

UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA
FACULTAD DE CIENCIAS Y HUMANIDADES



Actualización taxonómica y análisis molecular de murciélagos
filostómidos depositados en Colecciones biológicas de la Universidad
del Valle de Guatemala

Trabajo de graduación presentado por
Lesly Estefanie Sosa Mazariegos
para optar al grado académico de Licenciada en Biología

Guatemala

2026

UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA
FACULTAD DE CIENCIAS Y HUMANIDADES



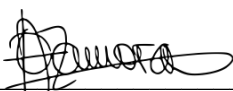
Actualización taxonómica y análisis molecular de murciélagos
filostómidos depositados en Colecciones biológicas de la Universidad
del Valle de Guatemala

Trabajo de graduación presentado por
Lesly Estefanie Sosa Mazariegos
para optar al grado académico de Licenciada en Biología

Guatemala

2026

Vo. Bo. Asesor principal:

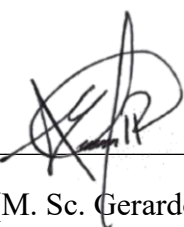
(f):  _____

(PhD. Alejandra Zamora)

Tribunal Examinador:

(f):  _____

(PhD. Alejandra Zamora)

(f):  _____
(M. Sc. Gerardo Estrada)

(f):  _____
(Dr. Cristian Kraker)

Fecha de aprobación: Guatemala, 23 de enero de 2026

PREFACIO

Este trabajo de investigación es el resultado de un proceso académico que ha implicado aprendizaje constante, esfuerzo y crecimiento a lo largo de la etapa universitaria, que no habría sido posible sin el acompañamiento y apoyo de diversas personas que contribuyeron de manera significativa a su desarrollo.

Agradezco profundamente a mi asesora, Alejandra Zamora, por su valioso acompañamiento a lo largo de este proceso, por impulsarme siempre a seguir adelante y por apoyarme de muchas maneras. Gracias por compartir generosamente sus conocimientos, por sus palabras de aliento y por estar siempre atenta a mi proceso.

A Gerardo Estrada, por recibirme en Colecciones biológicas, por brindarme su confianza y por el apoyo fundamental para la realización de esta investigación.

A Gabriela Alfaro y Ericka Santos, por acompañarme a lo largo de la carrera, por su apoyo constante, su confianza en mí y en mis esfuerzos, y por buscar siempre la manera de ayudarme a continuar y culminar mis estudios.

A mis catedráticos José Monzón, Daniel Ariano y Miguel Morales, por su apoyo durante la carrera y por compartir con dedicación su conocimiento y pasión por la biología, lo cual contribuyó significativamente a mi formación académica.

A Cristian Kraker y Luis Trujillo, por transmitirme su pasión por los murciélagos y por sus enseñanzas, apoyo y guía, que despertaron en mí un interés aún más profundo por el estudio de los murciélagos.

A mis familiares y amigos, por su apoyo a lo largo de este camino, por su compañía constante y por estar presentes de distintas maneras durante mi formación. En especial a mi madre, por animarme a seguir mis sueños y por creer en mí incluso en los momentos más difíciles; y a Gabriel, por su acompañamiento durante la universidad, por su disposición para ayudarme siempre y por ser un apoyo en las etapas más retadoras de este proceso.

Finalmente, agradezco a los murciélagos, quienes dieron dirección a mi carrera profesional y reforzaron mi pasión por la biología y la conservación, recordándome la importancia de la curiosidad, la dedicación y el respeto por la vida en todas sus formas.

ÍNDICE

PREFACIO	v
ÍNDICE DE FIGURAS	vii
ÍNDICE DE CUADROS	vii
RESUMEN	viii
ABSTRACT.....	ix
I. INTRODUCCIÓN	1
II. MÉTODOS.....	7
III. RESULTADOS.....	13
IV. DISCUSIÓN.....	24
V. CONCLUSIONES	31
VI. RECOMENDACIONES	32
VII. REFERENCIAS	33
VIII. ANEXOS.....	37

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Distribución y filogenia del género <i>Sturnira</i>	3
Figura 2. Murciélagos filostómidos (Phyllostomidae) en Guatemala y el sur de México según registros de colecciones biológicas	4
Figura 3. Características morfológicas relevantes para la identificación taxonómica de murciélagos filostómidos	8
Figura 4. Toma de muestra de tejido alar en pieles de murciélago	10
Figura 5. Número de especímenes disponibles en Colecciones biológicas por género	13
Figura 6. Validación de identificación taxonómica por género	14
Figura 7. Especies de la familia Phyllostomidae con actualización taxonómica	14
Figura 8. Registros de murciélagos filostómidos en colecciones biológicas de Guatemala	15
Figura 9. Registros de subfamilia Stenodermatinae	16
Figura 10. Registros de subfamilia Phyllostominae	16
Figura 11. Registros de subfamilia Glossophaginae	17
Figura 12. Registros de subfamilia Lonchorhininae	17
Figura 13. Registros de subfamilia Micronycterinae	18
Figura 14. Registros de subfamilia Carolliinae	18
Figura 15. Registros de subfamilia Desmodontinae	19
Figura 16. Registros de subfamilia Glyphonycterinae	19
Figura 17. Concentración de ADN por año de colecta	20
Figura 18. Pureza de ADN de las muestras por año de colecta	21
Figura 19. Alineamiento de muestras en MEGA12	22
Figura 20. Espectroferograma de buena calidad	38
Figura 21. Espectroferograma de baja calidad con pérdida de señal (muestra A18)	38
Figura 22. Coincidencias resultantes de la búsqueda manual en la base de datos de NCBI para la especie <i>Enchisthenes hartii</i>	39

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. <i>Primers</i> utilizados para la evaluación de eficiencia	11
Cuadro 2. Resumen estadístico de la concentración de ADN a partir de dos métodos de cuantificación	20
Cuadro 3. Resultados de la identificación molecular mediante del gen Mamm02 de la región mitocondrial 16S y BLASTn	23
Cuadro 4. Especímenes seleccionados de Colecciones biológicas UVG para análisis genético ..	37

RESUMEN

Los registros biológicos constituyen una herramienta fundamental para la preservación e identificación taxonómica de los especímenes, siendo especialmente valiosos aquellos representativos de la fauna regional. Entre estos destacan los murciélagos de la familia Phyllostomidae, uno de los grupos más diversos del Neotrópico, que ha sido objeto de importantes revisiones taxonómicas en años recientes. Esta investigación se centró en actualizar la identidad taxonómica de los murciélagos filostómidos (Chiroptera: Phyllostomidae) depositados en la Colección Biológica de la Universidad del Valle de Guatemala mediante análisis fenotípicos, con el objetivo adicional de generar una base de datos genética de las especies representativas de la colección. Para ello, se realizó una revisión taxonómica de los ejemplares, seleccionándose 39 individuos para la extracción y secuenciación de ácido desoxirribonucleico o ADN. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con bases de datos internacionales, como la del National Center for Biotechnology Information (NCBI). Los resultados revelaron que la Colección Biológica UVG cuenta con un total de 167 especímenes de murciélagos filostómidos, de los cuales se realizó una actualización taxonómica de 44 individuos. Esta información fue utilizada para generar mapas de distribución geográfica de las especies presentes en las colecciones biológicas de Guatemala. Los análisis moleculares fueron exitosos en ocho de los ejemplares analizados, de los cuales dos lograron coincidencias taxonómicas confiables en algún nivel taxonómico. Con base en estos hallazgos, se recomienda optimizar las metodologías de reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), con el fin de mejorar la calidad de las amplificaciones y aumentar la efectividad de las futuras identificaciones moleculares.

ABSTRACT

Biological records constitute a fundamental tool for the preservation and taxonomic identification of specimens, with those representing regional fauna being especially valuable. Among these, bats of the family Phyllostomidae stand out as one of the most diverse groups in the Neotropics, having been the subject of significant taxonomic revisions in recent years. This research focused on updating the taxonomic identity of the phyllostomid bats (Chiroptera: Phyllostomidae) deposited in the Biological Collection of the Universidad del Valle de Guatemala through phenotypic analysis, with the additional objective of generating a genetic database of the species represented in the collection. To achieve this, a taxonomic review of the specimens was conducted, selecting 39 individuals for deoxyribonucleic acid (DNA) extraction and sequencing. The obtained sequences were compared with international databases, such as the National Center for Biotechnology Information (NCBI). The results revealed that the UVG Biological Collection holds a total of 167 phyllostomid bat specimens, of which a taxonomic update was performed for 44 individuals. This information was used to generate geographic distribution maps of the species present in Guatemala's biological collections. Molecular analyses were successful for eight of the analyzed specimens, two of which achieved reliable taxonomic matches at some taxonomic level. Based on these findings, it is recommended to optimize polymerase chain reaction (PCR) methodologies in order to improve amplification quality and increase the effectiveness of future molecular identifications.

I. INTRODUCCIÓN

Los murciélagos constituyen el grupo de mamíferos con mayor diversidad de Guatemala. Esta riqueza no solo es notable en la cantidad de especies presentes en el país, sino también en la amplia variedad de funciones ecológicas que desempeñan en los ecosistemas. Los murciélagos participan activamente en procesos clave como el control de insectos, la polinización y la dispersión de semillas, contribuyendo de manera significativa al mantenimiento y regeneración de los ecosistemas.

Dentro de este grupo, la familia Phyllostomidae o filostómidos, resalta por ser la más diversa y ecológicamente versátil en la región neotropical. Sus integrantes presentan una notable variabilidad morfológica y ocupan múltiples nichos ecológicos. Sin embargo, la taxonomía de esta familia ha experimentado múltiples revisiones en las últimas décadas, lo que ha generado cambios en la clasificación y distribución de varias especies. Estos cambios evidencian la existencia de diversidad no completamente documentada y resaltan la importancia de la actualización constante de los registros científicos para garantizar una comprensión precisa de la biodiversidad.

En este contexto, las colecciones biológicas adquieren una importancia central como repositorios de información invaluable sobre la diversidad del país. Estas colecciones permiten resguardar especímenes recolectados a lo largo del tiempo, facilitando su estudio mediante enfoques tradicionales y modernos, como los análisis genéticos. Además, constituyen una alternativa ética y sostenible para la investigación, al evitar la necesidad de nuevas capturas.

No obstante, la utilidad de estas colecciones depende en gran medida de la actualización constante de sus registros, especialmente frente a los cambios taxonómicos recientes. Los ejemplares previamente identificados pueden requerir revisión para reflejar con precisión la taxonomía actual. Este proceso no solo mejora la calidad de los datos disponibles, sino que también fortalece las investigaciones en biodiversidad, ecología y conservación.

A. Antecedentes

1. Murciélagos de Guatemala

Guatemala es un país con alta diversidad biológica de mamíferos debido no solo a su ubicación estratégica en el centro de América y a la compleja historia evolutiva de estos grupos, sino también al intercambio faunístico generado por la formación del puente centroamericano. A esto se suma su compleja orografía y la amplia diversidad de climas y ecosistemas presentes en el país, factores que favorecen un alto recambio beta y contribuyen significativamente a la riqueza y composición de las comunidades de mamíferos. (Kraker, 2015). Los murciélagos son el grupo de mamíferos más diversos en el país; se han reportado alrededor de 105 especies, lo que corresponde a un 9% de las especies de murciélagos a nivel mundial (Kraker-Castañeda *et al.*, 2016). En el país se encuentran ocho familias de murciélagos, de las cuales seis son exclusivamente neotropicales: Emballonuridae, Vespertilionidae, Molossidae, Mormoopidae, Thyropteridae, Natalidae, Noctilionidae y Phyllostomidae; siendo esta última la más abundante con 49 especies registradas en el país (Kraker-Castañeda *et al.*, 2016).

Los murciélagos desempeñan roles ecológicos fundamentales en los ecosistemas. Se pueden clasificar en cinco gremios tróficos según su tipo de alimentación y contribución al equilibrio ecológico. Los murciélagos insectívoros controlan las poblaciones de insectos, incluyendo plagas agrícolas y vectores de enfermedades como dengue, malaria y zika; los murciélagos nectarívoros y frugívoros cumplen roles esenciales asociados con la polinización y la dispersión de semillas, aportando a la regeneración de bosques; los murciélagos hematófagos y carnívoros regulan las poblaciones de otras especies manteniendo el equilibrio en la cadena trófica (CONAP, 2024).

A pesar de su importancia, los murciélagos enfrentan diversas amenazas como la pérdida de hábitat, la destrucción de ecosistemas y la desinformación pública. La creencia errónea de que todos los murciélagos son peligrosos contribuye a su persecución y exterminio. Es crucial promover la educación ambiental y la conservación de estos mamíferos alados, ya que desempeñan funciones vitales para la salud de los ecosistemas.

- a. **Familia Phyllostomidae:** los murciélagos de la familia Phyllostomidae conforman un grupo endémico de la región neotropical, cuya distribución se extiende desde Estados Unidos de América hasta el norte de Argentina (Jiménez, 2013). Los filostómidos son la familia de murciélagos más diversa del orden Chiroptera, que incluye ocho subfamilias, 36 géneros y alrededor de 55 especies registradas.

El nombre de la familia Phyllostomidae se deriva de las palabras griegas *phyllo* (hoja) y *stoma* (boca), en referencia a la estructura dérmica prominente y lanceolada que se encuentra por encima del hocico, conocida como hoja nasal. Esta característica morfológica es distintiva de la familia (Kraker *et al.*, 2021).

