

Filogenética de morcegos nectarívoros (Phyllostomidae: Lonchophyllinae) baseada em pintura cromossômica multidirecional (ZOO-FISH), com a descrição de dois novos citótipos para o gênero monotípico *Hsunnycteris*

Benathar, T.C.M.^{1,4}; Nagamachi, C.Y.^{1,7}; Geise, L.^{5,7};
Rodrigues, L.R.R.⁶; O'Brien, P.C.M.²; Ferguson-Smith, M. A.²;
Yang, F.³; Pieczarka, J. C.^{1,7}

Abstract/Resumo

A subfamília Lonchophyllinae foi recentemente dividida em duas tribos, Lonchophyllini e Hsunnycterini. Lonchophyllini abriga os gêneros *Lionycteris Lonchophylla*, *Platalina* e *Xeronycteris*. Hsunnycterini abriga o gênero *Hsunnycteris*, que, além de abrigar vários citótipos diferentes, também possui elevados níveis de divergência genética entre táxons coespecíficos, sugerindo que a sua diversidade está subestimada. A citogenética clássica, atrelada ao uso da pintura cromossômica multidirecional, permite comparações mais detalhadas entre os taxa e a identificação de rearranjos entre espécies e/ou gêneros, permitindo assim uma boa resolução de questões filogenéticas. Neste contexto, o presente estudo verifica a existência de possíveis variações cromossômicas intrapopulacionais atribuídas à *H. thomasi* através dos bandeamentos cromossômicos, como também investigar as relações evolutivas desta subfamília através da reconstrução filogenética baseada em pintura cromossômica multidirecional (ZOO-FISH), utilizando sondas de cromossomos totais de *Carollia brevicauda* e *Phyllostomus hastatus*. As análises filogenéticas foram realizadas utilizando métodos cladísticos baseados no critério de parcimônia, com o auxílio do software PAUP. Utilizamos como grupo externo as subfamílias Desmodontinae e Macrochinae, visando estabelecer um mapeamento cromossômico comparativo entre os gêneros *Hsunnycteris*, *Lionycteris* e *Lonchophylla*. Os resultados encontrados sugerem que os representantes da tribo Lonchophyllini (*Lionycteris* e *Lonchophylla*) estão intimamente relacionados, baseados nos dados cromossômicos (clássicos e moleculares), compartilhando a mesma morfologia cromossômica, número diploide ($2n = 28$), número fundamental ($FN = 50$) e associações sintênicas (PHA 1p/5p/3p, PHA 1q/8inv e PHA 5q/12p/9q). Observamos a presença de variação intraespecífica em *Hsunnycteris thomasi*, com $2n$ variando entre 30 a 36 cromossomos e NF variando de 38 a 48. Além disso descrevemos dois novos citótipos, $2n=36/NF=46$ e $2n=34/NF=48$. As associações sintênicas que apoiam o clado Hsunnycterini são PHA10/13p, PHA14/4/14 e inversão em PHA11. Os processos responsáveis pela diversificação cariotípica desta subfamília seriam translocações (Lonchophyllini), fusões e fissões (Hsunnycterini). As associações sintênicas PHA5/3, PHA14/4 e inversão em PHA8 podem ser consideradas como assinatura cromossômica que define a subfamília Lonchophyllinae. A nossa proposta filogenética mostra-se bem apoiada, congruente com a topologia molecular recente sobre a relação das tribos como taxa irmã, bem como a monofilia de Lonchophyllinae.

Keyword/Palavras-chave: Morcegos nectarívoros, ZOO-FISH; Filogenética

1 Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, Laboratório de Citogenética, ICB, Universidade Federal do Pará, Brasil, thaysebenathar@yahoo.com.br

2 Cambridge Resource Centre for Comparative Genomics, University of Cambridge, UK

3 Cytogenetics Facility, Wellcome Trust Sanger Institute, UK

4 Doutorado, Programa de Pós Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia (BIONORTE), Universidade Federal do Pará, Belém-PA, Brasil

5 Laboratório de Mastozoologia, Universidade do Estado do Rio de Janeiro; Rio de Janeiro-RJ, Brasil

6 Laboratório de Biodiversidade, Universidade do Oeste do Pará; Santarém-PA, Brasil

7 Pesquisador CNPQ