LBU	7.447	0.000	0.006	0.001	0.000	0.013	0.459

Tabela 3 (continuação): Teste de ANOVA e de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Murici. Em negrito $p < 0,05$.

Variáv	F	Sig.	Classes				
			2 e 3	2 e 4	2.3 e 3	2.3 e 4	3 e 4
CTO	27.922	0.000	0.001	0.001	1.000	0.459	0.415
CCI	28.305	0.000	0.000	0.001	0.935	0.382	0.615
CDI	23.917	0.000	0.000	0.000	0.828	0.115	0.312
CSM	0.857	0.499	0.992	0.965	0.997	1.000	0.996
LM1	2.643	0.049	0.538	1.000	0.994	0.822	0.905
CFI	18.764	0.000	0.021	0.005	0.985	0.762	0.402
LFI	3.733	0.012	0.083	0.761	0.863	0.996	0.995
LPA	6.548	0.000	0.022	0.678	0.750	0.996	0.977
LIP	3.454	0.017	0.909	0.146	0.974	0.766	0.372
CIP	4.321	0.006	0.081	0.170	0.672	0.525	0.957
LR1	9.605	0.000	0.051	0.007	1.000	0.383	0.341
LR2	16.496	0.000	0.006	0.000	0.979	0.268	0.060
CNA	20.036	0.000	0.016	0.007	0.996	0.458	0.499
CPP	14.510	0.000	0.025	0.060	0.910	0.634	0.900
ACC	20.033	0.000	0.937	0.020	0.937	0.991	0.775
LIO	3.853	0.010	0.957	0.149	0.563	0.974	0.324
LZI	19.699	0.000	0.009	0.010	1.000	0.686	0.654
LPZ	23.193	0.000	0.005	0.002	0.901	0.214	0.420
CCZ	26.911	0.000	0.002	0.001	0.999	0.458	0.441
CFO	26.080	0.000	0.006	0.011	0.995	0.653	0.727
LBU	7.447	0.000	0.488	0.829	0.989	0.999	1.000

Tabela 4: Teste de ANOVA e de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Ilhéus. Em negrito p < 0,05.

Variáveis	F	Sig.	Classes				
			1 e 2	1 e 2.3	1 e 3	1 e 4	2 e 2.3
CTO	18.848	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.861
CCI	25.784	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.866
CDI	30.267	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.998
CSM	0.956	0.441	0.987	0.998	0.935	0.991	0.856
LM1	1.922	0.123	0.144	0.552	0.759	0.452	0.995
CFI	63.344	0.000	0.289	0.413	0.015	0.001	0.998
LFI	2.026	0.106	0.335	0.817	0.088	0.195	0.987
LPA	2.802	0.036	0.442	1.000	0.120	0.317	0.380
LIP	2.231	0.080	0.197	0.241	0.154	0.039	0.992
CIP	1.232	0.311	0.469	0.539	0.229	0.393	0.995
LR1	6.529	0.000	0.005	0.212	0.000	0.001	0.905
LR2	11.887	0.000	0.017	0.401	0.000	0.000	0.951
CNA	21.622	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.987
CPP	17.932	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.998
ACC	3.521	0.015	0.888	0.978	0.170	0.100	0.999
LIO	4.236	0.005	0.061	0.246	0.008	0.004	1.000
LPZ	11.003	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.977
CCZ	21.694	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.858
CFO	15.738	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.468
LBU	4.488	0.004	0.035	0.027	0.004	0.007	0.755

Tabela 4 (continuação): Teste de ANOVA e de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Ilhéus. Em negrito $p < 0,05$.

Variáveis	F	Sig.	Classes				
			2 e 3	2 e 4	2.3 e 3	2.3 e 4	3 e 4
CTO	18.848	0.000	0.000	0.000	0.472	0.038	0.235
CCI	25.784	0.000	0.001	0.000	0.540	0.042	0.206
CDI	30.267	0.000	0.000	0.000	0.107	0.000	0.015
CSM	0.956	0.441	0.982	0.703	0.695	1.000	0.504
LM1	1.922	0.123	0.316	0.998	0.942	1.000	0.884
CFI	63.344	0.000	0.162	0.004	0.828	0.094	0.177
LFI	2.026	0.106	0.726	0.895	0.743	0.819	1.000
LPA	2.802	0.036	0.678	0.948	0.096	0.275	1.000
LIP	2.231	0.080	0.998	0.513	0.999	0.923	0.644
CIP	1.232	0.311	0.883	0.979	1.000	1.000	1.000
LR1	6.529	0.000	0.367	0.472	0.314	0.313	0.992
LR2	11.887	0.000	0.042	0.000	0.175	0.004	0.069
CNA	21.622	0.000	0.006	0.000	0.485	0.014	0.082
CPP	17.932	0.000	0.010	0.070	0.431	0.414	0.992
ACC	3.521	0.015	0.116	0.105	0.395	0.232	0.922
LIO	4.236	0.005	0.630	0.254	0.907	0.521	0.786
LPZ	11.003	0.000	0.086	0.035	0.880	0.423	0.708
CCZ	21.694	0.000	0.000	0.000	0.477	0.103	0.537
CFO	15.738	0.000	0.002	0.005	0.951	0.641	0.830
LBU	4.488	0.004	0.578	0.537	0.993	1.000	0.977

Tabela 5: Teste de ANOVA e de comparações múltiplas de Tukey na localidade da Fazenda Unacau. Em negrito $p < 0,05$.

Variável	F	Sig.	Classes					
			1 e 2	1 e 2.3	1 e 3	2 e 2.3	2 e 3	2.3 e 3
CTO	33.151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.938	0.000	0.257
CCI	36.069	0.000	0.000	0.000	0.000	0.735	0.000	0.322
CDI	32.348	0.000	0.000	0.002	0.000	0.998	0.000	0.095
CSM	2.203	0.097	0.489	0.996	0.998	0.867	0.108	0.999
LM1	1.298	0.283	0.730	0.634	0.340	0.906	0.516	0.999
CFI	14.188	0.000	0.020	0.567	0.000	0.924	0.000	0.068
LFI	9.418	0.000	0.081	0.429	0.000	1.000	0.000	0.428
LPA	6.335	0.001	0.041	0.998	0.002	0.304	0.107	0.058
LIP	7.026	0.000	0.001	0.005	0.000	0.645	0.893	0.816
CIP	0.344	0.794	0.952	0.752	0.977	0.850	0.998	0.826
LR1	8.823	0.000	0.006	0.809	0.000	0.504	0.027	0.076
LR2	24.554	0.000	0.000	0.031	0.000	0.980	0.000	0.063
CNA	5.871	0.001	0.172	0.972	0.003	0.972	0.011	0.860
CPP	13.116	0.000	0.009	0.030	0.000	0.736	0.000	0.875
ACC	8.373	0.000	0.004	0.021	0.000	0.754	0.036	1.000
LIO	4.609	0.006	0.020	0.066	0.003	0.828	0.441	0.993
LZI	24.474	0.000	0.000	0.006	0.000	0.930	0.000	0.327
LPZ	20.560	0.000	0.000	0.025	0.000	0.981	0.000	0.292
CCZ	28.634	0.000	0.000	0.001	0.000	0.869	0.000	0.297
CFO	21.840	0.000	0.000	0.003	0.000	0.891	0.000	0.544
LBU	5.078	0.003	0.956	0.717	0.158	0.368	0.012	0.034

Tabela 6: Teste de ANOVA e de comparações múltiplas de Tukey na localidade de Una. Em negrito $p < 0,05$.

Variáveis	F	Sig.	Classes					
			2 e 2.3	2 e 3	2 e 4	2.3 e 3	2.3 e 4	3 e 4
CTO	13.196	0.000	0.021	0.000	0.003	0.514	0.683	1.00
CCI	12.684	0.000	0.005	0.000	0.008	0.902	0.961	1.00
CDI	12.364	0.000	0.019	0.000	0.003	0.698	0.695	0.99
CSM	0.133	0.940	0.941	0.997	0.983	0.984	1.000	0.99
LM1	1.266	0.297	0.948	0.447	0.473	0.930	0.792	0.95
CFI	8.000	0.000	0.105	0.001	0.007	0.860	0.552	0.85
LFI	3.707	0.018	0,105	0.001	0.007	0.825	0.842	0.99
LPA	1.346	0.271	0.446	0.447	0.713	0.995	1.000	1.00
LIP	1.446	0.242	0.884	0.417	0.360	0.962	0.792	0.93
CIP	3.858	0.015	0.987	0.050	0.070	0.372	0.233	0.87
LR1	2.746	0.053	0.792	0.086	0.216	0.784	0.720	0.98
LR2	11.707	0.000	0.039	0.000	0.078	0.380	0.995	0.71
CNA	11.166	0.000	0.318	0.000	0.006	0.115	0.287	1.00
CPP	5.351	0.003	0.862	0.002	0.269	0.167	0.756	0.91
ACC	5.353	0.003	0.537	0.001	0.720	0.312	1.000	0.50
LIO	2.262	0.093	0.319	0.140	0.614	1.000	0.999	0.99
LZI	5.993	0.002	0.294	0.001	0.263	0.540	0.982	0.89
LPZ	8.760	0.000	0.117	0.000	0.010	0.638	0.592	0.97
CCZ	11.675	0.000	0.046	0.000	0.009	0.470	0.744	1.00
CFO	7.159	0.000	0.254	0.005	0.005	0.806	0.303	0.64
LBU	0.221	0.882	0.967	0.997	0.964	0.946	0.862	0.97

Variación geográfica

Para a análise de variação geográfica, empregamos apenas os agrupamentos com n igual ou maior que quatro indivíduos. A distribuição geográfica das amostras e dos agrupamentos encontra-se na figura 3, e as localidades que formam os agrupamentos estão discriminadas na Tabela 1. Como foram utilizados, nas análises de variação geográfica, apenas os indivíduos das classes etárias 2.3, 3 e 4, nas tabelas 7 e 8, apresentamos a estatística descritiva dos agrupamentos, o número de indivíduos utilizados em cada localidade (n), a média, o desvio padrão e os valores máximos e mínimos para cada uma das 21 variáveis cranianas. Com esses dados, realizamos os diagramas Dice-Leeras com todas as variáveis cranianas ao longo do espaço geográfico; em seguida foram feitos testes multivariados com todos os agrupamentos.

Tabela 7: Estatística descritiva dos agrupamentos São Lourenço, Murici, Nova Esperança, Ilhéus e Buerarema. Os valores apresentados são a média \pm o desvio padrão e os valores máximo – mínimo.

Variáveis	São Lourenço (n = 7)	Murici (n = 21)	Nova Esperança (n = 5)	Ilhéus (n = 27)	Buerarema (n = 22)
CTO	35,62 \pm 0,75/ 36,37 - 34,51	36,63 \pm 1,87/ 39,70 - 32,43	35,95 \pm 0,72/ 34,69 - 32,90	34,68 \pm 1,52/ 37,8 - 31,96	34,63 \pm 1,01/ 36,45 - 31,75
CCI	31,82 \pm 0,64/ 32,42 - 30,60	32,45 \pm 1,64/ 34,62 - 28,69	30,52 \pm 0,75/ 31,02 - 39,27	31,27 \pm 1,42/ 33,76 - 28,74	31,29 \pm 0,92/ 33,05 - 28,46
CDI	9,37 \pm 0,52/ 10,15 - 8,74	9,62 \pm 0,7/ 10,84 - 7,85	8,57 \pm 0,33/ 8,84 - 8,00	8,70 \pm 0,54/ 9,73 - 7,78	8,90 \pm 0,28/ 9,41 - 8,19
CSM	5,04 \pm 0,80/ 5,16 - 4,92	5,19 \pm 0,15/ 5,49 - 4,97	5,05 \pm 0,23/ 5,23 - 4,67	5,10 \pm 0,18/ 5,41 - 4,62	5,10 \pm 0,20/ 5,52 - 4,84
LM1	1,43 \pm 0,51/ 1,49 - 1,36	1,46 \pm 0,06/ 1,60 - 1,32	1,52 \pm 0,07/ 1,57 - 1,39	1,51 \pm 0,06/ 1,66 - 1,40	1,52 \pm 0,09/ 1,83 - 1,42
CFI	5,13 \pm 0,38/ 5,75 - 4,66	5,23 \pm 0,33/ 6,08 - 4,62	4,75 \pm 0,24/ 4,97 - 4,39	4,82 \pm 0,43/ 5,92 - 4,14	5,05 \pm 0,30/ 5,73 - 4,36
LFI	2,78 \pm 0,33/ 3,43 - 2,44	2,45 \pm 0,21/ 2,89 - 2,11	2,43 \pm 0,11/ 2,55 - 3,21	2,35 \pm 0,18/ 2,83 - 2,08	2,45 \pm 0,18/ 2,80 - 2,20
LPA	5,70 \pm 0,32/ 6,07 - 5,19	5,52 \pm 0,28/ 6,29 - 4,91	5,29 \pm 0,12/ 5,44 - 5,13	5,49 \pm 0,41/ 6,17 - 4,16	5,86 \pm 0,31/ 6,35 - 5,30
LIP	9,78 \pm 0,44/ 10,08 - 8,8	10,20 \pm 0,94/ 11,91 - 8,17	10,72 \pm 0,38/ 11,36 - 10,34	10,39 \pm 0,52/ 11,41 - 9,38	10,63 \pm 0,44/ 11,52 - 9,92
CIP	4,39 \pm 0,37/ 4,92 - 3,76	4,47 \pm 0,54/ 5,48 - 3,28	4,64 \pm 0,33/ 5,07 - 4,17	4,55 \pm 0,61/ 6,70 - 3,88	4,58 \pm 0,45/ 5,59 - 3,82
LR1	5,87 \pm 0,39/ 6,44 - 5,14	6,33 \pm 0,42/ 7,45 - 5,81	5,49 \pm 0,18/ 5,73 - 5,25	5,57 \pm 0,34/ 6,17 - 4,50	5,72 \pm 0,22/ 6,14 - 5,26
LR2	6,78 \pm 0,32/ 7,2 - 6,22	7,25 \pm 0,61/ 8,76 /-6,34	6,27 \pm 0,19/ 6,60 - 6,08	6,49 \pm 0,48/ 7,98 - 5,63	6,71 \pm 0,31/ 7,14 - 5,95
CNA	14,02 \pm 0,61/ 14,67 - 12,93	14, 58 \pm 1,13/ 16,33 - 11,89	12,93 \pm 0,39/ 13,47 - 12,49	13,50 \pm 0,85/ 16,43 - 12,21	13,11 \pm 0,62/ 14,38-11,91
CPP	7,27 \pm 0,40/ 7,51 - 6,40	7,54 \pm 0,47/ 8,49 - 6,55	7,13 \pm 0,23/ 7,45 - 6,91	7,39 \pm 0,36/ 8,22 - 6,66	7,31 \pm 0,45/ 8,14 - 6,42
ACC	9,5 \pm 0,55/ 10,25 - 8,62	9,60 \pm 0,29/ 10,25 - 9,07	9,17 \pm 0,44/ 9,89 - 8,81	9,28 \pm 0,40/ 10,41 - 8,73	9,72 \pm 0,51/ 10,91 - 8,66
LIO	5,19 \pm 0,33/ 5,53 - 4,71	5,35 \pm 0,31/ 5,91 - 4,81	5,33 \pm 0,10/ 5,43 /-5,17	5,26 \pm 0,18/ 5,56 - 4,91	5,23 \pm 0,21/ 5,48 - 4,60
LZI	17,41 \pm 0,66/ 18,54 - 16,70	17, 84 \pm 1,19/ 19,84 - 15,97	16, 67 \pm 0,23/ 16,93 -16,30	17,07 \pm 0,81/ 18,72 - 15,44	17,03 \pm 0,46/ 17,73- 16,01
LPZ	3,81 \pm 0,22/ 4,21 - 3,59	4,09 \pm 0,34/ 4,77 - 3,23	3,95 \pm 0,36/ 4,47 - 3,47	4,04 \pm 0,38/ 4,82 - 3,27	3,94 \pm 0,26/ 4,47 - 3,22
CCZ	24,21 \pm 0,77/ 24,94 - 22,98	24,96 \pm 1,29/ 27,12 - 22,32	23,13 \pm 0,59/ 23,70 -22,19	23,89 \pm 1,06/ 25,87 - 22,03	23,86 \pm 0,69/24,69- 21,79
CFO	11,63 \pm 0,37/ 12,18 - 11,11	12,35 \pm 0,64/ 13,22 - 10,90	10,98 \pm 0,25/ 11,38 - 10,73	11,41 \pm 0,46/ 12, 18- 10,57	11,31 \pm 0,44/ 12,14-10,31
LBU	4,88 \pm 0,14/ 5,15 - 4,71	4,88 \pm 0,26/ 5,49 - 4,34	4,82 \pm 0,20/ 5,13 - 4,46	4,97 \pm 0,25/ 5,51 - 4,51	4,90 \pm 0,23/ 5,26 - 4,50

Tabela 8: Estatística descritiva dos agrupamentos Unacau, Una, Linhares, Rio Doce e Poço das Antas

Variáveis	Unacau (n = 21)	Una (n = 24)	Linhares (n = 11)	Rio Doce (n = 4)	Poço das Antas (n = 5)
CTO	34,74 ± 1,24/ 37,01 - 31,63	35,01 ± 1,21/ 37,37 - 32,41	34,75 ± 1,34/ 37,58 - 33,35	32,56 ± 0,53/ 32,99 - 31,96	35,37 ± 1,50/ 37,58 - 34,10
CCI	31,40 ± 1,16/ 33,95 - 28,63	31,85 ± 1,35/ 35,04 - 28,91	31,42 ± 1,37/ 34,78 - 30,31	29,24 ± 0,65/ 29,71 - 28,50	31,73 ± 1,25/ 33,61 - 30,83
CDI	8,77 ± 0,47/ 9,82 - 7,60	9,03 ± 0,41/ 9,78 - 7,93	8,90 ± 0,59/ 10,07 - 8,15	8,09 ± 0,48/ 8,56 - 7,60	9,03 ± 0,60/ 9,81 - 8,43
CSM	5,14 ± 0,19/ 5,50 - 4,82	5,10 ± 0,17/ 5,41 - 4,75	5,07 ± 0,13/ 5,26 - 4,87	5,34 ± 0,21/ 5,53 - 5,11	5,10 ± 0,09/ 5,22 - 5,00
LM1	1,49 ± 0,04/ 1,57 - 1,43	1,49 ± 0,06/ 1,63 - 1,39	1,52 ± 0,05/ 1,61 - 1,45	1,58 ± 0,03/ 1,60 - 1,55	1,48 ± 0,03/ 1,51 - 1,42
CFI	4,96 ± 0,40/ 5,51 - 4,26	4,95 ± 0,34/ 5,81 - 4,41	4,95 ± 0,37/ 5,57 - 4,18	4,66 ± 0,21/ 4,90 - 4,51	4,97 ± 0,58/ 5,42 - 4,05
LFI	2,33 ± 0,21/ 2,78 - 1,99	2,43 ± 0,22/ 2,82 - 1,99	2,27 ± 0,12/ 2,48 - 2,12	2,35 ± 0,05/ 2,38 - 2,29	2,51 ± 0,24/ 2,78 - 2,23
LPA	5,29 ± 0,30/ 5,89 - 4,65	5,44 ± 0,28/ 6,14 - 4,95	6,03 ± 0,14/ 6,29 - 5,83	5,84 ± 0,54/ 6,17 - 5,22	5,42 ± 0,15/ 5,57 - 5,18
LIP	10,35 ± 0,67/ 11,49 - 8,87	10,57 ± 0,39/ 11,36 - 9,92	10,46 ± 0,37/ 11,17 - 9,74	9,21 ± 0,47/ 9,68 - 8,74	10,68 ± 0,41/ 11,02 - 10,16
CIP	4,10 ± 0,41/ 5,17 - 3,09	4,32 ± 0,37/ 5,12 - 3,66	4,24 ± 0,38/ 4,77 - 3,74	4,18 ± 0,22/ 4,40 - 3,95	5,18 ± 0,43/ 5,85 - 4,69
LR1	5,61 ± 0,38/ 6,25 - 4,59	5,71 ± 0,34/ 6,25 - 5,11	5,86 ± 0,34/ 6,43 - 5,56	5,68 ± 0,24/ 5,93 - 5,46	5,67 ± 0,15/ 5,93 - 5,56
LR2	6,51 ± 0,43/ 7,40 - 5,83	6,72 ± 0,35/ 7,42 - 6,09	6,73 ± 0,28/ 7,35 - 6,40	6,44 ± 0,27/ 6,74 - 6,21	6,84 ± 0,54/ 7,39 - 6,00
CNA	13,43 ± 0,61/ 14,55 - 11,84	13,46 ± 0,79/ 15,09 - 12,01	13,12 ± 0,73/ 14,27 - 12,33	12,49 ± 0,22/ 12,67 - 12,25	13,15 ± 0,48/ 13,74 - 12,64
CPP	7,34 ± 0,50/ 8,15 - 6,53	0,7,50 ± 0,42/ 8,37 - 6,72	7,46 ± 0,47/ 8,43 - 6,90	7,03 ± 0,11/ 7,16 - 6,96	7,60 ± 0,34/ 7,96 - 7,04
ACC	9,07 ± 0,25/ 9,60 - 8,75	9,33 ± 0,36/ 10,01 - 8,59	9,84 ± 0,46/ 10,89 - 9,30	9,31 ± 0,40/ 9,55 - 8,85	9,25 ± 0,34/ 9,77 - 8,81
LIO	5,29 ± 0,19/ 5,59 - 4,81	5,41 ± 0,23/ 5,85 - 4,98	5,22 ± 0,28/ 5,73 - 4,88	5,18 ± 0,13/ 5,30 - 5,04	5,30 ± 0,11/ 5,42 - 5,14
LZI	16,76 ± 0,69/ 18,03 - 15,26	17,23 ± 0,75/ 18,51 - 15,28	17,34 ± 0,55/ 18,40 - 16,76	16,77 ± 0,12/ 16,91 - 16,67	17,48 ± 0,82/ 18,31 - 16,38
LPZ	4,27 ± 0,29/ 4,77 - 3,44	4,13 ± 0,25/ 4,55 - 3,53	3,98 ± 0,21/ 4,46 - 3,73	3,63 ± 0,13/ 3,78 - 3,53	4,40 ± 0,36/ 4,91 - 4,02
CCZ	23,87 ± 0,93/ 25,76 - 21,97	24,03 ± 0,89/ 25,71 - 21,99	24,06 ± 0,99/ 26,44 - 23,15	22,32 ± 0,44/ 22,84 - 22,06	24,15 ± 1,01/ 25,86 - 23,19
CFO	11,22 ± 0,49/ 12,20 - 10,09	11,33 ± 0,50/ 12,20 - 10,22	11,31 ± 0,33/ 11,99 - 10,93	10,90 ± 0,58/ 10,93 - 10,83	11,55 ± 0,47/ 12,27 - 11,03
LBU	5,22 ± 0,41/ 6,15 - 4,39	4,97 ± 0,26/ 5,38 - 4,43	4,98 ± 0,24/ 5,51 - 4,71	4,65 ± 0,23/ 4,87 - 4,41	5,18 ± 0,31/ 5,61 - 4,75

Análise univariada: diagramas de Dice-Leeras

Observamos que, das 21 variáveis cranianas estudadas, oito não apresentam nenhuma variação evidente ao longo da geografia. Algumas variáveis apresentam uma distribuição em mosaico, a saber: CSM, LFI, CPP, LPA, ACC e LPZ (Figuras 4, 5, 6, 7, 8 e 9 respectivamente). Em alguns casos, variáveis como LIO, LBU e LIP (Figuras 10, 11 e 12 respectivamente) apresentam uma distribuição com pequena variação entre os agrupamentos.

