



NUEVOS REGISTROS DE *CALOMYS TENER* (RODENTIA: CRICETIDAE, SIGMODONTINAE) QUE AMPLÍAN LA DISTRIBUCIÓN Y DIVERSIDAD GENÉTICA CONOCIDA PARA MISIONES, ARGENTINA

Eliana F. Burgos¹, Carolina Labaroni², Cecilia Lanzone², Mara Urdapilleta¹
& Isabel E. Gómez Villafaña^{3*}

¹Instituto Nacional de Medicina Tropical-Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud “Dr. Carlos G. Malbrán” (INMeT-ANLIS), Puerto Iguazú, Misiones, Argentina. Consejo Nacional de Investigaciones en Ciencias y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina.

²Laboratorio de Genética Evolutiva, FCEQyN, IBS, UNaM-CONICET, Félix de Azara 1552, CPA N3300LQF, Posadas, Misiones, Argentina.

³Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB-CONICET-UBA). Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. [Correspondencia: Gómez Villafaña, Isabel E. <isabelgv@ege.fcen.uba.ar>]

RESUMEN. La provincia de Misiones tiene una gran diversidad de roedores, algunos de ellos, como *Calomys tener*, cuentan con pocos registros y su presencia en el territorio provincial ha sido ampliamente discutida. Los objetivos de este trabajo fueron: a) aportar información de una nueva localidad de presencia, b) describir morfológicamente, y c) analizar la variabilidad molecular del citocromo b de *Calomys tener*. A partir de campañas de muestreo realizadas en 2017 y 2018, se capturaron cuatro individuos que fueron identificados morfológica y molecularmente como *C. tener*. Estos nuevos registros amplían la distribución de la especie hacia el norte de la provincia de Misiones. Las secuencias de *C. tener* obtenidas en este estudio, junto a las disponibles en GenBank provenientes de Paraguay, Brasil, Bolivia y Argentina, muestran que los haplotipos encontrados en Misiones son divergentes, sugiriendo una colonización múltiple desde diferentes áreas geográficas.

ABSTRACT. NEW RECORDS OF *CALOMYS TENER* (RODENTIA: CRICETIDAE, SIGMODONTINAE) THAT EXPAND THE DISTRIBUTION AND KNOWN GENETIC DIVERSITY FOR MISIONES, ARGENTINA. Misiones province has a great diversity of rodents, some of them, such as *Calomys tener*, have few records and their presence in the province has been widely discussed. The aims of this work were to: a) provide information on a new locality of presence, b) describe morphologically, and c) analyze the molecular variability of cytochrome b of *Calomys tener*. Based on sampling seasons carried out in 2017 and 2018, four individuals were captured and identified morphologically and molecularly as *C. tener*. This new records extend the species distribution to the north of the province of Misiones. The sequences of *C. tener* obtained in this study, together with those available in GenBank from Paraguay, Brazil, Bolivia and Argentina, show that the haplotypes found in Misiones are divergent, suggesting multiple colonization from different geographic areas.

Palabras clave: Cráneos, cultivos agrícolas, haplotipos, ratoncito delicado, Phyllotini.

Key words: Crops, delicate mouse, haplotype, Phyllotini, skull.

Citar como: Burgos, Eliana F., C. Labaroni, C. Lanzone, M. Urdapilleta & I. E. Gómez Villafaña. 2022. Nuevos registros de *Calomys tener* (Rodentia: Cricetidae, Sigmodontinae) que amplían la distribución y diversidad genética conocida para Misiones, Argentina. *Mastozoología Neotropical*, 29(1):e0654. <https://doi.org/10.31687/saremMN.22.29.1.04.e0654>

INTRODUCCIÓN

En la provincia de Misiones se han registrado 33 especies de roedores silvestres de las familias Scuriidae, Cricetidae, Caviidae, Cuniculidae, Dasyproctidae, Echymyidae y Erethizontidae (Lanzone et al. 2018; Galliari & Pardiñas 2021), varias de las cuales presentan distribuciones que abarcan otras provincias de Argentina y áreas del Bosque Atlántico de Brasil y Paraguay. Sin embargo, estas especies han sido escasamente estudiadas en Misiones y algunas fueron reportadas como crípticas con especies emparentadas, lo que complejiza su identificación. Tal es el caso de *Akodon paranaensis* y *Castoria angustidens* con *Akodon montensis*, y de *Calomys tener* con *Calomys laucha*, las cuales comparten características morfológicas muy similares (Salazar-Bravo 2015; Teta et al. 2014; González-Iltig et al. 2019). Particularmente, el ratoncito delicado *Calomys tener* (Winge, 1887) se distribuye desde el centro y sur de Brasil, hasta el sudeste de Bolivia, este de Paraguay y nordeste de Argentina (Bonvicino et al. 2010; Salazar-Bravo 2015), donde habita zonas de pastizales, cultivos y áreas abiertas de bosques tropicales y subtropicales (Salazar-Bravo 2015). Esta especie es de importancia epidemiológica en Brasil dado que es hospedador del orthohantavirus Araraquara, causante del síndrome pulmonar por hantavirus en el Cerrado (Figueiredo 2010).