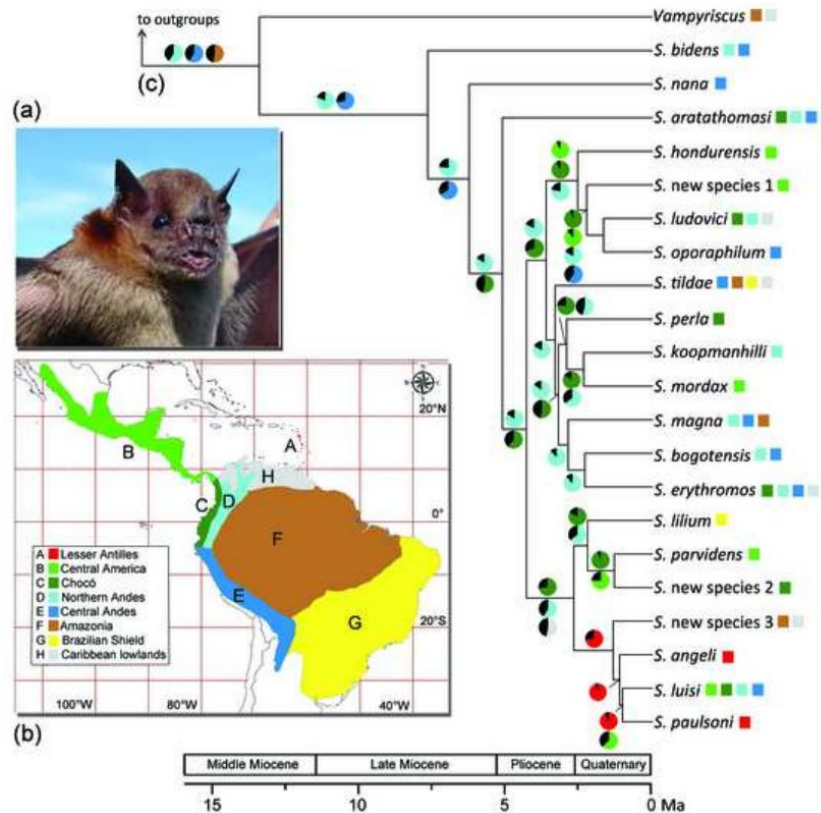
Los murciélagos filostómidos presentan una notable diversidad morfológica y de comportamiento, lo que les permite ocupar una amplia gama de nichos ecológicos. Esta familia incluye especies de murciélagos que representan los cinco gremios tróficos: frugívoros, nectarívoros, carnívoros, insectívoros y hematófagos (Kraker *et al.*, 2021). Estos murciélagos desempeñan roles ecológicos clave como la dispersión de semillas, la polinización, el control de poblaciones de insectos, contribuyendo significativamente al equilibrio y funcionamiento de los ecosistemas neotropicales (Pérez-Netzahual *et al.*, 2023).

A lo largo del tiempo, la taxonomía de la familia Phyllostomidae ha sido objeto de múltiples revisiones, aunque estos cambios no siempre se reflejan en los registros de las colecciones biológicas. Por ejemplo, en Guatemala, para el género *Uroderma* ahora se reconocen dos especies distintas, que anteriormente se consideraban como una sola (Mantilla-Meluk, 2004; Kraker *et al.*, 2021). De manera similar, se han documentado ampliaciones en la distribución geográfica de especies como *Micronycteris minuta* y *Carollia castanea*, las cuales no se habían reportado previamente en el país (Pérez-Consuegra *et al.*, 2017).

Un ejemplo adicional de los cambios taxonómicos dentro de la familia Phyllostomidae se observa en el género *Sturnira*. Anteriormente, la especie *Sturnira hondurensis* era considerada una subespecie de *Sturnira ludovici*; sin embargo, ha sido elevada a nivel de especie. Por otra parte, *Sturnira lilium*, que antes se registraba en regiones de Centroamérica, quedó restringida únicamente a Sudamérica (Kraker-Castañeda *et al.*, 2016; Velazco *et al.*, 2013). Como ilustración de dichas variaciones taxonómicas, la Figura 1 presenta la filogenia y distribución del género *Sturnira*. En la figura se evidencia

que aún existen linajes crípticos dentro del género que no han sido completamente descritos, lo que sugiere la presencia de diversidad críptica aún por explorar (Velazco y Patterson, 2013).

Figura 1. Distribución y filogenia del género *Sturnira*



Nota. Velazco *et al.*, 2013.

Estos ejemplos, junto con otras actualizaciones recientes en la taxonomía de la familia Phyllostomidae, subrayan la importancia de revisar y actualizar los registros en las colecciones biológicas. Mantener una taxonomía actualizada no solo mejora la precisión de los análisis, sino que también fortalece la calidad de los datos obtenidos sobre la diversidad de murciélagos en el país.

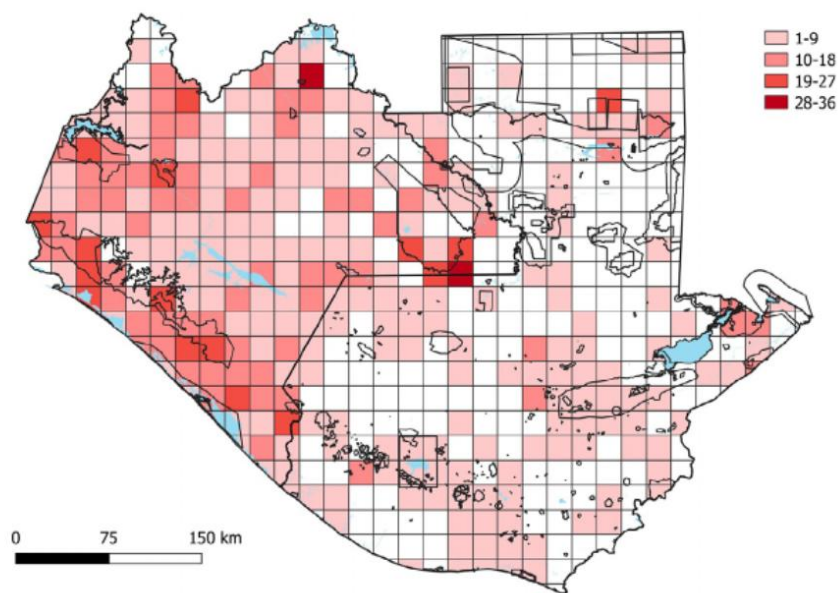
2. Importancia de las colecciones biológicas en estudios de biodiversidad y taxonomía

Las colecciones biológicas funcionan como repositorios de especímenes de biodiversidad recolectados tanto en el pasado como en el presente, y constituyen una herramienta fundamental para la conservación del patrimonio biológico del país. Estas colecciones promueven el conocimiento de la diversidad biológica y facilitan su estudio mediante el desarrollo de investigaciones mediante el acceso a datos morfométricos, biométricos y ecológicos. Estos datos pueden convertirse en una base sólida para investigaciones en áreas de sistemática, ecología y biogeografía (Ossa *et al.*, 2012).

Uno de los principales aportes de las colecciones biológicas es la posibilidad de reevaluar identificaciones previas utilizando enfoques modernos, en particular aquellos basados en genética molecular. Estos análisis permiten detectar especies crípticas, corregir posibles errores de identificación e incluso describir nuevas especies. Aunque este tipo de análisis genético también puede realizarse a partir de muestras de individuos silvestres, dicha práctica conlleva limitaciones importantes, como la necesidad de capturar ejemplares, realizar procedimientos invasivos y, en algunos casos, sacrificar animales para obtener las muestras necesarias. En contraste, el uso de especímenes conservados en las colecciones biológicas ofrece una alternativa ética y sostenible, al conservar tejidos y especímenes a largo plazo, permitiendo su estudio sin necesidad de recurrir a nuevas capturas. Además, brindan acceso a un amplio conjunto de datos asociados a los ejemplares, como la localización, fecha de colecta, características morfológicas y ecológicas, entre otros (Ossa *et al.*, 2012).

Un ejemplo del valor de estos registros se observa en la Figura 2, que describe la distribución geográfica de los especímenes de la familia Phyllostomidae en Guatemala y el sur de México. Esta representación se construyó utilizando datos provenientes de los ejemplares depositados en las colecciones de mamíferos de El Colegio de la Frontera Sur (ECO-SC-M) y la Universidad de San Carlos de Guatemala (USAC), complementados con los registros disponibles de la base de datos del Global Biodiversity Information Facility (GBIF) (Kraker-Castañeda *et al.*, 2021).

Figura 2. Murciélagos filostómidos (Phyllostomidae) en Guatemala y el sur de México según registros de colecciones biológicas



Nota. Kraker-Castañeda *et al.*, 2021.

- a. **Colecciones biológicas de la Universidad del Valle de Guatemala:** las colecciones biológicas de la Universidad del Valle de Guatemala (UVG) cuentan con más de 1,500 registros digitalizados que abarcan una amplia variedad taxonómica, incluyendo especies de artrópodos, moluscos, crustáceos, equinodermos, peces, reptiles, anfibios, aves y

mamíferos. La colección fue establecida en 1976 y desde entonces ha funcionado como un valioso reservorio de la diversidad de Guatemala (Universidad del Valle de Guatemala, s.f.)

Dentro de esta colección, se encuentran 351 registros de murciélagos pertenecientes a la familia Phyllostomidae. Algunos de estos ejemplares se encuentran identificados a nivel de familia, subfamilia o género; mientras que otros están clasificados hasta nivel de especie. Entre ellos, se destacan 29 individuos registrados como *Sturnira lilium*, recolectados entre 1990 y 2010, antes de las revisiones taxonómicas que diferenciaron formalmente las especies del género (Portal de biodiversidad de Guatemala, s.f.).

La actualización y revisión continua de los registros de las Colecciones biológicas de la UVG es fundamental para asegurar la correcta identificación de los especímenes; así como para mantener las descripciones precisas sobre la distribución geográfica y las características morfológicas de cada especie. Del mismo modo, una actualización de los datos digitalizados en el Portal de Biodiversidad de Guatemala permite mejorar la calidad de los registros disponibles y facilitar el acceso a información confiable a través de los portales en línea, fortaleciendo así su valor científico y académico.

B. Justificación

La familia Phyllostomidae es uno de los grupos más diversos de murciélagos en la región neotropical. Las especies de esta familia cumplen con una variedad de roles ecológicos que van desde la polinización hasta el control de poblaciones. En Guatemala, este grupo representa un componente importante en los ecosistemas del país, sin embargo, su estudio taxonómico aún enfrenta retos significativos.

Durante las últimas décadas, se han propuesto múltiples revisiones en la clasificación de los murciélagos filostómidos como producto de estudios morfológicos y moleculares que han revelado nuevas complejidades, como la existencia de especies crípticas y la redefinición de rangos de distribución. A pesar de estos avances, algunas variaciones en la taxonomía aún no se reflejan en los registros de las colecciones biológicas nacionales, lo que puede generar inconsistencias en los datos que son utilizados en futuras investigaciones.

Las colecciones biológicas funcionan como una invaluable fuente de información sobre la biodiversidad histórica y actual de Guatemala. Sin embargo, la falta de actualizaciones taxonómicas en los registros limita el potencial de estos recursos. Por lo tanto, la revisión y actualización de la nomenclatura taxonómica de los especímenes depositados permite validar la identificación de los ejemplares, reconocer errores en las identificaciones previas y contribuir a una mejor comprensión de la diversidad de murciélagos del país.

Este estudio busca brindar una actualización de los registros taxonómicos de las especies de murciélagos de la familia Phyllostomidae depositados en Colecciones biológicas UVG, a través de la revisión y validación de identificaciones, buscando fortalecer la calidad y confiabilidad de los registros disponibles, lo cual es fundamental para el desarrollo de futuras investigaciones en áreas como la sistemática, ecología y conservación.

C. Objetivos

1. Objetivo general

Actualizar la identificación taxonómica de los murciélagos de la familia Phyllostomidae que se encuentran depositados en Colecciones biológicas de la Universidad del Valle de Guatemala mediante un enfoque fenotípico y molecular.

2. Objetivos específicos

- Realizar la identificación fenotípica de los especímenes de la familia Phyllostomidae depositados en la colección, que aún no han sido identificados a nivel de especie.
- Actualizar la base de datos de la colección incorporando la información taxonómica revisada.
- Elaborar mapas de distribución con la información geográfica de especies de murciélagos filostómidos, añadiendo la información de la colección.
- Estandarizar un método para la extracción y amplificación de ADN de pieles de murciélagos depositados en colecciones biológicas.
- Generar una base de datos de secuencias genéticas obtenidas a partir de los especímenes analizados para ser ingresada en repositorios internacionales.

II. MÉTODOS

A. Actualización taxonómica

1. Revisión de datos de Colecciones biológicas UVG

Se realizó una revisión de los especímenes depositados en las Colecciones biológicas UVG. Esta revisión consistió en la inspección de la información disponible sobre murciélagos de la familia Phyllostomidae en el Portal de biodiversidad de Guatemala. A partir de esta consulta, se identificaron y verificaron los registros correspondientes mediante la revisión directa de los ejemplares en las Colecciones biológicas.

Adicionalmente, se tomaron en cuenta especímenes que carecían de identificación previa, así como aquellos que no habían sido incorporados al portal con anterioridad. El análisis se enfocó exclusivamente en los especímenes conservados como pieles, por lo que no se incluyeron en el estudio los individuos preservados en otros medios.

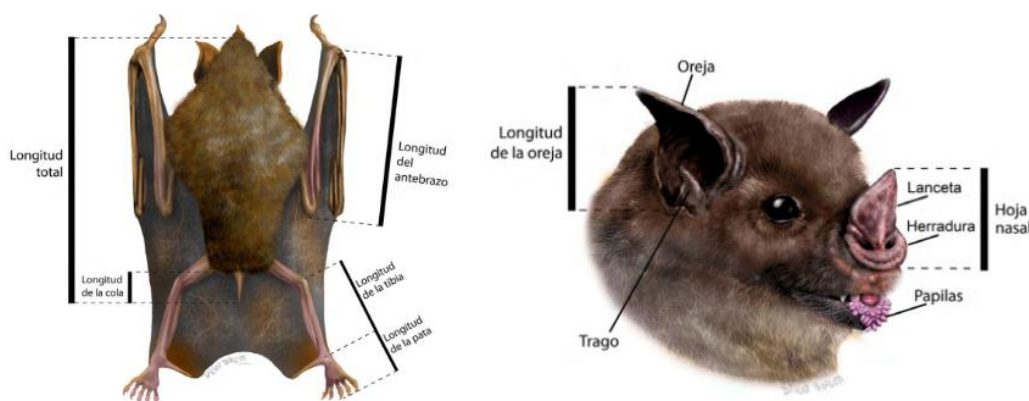
2. Análisis fenotípico de especímenes

Se examinó detalladamente el conjunto de características fenotípicas de cada espécimen, comparando sus características distintivas con las guías de identificación de murciélagos disponibles. Además, se revisaron las identificaciones taxonómicas previas, cuando se encontraran disponibles, y en caso de que los especímenes no se encontraran identificados, se procedió a realizar su identificación taxonómica utilizando como base las guías de Medellín *et al.* (2007), Reid (2009) y Turcios-Casco *et al.* (2020).