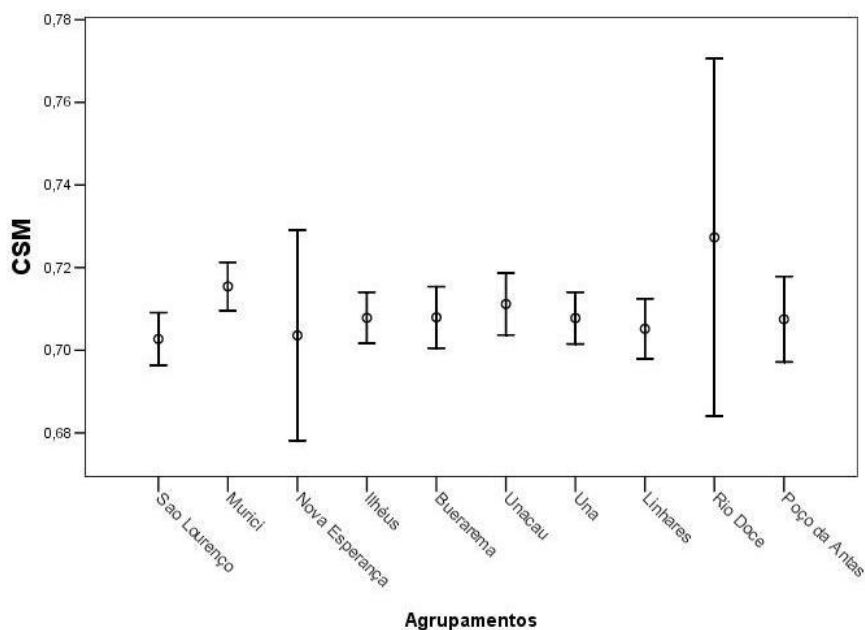


Figura 4: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CSM - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

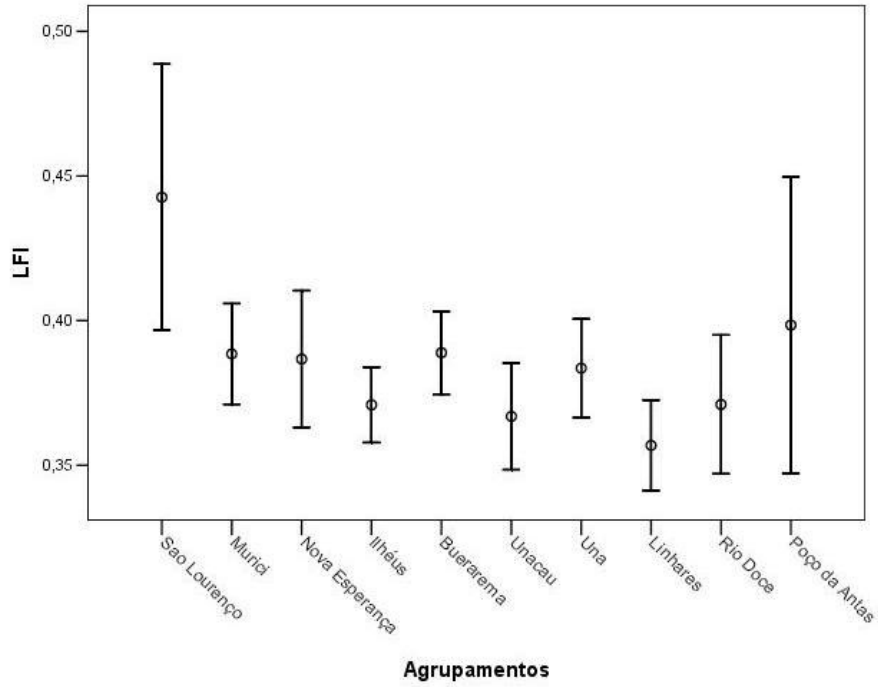


Figura 5: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LFI - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança

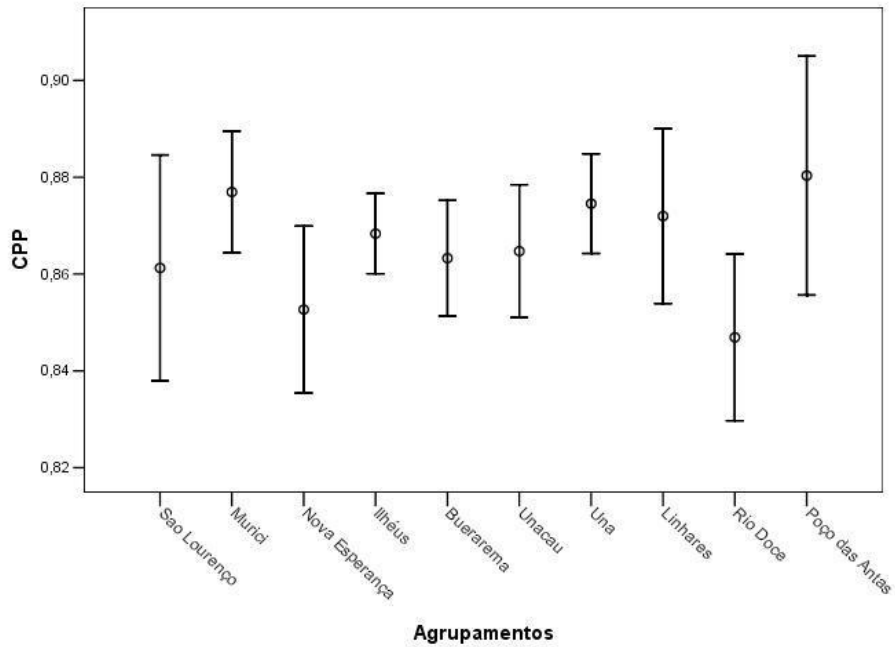


Figura 6: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CPP - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

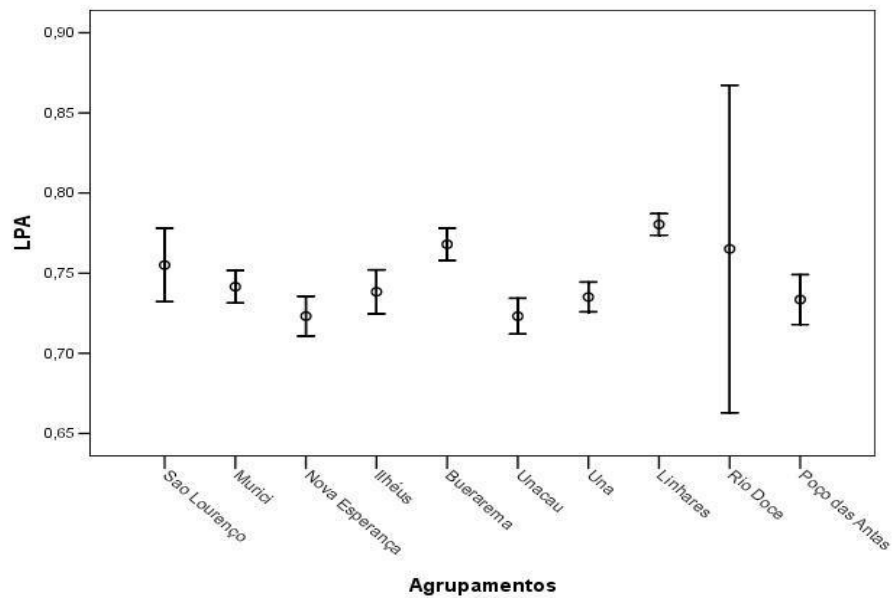


Figura 7: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LPA - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

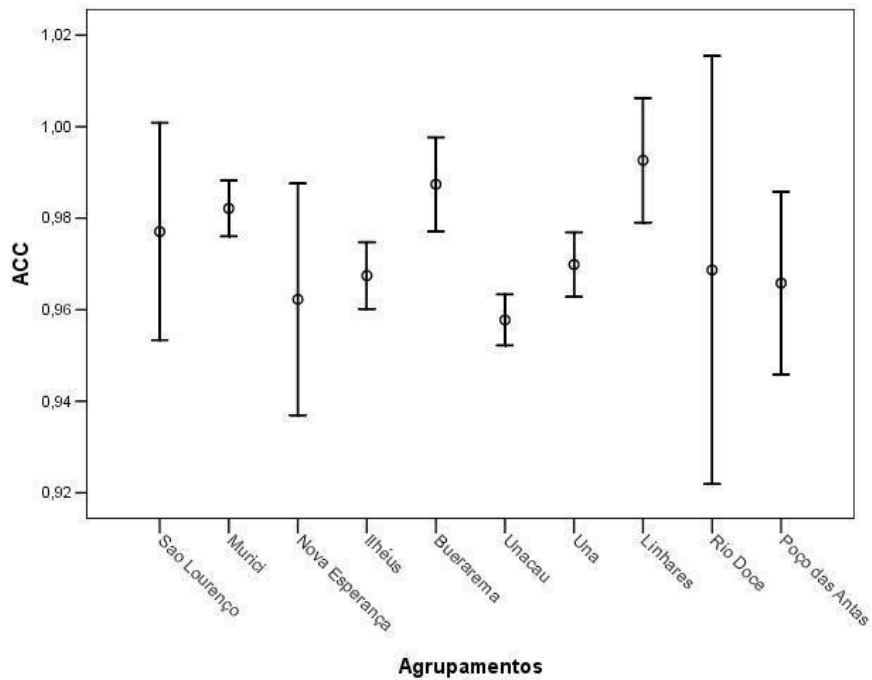


Figura 8: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana ACC - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

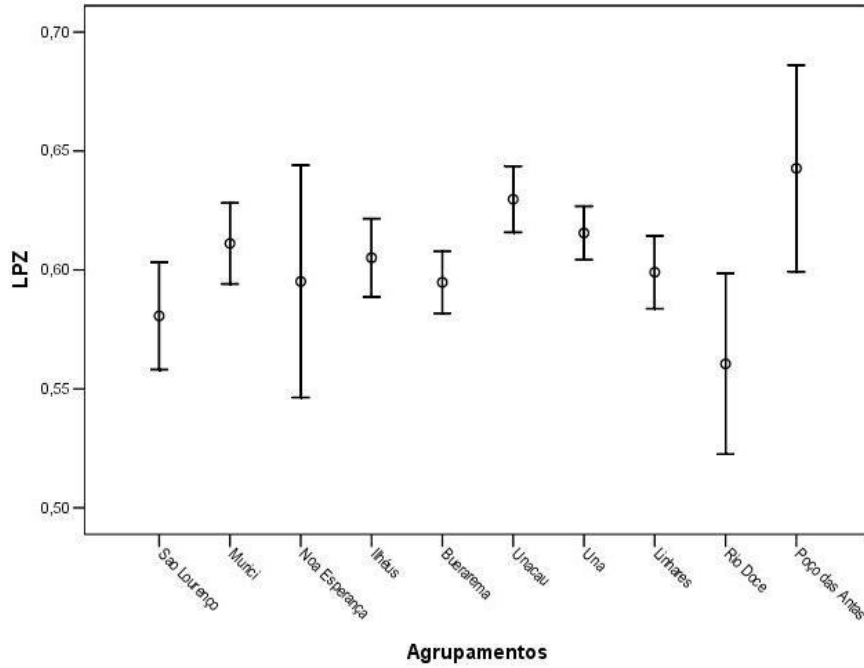


Figura 9: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LPZ - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

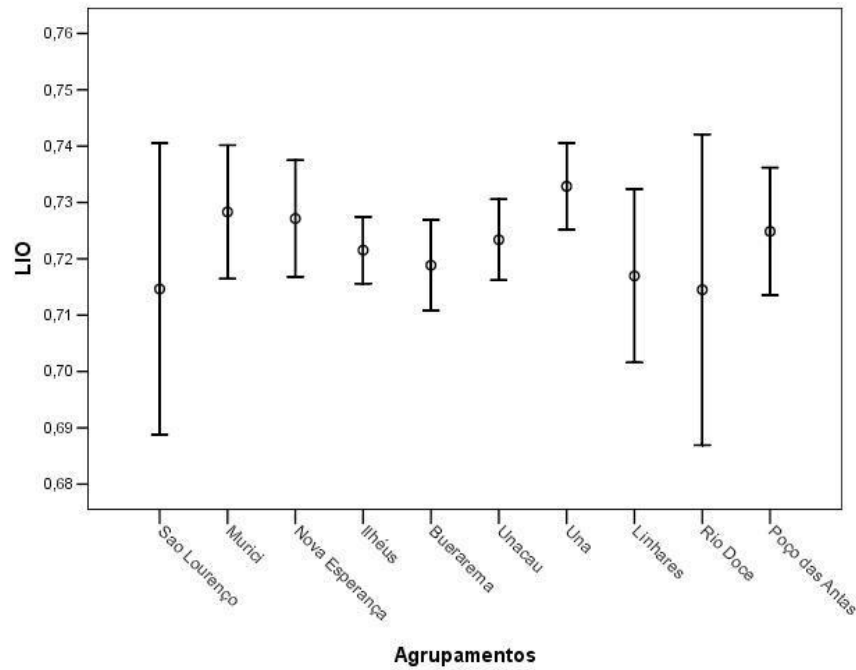


Figura 10: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LIO - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

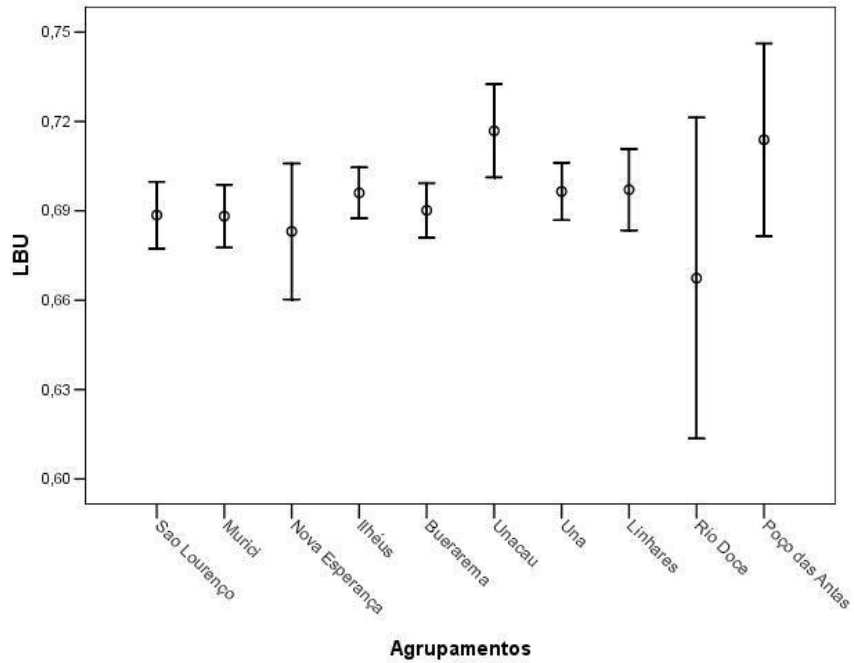


Figura 11: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LBU - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

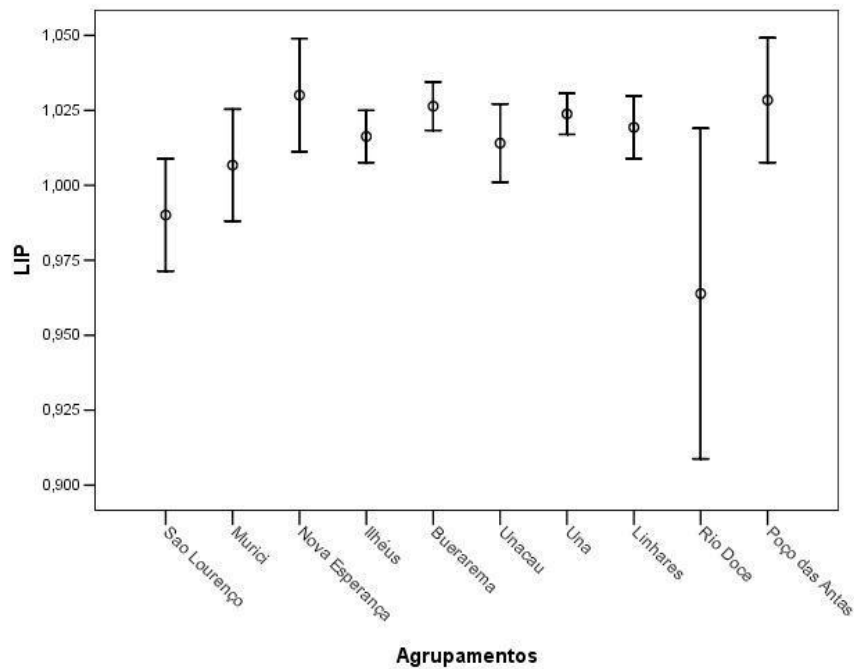


Figura 12: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LIP - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

Na maioria das medidas cranianas supracitadas, observa-se que, em alguns agrupamentos (São Lourenço, Nova Esperança, Rio Doce e Poço das Antas), as barras de erro mostram uma amplitude grande no intervalo de confiança. Isso pode ser explicado pelo fato de essas amostras terem um tamanho amostral pequeno (Tabelas 7 e 8), se comparadas com as outras localidades, porquanto foram utilizados nos testes de variação geográfica apenas os indivíduos das classes etárias 2.3, 3 e 4 (considerados adultos).

As demais medidas cranianas nos apontam uma descontinuidade ao longo do gradiente norte-sul. As medidas cranianas CTO e CCI (Figuras 13 e 14) expressam que os agrupamentos São Lourenço, Murici e Rio Doce se diferenciam claramente dos demais; sendo que os dois primeiros apresentam valores médios maiores que os demais agrupamentos, em especial, em relação à amostra do Rio Doce. Já nas variáveis CFO, CCZ e CDI (Figuras 15, 16 e 17), pode-se observar que os agrupamentos São Lourenço e Murici se diferenciam dos outros, devido às médias mais altas.

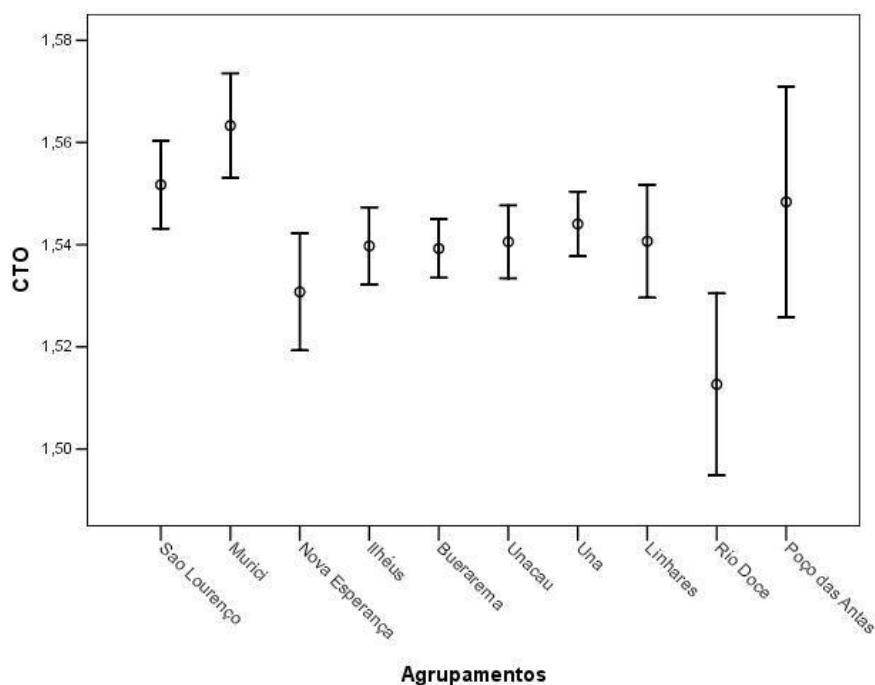


Figura 13: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CTO - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

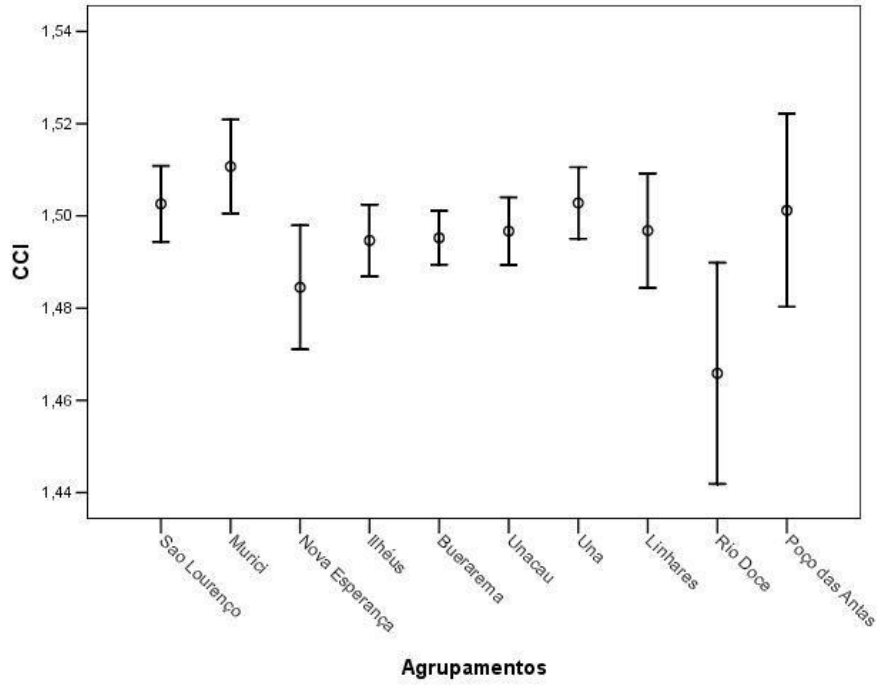


Figura 14: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CCI - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