Massoia (1988) reportó los primeros cinco registros de *C. tener* en el sur de la provincia de Misiones, basados en la identificación morfológica de material recuperado de egagrópilas de lechuzas en la localidad de Campo Ramón, departamento de Oberá, dentro de la ecorregión de Campos y Malezales. Estos registros han sido discutidos debido a las similitudes morfológicas que tiene esta especie con *C. laucha*, un taxón que ha sido ampliamente citado para la porción centro y sur de la provincia de Misiones (Massoia et al. 2006; Fig. 1). Por otro lado, Galliari & Pardiñas (2021) identificaron 12 individuos de *C. tener* en localidades del sur de la provincia de Misiones (Tabla 1), en los límites más australes de la Selva Paranaense, siete de los cuales fueron confirmados molecularmente por González-Iltig et al. (2014, 2019); Tabla 1. Los análisis citogenéticos o de secuencias de ADN siguen siendo los más confiables para la identificación de *C. tener* (Almeida et al.

2007; Quintela et al. 2014; Lanzone et al. 2016). Los registros mencionados anteriormente son los únicos reportados para esta especie en Misiones hasta el momento, por lo que han sido la base para la estimación de su distribución según la Categorización de Mamíferos de la Argentina (Teta 2019).

Por el contrario, la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN por sus siglas en inglés) considera que la distribución de *C. tener* alcanza la porción nordeste de la provincia de Misiones, Argentina (Leite & Patterson 2016), incluyendo el departamento de General Belgrano. La IUCN reporta a Massoia (1988) como referencia de esa distribución, pero este autor no incluyó a *C. tener* en dicha área. Por este motivo, creemos que el registro incluido en la distribución mencionada podría tratarse de la localidad de San Antonio, reportada por Massoia et al. (2006) y que se basa en registros sin confirmación genética.

El estado de conservación de *C. tener* a nivel mundial es de Preocupación Menor (LC, Leite & Patterson 2016). Sin embargo, a nivel nacional se encuentra en la categoría de Datos Insuficientes (Teta 2019), ya que hay escasos datos relacionados a su distribución, ecología y dinámica poblacional en Argentina. El objetivo de este trabajo fue aportar información novedosa de la distribución de *C. tener* en Argentina, realizar descripciones morfológicas externas detalladas, dar a conocer una descripción de sus medidas craneales y analizar su diversidad genética, incluyendo todos los individuos de Argentina y de países aledaños registrados en el GenBank.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el marco de estudios ecoparasitológicos, se realizaron muestreos de roedores en agosto y noviembre de 2017 y febrero de 2018 en seis campos de yerba, dos campos de eucalipto y en un campo de cultivo mixto de mandioca y yerba, en la localidad de Wanda, en el departamento Iguazú, Misiones (25° 58' 12.2" S, 54° 33' 59.8" O; Fig. 1). La captura de los ejemplares se realizó con trampas tipo Sherman (cebas con grasa, avena y pasta de maní) que estuvieron activas durante tres noches consecutivas. Los roedores capturados fueron anestesiados, pesados (en gramos) y se registró su estado reproductivo (reproductivo: vagina abierta / testículos descendidos, y no reproductivo: vagina cerrada / testículos abdominales). Se les tomaron las medidas externas estándar (en mm) de largo total (LT), largo cabezacerpo (LCC), largo de la cola (LC), largo de pata posterior con uña (LP), y el largo de la oreja (LO). Adicionalmente, se extrajeron muestras de tejido de la oreja de todos los

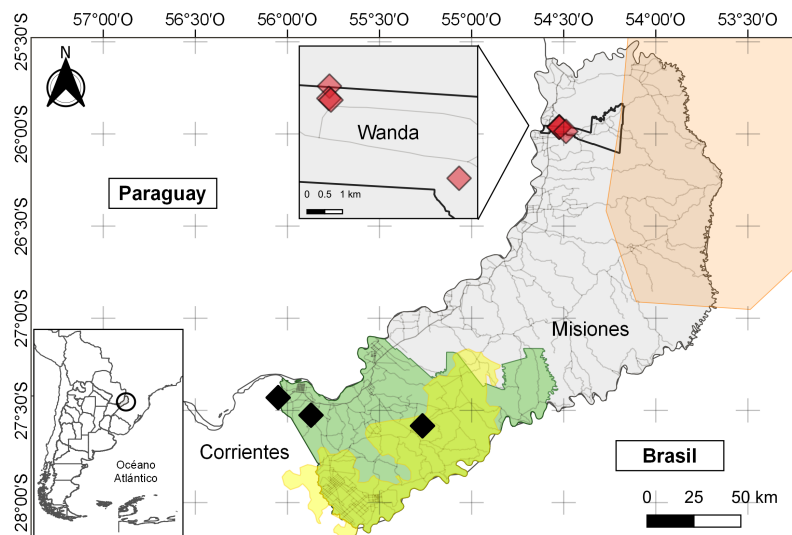


Fig. 1. Distribución estimada de *Calomys tener* (Winge, 1887) según la IUCN (color rosa, Leite & Patterson 2016) y según SADyS-SAREM (color amarillo, Teta 2019), y distribución estimada de *C. laucha* (polígono verde) basado en Massoia et al. (2006) en Misiones, Argentina. Con rombos negros se indican los registros de *C. tener* confirmados genéticamente reportados por Galliari & Pardiñas (2021) y González-Ittig et al. (2014, 2019), y los nuevos registros reportados en este trabajo (rombos rojos) en la localidad de Wanda (polígono delimitado con negro). En el recuadro gris se detalla el área de estudio relevada en este trabajo.