Es importante señalar que las guías de campo utilizadas en este estudio se basan en el reconocimiento de caracteres morfológicos externos para la identificación taxonómica de los ejemplares. Por ello, su aplicación se realizó exclusivamente sobre pieles, lo que permitió la observación de rasgos diagnósticos visibles en este tipo de material, aunque con las limitaciones inherentes a la ausencia de estructuras internas y otros caracteres que podrían aportar mayor resolución en la identificación de algunas especies.

Para la identificación de los organismos se consideraron diversas características morfológicas, entre ellas: las características y longitud de la hoja nasal, presencia o ausencia de cola, la longitud del antebrazo (AB), ancho del uropatagio, los patrones de coloración de banda del pelaje y otras características distintivas relevantes que se presentan en la Figura 3.

Figura 3. Características morfológicas relevantes para la identificación taxonómica de murciélagos filostómidos



Nota. Kraker et al., 2021.

Los datos fenotípicos fueron documentados en una base de datos, en donde se colocó la información de los especímenes examinados. Para aquellos ejemplares que ya contaban con una identificación específica, se mantuvo la información taxonómica bajo la cual fueron ingresados en colecciones, incorporando además la información de colecta, como sitio y fecha.

3. Verificación taxonómica

Una vez que las especies fueron correctamente ingresadas y verificadas, se llevó a cabo una revisión bibliográfica de los géneros y especies listadas que hubiesen experimentado cambios en su rango de distribución o cambios en su taxonomía posterior a su ingreso en colecciones, utilizando de forma complementaria la plataforma Batnames (Simmons y Cirranello, 2020) para obtener el registro completo de modificaciones taxonómicas en las especies. Con base en la revisión, se realizaron las actualizaciones taxonómicas correspondientes, las cuales fueron reflejadas tanto en las etiquetas de colecciones como en el Portal de biodiversidad de Guatemala.

Cabe destacar que, en los casos en que los cambios taxonómicos fueron sustanciales, se efectuó una segunda revisión de las características fenotípicas de los especímenes. Aquellas especies que no pudieron ser identificadas, se dejaron a nivel de género. Adicionalmente, algunos individuos que presentaron incertidumbre taxonómica fueron seleccionados para el análisis molecular.

B. Análisis espacial de los registros de colecciones biológicas

1. Recopilación de información de colecta

Se utilizó la base de datos generada a partir de la revisión taxonómica, a la cual se incorporaron las coordenadas de los sitios de colecta de cada uno de los ejemplares depositados en las colecciones. Posteriormente, esta base de datos fue complementada con la información geográfica sobre murciélagos filostómidos de Guatemala proporcionada por Kraker-Castañeda *et al.* (2021). Tras la depuración y estandarización, la base de datos fue empleada para su análisis mediante la plataforma ArcGIS.

2. Análisis en ArcGIS

En ArcGIS se elaboraron dos tipos de análisis. El primero corresponde a la distribución total de los registros totales de murciélagos filostómidos depositados en las colecciones biológicas nacionales, para lo cual se generó una cuadrícula de 20 x 20 kilómetros a escala nacional, representando la riqueza de especies de la familia por unidad espacial. El segundo análisis se enfocó en la distribución de las especies por subfamilia, en los cuales se visualizan las especies registradas en el país, con sus respectivas localidades de ocurrencia.

C. Análisis molecular

1. Selección de individuos

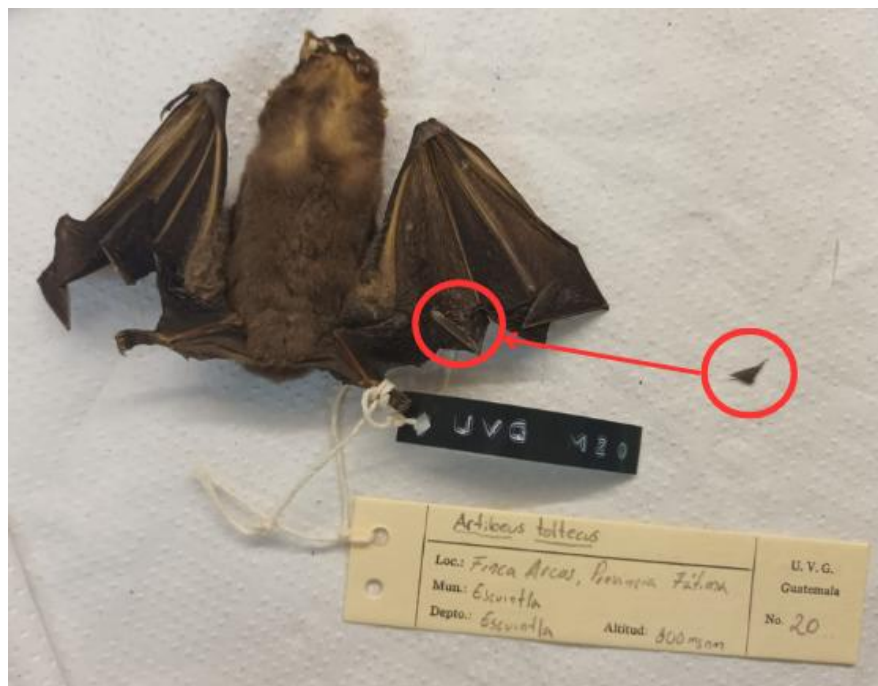
Con el objetivo de establecer una base de datos genética, se seleccionaron 39 murciélagos filostómidos depositados en Colecciones biológicas UVG. La selección de los especímenes se realizó con el propósito de maximizar la representatividad genética, priorizando individuos pertenecientes a diferentes especies. Estos ejemplares fueron considerados como referencias para la conformación de la base de datos genética de Guatemala. Adicionalmente, se incluyeron algunos individuos cuya identificación taxonómica requería confirmación, con el fin de comparar su información genética con la de individuos previamente identificados y validados, aportando evidencia complementaria para sustentar su asignación taxonómica.

2. Recolección de muestras de tejido

Posteriormente, se llevó a cabo la obtención de muestras de tejido alar de los individuos seleccionados. El procedimiento consistió en la realización de biopsias en las membranas alares de los especímenes preservados, utilizando un bisturí previamente desinfectado. Generalmente, las biopsias se realizan en el pliegue de piel extendido entre los dedos del ala del murciélago, eligiendo una zona preservada (Pinzan y Morielle-Versute, 2008) y de baja visibilidad, con el fin de no comprometer la integridad de los especímenes de la colección ni los caracteres diagnósticos de cada individuo.

Con el propósito de minimizar el impacto sobre los ejemplares, se priorizó el uso de fragmentos de tejido previamente desprendidos o bordes dañados. Una vez delimitada el área de toma de muestra, utilizando un bisturí se realizó un corte superficial de aproximadamente 5 mm de longitud (Bailey *et al.*, 2015), como se muestra en la Figura 4. Las muestras de tejido obtenidas fueron depositadas individualmente en tubos Eppendorf estériles de 1.5 mL para su posterior análisis.

Figura 4. Toma de muestra de tejido alar en pieles de murciélago



3. Extracción de ADN

Para la obtención de ácido desoxirribonucleico o ADN a partir de tejido alar de especímenes de colección, se realizó una extracción con fenol-cloroformo basada en la metodología descrita por Molbert *et al.* (2023). Inicialmente, las muestras se cortaron mecánicamente en fragmentos pequeños para optimizar el proceso de lisis. Como parte del proceso de digestión se agregaron 200 μL de buffer de lisis y 20 μL de proteinasa K a cada una de las muestras, seguido de una homogeneización en vórtex por 2 minutos e incubación a 56 °C bajo agitación constante durante 12 horas.

Posteriormente, se añadieron 300 μL de agua ultrapura, 550 μL de fenol-cloroformo-alcohol isoamílico (25:24:1) y se agitaron manualmente por 5 minutos. Las muestras se centrifugaron a 10,000 rpm durante 5 minutos a temperatura ambiente y se descartó el sobrenadante cuidadosamente. Luego, se agregaron 550 μL de cloroformo-alcohol isoamílico (24:1) y se agitaron manualmente durante 5 minutos. La fase acuosa superior fue transferida a un nuevo tubo y se añadieron 73.3 μL de NaCl 3M para favorecer la precipitación.

Después, se agregaron 1100 μL de etanol absoluto, las muestras se incubaron a -20 °C por 3 horas y se centrifugaron a 10,000 rpm durante 30 minutos a 4 °C. Se descartó el sobrenadante y los últimos pasos se repitieron nuevamente utilizando 1100 μL de etanol 70%.

El pellet resultante se dejó secando en la incubadora a 37 °C durante 3 horas y se sometió a una evaporación final de remanentes de alcohol a 56 °C por 10 minutos. Finalmente, el ADN se resuspendió con 100 μL de buffer TE, se mezcló con vórtex, se centrifugó a 10,000 rpm durante 3 minutos y se incubó a 55 °C durante 10 minutos. La integridad y concentración de las muestras obtenidas se verificó por medio de una cuantificación con el Nanodrop (Thermofisher) y por el fluorómetro Quantus (Promega) utilizando el kit QuantiFluor® ONE dsDNA System.

4. Amplificación de fragmentos por reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

La amplificación de ADN se llevó a cabo mediante la reacción de cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés) utilizando la enzima GoTaq® DNA Polymerase (Promega). Con el objetivo de identificar el conjunto de *primers* con las características óptimas para la amplificación del ADN, se evaluaron cuatro conjuntos de *primers* distintos, los cuales se detallan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. *Primers* utilizados para la evaluación de eficiencia

Nombre del <i>primer</i>	Locus	Secuencia	Referencias
RAG2-F1	RAG2 nuclear	GGCYGGCCCAARAGATCCTG	Baker <i>et al.</i> , 2000
RAG2-R2		GRAAGGATTTCTTGGCAGGAGT	
D-loop-E	D-loop mitocondrial	CCTGAAGTAGGAACCAGATG	Wilkinson & Chapman, 1991; Cruz-Salazar <i>et al.</i> , 2020
D-loop-P		CCCCACCATCAACACCCAAAGCTGA	
Mamm02F	16S mitocondrial	CGAGAAGACCCTRTGGAGCT	Giguet-Covex <i>et al.</i> , 2014; Taberlet <i>et al.</i> , 2018
Mamm02R		CCGAGGTCRCCCAACC	
Vert01F	12S mitocondrial	TTAGATACCCCACTATCG	Riaz <i>et al.</i> , 2011; Taberlet <i>et al.</i> , 2018
Vert01R		TAGAACAGGCTCCTCTAG	

Todos los *primers* evaluados fueron amplificados empleando los programas de termociclado recomendados en los protocolos previamente descritos. Posteriormente, los productos de PCR obtenidos con cada set de *primers* fueron analizados mediante electroforesis en gel de agarosa, con el fin de verificar la presencia y el tamaño esperado de los amplicones.

Con base en los resultados obtenidos, el primer Mamm02 fue seleccionado por presentar el mejor desempeño en la amplificación. Este primer genera productos dentro de un rango de tamaño comprendido entre 53 y 84 pares de bases. El programa de termociclado consistió en una desnaturalización inicial a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 38 ciclos a 95 °C durante 30 segundos, 53 °C durante 45 segundos para alineamiento, 72 °C durante 45 segundos para una extensión inicial, y una extensión final a 72 °C durante 10 minutos (Giguet-Covex *et al.*, 2014; Taberlet *et al.*, 2018).

Con el fin de monitorizar posibles eventos de contaminación, se incluyeron controles negativos en todos los ensayos. La verificación de los productos amplificados se realizó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.5%. Finalmente, los productos de PCR fueron sometidos a secuenciación bidireccional para la obtención de las secuencias consenso.

5. Banco de datos genéticos

El procesamiento bioinformático se inició con el ensamblaje, filtrado y alineamiento de las secuencias mediante el software MEGA 12 (Gouy *et al.*, 2010; Kumar *et al.*, 2024). Posteriormente, cada una de las secuencias se revisaron de forma individual y se realizó un consenso de los resultados obtenidos por muestra. La identidad taxonómica de cada secuencia se determinó mediante comparaciones de homología utilizando la herramienta BLASTn en la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI), tomando como referencia secuencias validadas de la familia Phyllostomidae.

III. RESULTADOS

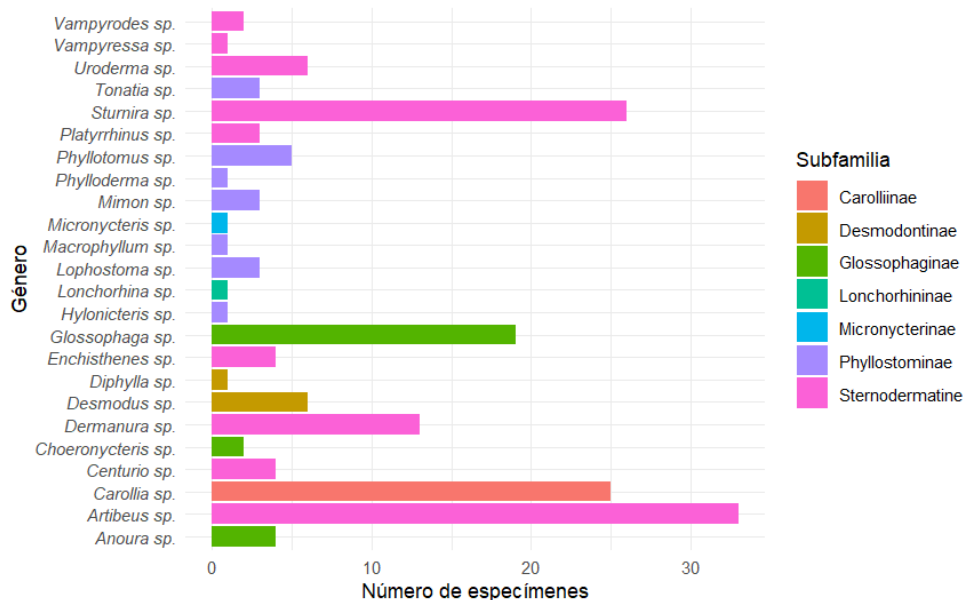
A. Actualización taxonómica

A partir de la información disponible en las Colecciones biológicas UVG, se elaboró un listado actualizado de las especies de murciélagos filostómidos presentes en la colección. La colección comprende 167 especímenes de murciélagos filostómidos, incluidos 136 ejemplares representados por pieles disponibles para análisis, los cuales están registrados en el Portal de Biodiversidad de Guatemala.

