



Evento: XXXIV Seminário de Iniciação Científica ▾

## **ESTUDO DA RELAÇÃO FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES DO GÊNERO *PANTHERA* UTILIZANDO O GENE COI E *HERPAILURUS YAGOUAROUNDI* COMO GRUPO EXTERNO<sup>1</sup>**

**Helena Krauzer Zielinski<sup>2</sup>, Manuela de Oliveira Dias<sup>3</sup>, Juliana Maria Fachinetto<sup>4</sup>,  
Giuliam Kátia Strücker<sup>5</sup>, Rafael Schneider Costa<sup>6</sup>**

<sup>1</sup> Trabalho realizado durante a disciplina Genética Geral e Evolução do curso de graduação em Ciências Biológicas e do Programa de Educação Tutorial (PET) da Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (UNIJUI).

<sup>2</sup> Acadêmica do Curso de graduação em Ciências Biológicas da UNIJUI - [helena.zielinski@sou.unijui.edu.br](mailto:helena.zielinski@sou.unijui.edu.br).

<sup>3</sup> Acadêmica do Curso de graduação em Ciências Biológicas e bolsista do Programa de Educação Tutorial (PET) do curso de Ciências Biológicas da UNIJUI - [manuela.dias@sou.unijui.edu.br](mailto:manuela.dias@sou.unijui.edu.br).

<sup>4</sup> Professora da Disciplina de Genética Geral e Evolução do curso de Graduação em Ciências Biológicas da UNIJUI, docente do Programa de Pós Graduação em Sistemas Ambientais e Sustentabilidade (PPGSAS - UNIJUI/UPF) - [juliana.fachinetto@unijui.edu.br](mailto:juliana.fachinetto@unijui.edu.br)

<sup>5</sup> Tutora do PET Ciências Biológicas, docente do curso de Graduação em Ciências Biológicas da UNIJUI - [giuliam.strucker@unijui.edu.br](mailto:giuliam.strucker@unijui.edu.br).

<sup>6</sup> Mestrando do Programa de Pós Graduação em Sistemas Ambientais e Sustentabilidade (PPGSAS - UNIJUI/UPF), bolsista PROSUC/CAPEs - [rafael.costa@sou.unijui.edu.br](mailto:rafael.costa@sou.unijui.edu.br)

### **INTRODUÇÃO**

A família Felidae reúne espécies de grande importância ecológica nos ecossistemas terrestres, atuando como predadores de topo e contribuindo para o equilíbrio das cadeias alimentares (Sunquist; Sunquist, 2002). O presente estudo teve como foco a reconstrução das relações filogenéticas entre representantes do gênero *Panthera* Oken (1816), utilizando as espécies *Panthera pardus* (Linnaeus, 1758), *Panthera tigris tigris* Linnaeus (1758), *Panthera leo* Linnaeus (1758), *Panthera onca* Linnaeus (1758) e *Uncia uncia* Schreber (1775).

Embora neste trabalho tenha sido adotada a nomenclatura *Uncia uncia*, a posição taxonômica do leopardo-das-neves tem sido amplamente discutida (Kitchener et al., 2017). Estudos filogenéticos baseados em dados moleculares demonstraram que essa espécie está inserida no mesmo clado das demais espécies do gênero *Panthera*, sendo atualmente reconhecida por diversos autores e bases taxonômicas como *Panthera uncia* Schreber (1775). Dessa forma, independentemente da nomenclatura empregada, sua inclusão no grupo interno é justificada pelas evidências evolutivas que indicam um ancestral comum compartilhado com os demais grandes felinos, reforçando sua proximidade filogenética.



O objetivo deste trabalho foi construir uma árvore filogenética com base em sequências do gene COI (Citocromo c Oxidase Subunidade I) de cinco espécies do gênero *Panthera*, utilizando o *Herpailurus yagouaroundi* E. Geoffroy Saint-Hilaire (1803) como grupo externo para o enraizamento da árvore e a inferência das relações evolutivas entre os táxons. O estudo das relações filogenéticas dos felinos está relacionado ao Objetivo de Desenvolvimento Sustentável (ODS) 15 – Vida Terrestre, que busca proteger, recuperar e promover o uso sustentável dos ecossistemas terrestres (Brasil, 2024). Nesse contexto, compreender as relações evolutivas entre os grandes felinos fornece subsídios para o planejamento de estratégias de conservação, o manejo de populações ameaçadas e a preservação da diversidade genética (Trindade, 2015; Santos, 2019).

