

Diversidad de los ratones orejudos del complejo *Phyllotis xanthopygus* (Cricetidae, Phyllotini): delimitando especies crípticas mediante la integración de evidencias moleculares, citogenéticas y morfológicas

Ojeda, A. (1), Teta, P. (2), Jayat, J.P. (3), Lanzone, C. (4), Novillo, A. (5) y Ojeda, R. (1)

(1) Grupo de Investigaciones de la Biodiversidad (GIB), Instituto Argentino de Zonas Áridas (IADIZA). CCT-CONICET Mendoza, Mendoza, Argentina.

(2) División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Ciudad Autónoma de Buenos Aires

(3) Unidad Ejecutora Lillo (CONICET-Fundación Miguel Lillo), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

(4) Laboratorio de Genética Evolutiva, IBS (CONICET-UNaM), Posadas, Misiones, Argentina.

(5) Instituto de Biodiversidad Neotropical (IBN). CCT-CONICET Tucumán, Tucumán, Argentina.

El género *Phyllotis* (Cricetidae, Phyllotini) incluye al menos 20 especies de roedores sudamericanos de tamaño pequeño a mediano, distribuidos principalmente en ambientes rocosos de la Región Andina y Neotropical. Los límites y contenidos de este taxón fueron revisados por varios autores, basándose tanto en evidencias morfológicas como moleculares. Sin embargo, existen pocos enfoques integradores, sustentados sobre muestras grandes de individuos y amplia cobertura geográfica. Trabajos previos, basados principalmente en evidencias moleculares, sugieren que *P. xanthopygus* representa un complejo de especies. Los propósitos de este trabajo son: (i) delimitar las especies del complejo *P. xanthopygus*, y (ii) poner a prueba la congruencia entre evidencias morfológicas cuantitativas, moleculares y cromosómicas para poblaciones del centro y sur de Argentina. Para evaluar las relaciones filogenéticas entre individuos e identificar los procesos responsables de la distribución geográfica de la variación genética se analizaron secuencias de fragmentos de ADN mitocondrial (Cit-b) de 83 individuos a lo largo de toda la distribución de este taxón. Se calcularon las distancias genéticas y se realizaron análisis filogenéticos basados en Máxima Parsimonia y Máxima Verosimilitud. Los análisis citogenéticos se realizaron con coloraciones convencionales y diferenciales. Para el análisis morfológico se emplearon técnicas estadísticas multivariadas, incluyendo análisis de componentes principales y análisis discriminantes de 17 medidas craneanas, tomadas sobre 340 individuos. Las poblaciones actualmente asignadas a *P. xanthopygus* mostraron profundas divergencias genéticas (>8%), acompañadas de una significativa estructuración geográfica. El cariotipo en general fue muy conservado ($2n=38$); sin embargo, se detectaron diferencias en el número ($FN=70-72$) y características de los brazos autosómicos en algunos especímenes del centro-oeste y norte de Argentina. Los individuos pertenecientes a distintas poblaciones (correspondientes a 5 de los 8 clados identificados molecularmente) fueron notablemente homogéneos en su morfología craneana, excepto por aquellos correspondientes a las poblaciones aisladas de áreas serranas del centro y centro-este de Argentina, que se caracterizaron por poseer cráneos más grandes. En líneas generales, los rasgos morfológicos cuantitativos no muestran la fuerte diferenciación evidenciada por el Cit-b y, más moderadamente, en los cariotípicos. Nuestros resultados sugieren que *P. xanthopygus* es un complejo de por lo menos ocho especies crípticas. Especulamos que la dependencia de estos ratones por microambientes rocosos podría promover procesos de selección estabilizadora, que favorecen la conservación de nicho, y explicar la estasis morfológica observada. Nuestros resultados resaltan la importancia de integrar evidencias de distintas disciplinas para la delimitación de unidades taxonómicas y para una mejor comprensión de la variabilidad y diferenciación entre poblaciones en un contexto evolutivo. (Parcialmente financiado por PIP-CONICET 0258 y PICT Agencia 3487).