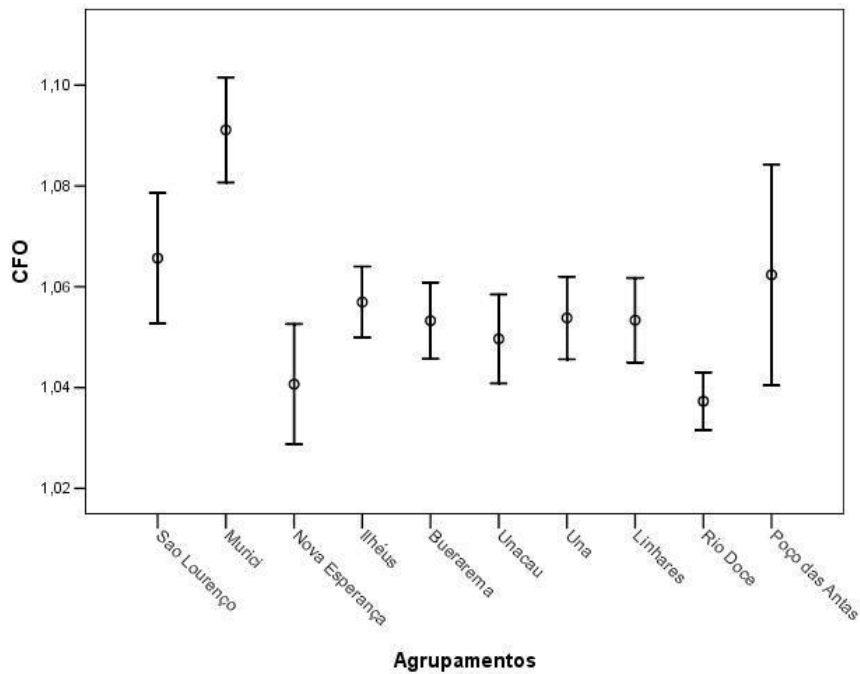


Figura 15: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CFO - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

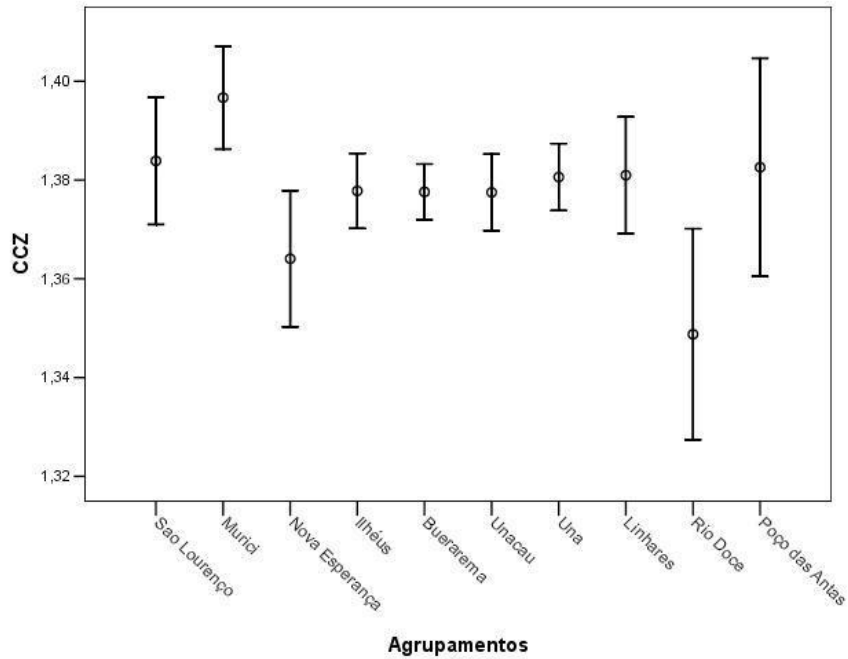


Figura 16: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CCZ - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

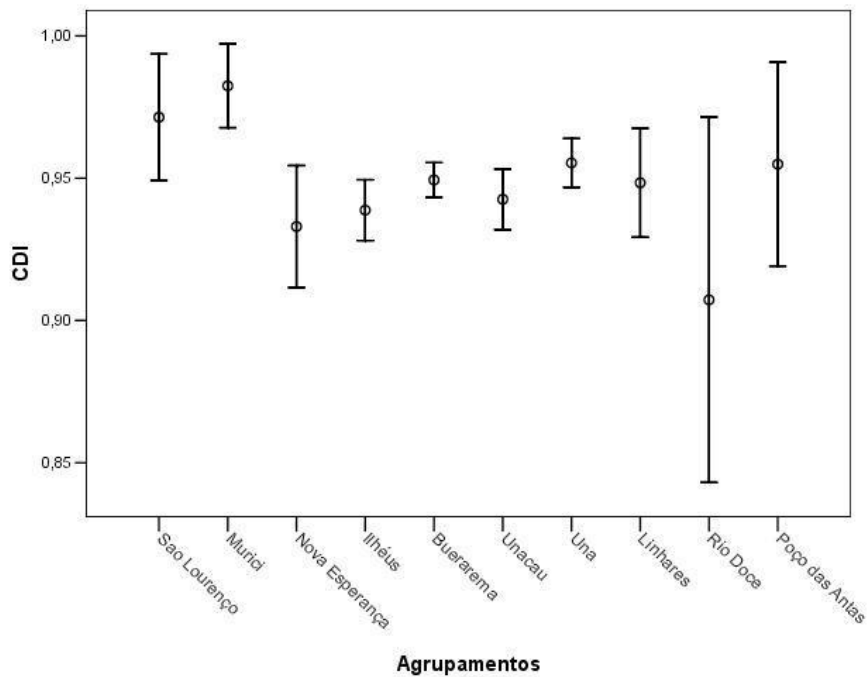


Figura 17: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CDI - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

Algumas medidas cranianas, como: LM1, CFI, LR1, LR2, CNA e LZI (Figuras 18, 19, 20, 21, 22 e 23 respectivamente), mostram uma diferenciação na média dos agrupamentos São Lourenço e Murici em relação aos demais. Em relação à variável LM1, os agrupamentos São Lourenço e Murici apresentam médias mais baixas que as dos demais agrupamentos. Quanto às variáveis CFI, LR1, LR2, CNA, foi encontrado um cenário oposto, onde as médias são maiores. Essas variáveis estão todas relacionadas à região anterior do crânio (rosto). Apenas a medida CIP (Figura 24) mostra uma diferenciação dos indivíduos do agrupamento Poço das Antas em relação aos outros agrupamentos.

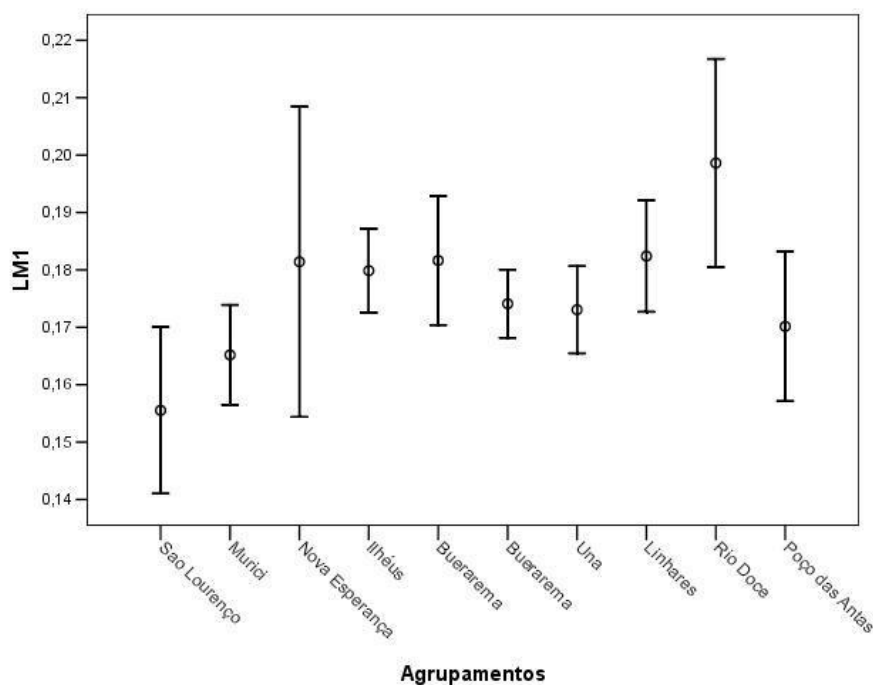


Figura 18: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LM1 - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

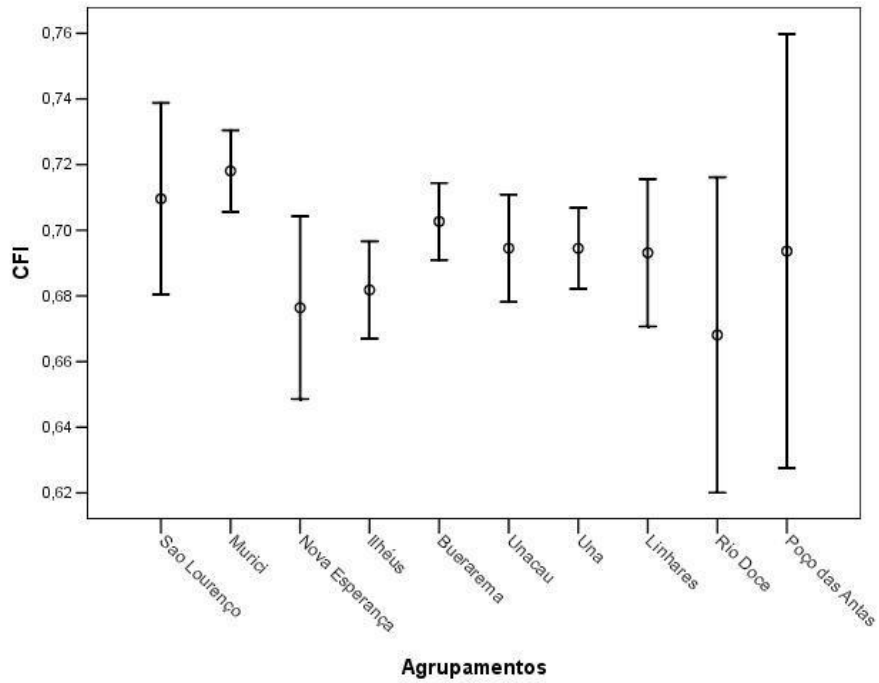


Figura 19: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CFI - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

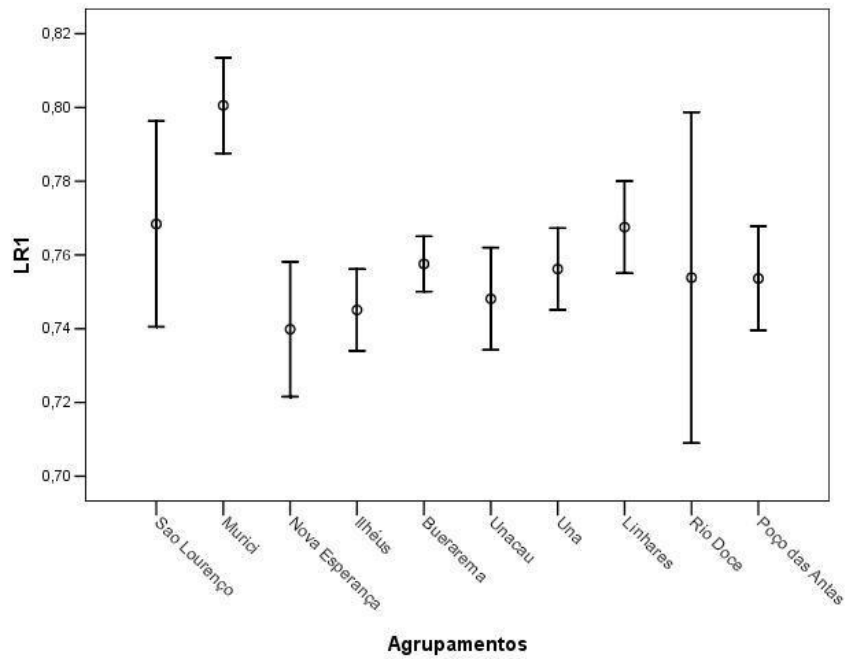


Figura 20: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LR1 - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

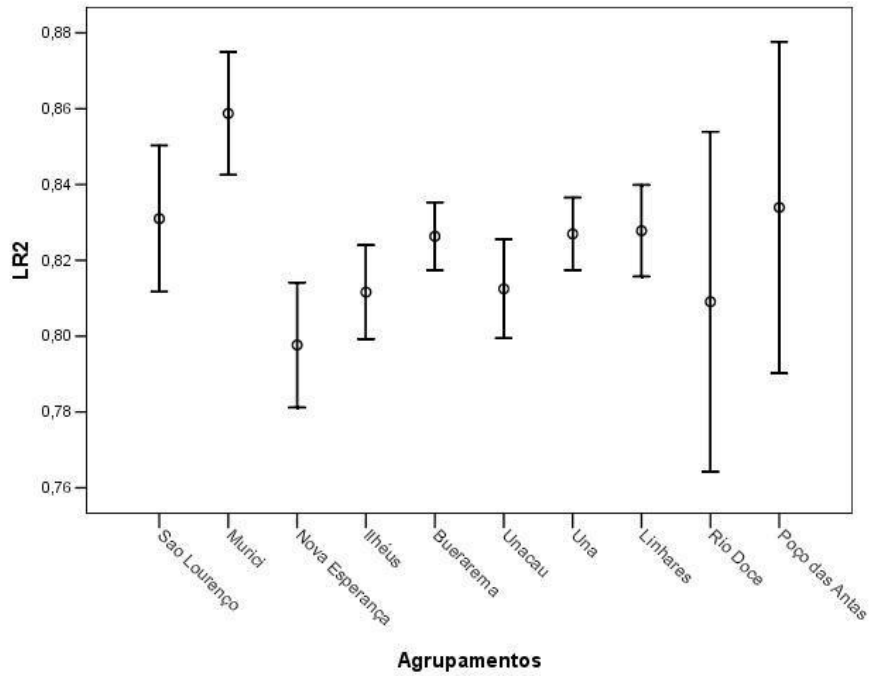


Figura 21: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LR2 - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

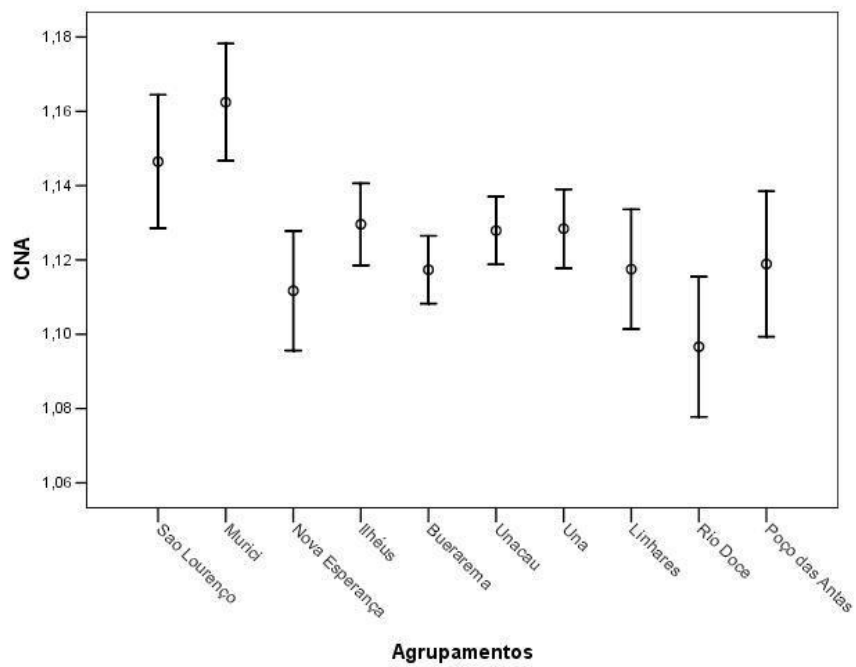


Figura 22: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CNA - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

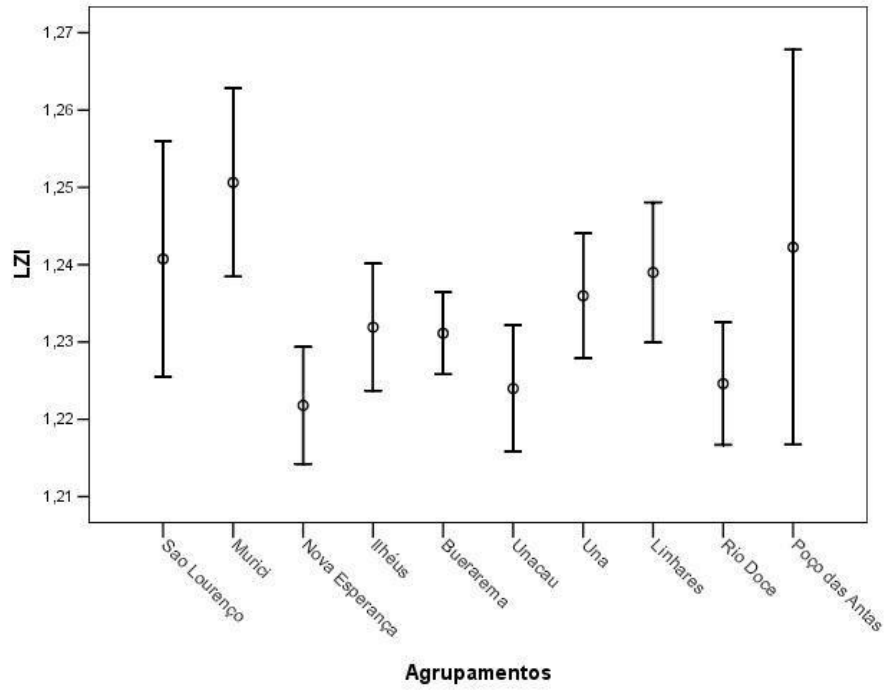


Figura 23: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana LZI - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

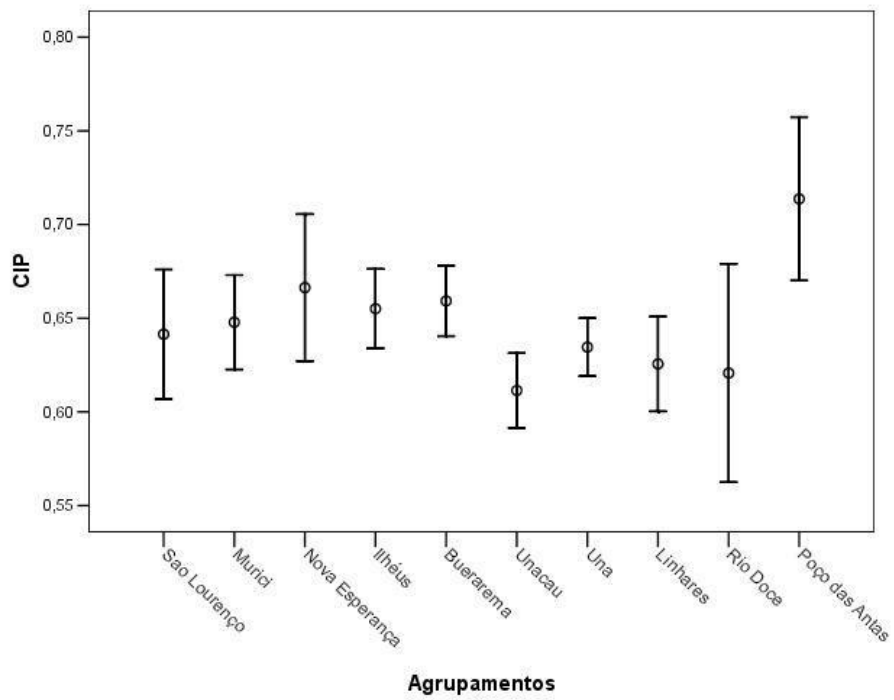


Figura 24: Diagrama de Dice-Leeras para a medida craniana CIP - O círculo representa a média, e as barras representam 95% do intervalo de confiança.

Tendo em vista os diagramas mostrados acima, é possível observar que as populações de *Hylaeamys*, ao longo da Floresta Atlântica, apresentam diferenças significativas na morfologia craniana, sobretudo as populações que ficam mais ao norte do bioma, aqui representadas por São Lourenço e Murici, cujos indivíduos apresentam um crânio com médias maiores em grande parte das variáveis cranianas, inclusive a LZI e a CFO, que estão relacionadas ao desenvolvimento da musculatura zigomassetérica, o que nos permite pressupor que essa musculatura se encontra provavelmente mais desenvolvida nesses indivíduos, sendo, pois, possível associar esse resultado ao encontrado para a largura do primeiro molar (LM1) que, nessas populações, apresenta uma menor média. Modificações nos músculos mandibulares estão intimamente relacionadas a vantagens adaptativas, uma vez que são responsáveis por diversas funções, como a mastigação, os comportamentos agonísticos, a vocalização e a respiração (HERRING e HERRING, 1974; ALLEN, 1880).

Para algumas variáveis, no entanto, como, por exemplo, o comprimento da série molar (CSM), que não apresentou uma resposta direta ao gradiente norte-sul, esse resultado já era esperado, já que ela tende a ser uma característica bastante conservada, principalmente em nível específico (VOSS, 1988).

Análise multivariada

Utilizando as mesmas 21 variáveis cranianas oriundas dos mesmos indivíduos e agrupamentos dos testes univariados, realizados anteriormente, procedemos às análises multivariadas, que serão apresentadas neste tópico.

Em primeiro lugar, procedemos a uma análise canônica discriminante, empregando as dez amostras geográficas. A primeira função canônica foi responsável por um pouco mais de 50% da diferença entre os grupos, no entanto, em conjunto com a segunda e a terceira função canônica, totaliza mais de 78% da diferença entre esses. As variáveis que apresentaram maior poder discriminatório para a primeira função foram: CCI (comprimento côndilo-incisivo), CFO (comprimento da fossa orbital) e CDI (comprimento do diastema). Para a segunda função canônica, as variáveis mais discriminatórias foram: LPZ (largura da

placa zigomática), LPA (largura do palato) e CCI. Já na terceira função, as variáveis LFI (largura do forâmen incisivo), CIP (comprimento do interparietal) e CFO foram as mais discriminatórias.

A primeira e a segunda funções canônicas estão representadas em um gráfico de dispersão na Figura 25. Observa-se uma tendência de separação no eixo das abscissas, dos agrupamentos São Lourenço e Murici. Apesar de observarmos uma sobreposição entre alguns espécimes do agrupamento São Lourenço e os demais espécimes de amostras mais ao sul (em especial, com as amostras Ilhéus, Buerarema e Rio Doce), essa sobreposição é parcial, pois não engloba todos os pontos desse agrupamento; a maioria dos espécimes de São Lourenço encontra-se sobreposta aos de Murici, que, por sua vez, encontra-se nitidamente diferenciada das demais amostras.