## METODOLOGIA

O estudo foi realizado por meio de análise filogenética molecular utilizando sequências gênicas disponíveis no banco de dados *GenBank* (*National Center for Biotechnology Information*, 2026). Inicialmente, foram selecionadas espécies da família Felidae pertencentes ao gênero *Panthera*, constituindo o grupo interno da análise: *P. pardus* (Leopardo), *P. tigris tigris* (Tigre), *P. leo* (Leão), *P. onca* (Onça), e *U. uncia* (leopardo-das-neves). Como grupo externo foi utilizada a espécie *H. yagouaroundi* (Jaguarundi). As sequências do gene COI (Citocromo c Oxidase Subunidade I) foram obtidas na plataforma *GenBank* (*National Center for Biotechnology Information*, 2026), a partir da pesquisa das espécies pertencentes ao gênero selecionado.

O alinhamento das sequências foi realizado no software MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) (Kumar et al., 2024), utilizando o algoritmo MUSCLE (*Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation*) com os parâmetros padrão.

Em seguida, a partir do alinhamento foram obtidos o número total de sítios, os sítios variáveis (V) e os sítios parcimoniosamente informativos (Pi). A reconstrução filogenética foi realizada pelo método de Máxima Parcimônia (*Maximum Parsimony*), utilizando busca heurística com algoritmo TBR (*Tree Bisection and Reconnection*) e suporte estatístico obtido por *bootstrap* com 10.000 repetições, permitindo estimar o suporte estatístico dos ramos e



conferir maior robustez à interpretação das relações filogenéticas observadas (Kumar et al., 2024).

A árvore de consenso gerada foi enraizada utilizando *H. yagouaroundi* como grupo externo, permitindo definir a direção das relações evolutivas e identificar os eventos de divergência entre os táxons analisados. Em seguida, foi calculada a árvore condensada com limite de 60% de suporte *bootstrap*.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise filogenética foi realizada utilizando sequências de DNA de 160 pares de bases (pb). O alinhamento apresentou 131 sítios variáveis (81,8% do total), dos quais 46 foram parcimoniosamente informativos, indicando que apenas parte da variabilidade observada contribuiu efetivamente para a reconstrução das relações evolutivas entre as espécies.

A topologia evidenciou *P. tigris tigris* e *P. leo* como espécies-irmãs, com elevado suporte de bootstrap (98%). *P. pardus* e *Uncia uncia* formaram um agrupamento juntamente com *P. tigris tigris* e *P. leo*, sustentado por bootstrap de 59%, enquanto *P. onca* não se agrupou com as espécies do grupo interno formando um grupo polifilético (Figura 1). Embora essa configuração difira parcialmente das filogenias baseadas em genomas completos (Trindade, 2015; Santos, 2019), essa divergência pode ser explicada pela discordância genealógica, fenômeno comum em grupos que passaram por rápida diversificação evolutiva e eventos históricos de hibridação (Santos, 2019).

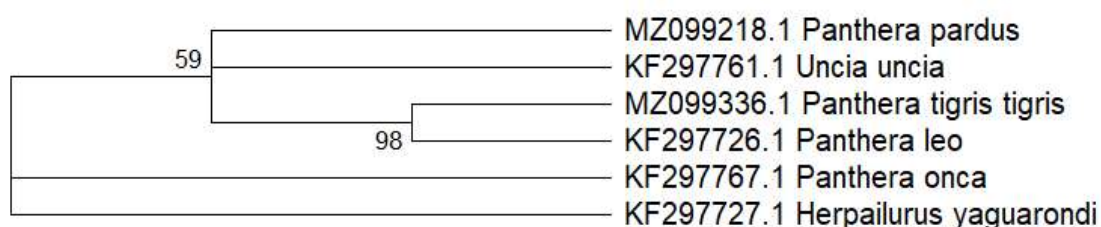


FIGURA 1: Árvore filogenética obtida para as espécies do gênero *Panthera*.