Considerando estos registros y las identificaciones realizadas, se incorporaron 38 nuevos registros tanto a la colección como al Portal de biodiversidad, así como 11 especies adicionales que fueron identificadas, pero no ingresadas al sistema de colecciones debido a la falta de información sobre su colecta.

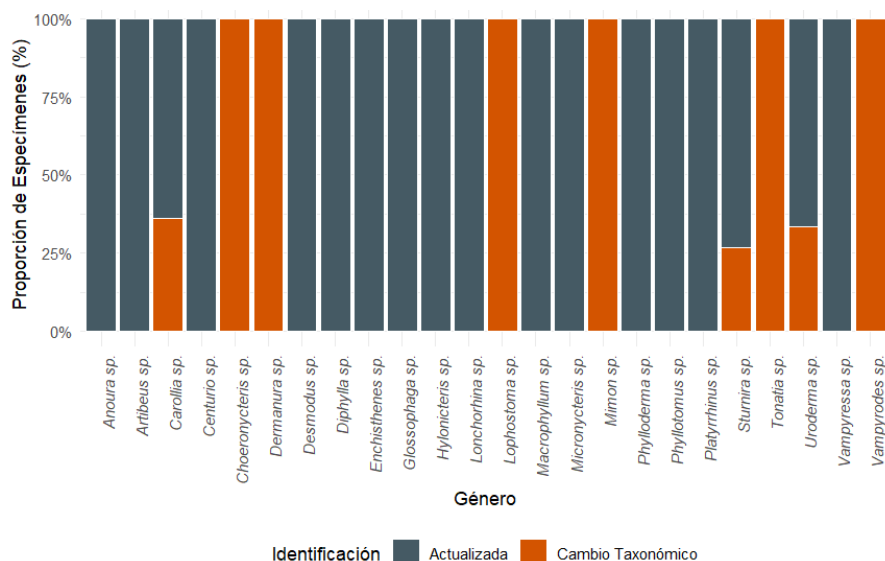
En la Figura 5 se presenta información detallada sobre el número de especies por subfamilia y género en las Colecciones biológicas UVG, considerando únicamente aquellos registros que se encuentran tanto en la colección como en el portal de biodiversidad de Guatemala, y aquellos especímenes identificados hasta el nivel taxonómico correspondiente.

Figura 5. Número de especímenes disponibles en Colecciones biológicas por género



Además, se realizaron múltiples cambios en la identificación de individuos de Colecciones biológicas UVG, considerando tanto actualizaciones generales como cambios taxonómicos específicos. La Figura 6 muestra la proporción de especímenes por género cuya identificación fue actualizada o modificada debido a un cambio taxonómico.

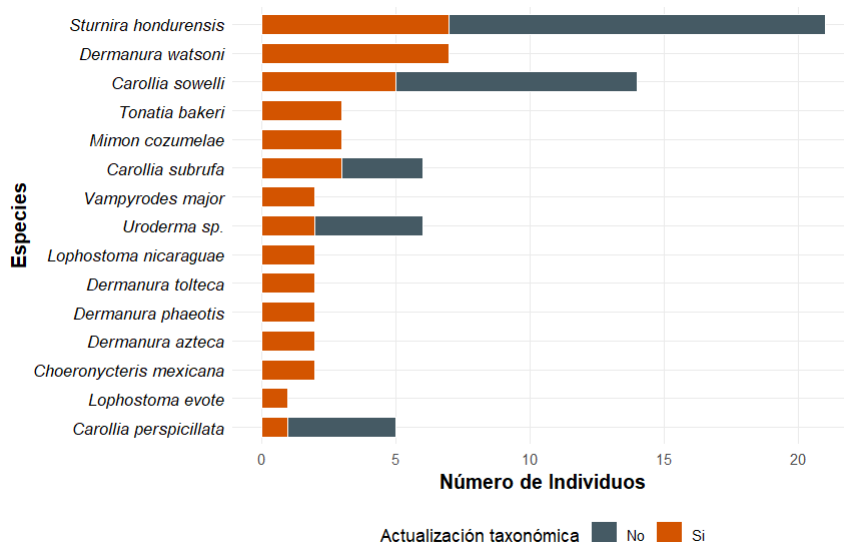
Figura 6. Validación de identificación taxonómica por género



Se observa que, en general, la mayoría de los individuos mantienen su identificación original, mientras que los cambios taxonómicos se concentran principalmente en ciertos géneros. En la Figura 6 se destacan los géneros *Carollia*, *Choeronycteris*, *Dermanura*, *Lophostoma*, *Mimon*, *Uroderma*, *Tonatia*, *Sturnira* y *Vampyrodes*, en los cuales todos los especímenes, o la mayoría de ellos, presentan cambios en su clasificación. Esto refleja la revisión y actualización de los criterios taxonómicos utilizados, especialmente en las subfamilias Phyllostomidae y Stenodermatinae, donde se concentraron la mayor parte de las modificaciones.

Por otra parte, el análisis comparativo a nivel de especie, que se presentan en la Figura 7, permitió identificar los taxones con mayores conflictos de identidad. Los resultados indican que las reasignaciones taxonómicas no se distribuyen de manera uniforme, concentrándose principalmente en especies como *Sturnira hondurensis*, *Carollia sowelli* y *Dermanura watsoni*.

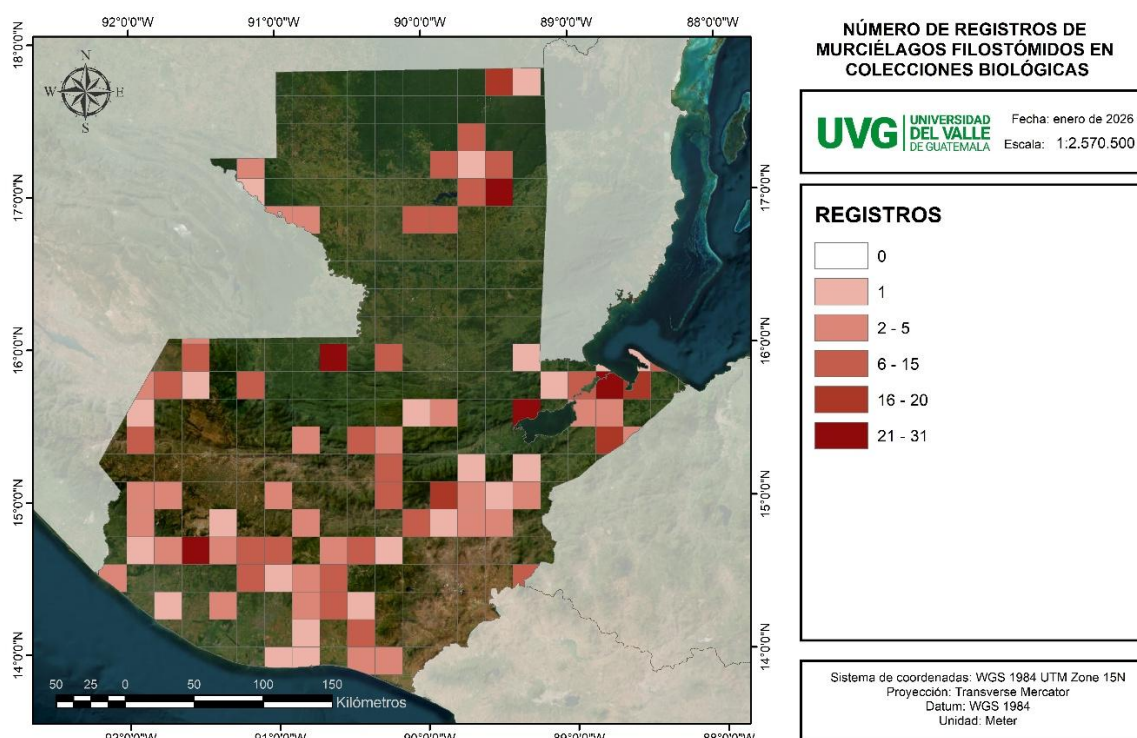
Figura 7. Especies de la familia Phyllostomidae con actualización taxonómica



B. Distribución geográfica de los registros de murciélagos filostómidos en colecciones biológicas nacionales

Con base en la información compilada por Kraker-Castañeda *et al.* (2021) y los datos de Colecciones biológicas UVG, se generó un mapa consolidado que integra la distribución geográfica de los ejemplares de murciélagos filostómidos depositados en las colecciones biológicas nacionales (Figura 8).

Figura 8. Registros de murciélagos filostómidos en colecciones biológicas de Guatemala



Asimismo, las figuras 9-16, presentan la distribución geográfica de los registros de murciélagos depositados en colecciones biológicas de acuerdo con cada una de las 8 subfamilias presentes en Guatemala. En dichas figuras se pueden observar diferencias significativas a nivel subfamilia, como en el caso de la subfamilia Glyphonycterinae que cuenta con un único registro, en contraste con la subfamilia Stenodermatinae que presenta la mayor cantidad de registros.

