

Sessão 10
Genética Animal B

071

INVESTIGAÇÃO DE PADRÕES DE DISTRIBUIÇÃO DAS SEQÜÊNCIAS DO GENE RAG2 EM UM TRANSECTO DA MATA ATLÂNTICA DE EXEMPLARES DE DUAS ESPÉCIES SIMPÁTRICAS DE MORCEGOS, ARTIBEUS LITURATUS E A. FIMBRIATUS (PHYLLOSTOMIDAE).

Ana Letícia da Silva Pereira, Cristina Freygang, Sergio Althof, Margarete Sune Mattevi (orient.) (ULBRA).

Morcegos são de particular interesse para a biologia evolutiva, pois devido a sua capacidade de voar a longas distâncias, podem trocar migrantes e manter populações unidas numa escala mais ampla através de fluxo gênico, apresentando, potencialmente, padrões de dispersão distintos daqueles apresentados pelos outros pequenos mamíferos que não voam. O gênero *Artibeus* de morcegos neotropicais em particular apresenta acentuada controvérsia, relacionada principalmente ao número de espécies existentes, pois, para muitos autores, admite diversas espécies crípticas. No presente trabalho estamos estudando os níveis de variabilidade e possível estruturação das populações de duas espécies deste gênero, *Artibeus lituratus* e *A. fimbriatus*, que apresentam particular interesse por ocorrerem em simpatria ao longo de parte representativa da Mata Atlântica. Além disto, *A. lituratus* é de distribuição geográfica ampla enquanto *A. fimbriatus* é de distribuição restrita. Está sendo seqüenciado o gene nuclear RAG2 de 26 amostras provenientes de 10 localidades distintas da Mata Atlântica de S. Catarina em um transecto Norte « Sul. Este gene, ativo nos linfócitos, desempenha importante função no sistema imune e vem sendo amplamente utilizado em análises filogenéticas de morcegos mostrando-se eficiente na resolução de problemas em vários níveis taxonômicos. A amplificação está sendo feita utilizando a técnica de PCR com os “primers” RAG2-F1 e RAG2-R. Para o seqüenciamento são utilizados os mesmos “primers” da amplificação. Os dados são analisados utilizando os programas CLUSTAL X, MEGA e BIOEDIT e comparados com os já obtidos com o estudo do gene mitocondrial do citocromo b para verificar se as relações filogenéticas encontradas anteriormente se mantêm. (PIBIC).