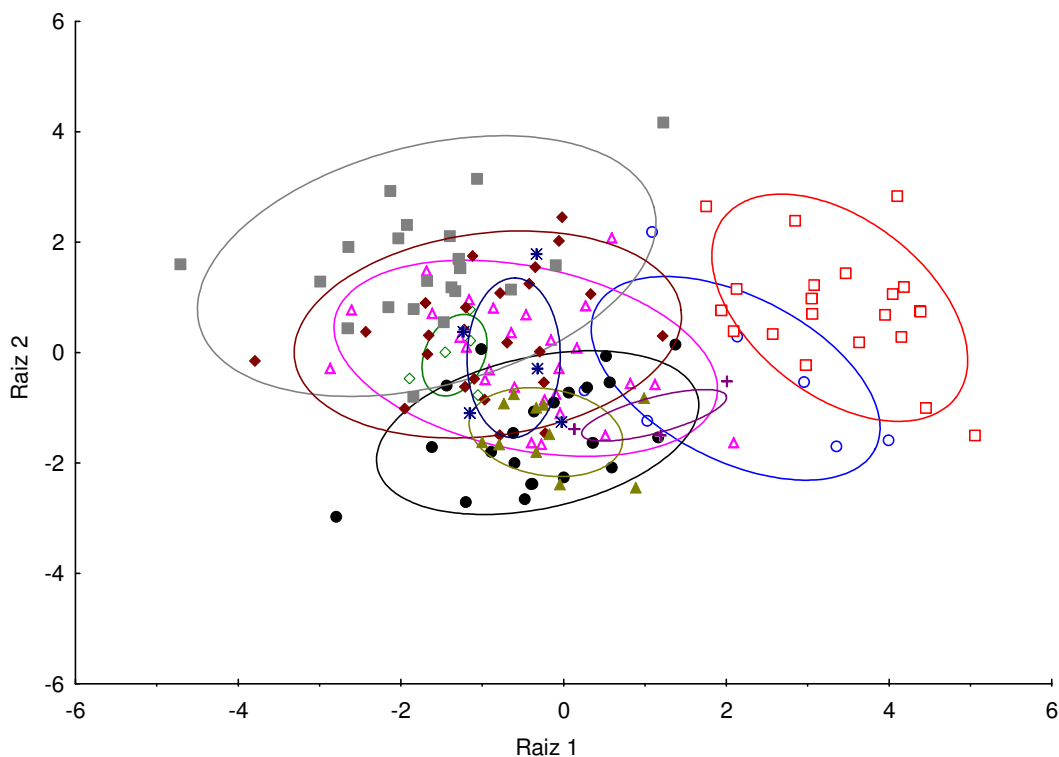


Figura 25: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e da segunda função canônica, resultante de uma análise canônica discriminante, em que se empregam 21 variáveis cranianas transformadas em logaritmos na base 10 para os agrupamentos São Lourenço (○), Murici (□), Nova Esperança (◇), Ilhéus (△), Buerarema (●), Unacau (■), Una (★), Linhares (▲), Rio Doce (+) e Poço das Antas (#).

Os escores da primeira e da terceira funções canônicas estão representados no gráfico da Figura 26, que muito se assemelha ao que foi encontrado na figura 25, pois os agrupamentos São Lourenço e Murici mostram uma tendência à separação no eixo das abscissas, sendo que São Lourenço tem alguns pontos sobrepostos aos demais agrupamentos. A segunda e a terceira função canônica apresentam um baixo poder discriminatório para as amostras estudadas, que evidenciam uma pequena separação entre as amostras de São Lourenço e Murici (especialmente na terceira função) e entre Linhares, Rio Doce e Poço das Antas.

Como pudemos observar nas figuras 25 e 26, os dados multivariados se assemelham ao que foi encontrado nas análises dos dados univariados. Os agrupamentos que ficam ao norte do rio São Francisco, aqui representados pelas amostras de São Lourenço e Murici, apresentam uma diferenciação nítida, se comparados com os demais agrupamentos.

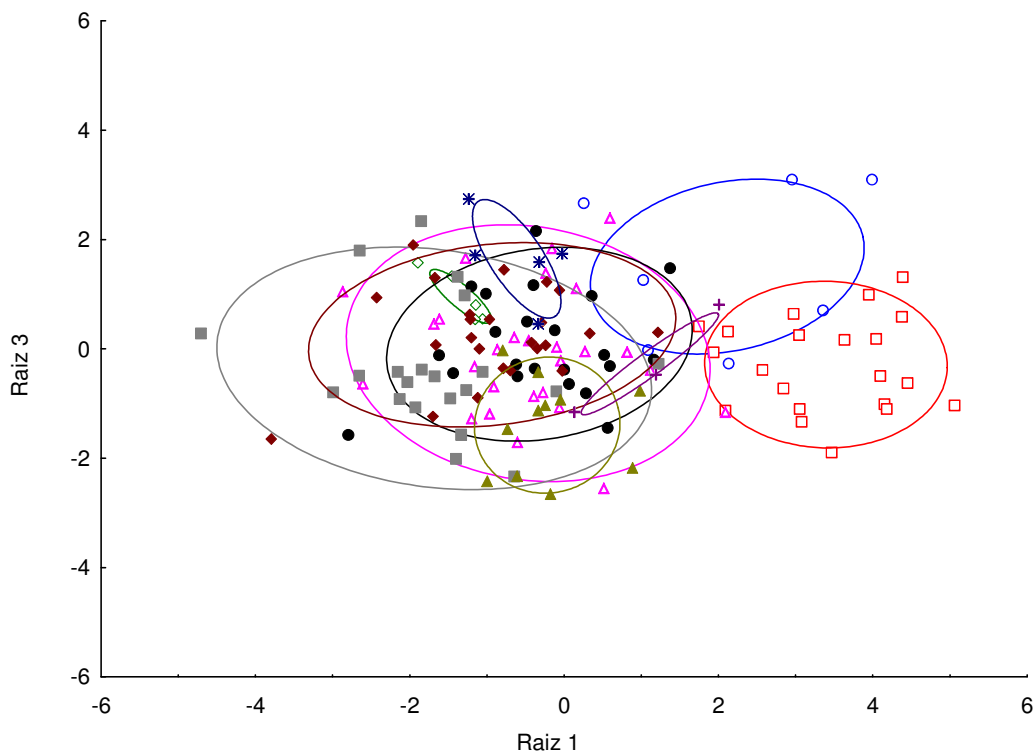


Figura 26: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e terceira função canônica, resultante de uma análise canônica discriminante, em que se empregam 21 variáveis cranianas transformadas em logaritmos na base 10 para os agrupamentos São Lourenço (○), Murici (□), Nova Esperança (◇), Ilhéus (△), Buerarema (●), Unacau (■), Una (◆), Linhares (▲), Rio Doce (+) e Poço das Antas (*).

Como foram observados fortes indícios de uma diferenciação entre as localidades ao norte e ao sul do rio São Francisco, fizemos alguns testes estatísticos entre os agrupamentos desses dois grandes grupos (norte e sul do rio São Francisco), a fim de visualizar as semelhanças ou diferenças dentro deles. Fizemos uma nova ACD empregando as mesmas 21 variáveis cranianas, apenas com os agrupamentos Nova Esperança, Ilhéus, Buerarema, Unacau, Una, Linhares, Rio Doce e Poço das Antas, posto que todas se encontram ao sul do rio São Francisco.

Através da figura 27, observa-se que os agrupamentos não apresentam nenhuma tendência nítida à separação entre eles. No entanto, constata-se que os agrupamentos Unacau e Linhares não têm sobreposição dos pontos, apesar de ambos compartilharem pontos com todos os demais agrupamentos. As variáveis LPZ, CIP e LPA foram as que se mostraram mais discriminatórias para a primeira função canônica, que representa, para essa análise, 48% das diferenças aqui visualizadas. Já as variáveis CDI, LIP e CNA se mostraram mais discriminatórias para a segunda função que, em conjunto com a primeira, representa 67% da variação encontrada.

Realizamos um teste *t-student* multivariado (test *t-hotelling*) entre os agrupamentos São Lourenço e Murici, pois se localizam ao norte do rio São Francisco, o qual mostrou que essas duas populações se diferenciam em apenas três das 21 variáveis cranianas ($F=2,785$; $p<0,10353$), quais sejam: LFI ($p= 0,005$), CFO ($p= 0,010$) e CSM ($p= 0,019$). No entanto devemos levar em consideração a diferença entre os tamanhos amostrais, porque Murici possui $n = 21$, e São Lourenço, $n = 7$. Até que novas amostras sejam obtidas, consideramos essas populações semelhantes.

Com base no panorama apresentado pelos testes estatísticos supracitados, podemos observar dois padrões morfológicos distintos nas populações de *Hylaeamys* ao longo da Floresta Atlântica: um, ao norte, associado aos estados de Pernambuco e Alagoas (e Paraíba, cujo único exemplar disponível exibe um tamanho semelhante às demais amostras analisadas); e outro, ao sul do rio São Francisco, cujas amostras estão distribuídas no sul da Bahia, de Espírito Santo, Minas Gerais e do Rio de Janeiro.

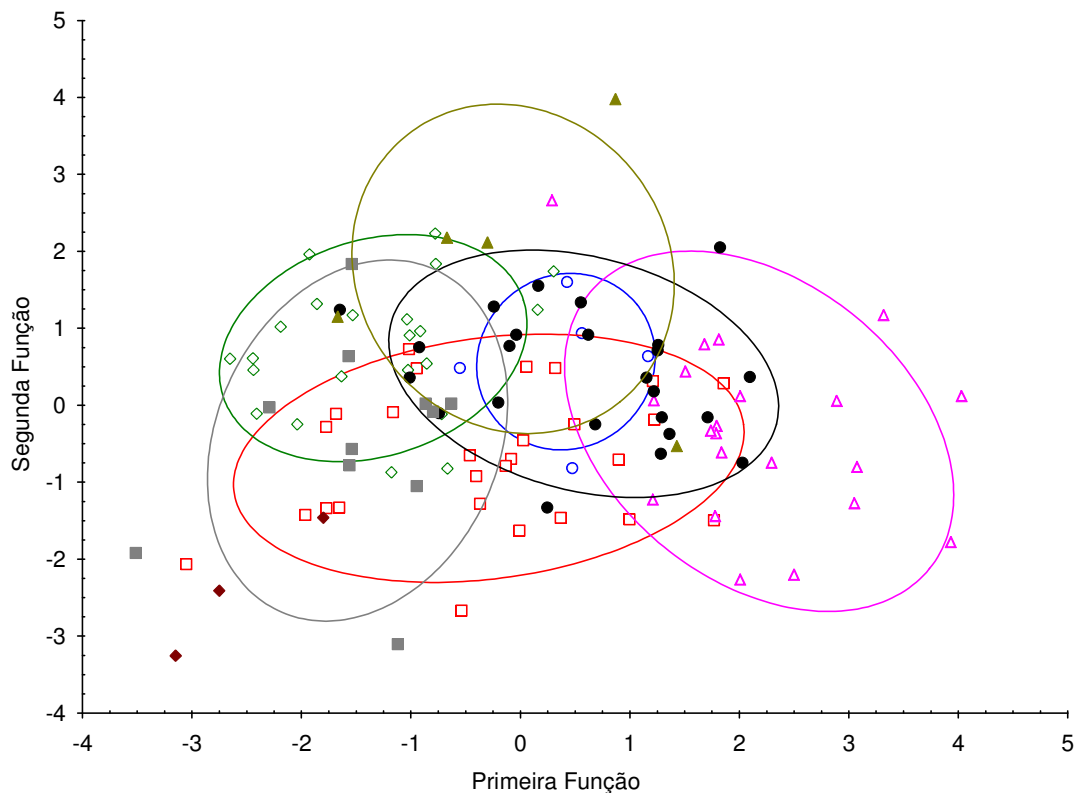


Figura 27: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e da segunda função canônica, resultante de uma análise canônica discriminante, empregando-se 21 variáveis cranianas transformadas em logaritmos na base 10 para os agrupamentos: Nova Esperança (○), Ilhéus (□), Buerarema (◇), Unacau (△), Una (●), Linhares (■), Rio Doce (◆) e Poço das Antas (▲).

Um gráfico de proporções cranianas, ilustrado na figura 28, foi realizado, utilizando-se as 21 variáveis cranianas e os indivíduos do norte e do sul do rio São Francisco. Através desse gráfico, podemos melhor visualizar as diferenças cranianas dos indivíduos dessas duas regiões. Eles se diferenciam, principalmente, pelas dimensões da região anterior do crânio, aqui evidenciadas nas medidas CDI, CFI, LFI, LR1, LR2 e CNA. Os indivíduos que ficam ao norte do rio São Francisco têm médias maiores do que os do sul para a maioria das variáveis, exceto as medidas LM1, LIP e LPZ, em que observamos o contrário.

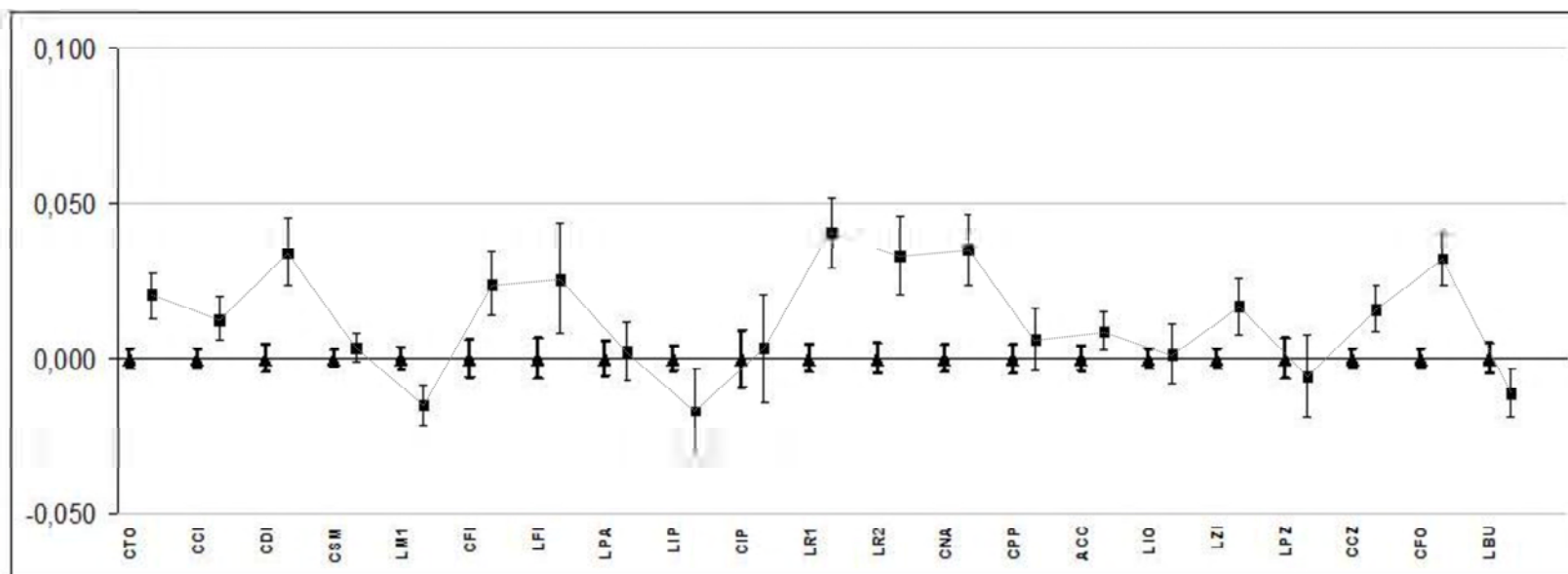


Figura 28: Gráfico de proporções cranianas obtido com as 21 variáveis cranianas entre as populações ao norte (quadrado) e ao sul (triângulos) do rio São Francisco. Os quadrados e triângulos são as médias das medidas, e as barras são os intervalos de confiança.

Realizamos, então, uma análise de componente principal (PCA), em que foram empregadas as 21 variáveis cranianas em uma matriz de covariância, entre esses dois padrões encontrados, a fim de observar se há diferenças significativas nessas populações, sem escolhas de grupos *a priori* e ilustramos (Figura 29) os dois primeiros componentes que totalizam pouco mais de 60% da variação encontrada entre os grupos. As variáveis de maior significância para o primeiro componente são: o comprimento total (CTO), o comprimento da fossa orbital (CFO) e o comprimento côndilo-zigomático (CCZ); já para a segunda função, as variáveis largura do forâmen incisivo (LFI), largura do palato (LPA) e largura do primeiro molar superior (LM1) são as mais significativas.

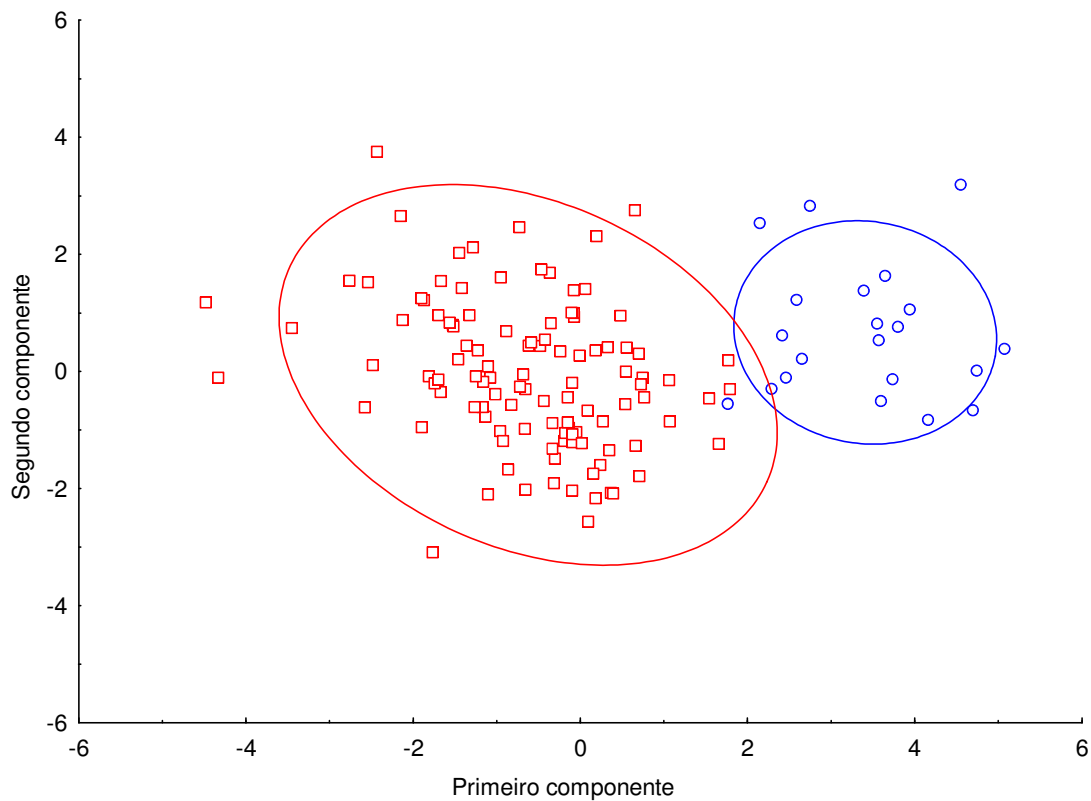


Figura 29: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais obtidos através da análise de componente principal, por meio de uma matriz de covariância obtida com dados logaritmizados de 21 variáveis cranianas pertencentes a populações do gênero *Hylaeamys* ao norte (◻) e ao sul (◻) do rio São Francisco.

Através dos testes estatísticos uni e multivariados, utilizando 21 variáveis cranianas em conjunto com dados qualitativos observados nas peles e nos crânios dos exemplares aqui estudados, pudemos supor que as populações dos agrupamentos São Lourenço e Murici pertencem a uma entidade distinta das populações de Nova Esperança, Ilhéus, Buerarema, Unacau, Una, Linhares, Rio Doce e Poço das Antas. O limite que separa essas duas entidades não é claro: é possível que o Rio São Francisco represente a barreira para essas populações, assim como para outros táxons que ocorrem na Floresta Atlântica, como o gênero de roedor *Cerradomys* (PERCEQUILLO et al., 2008) e o gênero de lagarto *Gymnophthalmus* (PELLEGRINO et al., 2007). Existe um amplo hiato amostral entre as amostras atualmente disponíveis, que compreende os estados de Sergipe (ao norte do rio São Francisco) e toda a porção setentrional do estado da Bahia, que envolve toda a região do recôncavo baiano. É possível que a barreira entre essas populações esteja nessa área, uma vez que a região do recôncavo baiano é uma área mais seca, onde há uma descontinuidade da Floresta Atlântica. As evidências atuais sugerem que os espécimes de *Hylaeamys* da Floresta Atlântica exibem uma estreita relação com áreas florestadas, sejam elas bem preservadas ou mesmo alteradas (PARDINI, 2004; obs. pessoal).

O panorama aqui apresentado corrobora com o que foi proposto por Weksler *et al.* (1999) e Percequillo (1998), com base em dados morfométricos (análises univariadas e multivariadas) e citogenéticos. Junto com eles, Zanchin (1988) descreveu o cariótipo de exemplares da Fazenda Unacau, na Bahia, com $2n = 48$; Maia (1990) descreveu o cariótipo de espécimes de São Lourenço, em Pernambuco, com $2n=52$; e Percequillo (1998) considerou *Hylaeamys oniscus* como um táxon válido e distinto da espécie de *Hylaeamys* da Mata Atlântica do sul da Bahia.

Por outro lado, Musser *et al.* (1998) agruparam as espécies de *Oryzomys* do grupo *megacephalus* da Mata Atlântica (atual gênero *Hylaeamys*) sob a denominação de “*Oryzomys*” *laticeps*. Os autores incluíram em suas análises indivíduos de Pernambuco, da Bahia, do Espírito Santo e de Minas Gerais, mais especificamente, Lagoa Santa, localidade tipo de *laticeps*. Eles consideraram o cariótipo apresentado por Maia (1990) como sendo o válido para a espécie e sinonimizaram *oniscus* a *laticeps*. Entretanto, o cariótipo proposto

por Weksler *et al.* (1999) para as populações de *Hylaeamys* foi obtido apenas em espécimes da Bahia, do Espírito Santo e do Rio de Janeiro, sem incluir a localidade tipo de *laticeps*, Lagoa Santa. Logo, não podemos relacionar nenhum dos cariótipos descritos (MAIA, 1990; WEKSLER *et al.*, 1999) à espécie *H. laticeps*, como foi proposto por Musser *et al.* (1998).

O conceito de *H. laticeps* de Musser *et al.* (1998), então, incluía todas as populações do gênero da Floresta Atlântica. É importante ressaltar que os dados utilizados por Musser e colaboradores (1998) como sendo referentes à série tipo de *Mus laticeps* não foram obtidos por eles. Eles utilizaram sete medidas cranianas e uma medida dentária oriundas de quatro indivíduos, um dos quais é o lectótipo de *laticeps*, as quais foram disponibilizadas por A.L. Gardner em 1978. Esses espécimes se encontram depositados no Museu de Zoologia de Copenhagen (MUSSER *et al.*, 1998).