Figura 9. Registros de subfamilia Stenodermatinae

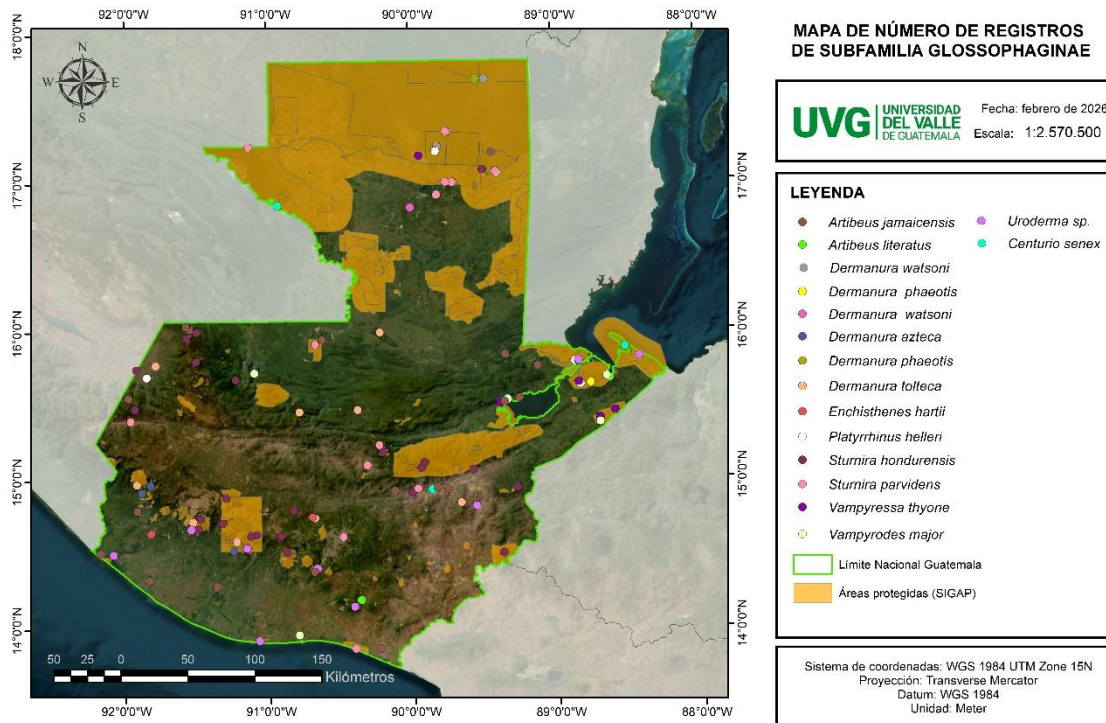


Figura 10. Registros de subfamilia Phyllostominae

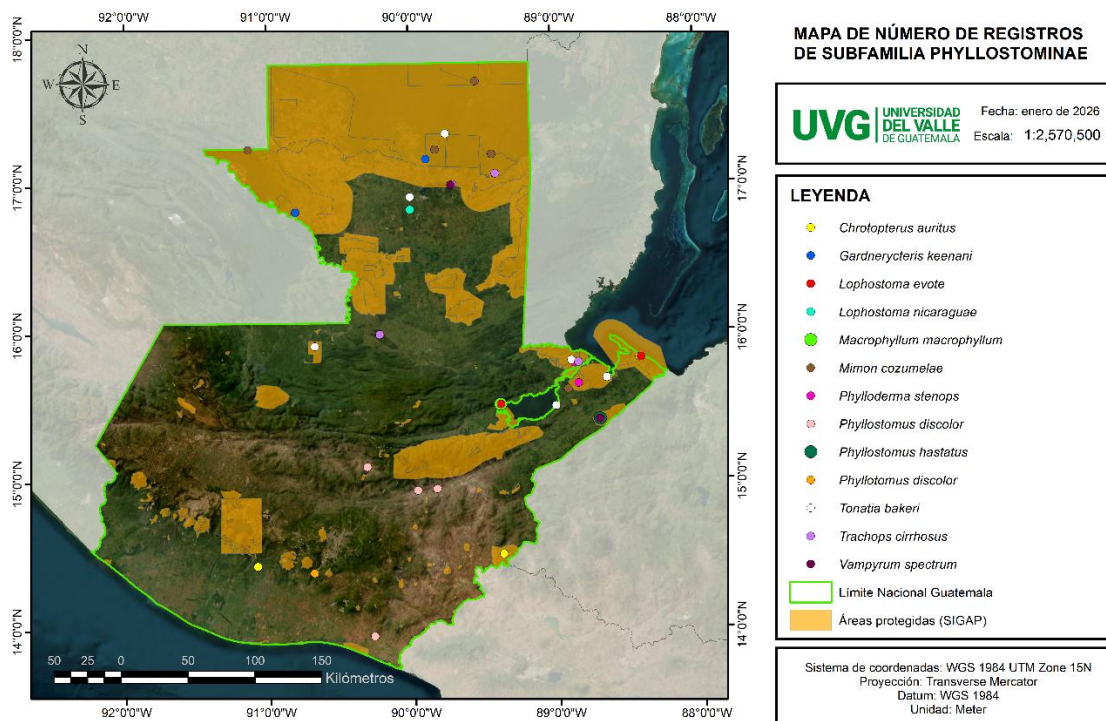


Figura 11. Registros de subfamilia Glossophaginae

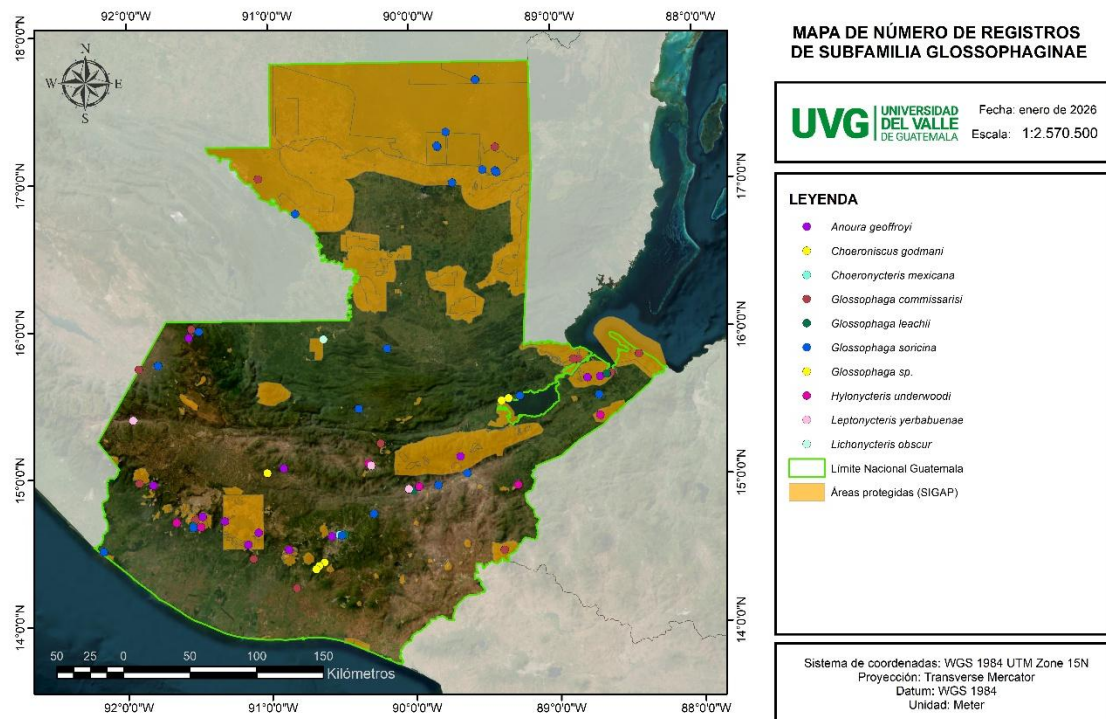


Figura 12. Registros de subfamilia Lonchorhininae

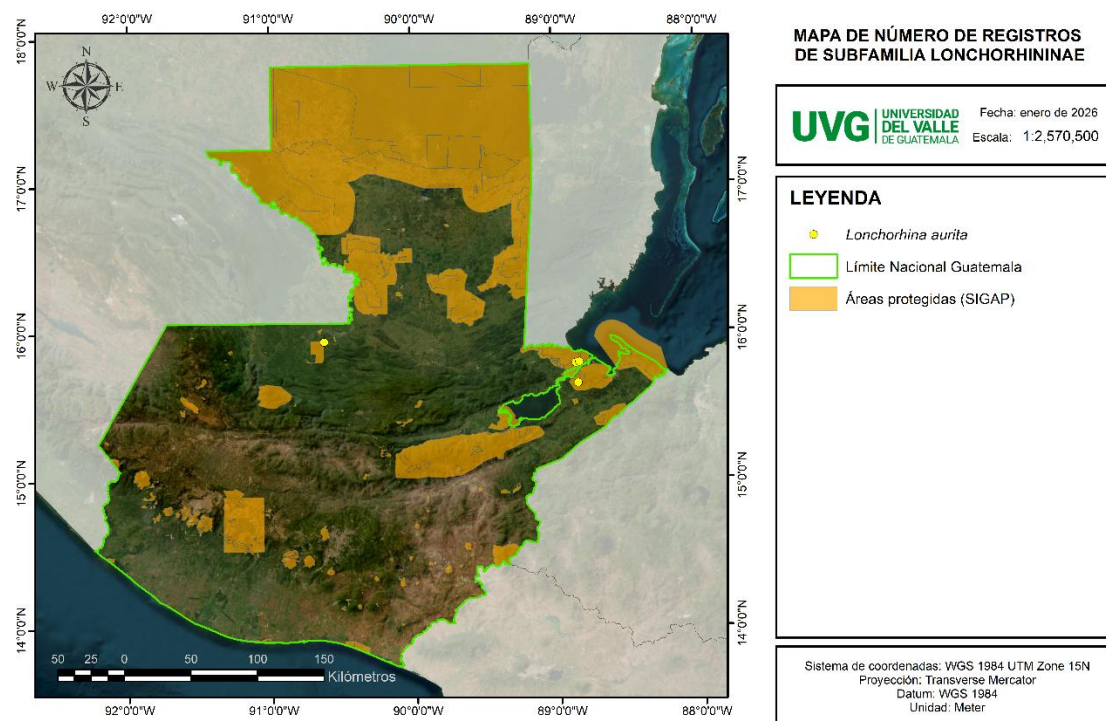


Figura 13. Registros de subfamilia Micronycterinae

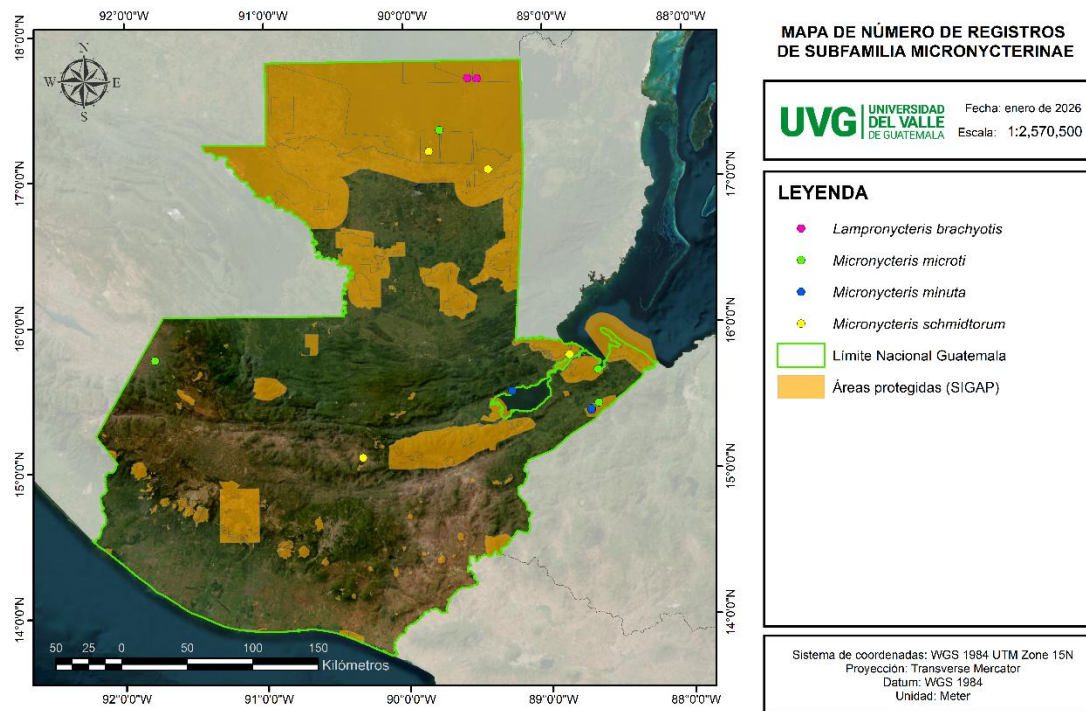


Figura 14. Registros de subfamilia Carolliinae

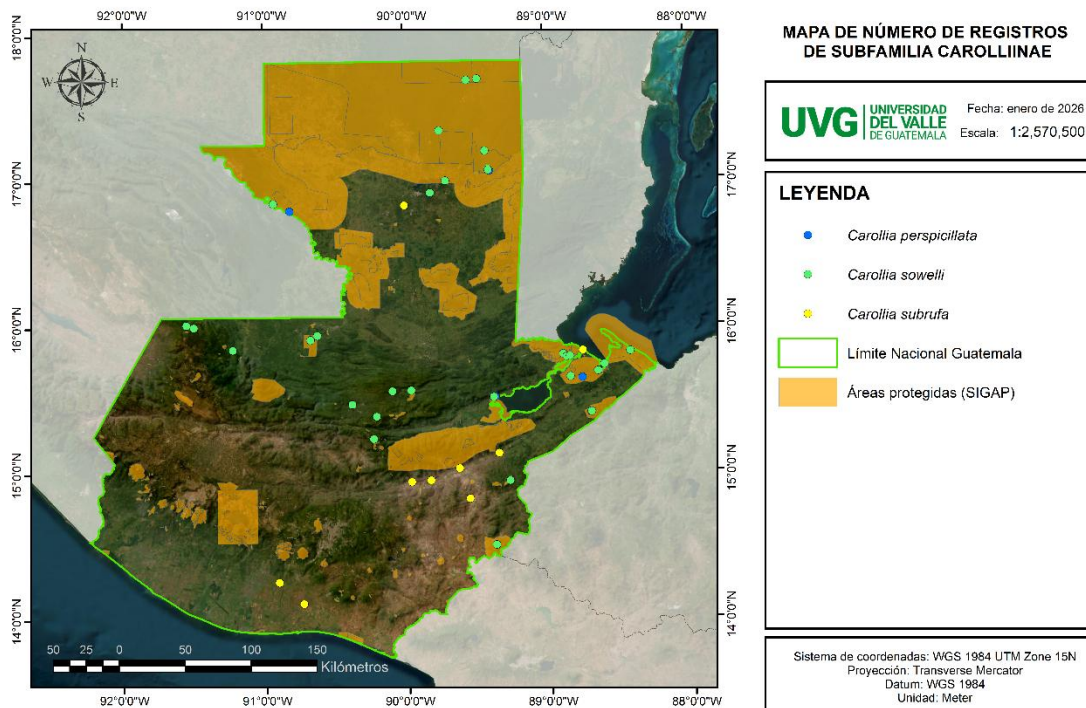


Figura 15. Registros de subfamilia Desmodontinae

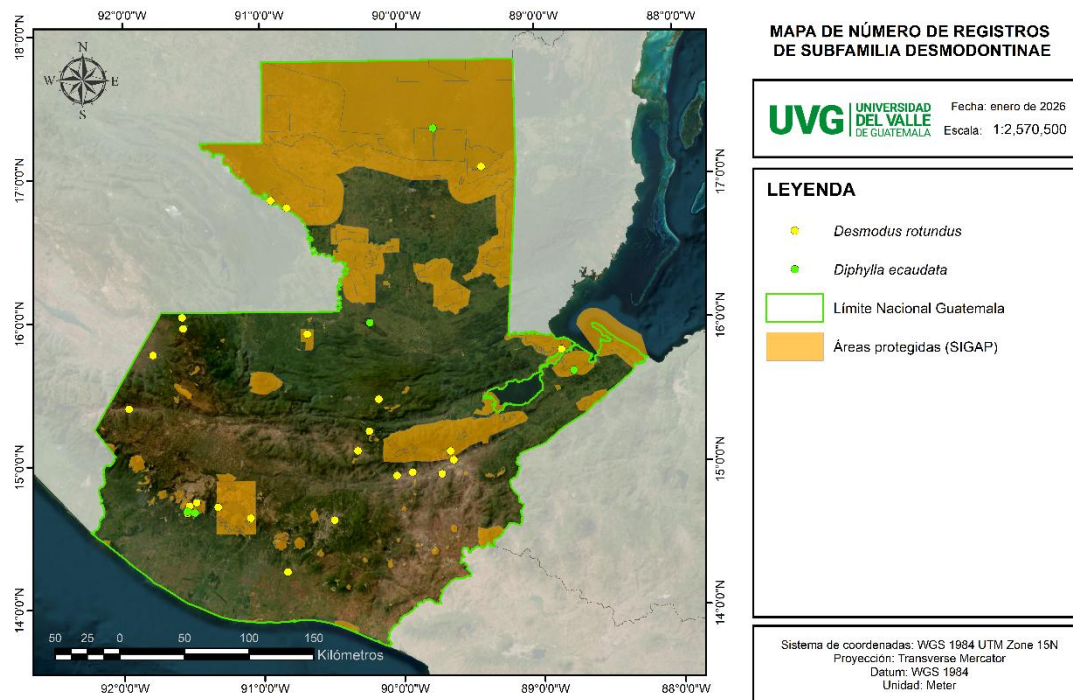
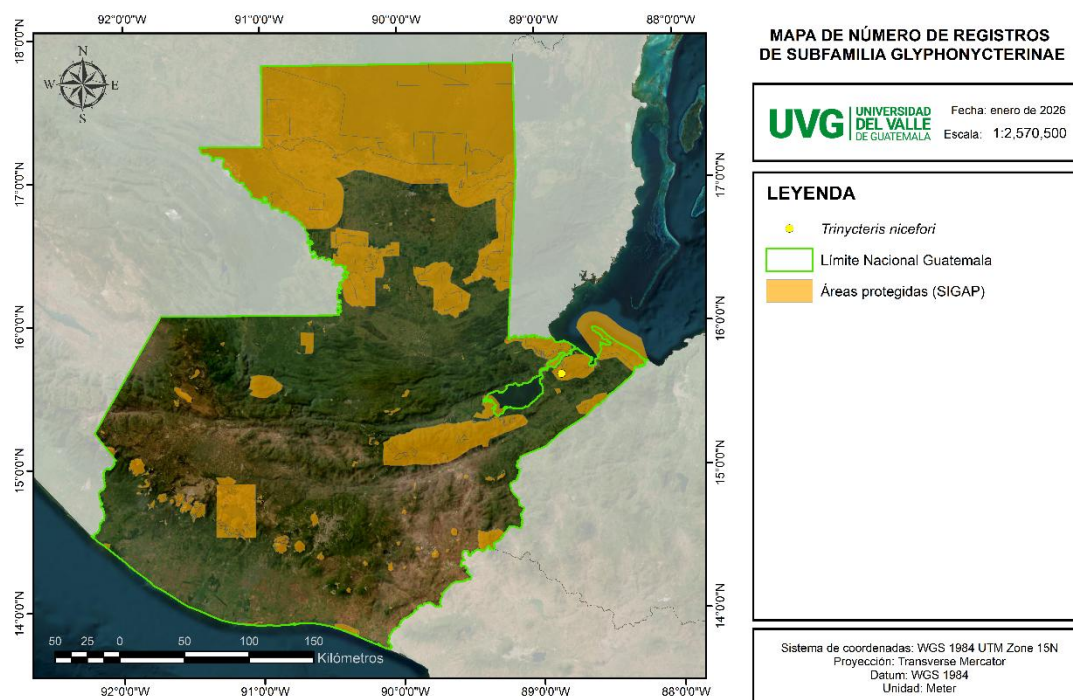


Figura 16. Registros de subfamilia Glyphonycterinae



C. Estandarización de un método de extracción para pieles de murciélago

Durante la extracción se siguió el protocolo establecido por Molbert *et al.* (2023), mediante el cual se logró obtener material genético para cada una de las muestras. No obstante, es probable que el ADN se encontrara fragmentado, considerando la procedencia y antigüedad de las muestras. Posteriormente se llevó a cabo un análisis de cuantificación de las muestras obtenidas con el objetivo de determinar su concentración y calidad. Para este procedimiento se emplearon dos metodologías distintas: Nanodrop y fluorescencia.

