

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, 1&#956;L foi quantificado, porém a maioria dos resultados apresentaram baixa concentração de DNA (ng/&#956;L), 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>