Weksler e colaboradores (1999) observaram uma diferença significativa entre populações de *Hylaeamys* de Pernambuco e da Bahia, do Espírito Santo e do Rio de Janeiro, através de uma PCA, em cinco variáveis cranianas, que são: comprimento côndilo-incisivo, largura do rosto, largura do arco zigomático e do forâmen incisivo. Os autores também estabeleceram o cariótipo $2n=48$ e $NF=60$ para essas mesmas amostras. Esse resultado distinguia claramente esses espécimes daqueles que exibiam o cariótipo encontrado por Maia (1990) para a espécie *Hylaeamys oniscus* (*Oryzomys capito oniscus*; $2n=52$ e $NF=60$), coletada em São Lourenço da Mata, no estado de Pernambuco, localidade tipo dessa espécie. Weksler e colaboradores (1999) concluíram, então, que as populações residentes ao norte e ao sul do São Francisco eram espécies distintas e nomearam a espécie do sul do São Francisco de "*Oryzomys*" *seuanezi*. E apesar de Weksler *et al.* (2006), ao definir o gênero *Hylaeamys*, terem sinonimizado *seuanezi* à *laticeps*, eles não deixam claro como chegaram a tais conclusões.

Com o propósito de tentar clarear essa situação nomenclatural, no presente estudo, foram estudados e incluídos os holótipos de *Oryzomys oniscus* THOMAS, 1904 e *Oryzomys seuanezi* WEKSLER, GEISE E CERQUEIRA, 1999. O exemplar tipo de *Mus laticeps* Lund (1841) não foi ainda examinado, o que dificulta o estabelecimento de comparações mais detalhadas entre esses espécimes e, por conseguinte, uma atribuição nomenclatural mais correta. Todavia, como o lectótipo desse último táxon nominal foi

descrito por Musser et al (1998) e como esses autores forneceram algumas medidas cranianas da série original de Lagoa Santa, fizemos algumas análises comparativas.

A título de proceder a uma análise exploratória, empregamos sete medidas cranianas, a saber: comprimento total (CTO), largura zigomática (LZI), largura inter-orbital (LIO), largura do rosto (nesse caso, equivale à LR1), largura da placa zigomática (LPZ) e largura do palato (LPA) e uma medida dentária (comprimento da série molar (CSM) de quatro espécimes de *Mus laticeps*, sendo um deles o lectótipo da espécie (UZM 266), todos coletados em Lagoa Santa (medidas disponibilizadas em Musser e colaboradores, 1998:43) e comparamos com os dados coletados neste estudo, através de uma análise de componentes principais (PCA), em que foi utilizada uma matriz de covariância, uma vez que, nesse teste, não há escolha de grupos *a priori* (HAIR *et al.* 2008). O resultado obtido está ilustrado na figura 30, onde pudemos observar que há uma nítida diferença entre os espécimes da série tipo de *Mus laticeps*, se comparados com os espécimes do gênero *Hylaeamys* da Floresta Atlântica e com o material tipo de *H. oniscus* e *H. seuanezi*. As variáveis LPA, LPZ e LR1 foram as que se apresentaram com maior poder discriminatório para o primeiro componente, e as variáveis LR1, LZI e CTO expressaram maior poder discriminatório para o segundo componente.

Tendo em vista as diferenças apresentadas pelo teste descrito acima, fizemos uma análise canônica discriminante (ACD), utilizando as mesmas variáveis cranianas da análise de PCA com os mesmos espécimes de *laticeps*, *oniscus* e *seuanezi*, e acrescentamos dados de variáveis cranianas de *megacephalus*. O resultado dessa análise apresenta-se em forma de gráfico (figura 31), onde podemos observar que os espécimes de *laticeps* estão próximos tanto de *megacephalus* quanto de *oniscus*, no entanto encontra-se bem distinto de *seuanezi*. As variáveis LPZ, CTO e LZI se mostraram com maior poder discriminatório para a primeira função canônica; já LPA, LR1 e LZI se mostraram mais discriminatórias para a segunda função canônica.

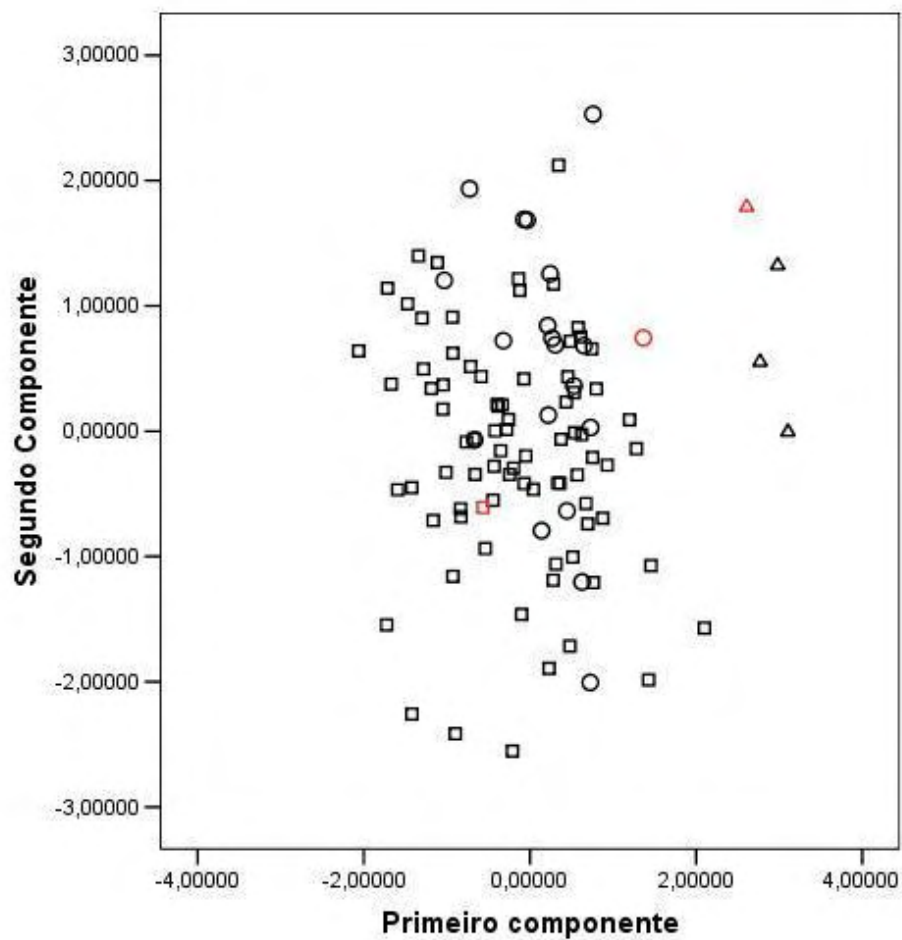


Figura 30: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais obtidos através de uma Análise de Componente Principal, em que se utilizou uma matriz de covariância obtida com dados logaritmizados de sete variáveis cranianas pertencentes aos espécimes do norte do São Francisco e ao holótipo de *H. oniscus* (○), aos espécimes do sul do Rio São Francisco e ao holótipo de *H. seuanezi* (□) e à série tipo de *H. laticeps* (△); os espécimes tipo de cada táxon nominal estão representados em vermelho.

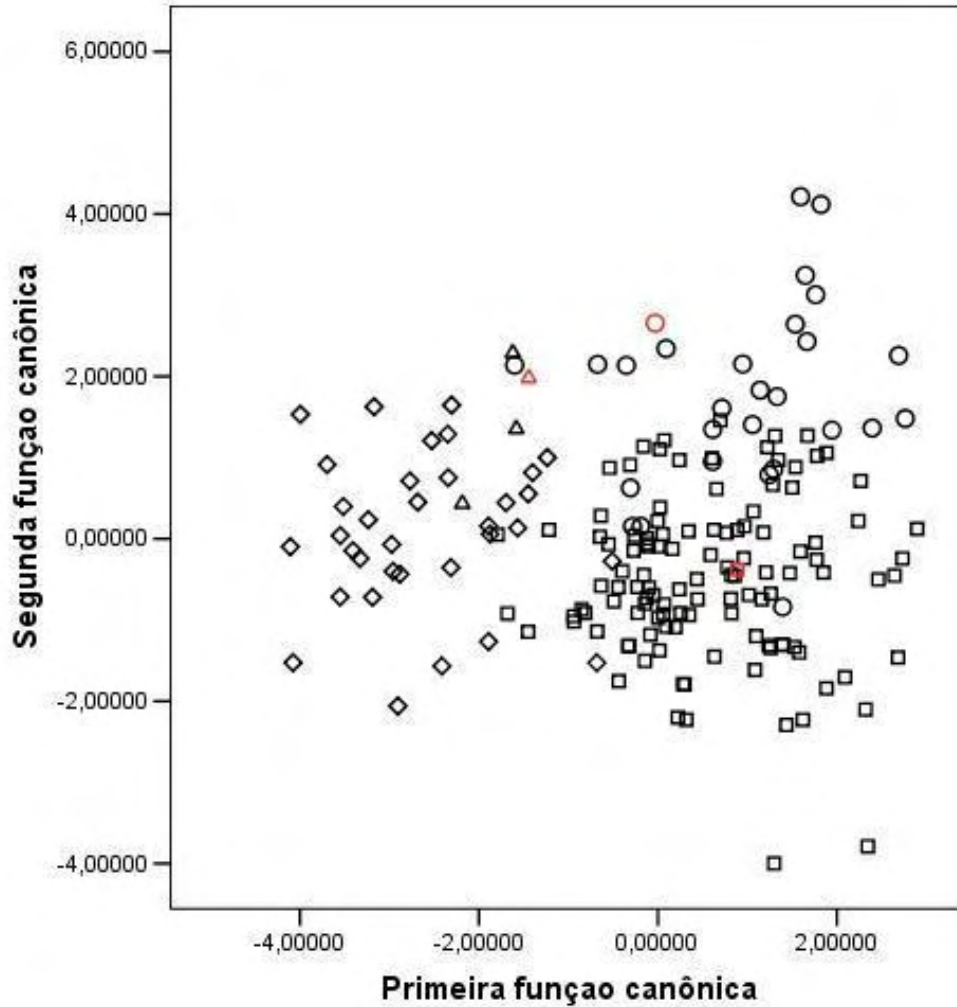


Figura 31: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais da primeira e da segunda função canônica obtida com dados logaritmizados de sete variáveis crânicas pertencentes aos espécimes do norte do São Francisco e ao holótipo de *H. oniscus* (○), aos espécimes do sul do Rio São Francisco e ao holótipo de *H. seuanezi* (◻) e à série tipo de *H. laticeps* (△) e aos espécimes de *H. megacephalus* (◊); os espécimes-tipos de *oniscus*, *seuanezi* e *laticeps* estão representados em vermelho.

Os resultados encontrados tanto na PCA quanto na ACD devem ser vistos com cautela, porquanto não tivemos acesso aos exemplares de *laticeps*, e as variáveis aqui utilizadas foram muito limitadas. Ficamos, então, sem a possibilidade de tecer afirmações

concretas acerca desses espécimes de Lagoa Santa. No entanto, ressaltamos que A. R. Percequillo observou, no British Museum of Natural History, um espécime (BMNH 88.1.28.2) coletado por Reinhardt, em Lagoa Santa, e o identificou como sendo *H. megacephalus* (com. pessoal). Entretanto, para um real posicionamento dos espécimes de *laticeps* de Lagoa Santa, é imprescindível visualizar esse material, principalmente do lectótipo, assim como obter um número maior de dados morfométricos e descrever os aspectos morfológicos externos como, por exemplo, coloração da pelagem.

Para uma comparação mais abrangente da variação das amostras de *Hylaeamys* da Floresta Atlântica, em relação a outros táxons congêneros, fizemos uma ACD, utilizando as 21 variáveis cranianas das amostras ao norte e ao sul do rio São Francisco, em conjunto com dados oriundos de *H. megacephalus*, uma espécie que ocorre no Cerrado e na Amazônia Oriental (PERCEQUILLO, 1998; JORGE-RODRIGUES, 2008). As variáveis CTO (comprimento total do crânio), CNA (comprimento do osso nasal) e CFO (comprimento do forame orbital) mostraram maior poder discriminatório para a primeira função canônica. A variável CCI (comprimento côndilo incisivo), acrescida das variáveis CTO e CFO, mostrou ter poder discriminatório para a segunda função. Podemos observar, na figura 31, que a primeira função, responsável por mais de 60% da diferença encontrada para os três grupos, separa nitidamente a espécie do Cerrado (*Hylaeamys megacephalus*) das espécies da Mata Atlântica. Já a segunda função mostra uma diferença significativa entre as duas populações da Mata Atlântica: *Hylaeamys oniscus* e *Hylaeamys seuanezi*, apesar de haver uma leve sobreposição das elipses.

Por conseguinte, aos espécimes das populações ao norte do rio São Francisco, aqui representadas por São Lourenço e Murici (e ao espécime de Sapé, Paraíba), atribuímos o nome *Hylaeamys oniscus* Thomas, 1904; e aos espécimes das populações que vivem ao sul do rio São Francisco, aqui representadas pelas localidades Nova Esperança, Ilhéus, Buerarema, Unacau, Una, Linhares, Rio Doce e Poço das Antas, atribuímos o nome *Hylaeamys laticeps* Lund, 1840.

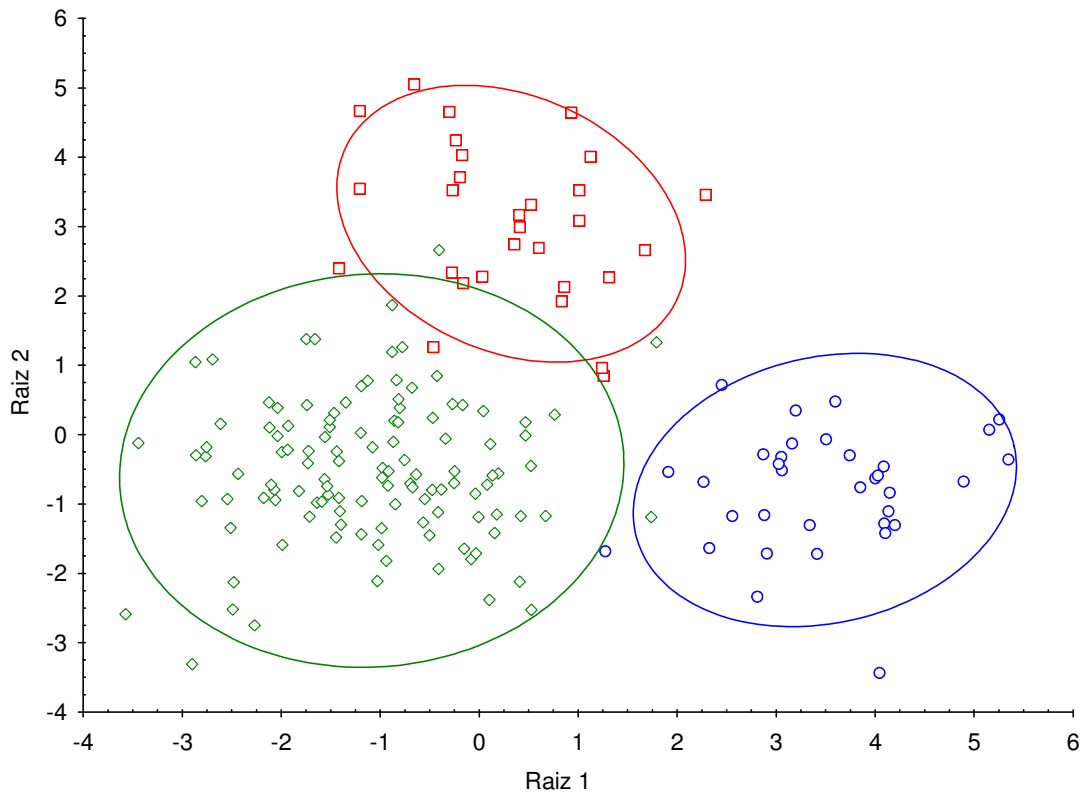


Figura 32: Representação gráfica da dispersão dos escores individuais obtidos através de uma Análise de Componente Principal, utilizando-se uma matriz de covariância obtida com dados logaritizados de 21 variáveis cranianas pertencentes a três espécies de *Hylaeamys*: *H. megacephalus* (◻), *H. oniscus* (◻), *H. seuanezi* (◊).

ESPÉCIES DO GÊNERO *HYLAEAMYS* DA MATA ATLÂNTICA

Hylaeamys oniscus (Thomas, 1904)

Oryzomys oniscus Thomas, 1904:142; localidade tipo “São Lourenço [= São Lourenço da Mata],” Pernambuco, Brasil;

[*Oryzomys* (*Oryzomys*)] *oniscus*: Tate, 1932: 18;

Oryzomys laticeps: Hershkovitz, 1960:544, nota de rodapé; parte; não *Mus laticeps* Lund, 1840 (= *Hylaeamys laticeps* [Lund, 1840]);

Oryzomys [(*Oryzomys*)] *capito oniscus*: Cabrera, 1961:387; parte;

Oryzomys capito: Hershkovitz, 1966:137, nota de rodapé; parte; não *Mus capito* Olfers, 1818 (= *Hylaeamys megacephalus* [Fischer, 1814]).

[*Hylaeamys*] *oniscus*: Weksler, Percequillo, and Voss, 2006:14; primeiro uso dessa combinação.

Localidade tipo:

São Lourenço da Mata, no estado de Pernambuco (localidade 2, figura 2).

Coloração da Pelagem

Os adultos têm uma coloração castanho-escuro, intensamente salpicada de castanho-claro desde a cabeça até a base da cauda. Em muitos indivíduos, a região dos flancos vai ficando levemente mais clara, pois apresenta uma maior quantidade de pelos castanho-claros. Em alguns indivíduos, pode-se observar uma maior concentração de pelos castanho-escuros na região mediana do dorso, mas não chega a formar uma linha marcada ou bem definida; as orelhas são cobertas de pelos curtos de coloração castanho-escuro como o dorso; o ventre é marcadamente esbranquiçado, com pelos de base acinzentada e ápice branco, que varia de branco puro a um branco amarelado; pés e mãos brancos, com tufos ungueais do mesmo tamanho ou ligeiramente maior que as garras; a cauda é bicolor, a região dorsal escura, e a ventral esbranquiçada, desde a base até a metade ou até a ponta da cauda.

Nos jovens, os pelos são finos e macios, de coloração castanho-acinzentada, podendo ser levemente salpicada de castanho-claro nos flancos, mas mantém uma coloração de tom escuro desde o focinho até a base da cauda; o ventre é marcadamente esbranquiçado, como o adulto, com pelos de base cinza e ápice branco; pés e mãos com pelos brancos e tufos ungueais do mesmo tamanho das garras; a cauda é bicolor, como nos adultos.

Machos e fêmeas não apresentam diferenciação no padrão de coloração da pelagem.

Variação geográfica da pelagem

Os indivíduos das diferentes localidades observadas apresentam apenas variações individuais, já expostas acima.

Morfologia craniana

Os indivíduos dessa espécie apresentam um crânio maior e mais robusto do que *H. seuanezi* e *H. megacephalus*, com comprimento total entre 32,43mm e 39,70mm (36,38mm \pm 1,70; n= 28). Eles têm o rostró mais largo (7,13mm \pm 0,58; n= 28) e um osso nasal mais comprido (14,44mm \pm 1,04; n= 28) que *H. seuanezi*. Essa espécie apresenta o padrão tipo 2 de circulação estapedial (VOSS, 1988), característica diagnóstica para o gênero (WEKSLER *et al.*, 2006).

O forame incisivo é em forma de gota alongada e não alcança o alvéolo do primeiro molar superior; as séries molares são paralelas entre si, e o segundo molar superior tem uma fosseta labial (que pode não estar totalmente fechada em indivíduos jovens) e o paraflexo alongado; o primeiro molar é mais estreito nessa espécie (1,45mm \pm 0,06; n= 28) do que em *H. seuanezi*; a bula é pequena e pouco inflada (4,88mm \pm 0,23; n= 28). Os indivíduos mais velhos (classe etária 4) apresentam a crista lambdoide desenvolvida.

Cariótipo

Em 1990, Maia encontrou, em São Lourenço da Mata, no estado de Pernambuco, localidade tipo de *Oryzomys capito oniscus*, o cariótipo com número diploide (2n) de 52 cromossomos e número fundamental (NF) de 62 braços autossômicos.

Andrades-Miranda e colaboradores (2000), ao descrever os cariótipos de várias espécies do antigo gênero *Oryzomys*, mencionaram dois cariótipos para as espécies do atual gênero *Hylaeamys* da Mata Atlântica: 2n=52, NF= 62 e 2n= 48, NF=60. O primeiro cariótipo foi obtido em espécimes coletados em Sapé, no estado da Paraíba (localidade 1, tabela 1), e em Valença, no estado da Bahia. Já o segundo cariótipo foi encontrado em espécimes da Reserva Ecológica Pau-brasil (localidade 29, tabela 1) e na Fazenda Unacau (localidade 18, tabela 1), ambas no estado da Bahia. Foram incluídas no presente estudo espécimes de Sapé, da Reserva Ecológica Pau-brasil e da Fazenda Unacau. De acordo com os padrões morfológicos aqui apresentados, o indivíduo de Sapé corresponde à *H. oniscus*, e os de ambas as localidades da Bahia correspondem à *H. laticeps*.

Distribuição

Segundo os parâmetros morfológicos que utilizamos, todos os indivíduos da Bahia correspondem à espécie *H. laticeps*, razão pela qual foi necessário um exame detalhado da morfologia externa e craniana do indivíduo de Valença para que se possa ter um posicionamento mais preciso quanto à distribuição de *H. oniscus*.

Nesta pesquisa, as amostras dos estados da Paraíba, de Pernambuco e de Alagoas representam a espécie.

