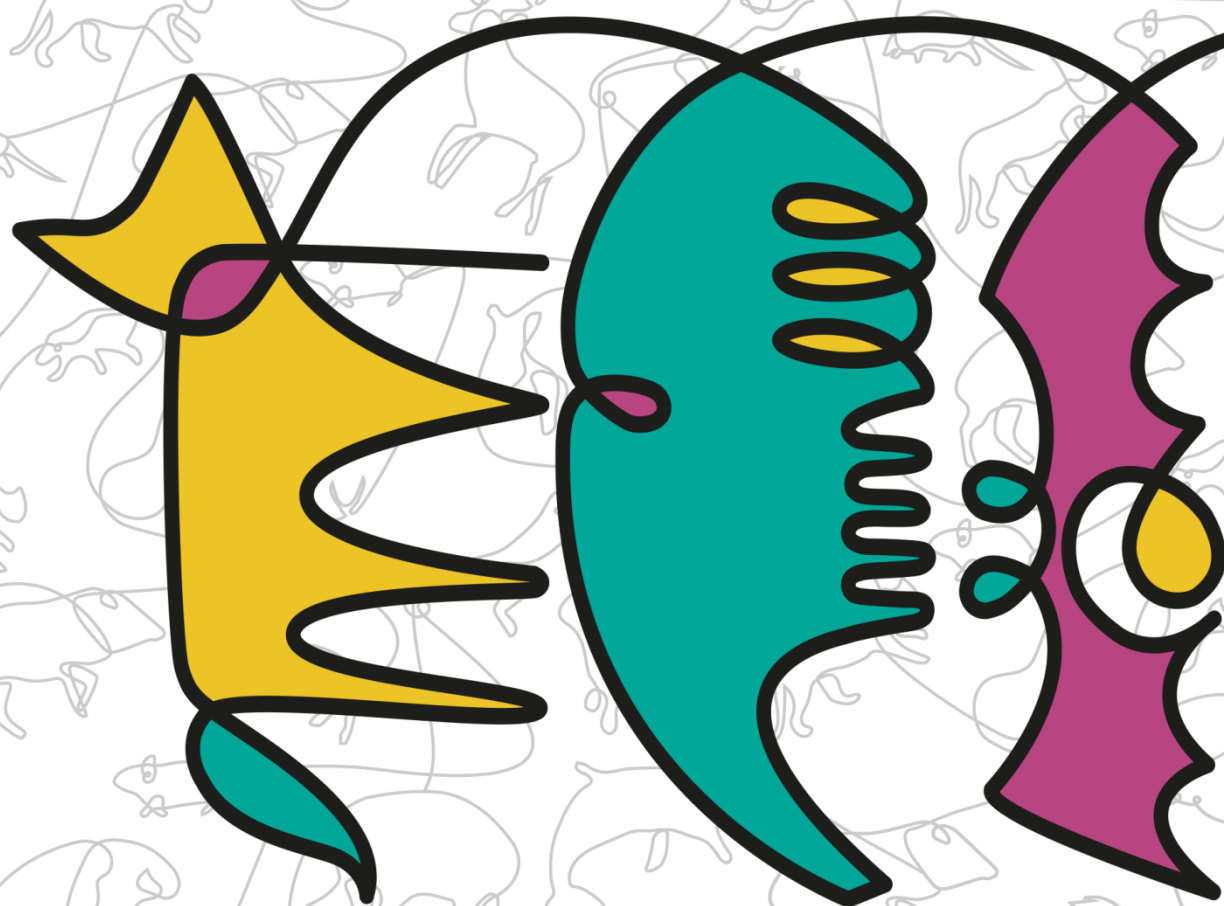




A inserção da mastozoologia na sociedade moderna



Livro de resumos 2017



Identificação molecular de pequenos mamíferos não-voadores do Parque Nacional da Serra da Bocaina