O Leão (*Panthera leo*), e tigre (*Panthera tigris tigris*) compartilham grande porte corporal e adaptações para a caça de grandes presas, enquanto leopardo (*Panthera pardus*) e



leopardo-das-neves (*Uncia uncia*) apresentam características relacionadas à agilidade e à ocupação de ambientes florestais e montanhosos (Sunquist; Sunquist, 2002). A distribuição geográfica das espécies entre África, Ásia e Américas também evidencia que processos de isolamento populacional contribuíram para sua diversificação ao longo da evolução (Sunquist; Sunquist, 2002; Kitchener et al., 2017).

Os índices filogenéticos indicaram boa qualidade da reconstrução. O comprimento da árvore (*Tree Length* = 160) representa o número mínimo de mudanças evolutivas necessárias para explicar os dados analisados. O Índice de Consistência (CI = 0,831) demonstrou baixa ocorrência de homoplasias e elevado ajuste dos caracteres à árvore, enquanto o Índice de Retenção (RI = 0,471) indicou retenção moderada das sinapomorfias. Para os sítios informativos, os valores de iCI = 0,635 e iRI = 0,471.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise filogenética realizada com sequências do gene COI permitiu reconstruir as relações evolutivas entre as espécies analisadas da família Felidae. Mesmo com um fragmento relativamente curto de DNA, foi possível obter uma hipótese filogenética consistente. Os resultados reforçam a importância das ferramentas de filogenia molecular para a compreensão da história evolutiva dos grandes felinos, contribuindo para o conhecimento da diversidade genética e dos processos de especiação que moldaram esse grupo.

Por fim, o estudo evidencia a relevância das análises filogenéticas como base científica para ações de conservação da biodiversidade. O conhecimento das relações evolutivas entre os grandes felinos fornece informações importantes para o manejo de populações, a definição de estratégias de conservação e a preservação da diversidade genética, contribuindo para a manutenção dos ecossistemas e da biodiversidade.

**Palavras-chave:** Filogenia. Panthera. Mapa filogenético.

## AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Educação Tutorial (PET) do curso de Graduação em Ciências Biológicas.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BRASIL. **Organização das Nações Unidas (ONU)**. Objetivos de Desenvolvimento Sustentável: ODS 15 – Vida Terrestre. 2024. Disponível em: <<https://brasil.un.org/pt-br/sdgs/15/key-activities>>. Acesso em: 22 jun. 2026.

KITCHENER, Andrew C. et al. A revised taxonomy of the Felidae: the final report of the Cat Classification Task Force of the IUCN Cat Specialist Group. **Cat News**, Gland, Special Issue, n. 11, p. 1–80, 2017.

KUMAR S, Stecher G, Suleski M, Sanderford M, Sharma S, and Tamura K (2024) Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 12 for adaptive and green computing. **Molecular Biology and Evolution** 41:1-9.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. GenBank. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/?term=Panthera+COI>>. Acesso em: 22 jun. 2026.

SANTOS, Sarah Helen Dias dos. **Filogenômica do Gênero *Panthera* (Mammalia, Felidae)**. Orientador: Eduardo Eizirik. 2019. 142 f. Dissertação (Mestrado em Ecologia e Evolução da Biodiversidade) – Escola de Ciências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2019. Disponível em: <[https://repositorio.pucrs.br/dspace/bitstream/10923/16222/6/DIS\\_SARAH\\_HELEN\\_DIAS\\_DOS\\_SANTOS\\_COMPLETO.pdf](https://repositorio.pucrs.br/dspace/bitstream/10923/16222/6/DIS_SARAH_HELEN_DIAS_DOS_SANTOS_COMPLETO.pdf)>. Acesso em: 22 jun. 2026.

SUNQUIST, Mel; SUNQUIST, Fiona. Wild cats of the world. Chicago: The University of Chicago Press, 2002.

TRINDADE, Fernanda de Jesus. Discordância genealógica e evolução adaptativa dos grandes felinos (*Panthera* spp.). In: **XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS**, 2015, Porto Alegre. Resumo. Porto Alegre: UFRGS, 2015. Disponível em: <[https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/137640/Resumo\\_43138.pdf?sequence=1](https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/137640/Resumo_43138.pdf?sequence=1)>. Acesso em: 22 jun. 2026.