

Ciências Biológicas

CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA DE ESPÉCIES DE THYROPTERA (MAMMALIA: CHIROPTERA) BRASILEIRAS

Maria Eduarda Pereira Santos - 8º período de Ciências Biológicas (Bacharelado), UFLA, bolsista PIBIC/FAPEMIG.

Beatriz Gomes Gonçalves - 10º período de Ciências Biológicas (Licenciatura), UFLA, bolsista PIBIC/CNPq.

Ivan Junqueira Lima - Coorientador, Pós-graduando do Departamento de Ecologia, UFLA.

Renato Gregorin - Orientador, Professor do Departamento de Biologia, UFLA. - Orientador(a)

Resumo

A ordem Chiroptera é a segunda mais rica em espécies de mamíferos no Brasil, com enorme diversidade ecomorfológica. Historicamente, as espécies de morcegos foram descritas com base predominantemente em caracteres fenotípicos, porém, mais recentemente, o uso de dados moleculares têm se tornado uma ferramenta informativa e confiável para traçar relações de similaridade e para indicar a possibilidade de novas linhagens. Neste contexto está Thyroptera, um gênero de morcegos com poucas espécies, e duas descritas nos últimos anos, mas todas com base estritamente em dados morfológicos. Assim, o objetivo deste trabalho foi analisar a variação genética em algumas amostras de Thyroptera mediante a análise de mtDNA e, através do nível de divergência genética observado, traçar as relações filogenéticas entre os indivíduos analisados. Para isso, foi realizada a extração e amplificação do DNA de tecidos preservados de espécimes de Thyroptera que estavam depositados na CMUFLA e outros que foram cedidos por diversas instituições do Brasil. O DNA foi extraído usando kits Qiagen®, 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. Os resultados foram observados em géis de agarose 1%, porém todos os géis visualizados não apresentaram resultados satisfatórios, apresentando apenas poucas bandas visíveis, que podem não representar DNA por si só. De cada produto da extração, 1μL foi quantificado, porém a maioria dos resultados apresentaram baixa concentração de DNA (ng/μL), o que pode indicar falha na extração. Novas rodadas de extração com ajustes nas quantidades dos reagentes devem ser realizadas para que haja sucesso, tanto na extração, quanto na PCR e posterior sequenciamento. Obtendo êxito no sequenciamento, os próximos passos serão análise dos dados, geração de filogenias, escrita de monografia e artigos.

Palavras-Chave: Morcegos, DNA barcode, Filogenia.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/okGNZKDTsbM>