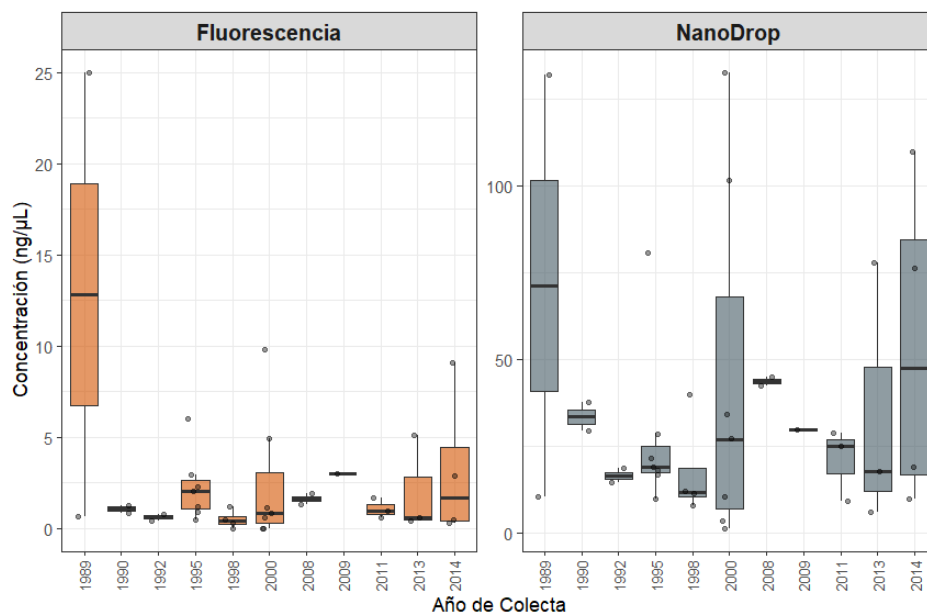
Los resultados obtenidos mediante ambas técnicas fueron registrados y comparados entre sí, permitiendo una evaluación más completa de las muestras analizadas. En el Cuadro 2, se presenta el resumen que integra los datos obtenidos a partir de cada metodología:

Cuadro 2. Resumen estadístico de la concentración de ADN a partir de dos métodos de cuantificación

Método	Promedio (ng/μL)	Desviación estándar (ng/μL)	Mínimo (ng/μL)	Máximo (ng/μL)
Fluorescencia	2.50	4.46	0.0	25.0
Nanodrop	35.6	35.5	1.4	113.2

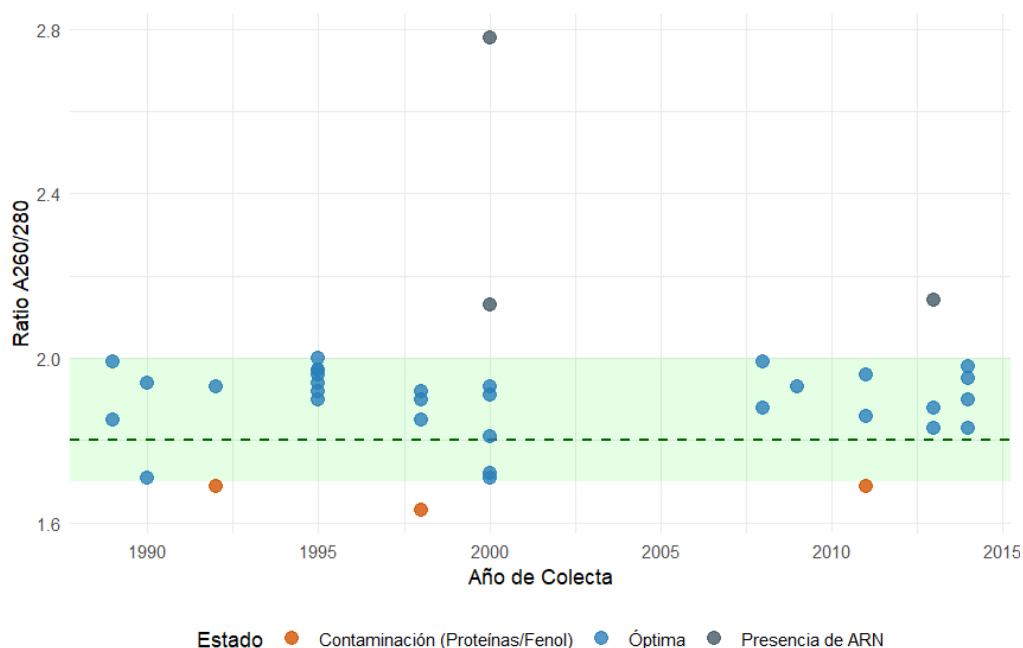
Asimismo, es importante señalar que las muestras analizadas proceden de organismos recolectados en distintos periodos de tiempo, con fechas de colecta que abarcan desde el año 1989 hasta años más recientes. Esta variabilidad temporal puede influir en la calidad y concentración del material biológico, por lo que se llevó a cabo un análisis comparativo de ambas técnicas de cuantificación, tomando como un eje principal el año de colecta del espécimen utilizado para la extracción (Figura 17).

Figura 17. Concentración de ADN por año de colecta



Por otro lado, se evaluó la pureza de las muestras obtenidas tras el proceso de extracción, considerando el año de colecta de cada una, como se ilustra en la Figura 18. La mayoría de los valores se encuentra dentro del rango de pureza aceptable, definido por la relación óptima de absorbancia A260/A280, lo que indica que las muestras poseen una calidad adecuada para análisis posteriores.

Figura 18. Pureza de ADN de las muestras por año de colecta



D. Base de datos genética

Se construyó una base de datos con las secuencias genéticas obtenidas a partir de los especímenes analizados. Del total de muestras enviadas, se logró generar secuencias de ocho ejemplares, las cuales se observan en la Figura 19. Estas secuencias fueron posteriormente alineadas y sometidas a análisis BLAST utilizando la plataforma del NCBI.

C2 (*Carollia sowelli*)

E33 (*Enchisthenes hartii*)

D7 (*Desmodus rotundus*)

G16 (*Glossophaga commissarisi*)

M3 (*Micronycteris minuta*)

T31 (*Tonatia bakeri*)

V28 (*Vampyressa thylene*)

V38 (*Vampyrodes major*)

22

Cuadro 3. Resultados de la identificación molecular mediante del gen Mamm02 de la región mitocondrial 16S y BLASTn

ID de muestra	Especie de colecciones	Longitud consenso (pb)	Coincidencia en BLASTn (Especie)	Identidad (%)	Valor E	Estado del resultado
C2	<i>Carollia sowelli</i>	50	No se obtuvo coincidencia	---	---	No concluyente
E33	<i>Enchisthenes hartii</i>	60	No se obtuvo coincidencia	---	---	No concluyente
D7	<i>Desmodus rotundus</i>	60	No se obtuvo coincidencia	---	---	No concluyente
G16	<i>Glossophaga commissarisi</i>	57	<i>Macrotus waterhousii</i>	96.88	0.002	Exitosa a nivel de familia
M3	<i>Micronycteris minuta</i>	56	<i>Micronycteris megalotis</i>	92.73	5e-11	Exitosa a nivel de género
T31	<i>Tonatia bakeri</i>	62	No se obtuvo coincidencia	---	---	No concluyente
V28	<i>Vampyressa thuyone</i>	61	No se obtuvo coincidencia	---	---	No concluyente
V38	<i>Vampyrodes major</i>	58	No se obtuvo coincidencia	---	---	No concluyente

Es importante mencionar que el set de *primers* Mamm02 se caracteriza por generar un amplicón pequeño, de aproximadamente 72 pares de bases. Debido a su tamaño, los fragmentos de ADN obtenidos presentaron cierto grado de degradación del material genético, lo cual tuvo un efecto en el rendimiento de identificación de los especímenes mediante análisis BLASTn, ya que la baja longitud de las secuencias disminuye la probabilidad de coincidencias obtenidas en las bases de datos.

IV. DISCUSIÓN

A. Actualización taxonómica

Los registros biológicos constituyen una herramienta fundamental para la preservación e identificación taxonómica de especímenes, funcionando como repositorios de material biológico de referencia para la investigación científica (Aranda, 2014; OCTA, 2020). Estos registros proporcionan datos de ocurrencia de las especies, lo que permite modelar sus patrones de distribución y contribuir al conocimiento taxonómico y biogeográfico de los distintos grupos biológicos (Elith *et al.*, 2006). En este contexto, la actualización continua de la información existente en las colecciones biológicas es una tarea esencial para garantizar que los registros biológicos reflejen el conocimiento científico más reciente y sirvan como una base de referencia confiable para estudios ecológicos, evolutivos y de conservación. Una clasificación taxonómica obsoleta puede limitar la confiabilidad de los estudios biogeográficos y filogenéticos, así como la adecuada valoración del estado de conservación de las especies.

La actualización taxonómica se centró en los registros de pieles de murciélagos de la familia Phyllostomidae. El recuento de especímenes de colecciones demostró que actualmente Colecciones biológicas UVG cuenta con un total de 167 pieles de murciélagos codificadas. Esta revisión permitió observar que la mayor cantidad de especímenes depositados en la colección corresponden a la subfamilia Stenodermatinae; de las cuales el 20% corresponden al género *Artibeus*. Dicho género que incluye especies como *Artibeus jamaicensis* que se caracterizan por ser bastante abundante en ecosistemas neotropicales, de amplia distribución geográfica, alta movilidad y con alta adaptación a diferentes tipos de hábitat (Llaven *et al.*, 2017), por lo que la magnitud del número de registros es congruente con las expectativas. Otros géneros que también presentaron una alta abundancia de especímenes en la colección son *Sturnira* sp., con 26 especímenes, *Carollia* sp., con 25 individuos, y *Glossophaga* sp. con 19 especímenes.

Es relevante destacar que la colección alberga ejemplares de alto valor científico que corresponden a especies con escasos registros documentados en Guatemala, cuya representación en colecciones biológicas nacionales resulta particularmente limitada. Entre estas se incluyen *C. mexicana*, *L. nicaraguae*, *L. evotis*, *H. underwoodi*, *L. aurita*, *M. minuta*, *M. macrophyllum*, *M. cozumelae*, *P. stenops* y *V. major*, las cuales cuentan con menos de seis registros reportados en otras colecciones nacionales. En este contexto, la incorporación de los ejemplares resguardados por la UVG tiene el potencial de enriquecer de manera significativa el conocimiento disponible y fortalecer la información reportada actualmente para estas especies en el país.

Asimismo, dentro de Colecciones biológicas UVG se establecieron 18 especímenes sin datos de colecta completos, los cuales no pueden ser subidos al Portal de biodiversidad de Guatemala. Es fundamental destacar que organismos identificados, pero no incorporados formalmente a las colecciones por falta de datos completos de colecta, siguen siendo valiosos para la investigación científica. Tales especímenes pueden utilizarse en estudios genéticos, filogenómicos o de museogenómica sin comprometer el valor de la colección física original. Esto es particularmente importante para especies raras o poco representadas, como *Chrotopterus auritus*, cuya presencia en las colecciones nacionales es escasa y cuyo material puede aportar información crítica para investigaciones futuras sin causar daño a la colección principal.

Del total de especies revisadas en Colecciones biológicas UVG, 44 presentaron discrepancias taxonómicas respecto a la clasificación actualmente aceptada. Estas discrepancias se concentraron principalmente en especies que han experimentado revisiones recientes basadas en evidencia molecular y biogeográfica. Un ejemplo representativo de las discrepancias taxonómicas identificadas se evidenció en los registros del género *Sturnira*, uno de los más diversos de la subfamilia Stenodermatinae, con al menos 21 especies reconocidas (Torres-Morales, 2019). En Colecciones biológicas UVG se encontraron siete ejemplares de murciélagos históricamente asignados a *Sturnira lilium* y un individuo registrado como *Sturnira ludovici*. Sin embargo, investigaciones filogenéticas recientes basados en marcadores moleculares han demostrado que la distribución geográfica de estas especies no incluye la parte norte de Centroamérica.

