

Análise cariotípica em *Hsunycteris thomasi* (Lonchophyllinae) por meio de citogenética clássica e molecular (FISH)

Costa, D.R.¹; Oliveira, E.H.²; Cioffi, M.B.³; Silva, R.S.⁴; Gomes, A. J. B.⁵

Abstract/Resumo

A subfamília Lonchophyllinae, inclui espécies de morcegos nectarívoros, que são distribuídas em 5 gêneros (*Lionycteris*, *Platalina*, *Xeronycteris*, *Lonchophylla* e *Hsunycteris*). *Hsunycteris thomasi* (HTH) corresponde a um novo gênero de pequenos morcegos anteriormente chamado de *Lonchophylla thomasi*. O gênero apresenta extensa variação cariotípicas: $2n = 30$, FN = 34; $2n = 32$, FN = 34, 38 e 40; $2n = 36$, FN = 48. Essa variação seria um indício de que o gênero possa incluir mais do que uma espécie. Marcadores cromossômicos, como bandeamentos e mapeamento de sequências repetitivas, têm contribuído para auxiliar na identificação e compreensão dos aspectos taxonômicos e evolutivos envolvidos na diferenciação de espécies. Na literatura, os dados citogenéticos clássicos e moleculares, para Lonchophyllinae, ainda são bastante escassos. Neste sentido, esse trabalho analisou citogeneticamente espécimes de *H. thomasi*, coletada no município de Abaetetuba, região Norte do Brasil, através de bandeamentos G, coloração AgNor; e moleculares, utilizando FISH com sondas teloméricas e 6 repetições microssatélites (GA), (GAG), (CAG), (CAC), (CAT) e (CGG). Nossos resultados demonstraram, $2n = 36$ e NF = 48. O complemento autossômico, apresenta 3 pares subtelocêntricos; 1 par submetacêntrico; 4 pares metacêntricos; e 9 pares acrocêntricos médios e pequenos; o cromossomo X um submetacêntrico médio. As NORs estão presentes na região terminal dos braços curtos de três pares de cromossomos. O DNA telomérico evidenciou marcações nas extremidades dos cromossomos. Nenhuma das sondas de microssatélites produziu marcações específicas em uma determinada região cromossômica. Ao invés, foram observadas marcações dispersas ao longo dos cromossomos. Todos os microssatélites, produziram uma distribuição dispersa, com intensidade de sinais discretos, exceto as marcações de GAG, que produziram sinais dispersos intensos. Muitos são os processos ou mecanismos genéticos que podem resultar em alterações cromossômicas numéricas/estruturais e muitas vezes sequências repetitivas de DNA estão envolvidas nesses processos. Essas sequências compreendem uma grande porção do genoma de *H. thomasi*. Assim, para uma melhor compreensão dos mecanismos que levaram à variação cariotípica nas populações de *H. thomasi*, é necessário mapear as sequências repetitivas nas outras populações dessa espécie.

Keyword/Palavras-chave: Morcegos; Lonchophyllinae; FISH

1 Graduada de Ciências Biológicas, IFPa, Abaetetuba-PA, dannyrodrigues25@gmail.com

2 Professor pesquisador, IEC/UFPA, Belém-PA

3 Professor pesquisador, UFSCar, São Carlos-SP

4 Mestrando em Genética e biologia Molecular

5 Professor pesquisador, IFPa, Abaetetuba-PA