Tabla 1

Registros confirmados genéticamente de la especie *Calomys tener* (Winge, 1887) para la provincia de Misiones.

Autor	Año	Localidad	Latitud	Longitud
González Ittig & col.	2014	Leandro N. Alem, Misiones	27°34'59.9"S	55°16'00.1"O
González Ittig & col. / Galliari & Pardiñas	2019/2021	Ruta 12 y Arroyo Itaembé, Misiones	27°25'48.0"S	56°03'01.1"O
González Ittig & col. / Galliari & Pardiñas	2019/2021	Estancia Santa Inés, Misiones	27°31'32.2"S	55°52'18.8"O
Este trabajo (HP 19)	2017	Wanda, Misiones	25°57'34.9"S	54°31'27.1"O
Este trabajo (HP 23)	2017	Wanda, Misiones	25°57'47.2"S	54°31'27.8"O
Este trabajo (HP 24)	2017	Wanda, Misiones	25°57'49.0"S	54°31'25.7"O
Este trabajo (HP 39)	2018	Wanda, Misiones	25°59'08.2"S	54°29'15.7"O

individuos para el posterior análisis molecular. Se realizó la descripción de los cráneos de algunos individuos que fueron sacrificados en el estudio y luego confirmados molecularmente como *C. tener*, tomándose las siguientes medidas (en mm): largo total del cráneo (LC), profundidad del cráneo (PC), ancho de la caja craneana (ACC), longitud cóndilo-incisivo (LCI), ancho de los cóndilos occipitales (ACO), longitud del diastema (LD), longitud del puente palatino (LPP), longitud de los forámenes incisivos (LFI), ancho de los forámenes incisivos (AFI), longitud de la serie molar superior (LMM), ancho del primer molar superior (AM1), longitud orbital (LO), ancho interorbitario mínimo (AIO), ancho zigomático (AZ), ancho del rostro (AR), longitud del rostro (LR) y longitud de la bulla timpánica (LBT). El material óseo se encuentra depositado en la colección interna del Instituto Nacional de Medicina Tropical, Puerto Iguazú, Misiones. La manipulación se realizó siguiendo las normas para el manejo de animales potencialmente

transmisores de zoonosis y siguiendo las reglamentaciones establecidas en la Ley Nacional de Cuidado Animal (N° 14346).

De los individuos identificados morfológicamente como *C. tener* se amplificó un fragmento de 787 pb del gen mitocondrial citocromo b (cit-b) con las combinaciones de primers MVZ16 y MVZ05 (descriptos por Smith & Patton 1993). Las condiciones de ciclado fueron: desnaturalización inicial a 95 °C por 3 minutos; seguida de una amplificación repetida 35 ciclos que comprendió una desnaturalización a 93 °C por 45 segundos, un alineamiento (annealing) a 50 °C por 1 minuto, y una extensión a 72 °C por 1 minuto; por último, una fase de extensión final a 72 °C por 7 minutos. Los productos de las amplificaciones fueron secuenciados en Macrogen (Seúl, Corea del Sur). Adicionalmente, se obtuvieron todas las secuencias disponibles de ejemplares identificados como *C. tener* del GenBank. Esos ejemplares provinieron de Paraguay (4), Brasil (19), Bolivia (1) y

Argentina (7), completándose, al sumar los ejemplares provenientes de este trabajo, una muestra total de 35 secuencias APÉNDICE 1. El alineamiento múltiple se llevó a cabo con el software MEGA 7 (Kumar et al. 2016). Se calcularon las diferencias nucleotídicas y las distancias genéticas p para la muestra total. La diversidad molecular en el cit-b de *C. tener* fue evaluada con el software DnaSP v5.10 (Librado & Rosas 2009). Se calcularon los siguientes índices de diversidad genética: número de haplotipos (h), diversidad haplotípica (Hd), diversidad nucleotídica (π) y número de sitios segregantes (S). Para obtener los haplotipos correspondientes al conjunto de las secuencias estudiadas se utilizó el software DnaSP v5.10. Con los haplotipos se construyó una red mediante el software Network 5 (Bandelt et al. 1999) con el algoritmo Median Joining. La edición gráfica de la red se realizó con el programa CorelDraw.

RESULTADOS

Con un esfuerzo de 2 070 trampas noches se colectaron once roedores, de los cuales cuatro ejemplares se identificaron como *Calomys tener* basado en su morfología externa, del cráneo, mandíbula y molares (Fig. 2). Dichos ejemplares consistieron en una hembra no reproductiva capturada en un campo de yerba (HP19), dos hembras no reproductivas de un campo de eucalipto (HP23 y HP24) y una hembra reproductiva de un campo de mandioca y yerba (HP39) (Fig. 1, Tabla 1).