Anteriormente, *Sturnira hondurensis* fue considerada una subespecie de *Sturnira ludovici*; no obstante, evidencia reciente la reconoce a nivel de especie, delimitando su distribución desde la sierra Madre Occidental y Oriental de México hasta la Cordillera Central de Panamá (Velazco y Patterson., 2013; Torres-Morales, 2019). Otro caso parecido se presenta para la especie *Sturnira parvidens* que anteriormente estaba registrada como una subespecie de *Sturnira lilium*; no obstante, *S. lilium* quedó restringida exclusivamente a Sudamérica; mientras que *S. parvidens* pasó a ser reconocida como especie en la región centroamericana (Velazco y Patterson, 2013; Hernández-Canchola y León-Paniagua, 2017).

De manera similar, varios ejemplares de Colecciones biológicas UVG se encontraban registrados bajo el género *Artibeus*, a pesar de que actualmente algunas especies son reconocidas dentro del género *Dermanura* con base en evidencia molecular comparativa. La taxonomía del grupo ha sido compleja, ya que anteriormente el género *Dermanura* fue incluido dentro del género *Artibeus* debido a la alta variabilidad en caracteres morfológicos entre las especies de ambos grupos (Solari *et al.*, 2009). Como resultado, este conjunto taxonómico ha experimentado múltiples reordenamientos a lo largo del tiempo. En la actualidad, los análisis filogenéticos han demostrado que las especies tradicionalmente consideradas de talla pequeña forman un grupo monofilético separado de las especies de mayor tamaño agrupadas en *Artibeus sensu stricto*, lo que sustenta el reconocimiento de *Dermanura* como un género independiente (Solari *et al.*, 2009; Solari, *et al.*, 2018). En consecuencia, la totalidad de los registros asociados a este grupo requirió actualización taxonómica, representando el 100% de las revisiones realizadas para este género y el 35 % de las actualizaciones a nivel genérico.

Otro caso relevante es el del género *Lophostoma*, ya que también ha tenido algunas modificaciones taxonómicas en los últimos años. En la colección se observaron dos especies: un individuo de *Lophostoma evotis*, cuyo nombre fue actualizado a *Lophostoma evote*, y dos especímenes de *Lophostoma brasiliense*, actualmente reconocida como *Lophostoma nicaraguae*. Esta última clasificación está basada en evidencia molecular, morfológica y geográfica del complejo *Lophostoma brasiliense* que reveló la existencia de dos linajes claramente diferenciados con distribuciones alopátricas. Uno de ellos corresponde a *Lophostoma brasiliense sensu stricto*, cis-andino, restringido únicamente a Sudamérica, y el otro al linaje trans-andino reconocido actualmente como *Lophostoma nicaraguae*, presente en Centroamérica y el noroeste de Sudamérica (Esquivel *et al.*, 2022). Por lo tanto, aquellas especies que cumplen con las características de *L. brasiliense* y se encuentran registradas en Guatemala pasaron a ser *L. nicaraguae*.

Adicionalmente, se identificaron cambios relevantes en la taxonomía del género *Mimon*. En Colecciones biológicas UVG se encontraban registrados tres especímenes de *Mimon bennetti*; no obstante, de acuerdo con revisiones taxonómicas recientes, estos corresponden a la especie *Mimon cozumelae*, que anteriormente era tratada como una subespecie de *M. bennetti*, pero que en la actualidad se reconoce como una especie independiente. Esta actualización se sustenta, entre otros criterios, en la delimitación de la distribución geográfica de ambas especies, dado que *M. bennettii* presenta una distribución restringida al sudeste de Brasil y Guyanas, mientras que *M. cozumelae* mantiene una distribución que abarca México, Centroamérica y Colombia (Herrera *et al.*, 2014).

De la misma forma, se observaron cambios taxonómicos muy similares en las especies *Tonatia bakeri* y *Vampyrodes major*, que anteriormente estaban registradas como *Tonatia bidens* y *Vampyrodes caraccioli*, respectivamente. En ambos casos, estas especies fueron consideradas previamente como subespecies hasta que análisis taxonómicos y filogenéticos respaldaron su reconocimiento como especies válidas. En particular, *Tonatia bakeri*, anteriormente tratada como subespecie de *Tonatia saurophila*, que en sus inicios era tratada como una subespecie de *Tonatia bidens*; en la actualidad, la especie *Tonatia bidens* está restringida a Sudamérica, mientras que *Tonatia saurophila* se restringe a su localidad en la isla de Jamaica (Basantes *et al.*, 2020; Kraker-Castañeda *et al.*, 2021). En el caso de *Vampyrodes major* fue elevada a nivel de especie tras la actualización de su rango de distribución, que separa a *V. caraccioli* en Sudamérica y a *V. major* en Centroamérica (Herrera *et al.*, 2014).

En el caso del género *Carollia*, los ajustes taxonómicos realizados respondieron a inconsistencias detectadas durante la revisión de los especímenes depositados en la colección, particularmente relacionadas con identificaciones taxonómicas a nivel de especies. Se observó que algunos especímenes previamente asignados a *Carollia sowelli* no presentaban el patrón de tres bandas en el pelaje con una banda central blanca marcada, característica distintiva de la especie (Medellín *et al.*, 2007; Mora *et al.*, 2021). Estos especímenes fueron sometidos a una nueva identificación, manteniéndose dentro del mismo género, pero reasignándose a nivel específico con base en características morfológicas. En este proceso, los ejemplares con una coloración del pelaje incompatible y una longitud del antebrazo (AB) mayor a 41 fueron identificados como *Carollia perspicillata*; mientras que aquellos con un AB menor fueron asignados a *Carollia subrufa*.

De manera complementaria, se revisaron también los ejemplares originalmente identificados como *C. subrufa* y *C. perspicillata* dado que algunos presentaban el patrón de tres bandas con la una banda central blanquecina marcada correspondiente a *C. sowelli* (Medellín *et al.*, 2007; Mora *et al.*, 2021), como resultado de este proceso de verificación, se realizaron un total de nueve ajustes taxonómicos dentro de la subfamilia *Caroliniinae*.

Este ajuste taxonómico también se aplicó a dos ejemplares de la especie *Choeronycteris mexicana*, los cuales habían sido clasificados dentro del género *Glossophaga* sp. Sin embargo, tras una revisión de los especímenes, se determinó que presentaban características diagnósticas congruentes con *C. mexicana*. Ambos especímenes coinciden con la descripción morfológica de la especie, destacándose un pelaje café claro uniforme, con una coloración ventral ligeramente más clara, un hocico notoriamente alargado, un uropatagio carente de pelo en el borde, así como una longitud de antebrazo (AB) de 44 mm (Riechers-Pérez y Vidal-López, 2009; Medellín *et al.*, 2007; Mora *et al.*, 2021).

Todos estos hallazgos subrayan la necesidad de revisar y actualizar los registros taxonómicos en las colecciones biológicas con base en la literatura científica actualizada, especialmente para

grupos complejos y con taxonomía dinámica como los murciélagos filostómidos. Las discrepancias observadas en los especímenes de colecciones evidencian cómo los cambios recientes basados en filogenias moleculares han redefinido los límites geográficos de especies previamente consideradas con amplia distribución. Como se mencionó anteriormente, se observa que algunas especies que presentaron mayores discrepancias taxonómicas son algunas que también presentan la mayor abundancia en Colecciones biológicas UVG.

B. Análisis geográfico

La información proporcionada por Kraker-Castañeda *et al.* (2021) permitió obtener información proveniente de otra colección biológica registrada en el país, correspondiente a la Colección Biológica de la Universidad de San Carlos de Guatemala. En ese contexto, es importante señalar que la información disponible en las bases de datos puede estar sujeta a errores de catalogación e incertidumbre taxonómica, por lo que algunos registros podrían requerir de la examinación directa de los ejemplares para una adecuada validación.

Se compiló la información de ambas colecciones para generar una base de datos georeferenciados que incluya únicamente a las especies representadas en las colecciones biológicas nacionales, con la finalidad de obtener un recuento de los murciélagos filostómidos como recursos físicos disponibles en Guatemala. Si bien las plataformas como GBIF y iNaturalist proporcionan información valiosa de las especies en campo mediante registros fotográficos, estas no sustituyen por completo la importancia de los ejemplares físicos, ya que muchas características diagnósticas son necesarias para la identificación taxonómica de las especies y solo pueden evaluarse directamente. Además, estos especímenes depositados en las colecciones biológicas representan un recurso invaluable para análisis filogenéticos, fenotípicos y moleculares (Museo Nacional de Historia Natural, 2025).

Como se observa en la Figura 8, la cuadrícula de 20 x 20 kilómetros evidenció varios sitios del país donde aún no se cuentan con registros físicos de murciélagos filostómidos. Asimismo, se identificaron departamentos que presentan una mayor abundancia de los registros existentes, como Izabal, Zacapa y Petén; mientras que otros departamentos presentan una cantidad de registros escasa, siendo nula en algunas unidades espaciales de los departamentos de Jutiapa, Jalapa, Chiquimula y Quiché. Esta distribución de registros podía estar relacionada a la presencia y extensión de las áreas protegidas, dado que los departamentos como Petén, Izabal y Zacapa albergan importantes reservas naturales declaradas como áreas protegidas, incluyendo la Reserva de la Biósfera Maya, Punta de Manabique y Sierra de las Minas, respectivamente (CONAP, s.f.).

Adicionalmente, se realizaron mapas específicos para cada subfamilia de murciélagos filostómidos, en los cuales se presentan los puntos de registro de cada ejemplar. Estos análisis son relevantes para visualizar la disponibilidad y localización de las especies por subfamilia dentro del país. Un caso notable es el de la subfamilia Glyphonycterinae, la cual cuenta con un único registro que se encuentra depositado en la colección de la Universidad San Carlos de Guatemala (USAC), demostrando la necesidad del incremento del número de ejemplares de la especie *Trinycteris nicefori* que se encuentren resguardados en las colecciones biológicas, como una estrategia de preservación de la información taxonómica y biológica como un recurso invaluable de referencia para la especie (Pérez *et al.*, 2012; Portal de Biodiversidad de Guatemala, s.f.). De manera similar, la subfamilia Lonchorhininae presentó una representación limitada, con únicamente cuatro registros correspondientes a la especie *Lonchorhina aurita*.

Para cada una de las subfamilias analizadas, se detectaron especies cuya representación en las colecciones nacionales fue aportada exclusivamente por Colecciones biológicas UVG, lo que resalta su relevancia como repositorio de referencia, como en el caso de *Macrophyllum macrophyllum*. Esta especie no se encuentra representada en ninguna otra colección nacional, reflejando la importancia de las colecciones de mamíferos, particularmente en un país como Guatemala, con potencial de investigación en campo, en donde la colecta de estos especímenes represente una fuente de referencia principal. Sin embargo, las colecciones biológicas enfrentan grandes limitaciones económicas y logísticas, especialmente relacionadas con la capacidad técnica y recursos para la adecuada conservación de los ejemplares de colecta (Lizcano *et al.*, 2020).

C. Análisis genético

Durante el proceso de estandarización de un método para la extracción de ADN a partir de pieles de murciélagos filostómidos, se emplearon dos técnicas de cuantificación para evaluar la cantidad y calidad del ADN obtenido: fluorescencia y espectrofotometría mediante el NanoDrop. Ambas técnicas fueron aplicadas a muestras históricas recolectadas entre 1989 y 2014.

En términos generales, la comparación estadística de las concentraciones de ADN indicó que la técnica de espectrofotometría con el NanoDrop produjo una concentración promedio más elevada en comparación con el análisis de fluorescencia. No obstante, esta técnica también presentó una mayor desviación estándar, así como valores mínimos considerablemente bajos y máximos marcadamente altos en relación con la media. En contraste, la técnica de fluorescencia presentó una concentración menor, lo cual es consistente con la naturaleza del método, presentando además una menor desviación estándar. Sin embargo, en algunas muestras se registraron concentraciones no detectables o extremadamente bajas (menor a 1.0), lo que evidencia las limitaciones en la recuperación de ADN en algunos casos.

A partir de este análisis se determinó que el método de preservación y el año de colecta de los especímenes no representan, por sí mismos, una limitante para la extracción de ADN. No obstante, se observó que puede ser un factor para la calidad y cantidad de ADN de las muestras (McGaughan, 2020). Como se observa en la Figura 17, las muestras más antiguas, correspondientes al año 1989, presentan la mayor variabilidad y las concentraciones más elevadas en ambos métodos de cuantificación. Este patrón es característico de muestras que han estado almacenadas por largos periodos, donde la degradación del material o la evaporación del solvente pueden alterar las lecturas en los equipos (Molbert *et al.*, 2023). Además, los datos correspondientes a 1989 sugieren que las muestras de ese año no se preservaron de manera homogénea, lo que refleja en una mayor dispersión de los valores en comparación con años posteriores como 1998 o 2011.

Asimismo, la comparación entre ambas técnicas de cuantificación resulta relevante, ya que evidencia diferencias claras en la variabilidad de los resultados. Aunque la técnica de fluorescencia generó menores valores de concentración, estos mostraron una menor variabilidad entre sí, reflejada en rangos intercuartílicos más estrechos en los diagramas de caja y bigotes, en contraste con los obtenidos mediante el NanoDrop, que presentan una mayor dispersión de los datos, así como un número elevado de valores atípicos, lo que representa una mayor amplitud de los diagramas de caja.

Asimismo, el análisis de métodos de cuantificación evidencia que el método basado en fluorescencia presenta una mayor precisión y especificidad para la cuantificación de ADN, ya que emplea fluorocromos que se unen selectivamente al ADN de doble cadena, reduciendo la interferencia de contaminantes como proteínas, ARN o compuestos orgánicos. En contraste, el método de espectrofotometría (NanoDrop) tiende a sobreestimar o generar mayor variabilidad en las concentraciones debido a que mide absorbancia total a 260 nm, sin distinguir entre tipos de ácidos nucleicos ni contaminantes presentes en la muestra. Diversos estudios han demostrado que los métodos fluorométricos ofrecen una mayor exactitud en muestras con baja concentración o con posibles impurezas, mientras que los espectrofotométricos son más sensibles a interferencias y pueden sobrestimar la concentración real de ADN (Bruijns *et al.*, 2022; Masago *et al.*, 2021). Por lo tanto, el uso de métodos de fluorescencia resulta más confiable para la determinación precisa de la concentración de ADN de muestras de organismos preservados en colecciones biológicas.