Yuri Luiz Reis Leite (UFES), Bruno Henrique de Castro Evaldt (UFES), Gabriela Colombo de Mendonça (UFES), Ana Carolina Loss (UFES), Ana Cláudia Delciellos (UFRJ), Oscar Rocha-Barbosa (UERJ)

E-mail: yuri_leite@yahoo.com

Algumas espécies podem formar um complexo de espécies crípticas, sendo tão parecidas morfológicamente que podem acabar sendo classificadas como uma espécie, apesar de representarem linhagens evolutivas independentes umas das outras. Tais complexos podem fazer com que a biodiversidade seja subestimada quando apenas caracteres morfológicos externos são usados em trabalhos taxonômicos, ignorando as diferentes abordagens como o uso de caracteres moleculares ou comportamentais. Técnicas de biologia molecular permitem que espécies sejam diagnosticadas através da análise de segmentos específicos de DNA, como por exemplo, o gene mitocondrial do citocromo b (CITB). O objetivo deste trabalho foi utilizar sequências de CITB para auxiliar na identificação de pequenos mamíferos não voadores e contribuir para o banco de dados moleculares representando a diversidade local. O estudo foi realizado no Parque Nacional da Serra da Bocaina (PNSB), um remanescente de Mata Atlântica localizado na divisa dos estados do Rio de Janeiro e São Paulo, com 104 mil hectares e altitudes de 0 a mais de 2.000 m. Inventários recentes registraram cerca de 20 espécies de pequenos mamíferos entre roedores e marsupiais no PNSB. Para a identificação molecular, amostras obtidas de tecidos da orelha e do fígado de espécimes coletados no PNSB foram submetidas ao protocolo de extração de DNA com sal ou kit. O perfil de amplificação do CITB incluiu desnaturação inicial a 94° C por 5 minutos; seguido de 33, 35 ou 39 ciclos de desnaturação a 94° C por 30 segundos, anelamento a 48° C por 30 segundos, e extensão a 72° C por 30 segundos; com extensão final a 72°C por 5 minutos. Os iniciadores utilizados foram MVZ05 pareado com MVZ16 ou MonoCYTB795R. As sequências obtidas foram alinhadas no programa Geneious R9, as espécies filogeneticamente mais próximas foram identificadas através da ferramenta BLAST e tiveram sua identidade confirmada por inferência bayesiana utilizando o programa BEAST v1.8.4, máxima-verossimilhança na plataforma CIPRES ou neighbor-joining disponível no MEGA 7. Foram identificadas amostras de 15 espécies: *Bucepattersonius soricinus*, *Drymoreomys albimaculatus*, *Guerlinguetus brasiliensis*, *Euryoryzomys russatus*, *Juliomys ossitenuis*, *Juliomys pictipes*, *Marmosops paulensis*, *Monodelphis iheringi*, *Monodelphis pinocchio*, *Monodelphis scalops*, *Phyllomys nigrispinus*, *Phyllomys sulinus*, *Rhipidomys itoan*, *Sooretamys angouya* e *Thaptomys nigrita*. Dentre essas, somente 4 (*G. brasiliensis*, *E. russatus*, *R. itoan* e *T. nigrita*) já haviam sido registradas no PNSB e as demais são registros inéditos no PNSB, sendo que *D. albimaculatus* e *P. sulinus* representaram os primeiros registros no estado do RJ. As análises moleculares permitiram a identificação de diversas espécies raras e/ou crípticas, contribuindo para o conhecimento da diversidade do PNSB e reforçando a aplicabilidade da prática de uma sistemática integrativa. As sequências de DNA geradas no presente estudo podem ser utilizadas como referência em trabalhos futuros, especialmente em estudos em que a coleta de exemplares é inviável, como alguns trabalhos nas áreas de ecologia, comportamento e conservação. Financiamento: DER-RJ/SEOBRA/UERJ e CAPES/FAPERJ (ACD), CAPES/FAPES (ACL), CNPQ (BHCE, GCM e YLRL).

Palavras-chave: Citocromo b, Didelphimorphia, inventário, Rodentia, Mata Atlântica.