La masa corporal promedio de las hembras no reproductivas fue de 12.4 gramos (rango: 9.7 - 13.8), y sus medidas promedio en milímetros fueron de LT= 133.33 (rango: 119 -144); LCC = 74.66 (rango: 67 - 83); LC = 56.66 (rango: 49 - 61); LP = 13.4 (rango: 13 - 14); LO = 15.63 (rango: 15.2 - 16.1). Para la hembra reproductiva se registró una masa corporal de 16.1 gramos, un LT = 146; LCC = 83; LC = 66; LP = 12.7; LO = 9.2. Los cuatro ejemplares presentaron una coloración marrón en el dorso (en algunos más clara, casi rojiza) con una clara diferenciación del vientre blanquecino, pelos blanquecinos detrás de las orejas, mentón blanco, patas recubiertas por pelos blanquecinos que cubrían parcialmente las uñas, y una cola con una coloración más oscura en su porción dorsal en comparación con la ventral que era blanquecina (Fig. 2 a). Se midieron los cráneos de tres individuos (HP19, HP23 y HP24), cuyas medidas (mm) fueron (se anota el valor promedio): LC = 21.3; PC = 7.47; ACC = 9.3; LCI = 18.57, ACO = 5.5; LD = 5.9; LPP = 2.73; LFI = 4.7; AFI = 1.90; LM = 3.13, AM1 = 1; LO = 4.9; AIO = 39; AZ = 10.95; AR = 15.43; LR = 5.63; LBA = 4.8 (medidas individuales en Tabla 2).

Las secuencias del cit-b corroboraron la identificación de las cuatro hembras como *C. tener* mediante la herramienta básica de alineación BLAST (Basic Local Alignment Search Tool, disponible en

Tabla 2

Medidas craneales (mm) de tres individuos de *Calomys tener* capturados en la localidad de Wanda, departamento Iguazú, Misiones. Largo del cráneo (LC), profundidad del cráneo (PC), ancho de la caja craneana (ACC), longitud cóndilo-incisivo (LCI), ancho de los cóndilos occipitales (ACO), longitud del diastema (LD), longitud del puente palatino (LPP), longitud del foramen del incisivo (LFI), ancho del foramen del incisivo (AFI), longitud de la línea de molares maxilares (LMM), ancho del primer molar maxilar (AM1), longitud orbital (LO), ancho interorbital (AIO), ancho zigomático (AZ), ancho del rostro (AR), longitud del rostro (LR) y longitud de la bulla timpánica (LBT).

Abreviatura	HP19	HP23	HP24
LC	20.8	21.5	21.6
PC	7.8	7.6	7
ACC	8.4	9.8	9.7
LCI	19.5	18.3	17.9
ACO	5	6	5.5
LD	4.7	7	6
LPP	3	2.4	2.8
LFI	4.6	5.3	4.2
AFI	2.1	1.71	1.9
LM	3	2.9	3.5
AM1	1.1	1	0.9
LO	5	4.9	4.8
AIO	3.8	3.9	4
AZ	2.25	28	2.6
AR	4	4.3	38
LR	4.8	6.2	5.9
LBA	3.8	5.5	5.1

<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Las secuencias de *C. tener* tuvieron un rango de distancias genéticas p de 0 a 4.70%. Sin embargo, dos secuencias de Brasil (H28 y H29 en Fig. 3) presentaron un patrón mutacional divergente, lo que fue discutido e interpretado por González-Ittig et al. (2019) como producto de errores de secuenciación. Excluyendo esas secuencias, el valor máximo de distancias p disminuye a 1.78%. En el análisis de la muestra total se identificaron 76 sitios polimórficos que resultaron en 29 haplotipos diferentes. La diversidad haplotípica (Hd) fue de 0.987, mientras que la diversidad nucleotídica (π) fue de 0.0118. La red de haplotipos generada a partir de las secuencias de *C. tener* (Fig. 3) no evidencia un patrón definido de distribución geográfica de la variabilidad genética.

DISCUSIÓN

Los nuevos registros obtenidos en este trabajo amplían la distribución de *C. tener* al norte de la pro-

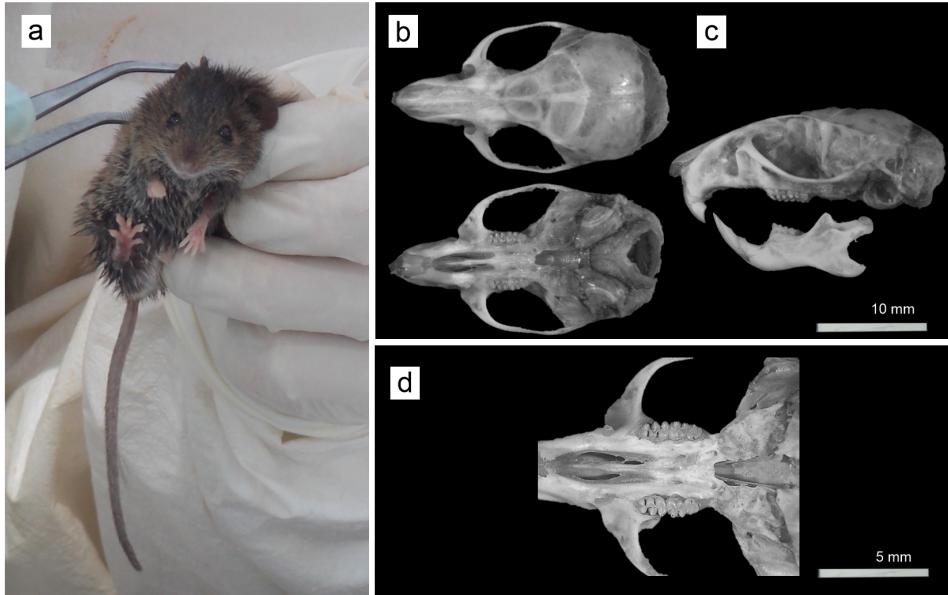


Fig. 2. a) Vista corporal externa, b) vista dorsal (arriba) y ventral (abajo) del cráneo, c) vista lateral del cráneo y labial de la hemimandíbula izquierda y d) detalle del paladar y molares del individuo HP23 de *Calomys tener* capturado en un campo de monocultivo de yerba en la localidad de Wanda, departamento Iguazú, Misiones.