Material examinado

Foram examinados 55 exemplares: **PARAÍBA: Sapé:** Fazenda Pacatuba, 10 km. NE de Sapé: **M**, UFPB 1931 pele e crânio. **PERNAMBUCO: Rio Formoso:** Saltinho, Rio Formoso: **M**, UFPB 1989 pele e crânio, UFPB 1990 pele e crânio, UFPB 1996 pele e crânio; **F**, UFPB 446 pele e crânio, UFPB 811 pele e crânio; **I**, UFPB 1991 pele e crânio. **São Lourenço da Mata:** São Lourenço da Mata: **M**, BMNH 310142 pele e crânio, BMNH 310143 pele e crânio, BMNH 310144 pele e crânio, BMNH 310146 pele e crânio; **F**, BMNH 310153 pele e crânio. **ALAGOAS: Ibateguara:** Mata de Coimbra, Usina Serra Grande, Ibateguara: **M**, UFPE 1645 pele e crânio, UFPE 1649 pele e crânio; **F**, UFPE 1646 pele e crânio, UFPE 1647 pele e crânio. **Matriz de Camaragibe:** Fazenda Santa Justina, 6 Km. SSE de Matriz de Camaragibe: **F**, UFPB 978 pele e crânio. **Murici:** Estação Ecológica de Murici, Murici: **M**, UFPB BC67 pele e crânio, UFPB BC124 pele e crânio, UFPB BC133 pele e crânio, UFPB BC135 pele e crânio, UFPB BC180 pele e crânio, UFPB BC209 pele e crânio, UFPB BC89 pele e crânio, UFPB BC130 pele e crânio, UFPB BC132 pele e crânio, UFPB BC142 pele e crânio, UFPB BC190 pele e crânio, UFPB BC191 pele e crânio, UFPB BC192 pele e crânio, UFPB BC199 pele e crânio, UFPB PGB74 pele e crânio, UFPB PGB75 pele e crânio, UFPB PBG76 pele e crânio; **F**, UFPB AF16, UFPB AF17, UFPB BC68, UFPB BC72, UFPB BC74, UFPB BC96, UFPB BC125, UFPB BC140 pele e crânio, UFPB BC189 pele e crânio, UFPB BC196 pele e crânio, UFPB PGB82 pele e crânio; **I**, UFPB AF4 pele e crânio, UFPB BC89 pele e crânio, UFPB BC94 pele e crânio, UFPB BC95 pele e crânio, UFPB BC136 pele e crânio, UFPB BC144 pele e crânio, UFPB

BC195 pele e crânio, UFPB BC200 pele e crânio. **Rio Largo:** Mata do Cedro, Usina Utinga-Leão, Rio Largo: **M**, UFPE 1305 pele e crânio. **São Miguel dos Campos:** Fazenda do Prata, 13 km SSW de São Miguel dos Campos: **F**, MNRJ 30595 pele e crânio.

Hylaeamys laticeps (Lund, 1840)

Mus laticeps Lund, 1840 [preprint of 1841]:279; localidade tipo - “Lagoa Santa, Minas Gerais;” mais precisamente, “Vale do Rio das Velhas, Lagoa Santa, Estado de Minas Gerais, Brasil” (Musser et al. 1998).

Hesperomys laticeps: Burmeister, 1854:171; parte.

Hesperomys (Calomys) laticeps: Thomas, 1882:102; parte

Hesperomys (Oryzomys) laticeps: Thomas, 1884:452; parte

Calomys saltator Winge, 1888:48, prancha I, figuras. 16 e 17; prancha III, figura. 7; renomeado como *Mus laticeps* Lund, 1840.

O[ryzomys]. laticeps: Thomas, 1894:354; parte

[Oryzomys (Oryzomys)] laticeps laticeps: Tate, 1932:18; parte

[Oryzomys (Oryzomys)] saltator: Tate, 1932:18;

Oryzomys laticeps laticeps: Gyldenstolpe, 1932:17;

Oryzomys oniscus: Moojen, 1952:47; parte

Oryzomys laticeps: Hershkovitz, 1960:544, nota de rodapé; parte; não *Mus laticeps* Lund, 1840 (= *Hylaeamys laticeps* [Lund, 1840]).

Oryzomys [(Oryzomys)] capito laticeps: Cabrera, 1961:386; parte

Oryzomys [(Oryzomys)] capito oniscus: Cabrera, 1961:387; parte

Oryzomys capito: Hershkovitz, 1966:137, nota de rodapé; parte; não *Mus capito* Olfers, 1818 (= *Hylaeamys megacephalus* [Fischer, 1814]).

Oryzomys seuanezi Weksler, Geise, and Cerqueira, 1999:454; type locality “Fazenda União, Município de Casimiro de Abreu, estado do Rio de Janeiro (22°25'S, 42°02'W; 50 m.”

[Hylaeamys] laticeps: Weksler, Percequillo, and Voss, 2006:14; primeiro uso dessa combinação.

Localidade tipo

Fazenda União, município de Casimiro de Abreu, estado do Rio de Janeiro (localidade 36, figura 2)

Coloração da pelagem

Essa espécie tem muita semelhança com a *H.oniscus*. Tem uma coloração castanho-escuro, intensamente salpicada de castanho-claro, desde a cabeça até a base da cauda; a região dos flancos é mais clara, pois apresenta uma maior quantidade de pelos castanho-claros. Em alguns indivíduos, pode-se observar uma maior concentração de pelos castanho-escuros na região mediana do dorso, mas não chega a formar uma linha marcada ou bem definida; as orelhas são cobertas de pelos curtos, de coloração castanho-escuro como o dorso; o ventre é marcadamente esbranquiçado, com pelos de base acinzentada e ápice branco, que varia de branco puro a branco amarelado; pés e mãos brancos, com tufo ungueais do mesmo tamanho ou ligeiramente maior que as garras; a cauda é bicolor; a região dorsal escura, e a ventral esbranquiçada, desde a base até a metade ou até a ponta da cauda.

Variação geográfica da pelagem

Diferentemente de *H.oniscus*, essa espécie apresentou variações no padrão de coloração da pelagem em algumas localidades, que serão descritas a seguir.

Unacau (localidade 19 da figura 2): Os indivíduos se apresentaram com uma coloração dorsal escurecida, se comparados aos das outras localidades; os espécimes têm uma coloração dorsal castanho-escuro, que chega a castanho-acinzentado em alguns indivíduos, levemente salpicada de castanho claro, o que leva a um aspecto escurecido do espécime, desde a cabeça até a base da cauda; os flancos são da mesma cor que o dorso; o ventre é marcadamente esbranquiçado, com pelos de base acinzentada e ápice branco amarelado; os pés e as mãos são brancos, e a cauda é bicolor.

Minas Gerais (localidade 33, 34 e 35 da figura 2): Os indivíduos dessas localidades têm uma coloração castanho-escuro, intensamente salpicada de castanho-claro, o que lhes dá um aspecto dourado, principalmente na região dos flancos. Eles se assemelham à espécie *H.megacephalus*, mas são nitidamente maiores e mais robustos; o ventre é marcadamente esbranquiçado, com pelos de base acinzentada e ápice branco puro; a cauda é bicolor, e os pés e as mãos esbranquiçados, com tufo ungueais do mesmo tamanho das garras.

Morfologia craniana

Essa espécie é muito semelhante à espécie *H.oniscus*, no entanto seu crânio é menor, com um tamanho que varia de 31,63mm até 37,87mm ($34,70\text{mm} \pm 1,3$; n= 118) e menos robusto; o rosto é mais estreito ($6,61\text{mm} \pm 0,4$; n= 118), com um osso nasal mais curto ($13,31\text{mm} \pm 0,73$; n=118) que *H.oniscus*; a bula é pequena ($5,00\text{mm} \pm 0,3$) e pouco inflada; o foramen incisivo é em forma de gota alongada e não alcança o alvéolo do primeiro molar superior; as séries molares são paralelas entre si, e o segundo molar superior tem uma fosseta labial e o paraflexo alongado; o primeiro molar é ligeiramente mais largo nessa espécie ($1,50\text{mm} \pm 0,06$; n= 118) do que em *H.oniscus*.

Cariótipo

Zachin e colaboradores (1987) descreveram um cariótipo com número diploide (2n) igual a 48 cromossomos e número fundamental (NF) igual a 64 braços autossômicos, para indivíduos do sul da Bahia (Fazenda Unacau), e concluíram que deveria pertencer a uma nova espécie.

Weksler e colaboradores (1999) encontraram um cariótipo com $2n = 48$ e $NF = 60$ para uma nova espécie, que eles denominaram de *Oryzomys seuanezi*, em exemplares do Rio de Janeiro (Fazenda União), Minas Gerais (Rio Doce) e sul da Bahia (Brejo Grande). Essa diferença entre o número de braços autossômicos apresentados por esses dois trabalhos, poderia ser explicada, segundo Geise (1995), pela montagem do cariótipo e, de acordo com a autora, o número de braços autossômicos correto para essa espécie seria igual a 60.

Distribuição

Essa espécie ocorre na Floresta Atlântica, desde a Bahia até o Rio de Janeiro e parte de Minas Gerais.

Materiais examinados

Foram examinados 244 exemplares: BAHIA: **Arataca**: Fazenda Orion, Serra das Lontras, Arataca: **M**, UFMG 2109 pele e crânio; **F**, UFMG 2108 pele e crânio. **Buerarema**: Buerarema, Ribeirão da Fortuna: **M**, MNRJ 9010 pele e crânio, MNRJ 9193 pele e crânio, MNRJ 9259 pele e crânio, MNRJ 9264 pele e crânio, MNRJ 9309 pele e crânio, MNRJ 9333 pele e crânio, MNRJ 9513 pele e crânio, MNRJ 9529 pele e crânio, MNRJ 9569 pele e crânio, MNRJ 9577 pele e crânio, MNRJ 9585 pele e crânio, MNRJ 9640 pele e crânio, MNRJ 9644 pele e crânio, MNRJ 9651 pele e crânio; **F**, MNRJ 9070 pele e crânio, MNRJ 9186 pele e crânio, MNRJ 9219 pele e crânio, MNRJ 9227 pele e crânio, MNRJ 9230 pele e crânio, MNRJ 9255 pele e crânio, MNRJ 9372 pele e crânio, MNRJ 9400 pele e crânio, MNRJ 9542 pele e crânio, MNRJ 9555 pele e crânio, MNRJ 9571 pele e crânio, MNRJ 9575 pele e crânio, MNRJ 9642 pele e crânio, MNRJ 9645 pele e crânio, MNRJ 9653 pele e crânio, MNRJ 9654 pele e crânio, MNRJ 9655 pele e crânio. **Cairú**: Fazenda Subauma, Cairú: **F**, UFMG 2115 pele e crânio. **Gandú**: Gandú: **M**, UFPB 979 pele e crânio. **Ilhéus**: Aritaguá, Urucutuca, Ilhéus: **M**, MNRJ 9561. Banco da Vitória, Pirataquissé, Ilhéus: **M**, MNRJ 9015 pele e crânio, MNRJ 9110 pele e crânio, MNRJ 9232 pele e crânio, MNRJ 9314 pele e crânio, MNRJ 9386 pele e crânio, MNRJ 9360 pele e crânio, MNRJ 9494 pele e crânio, MNRJ 9502 pele e crânio, MNRJ 10512 pele e crânio, MNRJ 10994 pele e crânio; **F**, MNRJ 9111 pele e crânio, MNRJ 9217 pele e crânio, MNRJ 9253 pele e crânio, MNRJ 9402 pele e crânio, MNRJ 9545 pele e crânio, MNRJ 9548 pele e crânio, MNRJ 9552 pele e crânio, MNRJ 9619 pele e crânio, MNRJ 9629 pele e crânio, MNRJ 9634 pele e crânio. Ilhéus: **M**, MNRJ 10747 pele e crânio, MNRJ 10756 pele e crânio, MNRJ 10758 pele e crânio, MNRJ 10763 pele e crânio, MNRJ 10764 pele e crânio, MNRJ 10773 pele e crânio, MNRJ 10774, pele e crânio MNRJ 10781 pele e crânio, MNRJ 10795 pele e crânio; **F**, MNRJ 10796 pele e crânio, MNRJ 10803 pele e crânio, MNRJ 10805 pele e crânio; **I**, MNRJ 1783 pele e crânio, MNRJ 10791 pele e crânio, MNRJ 10793 pele e crânio, MNRJ 1799 pele e crânio, MNRJ 10802 pele e crânio, MNRJ 10807 pele e crânio, MNRJ 10815 pele e crânio, MNRJ 10824 pele e crânio, MNRJ 10827 pele e crânio, MNRJ 10831 pele e crânio, MNRJ 10843 pele e crânio, MNRJ 10845 pele e crânio, MNRJ 10851 pele e crânio, MNRJ 10852 pele e crânio, MNRJ 10856 pele e crânio, MNRJ 10860

pele e crânio, MNRJ 10872 pele e crânio, MNRJ 10877 pele e crânio. Fazenda Limeira, Ilhéus: **F**, UFMG 36 pele e crânio. **Itabuna**: Fazenda Brejo Grande, 12 Km. S 1.7 Km. W Itabuna: **M**, MNRJ 31415 pele e crânio, MNRJ 31420 pele e crânio, MNRJ 31453 pele e crânio, MNRJ 31456 pele e crânio, MNRJ 31457 pele e crânio, MNRJ 31420 pele e crânio, MNRJ 31453 pele e crânio, MNRJ 31420 pele e crânio, MNRJ 31453 pele e crânio; **F**, MNRJ 35893 pele e crânio. Parque Zoobotânico da CEPLAC, 6 km E de Itabuna: **M**, MNRJ 31416 pele e crânio, MNRJ 31418 pele e crânio; **F**, MNRJ 31419 pele e crânio. **Jussari**: RPPN Serra do Teimoso, Jussari: **M**, MZUSP 29601 pele e crânio, MZUSP 29636 pele e crânio, MZUSP 29637 pele e crânio, MZUSP 29732 pele e crânio, MZUSP 29780 pele e crânio, MZUSP 29790 pele e crânio, MZUSP 29794 pele e crânio, MZUSP 29795 pele e crânio, MZUSP 29803 pele e crânio, MZUSP 29808 pele e crânio, MZUSP 29820 pele e crânio; **F**, MZUSP 29691 pele e crânio, MZUSP 29742 pele e crânio, MZUSP 29781 pele e crânio; **I**, MZUSP 26793 pele e crânio, MZUSP 29595 pele e crânio, MZUSP 29797 pele e crânio, MZUSP 29817 pele e crânio. **Porto Seguro**: Reserva Biológica Pau-Brasil, 15km NW de Porto Seguro: **M**, UFPB 557 pele e crânio, UFPB 558 pele e crânio, UFPB 559 pele e crânio, UFPB 574 pele e crânio. **São José**: Fazenda Unacau, 8km SE de São José: **M**, UFPB 468 pele e crânio, UFPB 470 pele e crânio, UFPB 475 pele e crânio, UFPB 476 pele e crânio, UFPB 477 pele e crânio, UFPB 478 pele e crânio, UFPB 480 pele e crânio, UFPB 484 pele e crânio, UFPB 486 pele e crânio, UFPB 487 pele e crânio, UFPB 489 pele e crânio, UFPB 491 pele e crânio, UFPB 492 pele e crânio, UFPB 497 pele e crânio, UFPB 499 pele e crânio, UFPB 500 pele e crânio, UFPB 504 pele e crânio, UFPB 508 pele e crânio, UFPB 511 pele e crânio, UFPB 512 pele e crânio, UFPB 515 pele e crânio; **F**, UFPB 467 pele e crânio, UFPB 471 pele e crânio, UFPB 472 pele e crânio, UFPB 473 pele e crânio, UFPB 474 pele e crânio, UFPB 479 pele e crânio, UFPB 483 pele e crânio, UFPB 485 pele e crânio, UFPB 488 pele e crânio, UFPB 493 pele e crânio, UFPB 494 pele e crânio, UFPB 495 pele e crânio, UFPB 496 pele e crânio, UFPB 498 pele e crânio, UFPB 502 pele e crânio, UFPB 503 pele e crânio, UFPB 507 pele e crânio, UFPB 509 pele e crânio, UFPB 510 pele e crânio, UFPB 513 pele e crânio; **I**, UFPB 469 pele e crânio, UFPB 490 pele e crânio, UFPB 501 pele e crânio, UFPB 505 pele e crânio. **Una**: EDJAB - CEPLAC, Una: **M**, UFMG 42 pele e crânio, UFMG 2225 pele e crânio. ESMAI,

CEPLAC, Una: **M**, UFMG 2220 pele e crânio, UFMG 2221 pele e crânio. Fazenda Bolandeira; 10 km S Una: **M**, UFMG 11 pele e crânio, UFMG 2049 pele e crânio, UFMG 2875 pele e crânio, UFMG 2879 pele e crânio; **F**, UFMG 2876 pele e crânio, UFMG 2880 pele e crânio; **I**, UFMG 2050 pele e crânio. 'Fazenda Dendhevea, Una: **M**, UFMG 2210 pele e crânio. Fazenda Jueirana, Una: **M**, UFMG 2034 pele e crânio. Reserva Biológica de Una, Una: **M**, UFMG 2037 pele e crânio, UFMG 2038 pele e crânio; **F**, UFMG 2035 pele e crânio; **I**, UFMG 2121 pele e crânio, UFMG 2120 pele e crânio. Una: **M**, MZUSP RP34 pele e crânio, MZUSP RP106 pele e crânio, MZUSP RP128 pele e crânio, MZUSP RP 169 pele e crânio, MZUSP RP180 pele e crânio, MZUSP RP190 pele e crânio, MZUSP RP250 pele e crânio, MZUSP RP260 pele e crânio, MZUSP RP 413 pele e crânio, MZUSP SL10 pele e crânio; **F**, MZUSP RP12 pele e crânio, MZUSP RP158 pele e crânio, MZUSP RP367 pele e crânio, MZUSP RP385 pele e crânio, MZUSP RP927 pele e crânio, MZUSP SL6 pele e crânio; **I**, MZUSP RP5 pele e crânio, MZUSP RP 27 pele e crânio, MZUSP RP66 pele e crânio, MZUSP RP 80 pele e crânio, MZUSP RP240 pele e crânio, MZUSP RP340 pele e crânio, MZUSP RP347 pele e crânio, MZUSP RP354 pele e crânio, MZUSP RP380 pele e crânio, MZUSP RP467 pele e crânio, MZUSP RP555 pele e crânio, MZUSP RP1115 pele e crânio, MZUSP SL1 pele e crânio, MZUSP SL2 pele e crânio. **Wenceslau Guimarães**: Estação Ecológica Nova Esperança, Wenceslau Guimarães: **M**, UFMG 2112 pele e crânio, UFMG 2114 pele e crânio; **F**, UFMG 2113 pele e crânio. ESPÍRITO SANTO: **Alfredo Chaves**: Engenheiro Reeve - Matilde, Alfredo Chaves: **F**, BMNH 39456 pele e crânio. Linhares: Fazenda Santa Terezinha, 33 Km. NE de Linhares: **M**, UFMG 4 pele e crânio, UFMG 37 pele e crânio; **F**, UFMG 33 pele e crânio, UFMG 36 pele e crânio. F. M. A. Linhares: **M**, MNRJ 32668 pele e crânio; **F**, MNRJ 32639 pele e crânio, MNRJ 32641 pele e crânio, MNRJ 32643 pele e crânio. Linhares: **M**, MNRJ 34497 pele e crânio; **F**, MNRJ 32638 pele e crânio; **I**, MNRJ 34493 pele e crânio, MNRJ 32648 pele e crânio. Santa Teresa: **M**, DZUnB 1247 pele e crânio; **F**, DZUnB 1265 pele e crânio, DZUnB 1285 pele e crânio. MINAS GERAIS: Marliéira: Parque Estadual do Rio Doce; 13 km E Marliéira: **M**, UFMG 111 pele e crânio; **F**, UFMG 382 pele e crânio, UFMG 2874 pele e crânio. Rio Doce: **M**, UFMG 5 pele e crânio. RIO DE JANEIRO: **Casimiro de Abreu**: Fazenda União, Casimiro de Abreu: **M**, MNRJ 42678 pele e crânio. Silva Jardins: Reserva

Poço das Antas, Silva Jardins: **M**, MNRJ 42866 pele e crânio, MNRJ 42872 pele e crânio, MNRJ 42873 pele e crânio, MNRJ 42883 pele e crânio; **F**, MNRJ 42867 pele e crânio, MNRJ 42874 pele e crânio.

CONSIDERAÇÕES BIOGEOGRÁFICAS

Através de uma descrição detalhada dos padrões de variação de caracteres morfológicos e genéticos dentro e entre populações torna-se possível definir os limites evolutivos de um determinado táxon (REIS *et al.*, 2002). Conseqüentemente conseguimos obter informações acerca do padrão de distribuição dos organismos, que por sua vez é utilizado como uma ferramenta para estudos biogeográficos (CRISCI, 2001). Observando os padrões de distribuição das espécies, vários autores atribuíram às áreas que contêm várias espécies de distribuição restrita o termo de centro de endemismo. Essas áreas foram consideradas por Cracraft (1985, 1994) como a menor unidade geográfica para estudos sobre a história biogeográfica da biota de uma região.

Estudos baseados em distribuição geográfica de plantas vasculares na Mata Atlântica do nordeste do Brasil apontam para uma semelhança florística dessa área com áreas amazônicas, e não, com a Mata Atlântica do sudeste. (ANDRADE-LIMA, 1982; SANTOS *et al.*, 2007). Baseando-se em dados de similaridade faunística, tal relação também foi observada nos mamíferos, ficando estabelecido quatro regiões mastofaunísticas distintas para a Mata Atlântica sendo elas: a região ao norte da foz do rio São Francisco, a região que vai do sul da foz do rio São Francisco até o norte do Espírito Santo, a região que vai do Rio de Janeiro até São Paulo e por fim a região que vai de São Paulo ao Rio Grande do Sul (VIVO 1997).

Este panorama foi igualmente encontrado para as aves e os seguintes centros de endemismo foram então propostos: um centro ao norte do rio São Francisco, um na Bahia central, um no sul da Bahia entre os rios Jiquiriça e Jequitinhonha e outra na Serra do Mar desde o Espírito Santo até Santa Catarina (SILVA *et al.*, 2004).

Estas semelhanças faunísticas foram também analisadas através de uma Análise de Parcimônia de Endemicidade (PAE), utilizando marsupiais, roedores e primatas, ordens

responsáveis por 84% das espécies endêmicas da Mata Atlântica (COSTA *et al.*, 2000). E os resultados corroboram parcialmente com os encontrados anteriormente uma vez que foram encontrados apenas dois centros endêmicos: um ao norte e outro ao sul do bioma, no entanto a relação entre as distintas áreas da Floresta Atlântica com outras áreas florestadas, principalmente da região amazônica, se mostrou incerta e ainda não foi definida.

Através do cenário acima exposto, podemos ver que não há um consenso sobre a delimitação dos centros endêmicos, pois eles se apresentam de maneira distinta para cada grupo de organismos, apesar de algumas áreas estarem sempre presentes, como, por exemplo, a região ao norte da foz do rio São Francisco, que foi citada para as plantas vasculares, mamíferos e aves, e encontra-se em outros trabalhos abrangendo, inclusive, invertebrados, como por exemplo, as borboletas (TYLER *et al.*, 1994).

A congruência entre a diferenciação morfológica e o padrão de distribuição das espécies de *Hyalaeamys* da Floresta Atlântica, obtida no presente estudo, em que observamos uma nítida diferenciação morfológica entre a espécie *H.oniscus*, com sua distribuição praticamente restrita aos estados da Paraíba, de Pernambuco e de Alagoas, e a espécie *H.laticeps*, restrita à Floresta Atlântica do sul da Bahia, até o estado do Rio de Janeiro. Esse é um panorama compartilhado por diversos grupos, tanto animais (VIVO, 1997; COSTA *et al.*, 2000; PINTO-DA-ROCHA E SILVA, 2005) quanto vegetais (ANDRADE-LIMA, 1982) no entanto a delimitação destes centros de endemismo varia significativamente de acordo com os diferentes grupos.

