

Director/a: MERINO, Mariano

Co-Director/a: FERNANDEZ, Gabriela

Título del Trabajo Final: “El aporte de la herramienta molecular en la diferenciación a nivel específico: el caso del género *Myotis* (*Chiroptera-mammalia*) en el norte de Buenos Aires y Entre Ríos.”

Tesista: ACOSTA, Diana Belén

Resumen: Los murciélagos pertenecen al orden Chiroptera y es considerado uno de los mamíferos más diverso y abundante del mundo. En las últimas décadas se ha comenzado a reconocer su importancia para los ecosistemas y el hombre. El género *Myotis*, correspondiente a la familia *Vespertilionidae*, presenta cerca de 42 especies distribuidas en todo el mundo, siendo 10 las que habitan en Argentina. Cinco especies del género son politípicas y, entre ellas se destaca *Myotis levis*, que se distribuye en el sureste de Brasil, Uruguay y Argentina. Originalmente se propuso la designación de *M. levis dinellii* como una subespecie de *M. levis* debido a su distribución alopatrica. Posteriormente, *M. dinellii* y *M. levis* se consideraron especies plenas en base a características morfológicas y, más recientemente, se han descripto zonas de simpatria como el norte de la provincia de Buenos Aires y el sur de Entre Ríos. El objetivo del presente trabajo es evaluar posibles diferencias a nivel molecular, en individuos asignados en base a características morfológicas, a las dos especies de *Myotis* (*M. levis* y *M. dinellii*) en dos áreas de simpatria, para constatar la hipótesis de que *M. levis* y *M. dinellii* son especies plenas. Para ello, se analizaron 16 muestras de tejido obtenidas a partir de individuos provenientes de las siguientes poblaciones: Reserva “El Destino” (Partido de Magdalena, Buenos Aires) y “Quinta Arco Iris” (Departamento Islas del Ibicuy, Entre Ríos), para los que fue secuenciado una región de 649 pares de bases (pb) del gen mitocondrial del Citocromo b. Para la inferencia filogenética se utilizaron secuencias tomadas del GenBank de *M. levis*, como así también de *Myotis riparius* (especie que se encuentra en alopatría y simpatria a las especies de interés). Para el set de secuencias obtenidas se observaron 4 sitios variables (polimórficos), y 5 haplotipos. En el caso de la reconstrucción filogenética se produjeron dos grupos, uno está representado por todos los individuos previamente identificados como *M. levis* y *M. dinellii*, mientras que el otro está formado por *M. riparius*. De esta forma las evidencias moleculares no apoyan la hipótesis planteada a partir de datos morfológicos, en la cual *Myotis levis* y *Myotis dinellii* serían especies plenas.

Palabras claves: murciélago, Citocromo b, filogenética

Año de la defensa: 2014