vincia de Misiones y reafirman su presencia en la misma. Los ejemplares aquí descritos fueron capturados en áreas antropizadas, donde el bosque nativo fue reemplazado por cultivos. Sumado a los registros que se conocen en Misiones hasta el momento, donde no hay reportes de la especie en áreas más conservadas de bosque, todo indica que se trata de una especie altamente adaptada a la modificación del hábitat, que puede tolerar la presencia humana y los cambios constantes en el ambiente producto de las técnicas de cultivo. En Brasil, ha sido registrada por Quintela et al. (2014) en el Bosque Atlántico; sin embargo, es una especie que habita principalmente sabanas, como las presentes en la región del Cerrado y Pampas de dicho país (Bonvicino et al. 2008; Salazar-Bravo 2015). Esto sugiere que, en la zona norte de Argentina, caracterizada por su amplia porción de Bosque Atlántico, *C. tener* puede estar utilizando las áreas de cultivo como corredores para su propia expansión, dado que estas modificaciones tienen como resultado la transformación del ambiente de selva a ambientes abiertos de pastizales, similares a los que existen en los hábitats naturales de la especie. El aprovechamiento de las áreas agrícolas también ha sido sugerido para otras especies del mismo género, como *C. laucha* y *C. musculinus* en Argentina, lo cual está sustentado por estudios paleoecológicos (Pardiñas et

al. 2000; Teta et al. 2014), genéticos (González-Ittig et al. 2007) y ecológicos (Bilenca & Kravetz 1995; Fraschina et al. 2012, 2014; Nanni et al. 2012; De Tommaso et al. 2014).

En *C. tener*, excluyendo las secuencias conflictivas (González-Ittig et al. 2019), los valores de distancias genéticas del cit-b se encuentran dentro del rango intraespecífico observado en otros roedores (Baker & Bradley 2006). La falta de un patrón definido de distribución geográfica de la variabilidad genética obtenida en este trabajo es concordante con resultados previos (González-Ittig et al. 2019); sin embargo, se observan muy pocos haplotipos compartidos entre los países en los que se distribuye este taxón, sugiriendo cierta estructuración geográfica y una historia evolutiva compleja en la región. Si bien el trabajo de González-Ittig et al. (2019) ha cubierto una gran parte del rango geográfico de la especie, el bajo número de muestras de cada región podría influenciar este resultado.

Las secuencias obtenidas en este trabajo se agrupan en dos haplotipos diferentes con importante divergencia. Por un lado, el haplotipo H16 incluye la secuencia del ejemplar HP19 junto con dos más que también pertenecen a Misiones (LTU341 y LTU342) y que fueron obtenidas por González-Ittig et al. (2019). Por otro lado, el haplotipo H19 es

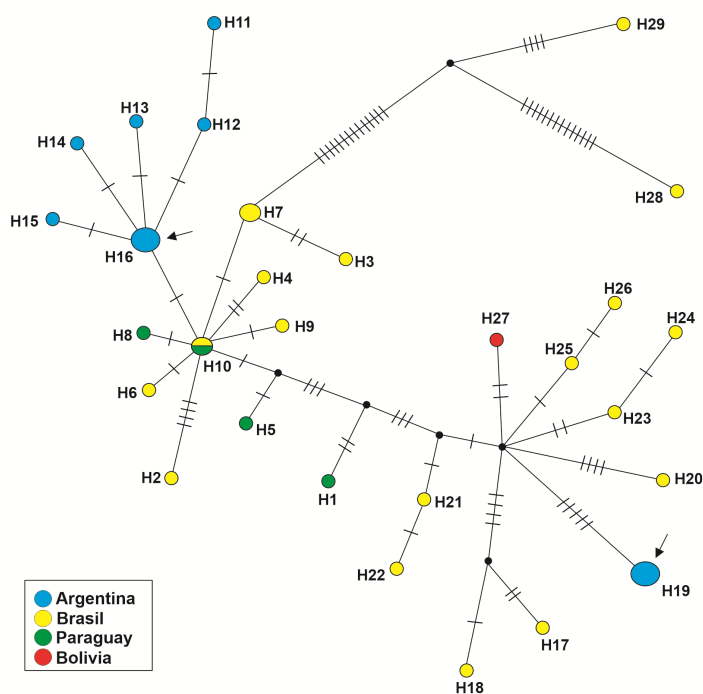


Fig. 3. Rede de haplotipos mitocondriales de ejemplares de *Calomys tener*. El tamaño de los círculos indica la frecuencia de los haplotipos. Los colores representan a los países donde fue detectado cada haplotipo. Los pasos mutacionales entre haplotipos diferentes se representan con pequeñas líneas negras perpendiculares. Los círculos negros corresponden a haplotipos hipotéticos. Las flechas indican los haplotipos que incluyen las secuencias de los individuos capturados en este estudio.

