

Ciências Biológicas

Status taxonômico de *Eptesicus chiriquinus* (Mammalia: Chiroptera) no Sudeste do Brasil

Maria Eduarda Pereira Santos - 7º módulo de Ciências Biológicas, UFLA, iniciação científica

Ivan Junqueira Lima - Coorientador DEC, UFLA

Renato Gregorin - Orientador DBI, UFLA - Orientador(a)

Resumo

A ordem Chiroptera é a segunda mais rica em espécies de mamíferos no Brasil, com enorme diversidade ecomorfológica. As espécies de morcegos descobertas basearam-se principalmente em caracteres fenotípicos, porém o uso de análises moleculares simples tem se tornado uma ferramenta útil e confiável para traçar relações de similaridade genética e para indicar a possibilidade de novas linhagens atualmente. Dentro do gênero *Eptesicus*, 3 espécies foram descritas com ocorrência na região sul-mineira, e uma outra espécie, *E. chiriquinus* (com ocorrência para o norte da América do Sul e Peru), foi registrada para o entorno de Lavras com base em um único exemplar e em caracteres estritamente morfológicos. Assim, o objetivo desse trabalho foi esclarecer o status taxonômico de espécimes de *Eptesicus* sul-mineiros através da extração, sequenciamento e análise do DNA mitocondrial, e através do nível de divergência genética observado nas relações filogenéticas propostas entre os indivíduos analisados. Este estudo faz parte de um projeto maior de DNA barcode em morcegos. Foi realizada a extração e amplificação do DNA de tecidos preservados de 30 espécimes de *Eptesicus* que estavam depositados na CMUFLA. O DNA foi extraído usando kits Qiagen® e depois as amostras foram quantificadas em um espectrofotômetro e amplificadas pelo método de PCR (primers específicos foram utilizados para os genes mitocondriais Citocromo b e COI). Todos os procedimentos foram efetuados no Laboratório Central de Biologia Molecular da UFLA. Adicionalmente, 25 sequências de DNA de outras espécies de *Eptesicus*, depositadas no GenBank, foram baixadas para compor o grupo amostral nos processos de alinhamento e geração das filogenias. Dois testes de PCR foram feitos com 6 amostras, o primeiro malsucedido e o segundo com êxito. Depois de reguladas as concentrações e proporções de PCR satisfatórias, novas rodadas de extração e quantificação foram realizadas abrangendo todas as amostras. Por fim, as amostras dos espécimes de *Eptesicus* da CMUFLA foram extraídas e quantificadas. As próximas etapas são o sequenciamento e análise bayesiana para analisar as relações de adjacência e níveis de divergência entre as amostras analisadas.

Palavras-Chave: Morcegos, DNA barcode, Filogenia.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Link do pitch: https://youtu.be/3F4sbLG_5Oc?si=z7DVbN5aUC3U1iKD