Diversos autores consideram a Floresta Atlântica como uma área biogeográfica híbrida (CRACARFT e PRUM, 1988, COSTA 2000), uma vez que os diferentes táxons que constituem sua fauna têm histórias biogeográficas distintas, e os trabalhos aqui explicitados, assim como os dados encontrados no presente estudo, corroboram essa hipótese.

ANÁLISES FILOGEOGRÁFICAS

Através do seqüenciamento do gene mitocondrial citocromo b, foram obtidos 620 pares de base de uma amostras pertencente a um exemplar oriundo do estado de Alagoas e

foram acrescentadas seqüências disponíveis no genbank (Anexo II) pertencentes aos demais táxons da gênero *Hylaeamys*. Dois métodos foram utilizados na obtenção das árvores filogenéticas: a máxima parcimônia e o agrupamento de vizinhos (*Neighbor-Joining*).

Utilizei as análises filogeográficas com o intuito de observar em nível genérico as relações entre as diferentes espécies atualmente descritas para o gênero *Hylaeamys*, suas respectivas áreas de ocorrência encontram-se ilustradas na figura 33.

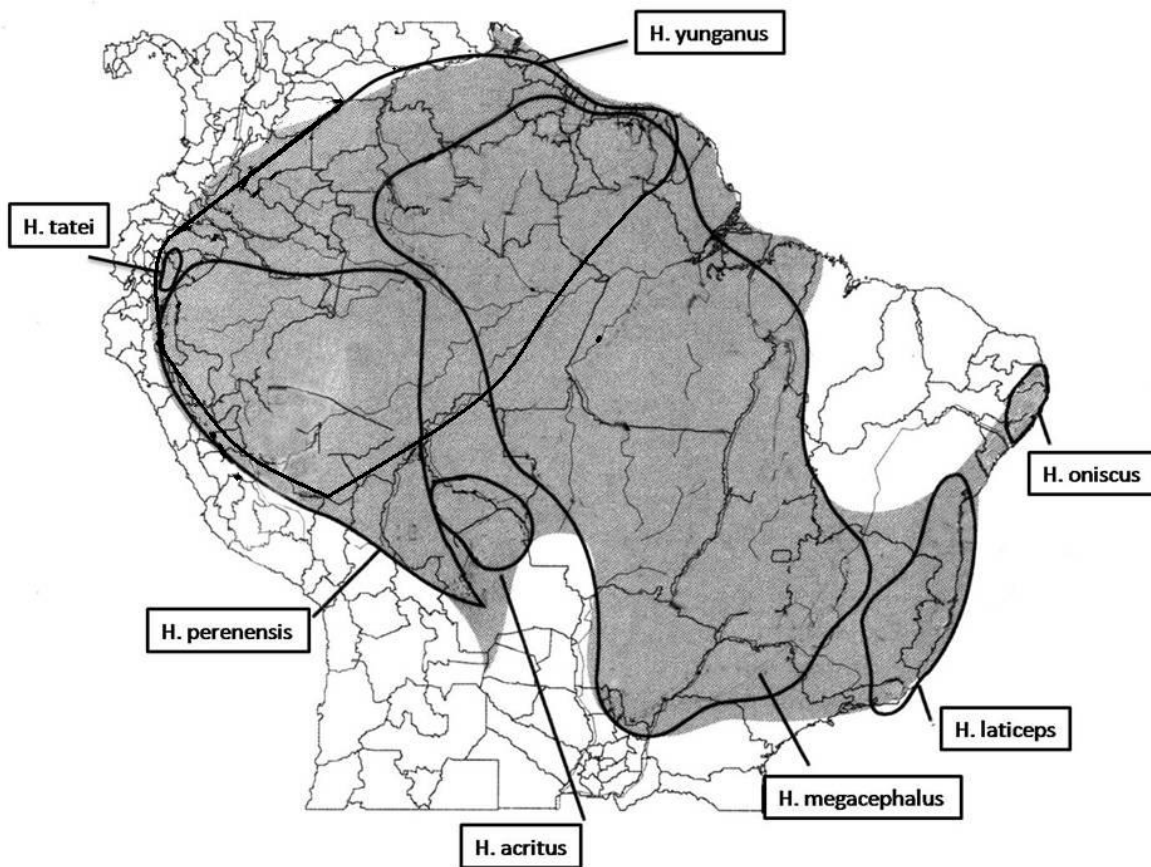


Figura 33: Mapa esquemático da distribuição das espécies do gênero *Hylaeamys* (Adaptado de EMMONS E PATTON, 2005).

Devo destacar que este trabalho conta com um número reduzido de pares de base (620pb), limitando assim o número de sítios informativos, uma vez que o mais utilizado para roedores é um mínimo de 801 pares de base, assim como, um número reduzido de

amostras de localidades ao longo da Floresta Atlântica. Deve-se, então observar os dados aqui apresentados como uma primeira tentativa de inclusão de dados moleculares de espécimes oriundos do da região ao norte do rio São Francisco.

Máxima Parcimônia

Foi obtida apenas uma árvore, através do método de Máxima Parcimônia. A figura 34 traz a topologia encontrada através desse método. Empregamos como grupo externo representantes de dois gêneros da tribo Oryzomyini: *Oecomys mamorae* (EU579509.1) e *Euryoryzomys russatus* (EU579486.1).

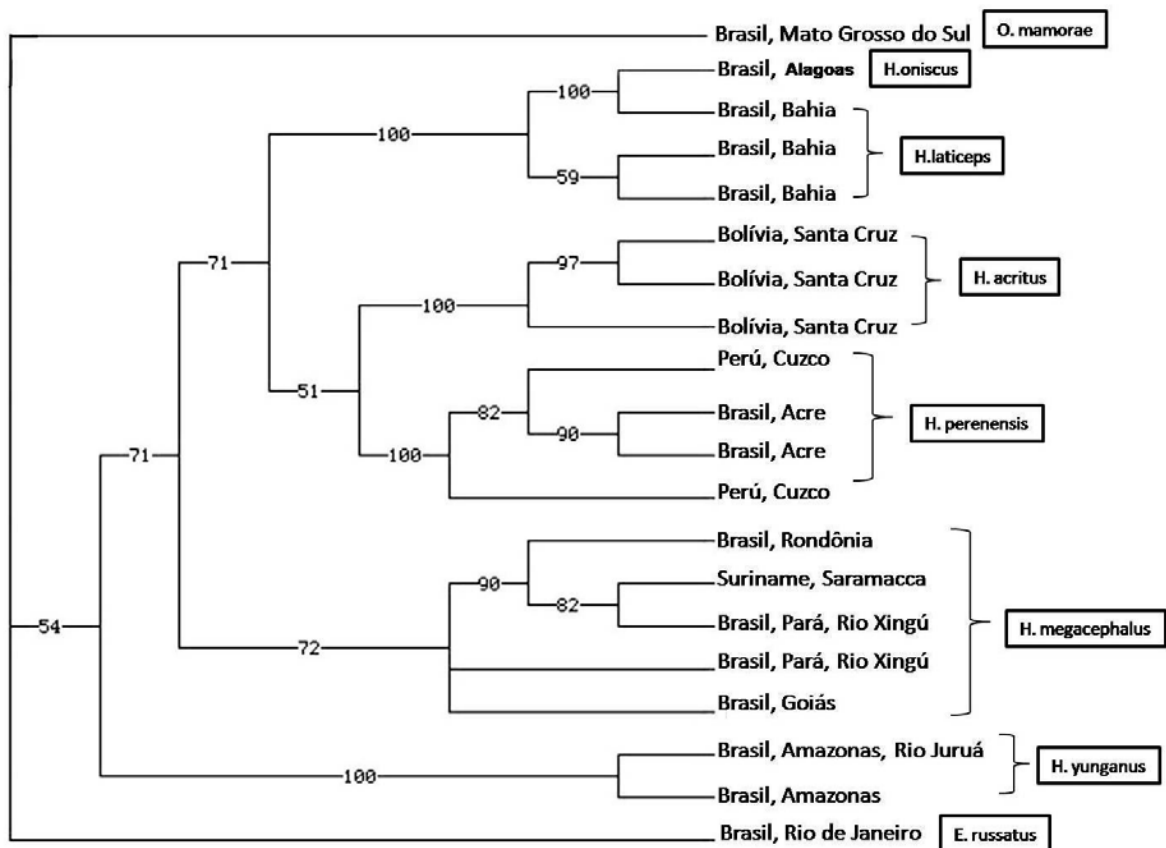


Figura 34: Relação filogenética das espécies do gênero *Hylaeamys* baseada na análise de Máxima Parcimônia por busca heurística, através de seqüências de 620 pares de base do gene citocromo b, apresentando os valores de bootstrap para os ramos internos (>50%). IC = 0,58 e IR = 0,76.

Podemos observar que *H. oniscus*, em conjunto com *H. laticeps*, forma um grupo monofilético; as espécies *H. acritus* e *H. perenensis* aparecem formando um grupo monofilético que, por sua vez, é grupo irmão de *H. oniscus* e *laticeps*; a espécie *H. yunganus* aparece como um grupo basal, e os espécimes de *H. megacephalus* formam um grupo monofilético, sem que haja distinção nítida entre os espécimes amazônicos e os do Brasil central.

Também podemos destacar a formação de dois grandes grupos: um composto pelas espécies *H. perenensis*, *H. acritus*, *H. seuanezi* e *H. oniscus*, todas de ocorrência em florestas úmidas, e um segundo grupo formado pelos representantes da espécie *H. megacephalus*, que ocorrem, principalmente, em áreas de florestas secas.

Agrupamento de vizinhos (*Neighbor-Joining*)

Através desse método, apenas uma árvore foi obtida (Figura 35). Empregamos, como grupo externo, representantes de dois gêneros da tribo Oryzomyini: *Oecomys mamorae* (EU579509.1) e *Euryoryzomys russatus* (EU579486.1). O método de obtenção da distância genética utilizado foi Kimura 2-parâmetros e, para a os ramos internos, *bootstrap*.

Através desse método, obtivemos uma topologia distinta da que foi encontrada através do método da Máxima Parcimônia. As espécies *H. oniscus* e *H. laticeps* aparecem formando um grupo monofilético, que é um grupo irmão da espécie *H. acritus*. A espécie *H. yunganus*, no entanto, encontra-se em conjunto com os grupos externos. Porém, através desse método, também houve a formação de um grupo monofilético entre os táxons das áreas de floresta úmida (*H. oniscus*, *H. laticeps*, *H. acritus* e *H. perenensis*).

Diversos trabalhos visando compreender as relações entre essas espécies, tanto em nível de tribo (SMITH e PATTON, 1999, WEKSLER, 2006) quanto em nível genérico (MUSSEER et al., 1998, WEKSLER et al., 2006) e específico (COSTA 2003, EMMONS e PATTON, 2005), já foram realizados empregando-se genes mitocondriais (Cyt b) e genes nucleares (IRBP). O gênero *Hylaeamys*, atualmente, apresenta alguns problemas taxonômicos, e suas espécies, assim como os seus respectivos padrões de distribuição, ainda não se encontram bem definidos. Entretanto esse gênero apresenta uma ampla

distribuição na América do Sul, desde a Floresta Amazônica até a Mata Atlântica, incluindo áreas de cerrado e o chaco, tornando-se uma ótima ferramenta de cunho biogeográfico. A história evolutiva desse gênero pode trazer informações relevantes quanto à história biogeográfica da América do Sul.

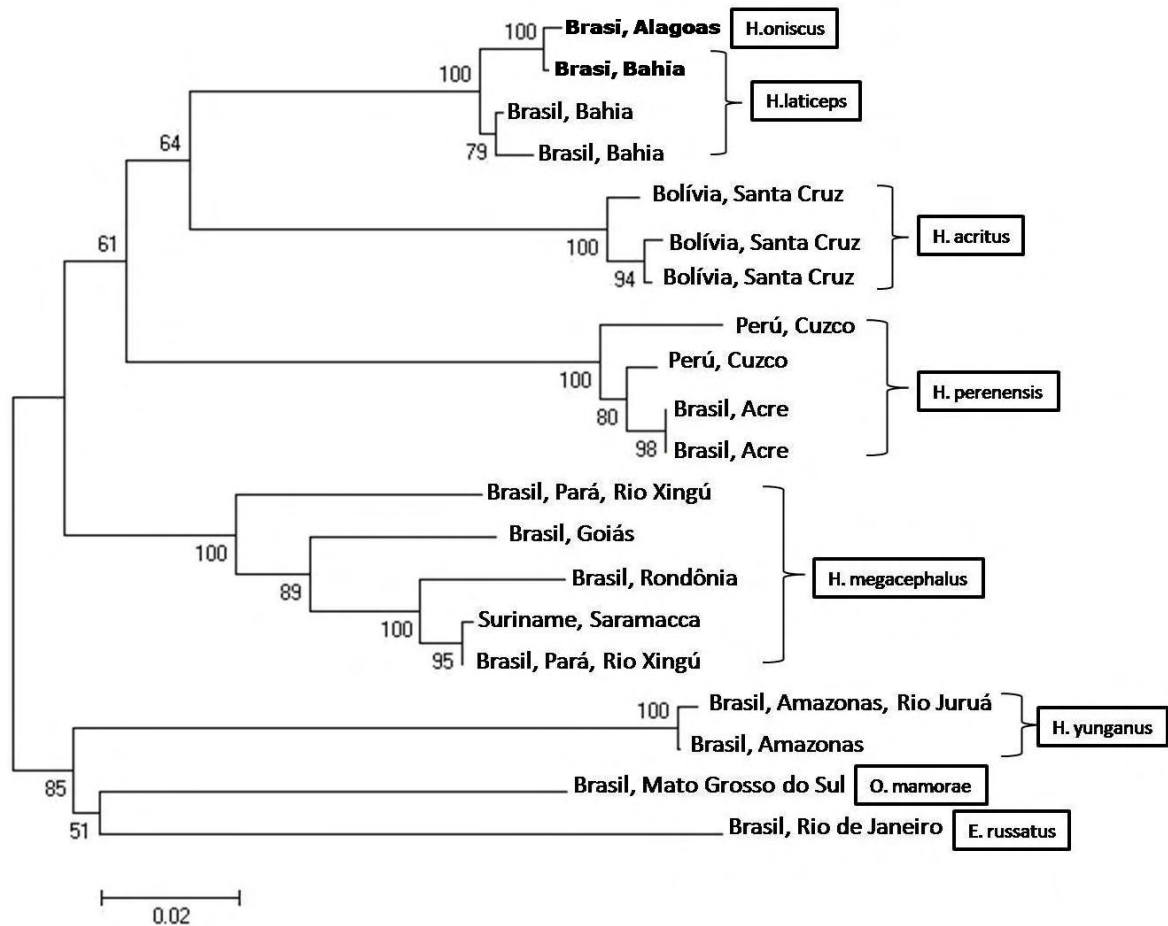


Figura 35: Relação filogenética das espécies do gênero *Hylaeamys* baseada na análise de distância (Neighbor-Joining), utilizando os valores de Kimura 2-parâmetros através 620 pares de base do gene citocromo b apresentando os valores de bootstrap para os ramos internos (>50%).

Emmons e Patton (2005), ao descreverem a espécie *H. acritus*, apresentam uma filogenia em que eles usam o método da Máxima Parsimônia, entre a nova espécie e os demais táxons congêneros. Nessa ocasião, os autores obtiveram uma topologia em que a

nova espécie se mostra monofilética, e os espécimes de *H.perenensis* formam o grupo irmão. Essas duas espécies, por conseguinte, formam um grupo monofilético mais amplo, incluindo a espécie *H.laticeps*, formando, conseqüentemente, um clado com representantes das áreas úmidas da Mata Atlântica e do sudeste amazônico. Esse resultado é semelhante ao encontrado neste estudo.

Podemos observar que os dados obtidos, em ambos os métodos, diferem dos padrões encontrados anteriormente por Costa (2003) para as espécies do gênero *Hylaeamys*. Em seu trabalho, a autora propõe que as espécies do Cerrado sejam filogeneticamente mais próximas das espécies da Mata Atlântica. Devemos ressaltar que Costa (*op.cit*) utilizou em suas análises apenas as espécies *H.laticeps*, *H.megacephalus* e *H.perenensis*. No entanto, o resultado encontrado por ela (2003) vem corroborar o resultado obtido por Bonvicino e Moreira (2001), em que as espécies *H.laticeps* e *H.megacephalus*, de ocorrência na Mata Atlântica e do Cerrado, respectivamente, formam um grupo monofilético, no entanto os autores utilizaram os mesmos táxons que Costa (2003) e, em ambos os trabalhos, incluíram amostras da região norte do rio São Francisco em suas análises, o que certamente influenciou nos resultados aqui obtidos.

Weksler et al. (2006), ao definir as espécies que compõem o gênero *Hylaeamys*, apresentam uma análise filogenética, em que os espécimes de *H.megacephalus* e *H.yunganus* aparecem formando um grupo monofilético. No entanto, nessa análise, os autores utilizam apenas essas duas espécies. Em um trabalho visando à filogenia da subfamília *Orizominae*, com dados tanto morfológicos quanto moleculares, Weksler (2006) utiliza as espécies *H.megacephalus* e *H.yunganus* e obtém o mesmo resultado. As amostras utilizadas neste estudo são escassas e não nos permitem fazer inferências sobre o posicionamento dessa espécie dentro do gênero.

CONSIDERAÇÕES FILOGEOGRÁFICAS

Os estudos dos processos de especiação e distribuição das diferentes espécies na América do Sul foram impulsionados por Hafner (1969), que utilizou como foco as aves, seguido de Heshkovitz (1966), cujo foco foram os roedores, e Vanzoline e Williams (1970),

que utilizaram como ferramenta os lagartos. Nesse período, é colocada por diversos autores a teoria dos refúgios pleistocênicos, por meio da qual são feitas mudanças fitogeográficas determinadas por períodos cíclicos de expansão e retração de matas (como a Amazônia e a Mata Atlântica, por exemplo), durante os períodos glaciais e interglaciais (CRACARFT, 1985), formaram fragmentos ou refúgios ecológicos isolados entre si e, conseqüentemente, fragmentando a biota.

Através de diversos trabalhos de cunho morfológico e/ou molecular, ao longo da distribuição de diversos táxons, foi possível retraçar essa conexão entre a história evolutiva dos táxons e as áreas biogeográficas (PATTON *et al.*, 1997; PATTON e Silva, 1998; PATTON *et al.*, 2000; LEITE, 2003; COSTA, 2003).

Através de uma análise de parcimônia de endemicidade em plantas foi observado que as áreas pertencentes ao centro de endemismo de Pernambuco se assemelham mais às áreas amazônicas do que às do sul do bioma (SANTOS *et al.*, 2007) resultado distinto do que foi encontrado no presente estudo.

Essa diferença entre os táxons encontrados no bioma Mata Atlântica foi evidenciado em um estudo filogeográfico de serpentes (*Bothrops jararaca*) onde os autores encontram diferenças genéticas significativas entre as diferentes populações ao longo da floresta. Os mesmos sugerem que as modificações climáticas, principalmente no regime de chuvas, do Plioceno e do pré-Pleistoceno, influenciando na expansão e retração das matas úmidas da região, seja o cenário biogeográfico mais plausível para explicar as variações genéticas por eles encontradas (GRAZZIOTIN *et al.*, 2006).

Um panorama semelhante foi encontrado por Campos (2009) que através de uma análise filogeográfica com o gênero *Rhipidomys*, obteve uma diferenciação significativa entre os espécimes do sul da Bahia e do Rio de Janeiro, que pode estar intimamente relacionada ao processo de expansão e retração das matas.

Essa relação entre as variações climáticas e as expansões e retrações das florestas úmidas e suas conseqüências na região ao sul do rio São Francisco fica evidenciada por Carnaval e Moritz (2008), através de um modelo climático, que as áreas de enclaves úmidos nas regiões de caatinga, chamados de brejos de altitude, são resquícios desses eventos climáticos, no entanto, têm histórias biogeográficas distintas.

Entretanto, o monofiletismo entre táxons ao longo da Floresta Atlântica já foi evidenciado em um grupo de lagartos do gênero *Gymnodactylus*. As variações geográficas encontradas coincidiam com os rios existentes ao longo do bioma apontando para a atuação efetiva dos mesmos como barreira biogeográfica (PELLEGRINO et al., 2005). Este panorama é bem semelhante aos resultados aqui apresentados.

Podemos observar, através dos exemplos expostos acima, que cada organismo tem uma história evolutiva única, que responde de forma distinta a diversos eventos ecológicos e vicariantes, demonstrando, segundo Costa (2003), a complexidade dos processos evolutivos que resultaram na biodiversidade neotropical.

Devemos destacar que, nos trabalhos filogeográficos com o gênero *Hylaeamys*, até o momento, nunca foram utilizados dados moleculares de espécimes ao norte do rio São Francisco. Essas amostras são de suma importância para a avaliação da história taxonômica do gênero, uma vez que a inclusão desses espécimes trouxe resultados distintos do encontrado anteriormente para o gênero. Logo, amostras de toda a Floresta Atlântica devem ser amplamente utilizadas em trabalhos biogeográficos que abrangem tanto o gênero *Hylaeamys* quanto os pequenos mamíferos em geral.

Destacamos, todavia, que pouco material genético oriundo dessas espécies encontra-se disponível, o que dificulta a obtenção de dados consistentes, porquanto não temos acesso a uma grande diversidade genética das populações. Portanto, os panoramas aqui expostos representam apenas os primeiros passos de uma longa caminhada.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Ao nos questionarmos sobre a diversidade de espécies e os processos evolutivos que envolvem sua formação e distribuição, iremos nos deparar com várias metodologias propostas para tal finalidade, e cada uma delas apresentará ferramentas e aplicabilidades distintas.

Observando apenas sob a ótica da biogeográfica histórica, podemos citar inúmeros métodos, tais como: centro de origens e dispersão, panbiogeografia, biogeografia cladística, análise de parcimônia de endemismo, filogeografia, entre muitos outros. Através de cada um desses métodos, podemos avaliar processos evolutivos (dispersão e vicariância, por exemplo) e história biogeográfica de áreas, táxons e até mesmo da biota (CRISCI, 2001).

É, então, evidente que os resultados obtidos em cada um desses métodos possam ser semelhantes ou discordantes sem que, por isso, um ou outro reflita a verdade absoluta ou se torna completamente falso.

Os resultados aqui apresentados, apesar de conflitantes, expõem apenas dois vieses da história evolutiva do gênero *Hylaeamys* e, conseqüentemente, da Floresta Atlântica e nos mostram que ainda temos um longo caminho a percorrer tanto em relação à compreensão filogenética e evolutiva desse grupo quanto dos diferentes táxons que compõem a diversidade biológica encontrada nas florestas tropicais.

Assim, os questionamentos aqui levantados poderão subsidiar novas buscas por uma melhor compreensão morfológica, genética e evolutiva não apenas das espécies que compõem o gênero *Hylaeamys*, mas também de toda a biota.