compartido por los ejemplares HP23, HP24 y HP39 y se ubica en otro extremo de la red. Este haplotipo es exclusivo de Argentina y descrito por primera vez en este trabajo. La presencia de haplotipos divergentes en Misiones muestra una variabilidad genética importante y única en esta zona. En la red se observa que el haplotipo H19 se diferencia del H16 por muchos pasos mutacionales (14). Además, el H19 se encuentra más relacionado con haplotipos provenientes del centro y sur de Brasil (H17, H18, H20, H21, H22, H23, H24, H25, H26) y con el único haplotipo de Bolivia (H27) conocido. Por su parte, el H16 se agrupa con los haplotipos restantes de Argentina (H11, H12, H13, H14, H15), con haplotipos provenientes del centro y sur de Brasil (H2, H3, H4, H6, H7, H9, H10) y de Paraguay (H1, H5, H8, H10). La importante divergencia de los haplotipos mitocondriales encontrados en Argentina indica que el ingreso de *C. tener* a este país incluyó ejemplares con distintos linajes mitocondriales, lo cual pudo haberse producido por una colonización múltiple desde diferentes áreas geográficas. Este ingreso parece ser reciente, como lo indica la ausencia de registros

antiguos para esta especie. Si bien los datos moleculares no muestran una expansión reciente (este trabajo, González-Ittig et al. 2019), son altamente sensitivos al tamaño de la muestra. Así, considerando el pequeño número de ejemplares analizados (debido a que la especie no es capturada frecuentemente), los resultados obtenidos hasta el momento deberían ser complementados con un estudio filogeográfico más extensivo. Adicionalmente, la integración de los datos genéticos con estudios ecoparasitológicos es clave para proveer información de la dinámica poblacional de *C. tener* y sus patógenos.

Lo aquí discutido resalta la necesidad de continuar con trabajos conjuntos de taxonomía, genética, ecología y parasitología de esta especie y especies relacionadas en la provincia, para sentar bases para su conservación, monitoreo y prevención de enfermedades zoonóticas de las cuales son potencialmente transmisoras.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Dr. P. Teta por sus comentarios y ayuda en la identificación de los cráneos de los individuos aquí repor-

tados. A los Sres. N. Molina y R. Sosa por su asistencia a campo, a los propietarios de los campos por su predisposición y entusiasmo con el proyecto, y al Ministerio de Ecología y Recursos Naturales Renovables de la Provincia de Misiones, por los permisos otorgados. El trabajo ha sido financiado por la Universidad de Buenos Aires (UBACyT 2018-202020170100171BA), la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (PICT 2016-0537, PICT-2018-01652), CONICET (PIP 2015-11220150100536CO), INMeT-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán" la Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos.

LITERATURA CITADA

- ALMEIDA, F. C., C. R. BONVICINO, & P. CORDEIRO-ESTRELA. 2007. Phylogeny and temporal diversification of *Calomys* (Rodentia, Sigmodontinae): Implications for the biogeography of an endemic genus of the open/dry biomes of South America. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42:449-466. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.07.005>
- BAKER, R. J., & R. D. BRADLEY. 2006. Speciation in Mammals and the Genetic Species Concept. *Journal of Mammalogy* 87(4):643-662. <https://doi.org/10.1644/06-MAMM-F-038R2.1>
- BILENCA, D. N., & F. O. KRAVETZ. 1995. Patrones de abundancia relativa en ensambles de pequeños roedores, de la región pampeana. *Ecología Austral* 5:21-30.
- BONVICINO, C. R., J. A. DE OLIVEIRA & R. GENTILE. 2010. A new species of *Calomys* (Rodentia: Sigmodontinae) from Eastern Brazil. *Zootaxa* 25:19-35. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.2336.1.2>
- BONVICINO, C. R., J. OLIVEIRA, & A. P. S. D'ANDREA. 2008. Guía dos Roedores do Brasil, com chaves para gêneros baseadas em caracteres externos. Rio de Janeiro: Centro Pan-Americano de Febre Aftosa - OPAS/OMS. <https://iris.paho.org/handle/10665/2/49675>
- DE TOMMASO, D. C., A. E. FORMOSO, P. TETA, D. E. DE UDRIZAR SAUTHIER, & U. F. J. PARDIÑAS. 2014. Distribución geográfica de *Calomys musculus* (Rodentia, Sigmodontinae) en Patagonia. *Mastozoología Neotropical* 21:121-127. <https://doi.org/10.31687/sarem.21.28.1.0.09>
- FIGUEIREDO, G. G. ET AL. 2010. Diagnosis of hantavirus infection in humans and rodents in Ribeirão Preto, State of Sao Paulo, Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 43:348-354. <https://doi.org/10.1590/s0037-86822010000400002>
- FRASCHINA, J., V. A. LEÓN, & M. BUSCH. 2012. Long-term variations in rodent abundance in a rural landscape of the Pampas, Argentina. *Ecological Research* 27:191-202. <https://doi.org/10.1007/s11284-011-0888-2>
- FRASCHINA, J., V. A. LEÓN, & M. BUSCH. 2014. Role of Landscape Scale in the Distribution of Rodents in an Agroecosystem of Argentina. *Journal of Agricultural Science* 6:22-35. <https://doi.org/10.5539/jas.v6n12p22>
- GALLIARI, C. A., & U. F. J. PARDIÑAS. 2021. Roedores sigmodontinos de la Provincia de Misiones (Argentina): Síntesis de datos en una década de muestreos esporádicos. *Ecología en Bolivia* 56:42-64. <https://doi.org/10.35537/10915/52538>
- GONZÁLEZ-ITTIG, R. E., J. L. PATTON, & C. N. GARDENAL. 2007. The analysis of cytochrome b nucleotide diversity confirms a recent range expansion in *Calomys musculus* (Rodentia, Muridae). *Journal of Mammalogy* 88:777-783. <https://doi.org/10.1644/06-MAMM-A-091R1.1>
- GONZÁLEZ-ITTIG, R. E., N. P. KANDEL, S. LEVIS, G. CALDERÓN, J. SALAZAR-BRAVO, & C. N. CARDENAL. 2014. Molecular systematics of the South American rodent *Calomys laucha* (Cricetidae: Sigmodontinae), a reservoir of the Laguna Negra hantavirus. *Canadian Journal of Zoology*:1093-1098. <https://doi.org/10.1139/cjz-2014-0133>
- GONZÁLEZ-ITTIG, R. E., N. P. KANDEL, C. R. BONVICINO, & J. SALAZAR-BRAVO. 2019. Does the widely distributed rodent *Calomys tener* (Cricetidae: Sigmodontinae) constitute a single evolutionary unit? *Zoologia* 36:1-11. <https://doi.org/10.3897/zoologia.36.e30354>
- KUMAR, S., G. STECHER, & K. TAMURA. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33:1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- LANZONE, C., D. CARDOZO, D. M. SÁNCHEZ, D. A. MARTÍ, & R. A. OJEDA. 2016. Chromosomal variability and evolution in the tribe Phyllotini (Rodentia, Cricetidae, Sigmodontinae). *Mammal Research* 61:373-382. <https://doi.org/10.1007/s13364-016-0286-9>
- LANZONE, C., C. A. LABARONI, A. FORMOSO, L. M. BUSCHIAZZO, F. DA ROSA, & P. TETA. 2018. Diversidad, sistemática y conservación de roedores en el extremo sudoccidental del Bosque Atlántico Interior. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales* 20:151-164. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/102712-https://doi.org/10.22179/revmacn.20.566>
- LEITE, Y. & B. PATTERSON. 2016. *Calomys tener* (errata version published in 2017). The IUCN Red List of Threatened Species 2016.: e.t3617a115066286. <https://dx.doi.org/10.2305/iucn.uk.2016-3.rlts.t3617a22335203>. Visitado por último a 26 de noviembre de 2021. <https://doi.org/10.2305/iucn.uk.2016-3.rlts.t3617a22335203.en>
- LIBRADO, P., & J. ROSAS. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25:1451-1452. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp187>
- MASSOIA, E. 1988. Presas de *Tyto alba* en Campo Ramón, departamento Oberá, provincia de Misiones. *APRONA* 7:4:16.
- MASSOIA, E., J. CHEBEZ, & A. BOSSO. 2006. Los mamíferos silvestres de la provincia de Misiones, Argentina. Editorial LOLA.
- NANNI, A. S., P. E. ORTIZ, J. P. JAYAT, & E. MARTÍN. 2012. Variación estacional de la dieta de la lechuzca de campanario (*Tyto Alba*) en un ambiente perturbado del Chaco Seco argentino. *Hornero* 27:149-157. http://hdl.handle.net/20.500.12110/hornero_v027_n02_p149-https://doi.org/10.25260/ea.17.27.3.0.505
- PARDIÑAS, U. F. J., G. J. MOREIRA, C. GARCÍA-ESPONDA, & L. J. M. DE SANTIS. 2000. Deterioro ambiental y micromamíferos durante el Holoceno en el nordeste de la estepa patagónica (Argentina). *Revista Chilena de Historia Natural* 73:9-21. <https://doi.org/10.4067/s0716-078x2000000100002>
- QUINTELA, F. M., E. C. DA SILVEIRA, D. G. DELLAGNESE, & C. V. CADEMARTORI. 2014. *Calomys tener* (Winge, 1887) (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae): Filling gaps. *Check List* 10:650-654. <https://doi.org/10.15560/10.3.650>
- SALAZAR-BRAVO, J. 2015. Genus *Calomys* Waterhouse, 1837. P. *Mammals of South America*, volume 2: rodents (J. M. Patton, G. D'Elia & U. F. J. Pardiñas, eds.). University of Chicago Press, Chicago. <https://doi.org/10.7208/chicago/9780226169606.001.0001>
- SMITH, M. F., & J. L. PATTON. 1993. The diversification of South American murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data for the akodontine tribe. *Biological Journal of the Linnean Society*. 50(3):149-177. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.1993.tb00924.x>
- TETA, P., A. FORMOSO, & M. TAMMONE. 2014. Micromamíferos, cambio climático e impacto antrópico: ¿Cuánto han cambiado las comunidades del sur de América del Sur en los últimos 500 años? *Therya* 5:7-38. <https://doi.org/10.12933/therya-14-183>
- TETA, P., R. E. GONZÁLEZ-ITTIG, E. M. GONZÁLEZ, U. F. J. PARDIÑAS, & J. SALAZAR-BRAVO. 2017. Notes on the taxonomy of *Calomys laucha* (Rodentia, Cricetidae), with the designation of a neotype. *Mastozoología Neotropical* 24:419-429.
- TETA, P. 2019. *Calomys tener*. S. AYOYDS-SAREM (eds.). Categorización 2019 de los mamíferos de Argentina según su riesgo de extinción. Lista Roja de los mamíferos de Argentina. <http://cma.sarem.org.ar/http://doi.org/10.31687/SaremLR.19.303>