REFERÊNCIAS

ANDRADE-LIMA, D. 1982. Present day Forest refuges in northeastern Brazil. *In*: Prance G.T. Biological Diversification in the tropics. Columbia University Press, New York.

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

AGAPOW, M.P; BININDA-EMONDS, O.R.P.; CRANDALL, K.A; GITTLEMAN, J.L; MACE, G.M; MARSHALI, C; PURVIS A. 2004. The impact of the species concept on biodiversity studies. *The Quarterly Review of Biology*. v.79, n 2.

ALEIXO, A. 2007. Conceitos de espécie e o eterno conflito entre continuidade e operacionalidade: uma proposta de normatização de critérios para o reconhecimento de espécies pelo Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. *Revista Brasileira de Ornitologia*. v.2, n. 15, p. 297-310.

ALLEN, H. 1880. On the temporal and masseter muscles of mammals. *Proceedings of the Natural Science of Philadelphia*. vol.32. pp 385 -396.

APPLIED BIOSYSTEMS INC. 1994: Sequence navigator, DNA and protein comparison software. A division of Perkin-Elmer Corporation, Foster City, California.

BONVICINO, C.R. e MOREIRA, M.A.M. 2001. Molecular Phylogeny of the genus *Oryzomys* (Rodentia: Sigmodontinae) based on Cytochrome *b* DNA Sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 18, n. 2, p.282-292.

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

BEAUMONT, M.; BARRAT, E.M.; GOTTELI, D.; KITCHENER, A. C.; DANIELS, M. J.; PRITCHARDS, J. K; BRUFORD, M. W. 2001. Genetic diversity and introgression in the Scottish wildcat. *Molecular Ecology*. 10: 319-336.

BRUFORD MW, HANOTTE O, BROOKFIELD JFY AND BURKE T. 1992. Single locus and multilocus DNA fingerprinting. In: Hoelzel CAR (ed) *Molecular Genetics Analysis of Populations: A Practical Approach*. IRL Press, Oxford, pp 225-269.

CAMPOS, B.A.T.P. 2009. Estudo da Diversidade em Populações e Filogeografia de *Rhipidomys* (Muridae: Sigmodontinae) com ênfase nos Brejos de Altitude. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal da Paraíba.

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

CARLETON, M. D. e MUSSER, G. G. 1995. Systematic studies of oryzomyine rodents (Muridae, Sigmodontinae): definition and distribution of *Oligoryzomys vegetus* (Bangs, 1902). *Proceedings of the Biological Society of Washington*, v.108, n. 2, p. 338-369.

CARNAVAL, A.C. e MORITZ, C. 2008. Historical climate modeling predicts patterns of current biodiversity in the Brazilian Atlantic forest. *Journal of Biogeography*.

COLLAR, N.J. 1997. Taxonomy and Conservation: chicken and egg. *Bulletin of the British Ornithological Club*, v.117, p. 122-136.

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

COSTA, L.P.; LEITE, Y.L.R.; FONSECA, G.A.B.; FONSECA, M.T. 2000. Biogeography of South American forest mammals: endemism and diversity in the Atlantic forest. *Biotropica* v.32, n.4b, p.872-881.

CRACRAFT, J. 1989. Speciation and its ontology: the empirical consequences of alternative species concepts for understanding patterns and processes of differentiation. *In*: Otte, D.E. *Speciation and its consequences*. Sunderland: Sinauer Associates, Inc.

CRACRAFT, J. e PRUM, R. O. (1988). Patterns and processes of diversification: speciation and historical congruence in some Neotropical birds. *Evolution* n.42, p.603-620.

CRACRAFT, J. 1985. Historical biogeography and patterns of differentiation with the South American avifauna: areas of endemism. *In*: Buckley, P. A.; Foster, M.S.; Morton, E.S.; Ridgely, R.S.; e Buckley, F.G. *Neotropical Ornithology*. Ornithological Monographs. N. 36, p. 49-84.

CRISCI, J.V. 2001. The voice of historical biogeography. *Journal of Biogeography*, n. 28, p. 157-168.

EMMONS, L. H. e PATTON, J. L. 2005. A new species of *Oryzomys* (Rodentia: Muridae) from Eastern Bolivia. *American Museum Novitates*, n. 3478.

FONSECA, G. A. B.; HERRMANN, G.; LEITE, Y. L. R. 1999. Macrogeography of Brazilian Mammals. *In*: EINSEMBERG, J. F. e REDFORD, K.H. (Eds.). *Mammals of the Neotropics. The Central Neotropics*. The University of Chicago Press. v.3, p. 549 – 563. London.

FONSECA, G. A. B. 1985. The vanishing Brazilian Atlantic Forest. *Biological Conservation*. n.34, p.17-34.

FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA. 1998. Atlas da evolução dos remanescentes florestais e ecossistemas associados no Domínio da Mata Atlântica no período de 1990-1995. São Paulo.

FUTUYAMA, D. J. 2003. *Biologia evolutiva*. 2ª Ed. Ribeirão Preto. FUNPEC-RP.

GEISE, L. 1995. Os roedores sigmodontíneos (Rodentia, Muridae) do estado do Rio de Janeiro. Sistemática, citogenética, distribuição e variação geográfica. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio de Janeiro.

GRAZZIOTIN, F. G.; MONZEL, M.; ECHEVERRIGARAY, E; BONATO, S. L. 2006. Phylogeography of the *Bithrops jararaca* complex (Serpentes: Viperidae): past fragmentation and island colonization in the Brazilian Atlantic Forest. *Molecular Ecology* 15: 3969- 3982.

HAIR, J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAN, R.L.; BLACK, W.C. 2007. Análise multivariada de dados. Santana: Editora Artmed.

HAFNER, J. 1969. Parapatric species of birds. *Bulletin of the British Ornithological Club*, n.112, p. 250-264.

HALL, T. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/nt. *Nucleic Acids Symposium series*, n.41, p. 95-98.

HAMMER, O.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. 2009. PAST – Paleontological Statistics, ver. 1.89.

HERSHKOVITZ, P. 1966. South American swamp and fossorial rats of the scapteromyine group (Cricetinae, Muridae), with comments on the glans penis in murid taxonomy. *Zeitschrift für Säugetierkunde*, v. 2, n. 31, p. 81-149.

HENNING, W. 1966. *Phylogenetics Systematics*. Urbana, University of Illinois Press.

HERRING, S. W. e HERRING, E. S. 1974. The superficial masseter and gape in mammals. *The American Society of Naturalist*. vol. 108, 962: 561-557.

KUMAR S., TAMURA, K.; NEI, M. 1993. MEGA: Molecular evolutionary genetics analysis, version 1.02. Pennsylvania State University, University Park: Pennsylvania,

JORGE-RODRIGUES, C. R. 2008. *Variação geográfica em Hylaeamys megacephalus (Rodentia, Sigmodontinae)*. Trabalho de conclusão de Curso. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Universidade de São Paulo.

KIMURA, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, n. 16, p. 111-120.

LARA, M.C. e J. L. PATTON. 2000. Evolutionary diversification of spiny rats (genus *Trinomys*, Rodentia: Echymidae) in the Atlantic Forest of Brazil. *Zoological Journal of the Linnean Society* 130: 661-686.

LEITE, Y. 2003. *Evolution and Systematics of the Atlantic Tree Rats, Genus Phylomys (Rodentia: Echimyidae)*, with description of two new species. University of California Press.

MAIA, V. 1990. Karyotype of *Oryzomys capito oniscus* (Rodentia), from northeastern Brazil. *Revista Brasileira de Genética*, 13(2): 377-382.

MAYR, E. 1964. Systematics and the origin of species from the the viewpoint of a zoologist. Dover Publication, New York.

MORAIS-BARROS, N. e MORGANTE, J. S. 2007. A simple protocol for the extraction and sequence analysis of DNA from study skin of museum collections. *Genetics and Molecular Biology*, v.4, n.30, p.1181-1185.

MUSSER, G.G. e CARLETON, M.D. 2005. Superfamily Muroidea. *In*: Wilson, D.E. and Reeder, D.M. *Mammal Species of the World*. The Johns Hopkins University Press, 3a Ed. p. 894-1531.

MUSSER, G. G. e CARLETON, M. D. 1993. Family Muridae. *In*: Wilson, D. E. & Reeder, D. A. *Mammal species of the world. A taxonomic and geographic reference*. Smithsonian Institution Press. 2° Ed. p. 501-755.

MUSSER, G. G.; CARLETON, M. D.; BROTHERS, E. M.; GARDNER, A. L. 1998. Sistematic studies of oryzomyine rodents (Muridae, Sigmodontinae): diagnoses and distributions of speciers formely assigned to *Oryzomys* "capito". *Bulletin of the American Museum of natural History*. 236: 376p.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R.; MITTERMEIER, C. G.; FONSECA, G. A. B.; KENT, J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403: 853-858.

MYERS, P.; LUNDRIGAN, B.; TUCKER, P. K., 1995. Molecular Phylogenetics of Oryzomyine rodents: the genus *Oligoryzomys*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 4, n. 4, p. 372-382.

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

PAYNTER, R. A. e TRAYLOR, M. A, 1991. Ornithological Gazetteer of Brazil, 2 vols. Cambridge, Bird Department, Museum of Comparative Zoology, Harvard University

PARDIAL, J.M.; CASTROVIEJO-FISHER, S.; KOHLER, J.; VILÁ, C.; CHAPARRO, J.; DE LA RIVA, I. 2008. Deciphering the products of evolution at the species level: the need for an integrative taxonomy. *Zoologica Scripta*, v.4, n. 38, p. 431-447.

PATTON, J.; DA SILVA, M. N. F.; MALCOLM, J.R. 2000. Mammals of the Rio Juruá and the evolutionary and ecological diversification of Amazonia. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, n. 244.

PATTON, J.L.; DA SILVA, M.N.F.; LARA, M.C.; MUSTRANGI, M.A. 1997. Diversity, differentiation, and the historical biogeography of non-volant small mammals of the neotropical forests. In Lawrence W.F. and Bierregaard, R.O. Jr. *Tropical Forest Fragments: Ecology, Management, and Conservation of Fragmented Communities*. University of Chicago Press.

PAYNTER, R. A. Jr. E TAYLOR, M. A. Jr. 1991. Ornithological Gazetteer of Brasil. vol I e II. Harvard University Cambridge.

PELLEGRINO, K. C. M.; RODRIGUES, M. T.; WAITE, A.; MORANDO, M.; YASSUDA, Y. Y.; SITES JR, J. W. 2005. Phylogeography and species limits in the *Gymnodactylus darwinii* complex (Gekkonidae, Squamata): genetic structure coincides with river systems in the Brazilian Atlantic Forest. *Biological Journal of Linnean Society*. v. 85, p. 13-26. Grã-Bretanha.

PERCEQUILLO, A. R.; HINGST-ZAHER, E. e BONVICINO, C. R. 2008. Systematic review of genus *Cerradomys* Weksler, Percequillo and Voss, 2006 (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with description of two new species from Eastern Brazil. American Museum Novitates, n. 3622.

PERCEQUILLO, A.R. 2003. Sistemática de *Oryzomys* Baird, 1858: definição dos grupos de espécies e revisão taxonômica do grupo *albigularis* (Rodentia, Sigmodontinae). Tese de doutorado. Universidade de São Paulo. São Paulo.

PERCEQUILLO, A.R., 1998. – Sistemática de *Oryzomys* Baird, 1858 do leste do Brasil (Muroidea, Sigmodontinae). Dissertação de Mestrado submetida ao Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo.

PINTO-DA-ROCHA, R. e SILVA, M. B. 2005. Faunistic similarity and historic biogeography of the harvestmen of southern na southeastern Atlantic rain forest of Brazil. *The Journal of Arachnology*, n.33, p. 290-299.

POSADA, D. e CRANDALL, K.A. 2001. Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology and Evolution*. n.16, v.1, p.37-44.

QUEIROZ, de K. 2005. Ernst Mayr and the modern concept of species. *Proceedings of Natural Academy of Science*, n.102, p. 6600-6607.

QUEIROZ, de K. 1998. The general lineage concept of species, species criteria and the process of speciation: A conceptual unification and terminological recommendations. *In: Howard, D. J. e Berlocher, S. H. Endless forms: Species and speciation.* Oxford University Press. England.

REIS, F. S.; DUARTE, L. C.; MONTEIRO, L. R.; VON ZUBEN, F. J. 2002. Geographic variation in cranial morphology in *Thrichomys apereoides* (Rodentia: Echimyidae). I.

Geometric descriptors and patterns of variation in shape. *Journal of Mammalogy*, v.2, n. 83, p. 333-344.

RODA, S. A. e SANTOS, A. M. 2005. Avaliação de fragmentos florestais para uma possível reintrodução de Mutum-de-alagoas em seu ambiente natural. CEPAN – IPMA.

RODRIGUES, M. T.; YONEGA-YASSUDA, Y.; KASAHARA, S. 1989. Notes on the ecology and karyotypic description of *Strbilurus torquatus* (Sauria, Iguanidae). *Revista Brasileira de Genética*, v.4, n.12, p.747-759.

SANTOS, A. M.; CAVALCANTI, D. R.; SILVA, J.M.C; TABARELLI. 2007. Biogeographical relationship among tropical Forest in North-eastern Brazil. *Journal of Biogeography*. n. 34, p. 437-446.

SERB, J.M.; PHILLIPS, C. A.; IVERSON, J. B. 2001. Molecular phylogeny and biogeography of *Kinosternon flavescens* based on complete mitochondrial control region sequences. *Molecular Phylogenetics Evolution*, n.18, p.149-162.

SILVA, M. N. e PATTON, J. 1998. Molecular phylogeography and the evolution and conservation of Amazonian mammals. *Molecular Ecology*, n.7, p. 475-486.

SILVA, J. M. C.; SOUSA, M. C.; CASTELLETTI, C.M.H. 2004. Areas of endemism for passerine birds in the Atlantic forest, South América. *Global Ecol. Biogeogr.* n.13, p.85–92.

SIMPSON, G. G.; ROE, A. E LEWONTIN, R. C. 2003. *Quantitative Zoology*. Dover Publication, New York.

SMITH, T.B.; CALSBEEK, R.; WAYNE, R. K.; HOLDER, K. H.; PIRES, D.; BARDELEDN, C. 2005. Testing alternative mechanisms of evolutionary divergence in an African rain forest passerine bird. *Journal of Evolutionary Biology*, n. 18, p. 257-268.

SMITH M. F. e PATTON J. L. 1999 . Phylogenetic Relationships and the Radiation of Sigmodontine Rodents in South America: Evidence from Cytochrome *b*. *Journal of Mammalian Evolution*, v.6, n.2.

SMITH M.F. e PATTON, J.L. 1993. The diversification of South American murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data for the akodontine tribe. *Biological Journal of Linnean Society*. n.50, p.149-177.

SWOFFORD D.L. 1993. "PAUP: Phylogenetic Analysis Using Parsimony, version 3.1.1". Smithsonian Institute Press. Washington.

STEPPAN, S.J. 1998. Phylogenetic relationship and species limits withn *Phyllotis* (Rodentia: Sigmodontinae): Concoedance between mtDNA sequence and morphology. *Journal of Mammalogy*, n. 79, p. 573-593.

TYLER, H.; BROWN, K. S.; WILSON, K. 1994. Swallowtail butterflies of the Americas. Study in biological dynamics, ecologica diversity, biosystematics and conservation. Scientific Publishers, Gainesville, FL.

VANZOLINI, P. E. 1970. Zoologia sistemática, geografia e a origem das espécies. Inst. Geográfico São Paulo. Série Teses e Monografias 3, 56p.

VANZOLINI, P. E. 1993. Métodos Estatísticos Elementares em Sistemática Zoológica. Editora Hucitec, São Paulo.

VASCONCELOS P.M.; BECKER T.A.; RENNE, P.R.; BRIMHALL, G.H. 1992. Age and duration of weathering by $^{40}\text{K}/^{40}\text{Ar}$ and $^{40}\text{Ar}/^{39}\text{Ar}$ analysis of potassium-manganese oxides. *Science* n. 258, p. 451-455.

VIVO, M. 1997. A mastofauna da Floresta Atlântica: padrões biogeográficos e implicações conservacionistas. *In* Anais da 5ª Reunião Especial da SBPC: Floresta Atlântica: Diversidade Biológica e Sócio-Econômica. p.60-63. Blumenau, Santa Catarina.

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

VOSS, R. e MARCUS, L. 1996. Morphological evolution in muroid rodentes II. Craniometric factor divergence in seven neotropical genera, with experimental results from *Zygodontomys*. *Evolution*, v.6, n.46, p. 1918-1934.

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

WEKSLER, M., 1996. Revisão sistemática do grupo de espécies *nitidus* do gênero *Oryzomys* (Rodentia: Sigmodontinae). Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Rio de Janeiro.

WEKSLER, M.; GEISE, L.; CERQUEIRA. 1999. A new species of *Oryzomys* (Rodentia, Sigmodontinae) from southeast Brazil, with comments of the classification of the *O. capito* species group. *Zoological Journal of the Linnean Society*, n. 125, p.445-462.

WEKSLER, M.; PERCEQUILLO, A. R.; VOSS, R. 2006. Ten new genera of *Oryzomyinae* rodents (Cricetidae: Sigmodontinae). *American Museum Novitates*, n.3537.

WIENS, J. e PENKROT, T. A. 2002. Delimiting species using DNA and morphological variation and discordant species limits in spiny lizards (*Sceloporus*). *Systematic biology*, n. 51, p. 69-91.

WILSON, D. E. e REEDER, D. A. 2005. Mammal species of the world. A taxonomic and geographic reference. The Johns Hopkins University Press, 3° Ed., v, I e II. American Society of Mammalogists. Washington, D.C.

ZANCHIN, N. J. T. 1988. Estudos cromossômicos em orizominos e equimídeos da mata Atlântica. Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

ANEXOS

ANEXO I – Índice de Localidades (*Gazeteers*)

Paraíba

1 Fazenda Pacatuba, 10 km. NE de Sapé - 07° 02' S, 35° 09' W

Pernambuco

2 São Lourenço da Mata - 8° 00' S, 35° 03' W

3 Saltinho, Rio Formoso - 8 ° 40' S, 35° 09' W

Alagoas

4 Mata de Coimbra, Usina Serra Grande, Ibateguara - 9° 00' S, 35° 51' W

5 Estação Ecológica de Murici, Murici - 9° 13' S, 35° 53' W

6 Fazenda Santa Justina, 6 Km. SSE de Matriz de Camaragibe - 09° 12' S, 35° 30' W

7 Mata do Cedro, Usina Utinga-Leão, Rio Largo - 9° 31' S, 35° 54' W

8 Fazenda do Prata, 13 km SSW de São Miguel dos Campos - 09° 53' S, 36° 09' W

Bahia

9 Fazenda Subauma, Cairu - 13° 31' S, 39° 02' W

10 Estação Ecológica Nova Esperança, Wenceslau Guimarães - 13° 34' S, 39° 42' W

11 Gandu - 13° 44' S, 39° 29' W

12 Aritaguá, Urucutuca, Ilhéus - 14° 42' S, 39° 05' W

13 Fazenda Limeira, Ilhéus - 14° 47' S, 39° 02' W

14 Ilhéus - 14° 47' S, 39° 02' W

15 Banco da Vitória, Pirataquissé, Ilhéus - 14° 47' S, 39° 06' W

16 Parque Zoobotânico da CEPLAC, 6 km E de Itabuna - 14° 48' S, 39° 20' W

- 17 Fazenda Brejo Grande, 12 Km. S 1.7 Km. W de Itabuna - 14° 55' S, 39° 17' W
- 18 Buerarema, Ribeirão da Fortuna - 14° 56' S, 39° 19' W
- 19 Fazenda Unacau, 8km SE de São José - 15° 05' S, 39° 21' W
- 20 Fazenda Orion, Serra das Lontras, Arataca - 15°07' S, 39°15' W
- 21 RPPN Serra do Teimoso, Jussari - 15°12' S, 39°29' W
- 22 Fazenda Jueirana, Una - 15° 12' S, 39° 9' W
- 23 Fazenda Dendhevea, Una - 15°14'S, 39°13'W
- 24 ESMAl, CEPLAC, Una - 15°15' S, 39°05' W.
- 25 EDJAB - CEPLAC, Una - 15° 17' S, 39° 04' W
- 26 Reserva Biológica de Una, Una - 15° 17' S, 39° 4' W
- 27 Fazenda Bolandeira; 10 km S Una - 15° 21' S, 39°0' W
- 28 Reserva Biológica Pau-brasil, 15km NW de Porto Seguro - 15° 27' S, -39° 39' W

Espírito Santo

- 29 Linhares - 19° 25' S, 40° 04' W
- 30 Fazenda Santa Terezinha, 33 Km. NE de Linhares - 19° 12' S, 39° 50' W
- 31 F. M. A. Linhares - 19° 25' S, 40° 04' W
- 32 Santa Teresa - 19° 56' S, 40° 36' W

Minas Gerais

- 33 Engenheiro Reeve - Matilde, Alfredo Chaves - 20° 33' S, 40° 49' W
- 34 Parque Estadual do Rio Doce; 13 km E Marliéira - 19° 32' S, 42° 32' W
- 35 Rio Doce - 20° 14' S, 42° 53' W

Rio de Janeiro

- 36 Fazenda União, Casimiro de Abreu - 22° 25' S, 42°02' W
- 37 Reserva Poço das Antas, Silva Jardins - 22° 35' S, 42° 17' W

ANEXO II - Lista dos táxons com seus respectivos números de acesso ao GeneBank utilizados nas análises filogeográficas (As sequencias referentes às espécies *H.oniscus* e *H.perenensis* ainda não foram depositados no GeneBank).

Espécimes	Nº de acesso GeneBank
<i>Hylaeamys acritus</i>	AY940623.1
<i>Hylaeamys acritus</i>	AY940625.1
<i>Hylaeamys acritus</i>	AY940624.1
<i>Hylaeamys laticeps</i>	AF251521.1
<i>Hylaeamys laticeps</i>	AF251522.1
<i>Hylaeamys laticeps</i>	EU579498.1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	EF455026.1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	AF251517.1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	AY275124.1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	AF251519.1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	EF455033.1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	AF108695.1
<i>Hylaeamys perenensis</i>	U03538.2
<i>Hylaeamys yunganus</i>	AF251520.1
<i>Hylaeamys yunganus</i>	U58380.1
<i>Oecomys mamorae</i>	EU579509.1
<i>Euryoryzomys russatus</i>	EU579486.1

ANEXO III – Lista dos exemplares de *Hylaeamys megacephalus*.

MINAS GERAIS: **Paracatu**: Parque Acangaú: **M**, UnB 1016 1026 1028 1029 1033, pele e crânio; **F**, UnB 1017 1020 1030, pele e crânio. **Perdizes**: Cerrado João Alonso: **M**, UFMG NP19 NP33, pele e crânio. **Pedrinópolis**: Mata dos Adolfos: **M**, UFMG NP4 NP6 NP7 NP9 NP11 NP36, pele e crânio; **F**, UFMG NP2 NP25, pele