Apéndice 1: Número de acceso al GenBank de las secuencias utilizadas en la construcción de la red de haplotipos (entre paréntesis se indica el número del ejemplar del cual provienen), detallando la localidad, provincia/estado, país de origen, haplotipo y referencias bibliográficas correspondientes a cada una. Las siglas RN, Ea. y Rva. nat. corresponden a Ruta Nacional, Estancia y Reserva Natural respectivamente.

Número de acceso (Ejemplar)	Localidad	Provincia/ Estado	País	Haplotipo	Referencia
OL744327 (HP 19)	Wanda	Misiones	Argentina	H16	Este trabajo
OL744324 (HP 23)	Wanda	Misiones	Argentina	H19	Este trabajo
OL744325 (HP 24)	Wanda	Misiones	Argentina	H19	Este trabajo
OL744326 (HP 39)	Wanda	Misiones	Argentina	H19	Este trabajo
KX987856 (LTU341)	RN 12 y Arroyo Itaembé Mini	Misiones	Argentina	H16	(González-Ittig et al. 2019)
KX987846 (LTU342)	RN 12 y Arroyo Itaembé Mini	Misiones	Argentina	H16	(González-Ittig et al. 2019)
KX987850 (LTU726)	Estancia Santa Inés	Misiones	Argentina	H12	(González-Ittig et al. 2019)
KX987849 (LTU711)	Estancia Santa Inés	Misiones	Argentina	H11	(González-Ittig et al. 2019)
KX987848 (LTU692)	Estancia Santa Inés	Misiones	Argentina	H13	(González-Ittig et al. 2019)
KX987847 (LTU687)	Estancia Santa Inés	Misiones	Argentina	H14	(González-Ittig et al. 2019)
KF917370 (34769)	Leandro N. Alem	Misiones	Argentina	H15	(González-Ittig et al. 2014)
AF385595 (NK21054)	Santa Rosa de La Roca	Santa Cruz	Bolivia	H27	(Salazar-Bravo et al. 2001)
KX987845 (FMRP-USP96)	Franca	São Paulo	Brasil	H9	(González-Ittig et al. 2019)
KX987844 (CRB495)	Corumbá de Goiás	Goiás	Brasil	H25	(González-Ittig et al. 2019)
KX987843 (CPV432)	Cajuru	São Paulo	Brasil	H3	(González-Ittig et al. 2019)
KX987842 (CPV425)	Cajuru	São Paulo	Brasil	H7	(González-Ittig et al. 2019)
JX975467 (MCN-MAM42)	Banhado Grande	Rio Grande do Sul	Brasil	H17	(Quintela et al. 2014)
AF385597 (NK42183)	Tupi Paulista	São Paulo	Brasil	H28	(Salazar-Bravo et al. 2001)
AF385596 (NK42140)	Tupi Paulista	São Paulo	Brasil	H29	(Salazar-Bravo et al. 2001)
DQ447302 (CRB2382)	Mimoso de Goiás	Goiás	Brasil	H26	(Almeida et al. 2007)
DQ447301 (CRB1590)	Jaborandi	Bahia	Brasil	H21	(Almeida et al. 2007)
DQ447300 (CRB1584)	Jaborandi	Bahia	Brasil	H22	(Almeida et al. 2007)
DQ447299 (CRB1558)	Jaborandi	Bahia	Brasil	H23	(Almeida et al. 2007)
DQ447298 (CRB1549)	Jaborandi	Bahia	Brasil	H24	(Almeida et al. 2007)
DQ447297 (CRB1220)	Pedreira	São Paulo	Brasil	H4	(Almeida et al. 2007)
DQ447296 (CRB1219)	Pedreira	São Paulo	Brasil	H7	(Almeida et al. 2007)
DQ447295 (CRB503)	Corumbá de Goiás	Goiás	Brasil	H20	(Almeida et al. 2007)
DQ447294 (EM1135)	Campinas	São Paulo	Brasil	H6	(Almeida et al. 2007)
AY964055 (AN2557)	Aliança do Tocantins	Tocantins	Brasil	H10	(Haag et al. 2007)
AY9664054 (AFV02)	Quintão	Rio Grande do Sul	Brasil	H18	(Haag et al. 2007)
AY964053 (MN36437)	Serra da Mesa	Goiás	Brasil	H2	(Haag et al. 2007)
KF917377 (TK66069)	Estancia San Felipe	Ñeembucú	Paraguay	H8	(González-Ittig et al. 2014)
KF917376 (TK63984)	Rva. Nat. Bosque Mbaracayú	Canindeyú	Paraguay	H10	(González-Ittig et al. 2014)
KX987853 (TK63769)	Ea. Golondrina	Caazapá	Paraguay	H1	(González-Ittig et al. 2019)
KX987852 (TK63733)	Rva. Nat. Privada Ypeti	Caazapá	Paraguay	H5	(González-Ittig et al. 2019)