Por otra parte, la cuantificación con el NanoDrop permitió evaluar la pureza de las muestras obtenidas a partir de la extracción a través de la relación de absorbancia A260/280. La mayoría de las muestras presentó valores de pureza dentro del rango esperado. Sin embargo, tres muestras presentaron una pureza menor a la del rango esperado, sugiriendo una posible contaminación de la muestra por presencia de proteínas, fenol u otros contaminantes que se absorben fuertemente a 280 nm (Gallagher, 2001; Lucena-Aguilar *et al.*, 2016). Por el contrario, se observaron otras tres muestras que sobrepasaron el rango óptimo, lo cual podría atribuirse a la incapacidad del método de espectrofotometría para diferenciar el ARN del ADN, de forma que la presencia de ARN puede incrementar los valores obtenidos (Glaser, 1995; Lucena-Aguilar *et al.*, 2016).

Adicionalmente, no se identificaron patrones de tendencia específica asociados al año de colecta de las muestras en ninguno de los dos métodos de cuantificación, tanto para los valores de concentración como para los valores de pureza. En consecuencia, no se evidenció una relación directa entre la antigüedad de las muestras y cantidad o calidad del ADN recuperado.

En cuanto a los resultados obtenidos a partir de la secuenciación, de las 39 muestras enviadas para la secuenciación, únicamente 8 proporcionaron un espectroferograma de alta calidad para el análisis (Figura 19), ya que la mayoría de los resultados de secuenciación presentaron una espectroferograma que presentaba una baja calidad de las secuencias. En las muestras que no presentaron la calidad esperada se identificaron dos tipos de problemas; el primero relacionado con una espectroferograma correcto, pero con mucho ruido de fondo y no se logra diferenciar el lugar donde comienza la secuencia, y el segundo relacionado a la pérdida brusca de la secuencia (Figura 21).

Ambos escenarios observados durante la amplificación pueden atribuirse a múltiples factores. Por un lado, la ausencia o debilidad de la señal puede estar asociada a la insuficiente cantidad de ADN utilizado, lo cual genera una señal demasiado baja que tiende a confundirse con el ruido de fondo inherente a la reacción, situación que puede corregirse utilizando mayores cantidades de ADN en las reacciones de PCR. Por otro lado, estos resultados también pueden estar asociados a una amplificación inespecífica, en donde existen amplicones contaminantes o productos secundarios en la muestra, sugiriendo la necesidad de optimizar las condiciones de la reacción de PCR, o de sustituir y/o purificar los *primers* empleados (Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neyra, s.f.).

Es importante mencionar que los fragmentos recuperados fueron de tamaño reducido, lo cual está directamente relacionado con el uso del primer corto como Mamm02, diseñado para

amplificar un fragmento máximo de 72 pb (Taberlet *et al.*, 2018). Adicionalmente, la calidad del ADN extraído fue limitada, lo cual está relacionado con el origen de las muestras; al ser muestras de museo, la degradación del material genético es un factor común. A pesar de estas limitaciones, en aquellos casos que lograron amplificar, se detectaron regiones con múltiples interrupciones (*gaps*) en las secuencias obtenidas. Por esa razón, se realizó una secuenciación bidireccional de las muestras, permitiendo la obtención de información del *forward* y *reverse*, las cuales facilitaron la reconstrucción de una secuencia consenso alineada.

Los resultados preliminares del análisis BLASTn sugieren que el procedimiento implementado es potencialmente útil como un indicador confiable a nivel de familia y género para algunas especies. Sin embargo, para incrementar la resolución taxonómica y precisión de identificación, se sugiere complementar este enfoque con el uso de otros marcadores moleculares, así como utilizar *primers* de mayor longitud que permitan amplificar fragmentos de mayor tamaño, por medio de los cuales puedan generarse un mayor número de coincidencias durante el análisis.

Es necesario corroborar en bases de datos públicas como NCBI la disponibilidad de secuencias de referencia correspondientes a las regiones analizadas para las especies muestreadas. La ausencia o escasez de información genética de referencia puede estar relacionada con la falta de coincidencias concluyentes en algunos análisis BLAST, considerando que numerosos estudios emplean marcadores mitocondriales como el gen citocromo-b, u otras regiones mitocondriales y nucleares para realizar análisis filogenéticos.

Un ejemplo de esta situación es el caso de la muestra E33, correspondiente al organismo *Enchisthenes hartii*. El análisis BLASTn no encontró coincidencias concluyentes con secuencias previamente registradas. Por este motivo, se realizó la búsqueda manual de los genes en NCBI, revelando que, aunque existen varias secuencias disponibles para la especie, es importante aclarar que de los 37 resultados obtenidos únicamente se identificó una única referencia genética para la especie correspondiente al gen 16S. Esta limitación restringe la posibilidad de coincidencias para la secuencia extraída. Cabe destacar que la mayoría de los estudios genéticos enfocados en esta especie han utilizado regiones diferentes del genoma, como el Citocromo-b (Redondo *et al.*, 2008), lo que explica la escasez de coincidencias para la región analizada en el estudio.

V. CONCLUSIONES

- La revisión taxonómica de los registros de murciélagos filostómidos depositados en colecciones biológicas demostró ciertas discrepancias con la taxonomía aceptada en la actualidad, lo que confirma la necesidad de realizar actualizaciones periódicas como un proceso indispensable para la confiabilidad de la información.
- Las Colecciones biológicas de la Universidad del Valle de Guatemala representan un repositorio clave a nivel nacional albergando 167 pieles de murciélagos filostómidos, incluyendo registros de especies poco representadas a nivel nacional.
- Los cambios en la taxonomía de los géneros *Sturnira*, *Dermanura*, *Lophostoma*, *Mimon*, *Tonatia* y *Vampyrodes* evidencian la importancia de un seguimiento detallado de las actualizaciones taxonómicas de los especímenes de colecciones, tomando como referencia literatura reciente.
- Los análisis espaciales revelaron una concentración de registros en departamentos que presentan áreas protegidas como Petén e Izabal; mientras que departamentos como Jutiapa, Jalapa y Quiché presentan vacíos de información basada en ejemplares físicos.
- Existen especies que tienen una representación extremadamente limitada en colecciones nacionales, como *L. aurita* y *T. nicefori*, lo que limita el conocimiento biológico y taxonómico de estos grupos en Guatemala; por lo cual, resulta fundamental fortalecer su inclusión de forma responsable en colecciones científicas institucionales, como Colecciones biológicas de la Universidad del Valle de Guatemala (UVG).
- La extracción de ADN de las pieles de murciélagos depositados en colecciones biológicas no está limitada por el año de colecta y el método de preservación; sin embargo, pueden influir en la calidad y la cantidad, observándose una alta variabilidad en las muestras más antiguas.
- Los resultados preliminares de secuenciación evidencian el potencial de la generación de secuencias moleculares como un aporte al conocimiento de los taxones estudiados y a la construcción de referencias genéticas. Sin embargo, el número de secuencias exitosas no permiten evaluar de manera robusta la utilidad de la integración de los enfoques fenotípico y molecular en la identificación taxonómica.

VI. RECOMENDACIONES

- Se recomienda establecer protocolos de actualización continua en Colecciones biológicas de la Universidad del Valle de Guatemala basada en revisiones taxonómicas periódicas, con la finalidad de reforzar la información asociada a los especímenes para maximizar su utilidad en futuros estudios taxonómicos y moleculares.
- Es prioritario dirigir esfuerzos de colecta en departamentos con vacíos de información, priorizando las zonas con menor representación en colecciones biológicas; así como aumentar el número de individuos de las especies que han sido poco documentadas en el país para fortalecer el conocimiento taxonómico y biogeográfico.
- Se recomienda fortalecer la inclusión de registros de aquellos especímenes con pocas referencias en colecciones biológicas nacionales ya que su resguardo permitiría mejorar el acceso a material de referencia confiable, apoyar procesos de identificación molecular y morfológica, y fomentar la investigación científica y estudios de conservación.
- Se sugiere optimizar el protocolo para la amplificación de ADN, ajustando las condiciones de PCR como aumentar la cantidad de ADN por muestra, la prueba de diferentes sets de *primers* y la evaluación del diseño de nuevos *primers* específicos.
- Asimismo, se recomienda complementar el marcador utilizado con otros genes mitocondriales y/o nucleares que son comúnmente empleados en otros estudios genéticos, como el citocromo-b.
- Se recomienda continuar la generación de secuencias de referencia y ampliar el muestreo para evaluar en futuras investigaciones el desempeño de este enfoque combinado, con el objetivo de reducir errores de identificación y fortalecer la validez de los registros.

VII. REFERENCIAS

- Aranda, A.T. (2014). Coleções Biológicas: Conceitos básicos, curadoria e gestão, interface com a biodiversidade e saúde pública. *III Simpósio sobre a Biodiversidade da Mata Atlântica*. 45-56.
- Baker, R., Porter, C., Patton, J., Van-Den, R. (2000). *Systematics of Bats of the Family Phyllostomidae based on Rag2 DNA Sequences*. Museum of Texas Tech University, 202 (1). <https://www.depts.ttu.edu/nsrl/publications/downloads/op202.pdf>
- Bailey, S., Mao, X., Struebig, M., Tsagkogeorga, G., Csorba, G., Heaney, L., Sedlock, J., Stanley, W., Rouillard, J., Rossiter, S. (2015). The use of museum samples of large-scale sequence capture: A study of congeneric horseshor bats (family Rhinolophidae). *Biological Journey of the Linnean Society*. 117 (1), 58-70. <https://doi.org/10.1111/bij.12620>
- Bruijns, B., Hoekema, T., Oomens, L., Tiggelaar, R., & Gardeniers, H. (2022). Performance of Spectrophotometric and Fluorometric DNA Quantification Methods. *Analytica*, 3 (3), 371-384. <https://doi.org/10.3390/analytica3030025>
- CONAP. (s.f.). Listado de áreas protegidas. Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP). <https://conap.gob.gt/listado-de-areas-protegidas/>
- CONAP. (2024). Gremios tróficos de murciélagos. Consejo Nacional de áreas Protegidas (CONAP). <https://conap.gob.gt/gremios-troficos-de-murcielagos/>
- Cruz-Salazar, B., Ruiz-Montoya, L., Mendoza-Sáenz, V., Riechers-Pérez, A., García-Bautista, M. (2020). Genetic Diversity of Tropical Bats and Its Relationship with Ecological Role in a Tropical Semievergreen Rain Forest in El Ocote Biosphere Reserve, Chiapas, Mexico. *Tropical Conservation Science*, 11 (1). <https://doi.org/10.1177/1940082917752473>
- Elith, J., Graham, C., Anderson, R., Ferrier, S., Guisan, A., Hijmans, R., Huettmann, F., Leathwrick, J., Lehman, A., Li, J., Lohmann, L., Loiselle, L., Manion, G. (2006). Novel methods improve prediction of species distribution from occurrence data. *Ecography*. 29 (1), 129-151. <https://doi.org/10.1111/j.2006.0906-7590.04596.x>
- Esquivel, D. A., Pereira, M. J. R., Stuhler, J. D., Rossoni, D. M., Velazco, P. M., & Bianchi, F. M. (2022). Multiples lines of evidence unveil cryptic diversity in the *Lophostoma brasiliense* (Chiroptera: Phyllostomidae) complex. *Systematics and Biodiversity*, 20(1), 1–21. <https://doi.org/10.1080/14772000.2022.2110172>
- Gallagher, S. (2001). Quantitation of Nucleic Acids with Absorption Spectroscopy. *Current Protocols in protein Science*, 13 (1), Apéndice 4: Apéndice 4K. <https://doi.org/10.1002/0471140864.psa04ks13>
- Glasel, J. A. (1995). Validity of nucleic acid purities monitored by 260 nm/280 nm absorbance ratios. *Biotechniques*, 18 (1), 62–63. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7702855/>
- Gouy M., Guindon S. & Gascuel O. (2010) SeaView version 4: a multiplatform graphical user interface for sequence alignment and phylogenetic tree building. *Molecular Biology and Evolution*, 27 (2), 221-224.

- Hernández-Canchola, G., Ortega, Jorge., León-Paniagua, L. (2021). *Sturnira hondurensis* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Mammalian Species*, 53 (1001), 23–34, <https://doi.org/10.1093/mspecies/seab003>
- Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neyra (IPBLN-CSIC). (s. f.). Problemas más frecuentes durante la secuenciación. <https://www.ipb.csic.es/problemas-secuenciacion>
- Jiménez, A. (2013). *Conocimiento y conservación de los murciélagos filostómidos (Chiroptera: Phyllostomidae) y su utilidad como bioindicadores de la perturbación de los bosques neotropicales*. Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid. https://repositorio.uam.es/bitstream/handle/10486/660180/jimenez_ortega_alexmauricio.pdf?sequence=4&isAllowed=y
- Kraker-Castañeda, C. (2015). La insospechada riqueza de murciélagos en Guatemala. *Ecofronteras*, 19 (53), 26-29. <https://revistas.ecosur.mx/ecofronteras/index.php/eco/article/view/1563/1506>
- Kraker-Castañeda, C., Pérez, G., Cajas-Castillo, O., Echeverría-Tello, L. (2016). Lista actualizada de los murciélagos (Mammalia, Chiroptera) de Guatemala. *Revista mexicana de biodiversidad*, 87 (2), 409-416. <https://doi.org/10.1016/j.rmb.2015.10.005>
- Kraker-Castañeda, C., Lorenzo, C., Bolaños, J., Ortiz, D., Leiva, E. (2021). *Los murciélagos filostómidos de Chiapas, México y Guatemala. Guía fotográfica y geográfica*. El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR), México. https://www.researchgate.net/publication/355753890_Los_murcielagos_filostomidos_de_Chiapas_Mexico_y_Guatemala_Guia_fotografica_y_geografica
- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Version 12 for Adaptive and Green Computing. *Molecular Biology and Evolution*, 41 (12). <https://doi.org/10.1093/molbev/msae263>
- Llaven, V., Ruiz, L., García, M., Leshner, J. y Machkour, S. (2017). Diversidad y estructura genética de *Artibeus jamaicensis* (Chiroptera: Phyllostomidae) en Chiapas, México. *Acta zoológica mexicana*, 33 (1), 55-66. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0065-17372017000100055&lng=es&tlng=es.
- Lizcano, D., Matínez-Medina, D., Rodríguez-Posada, M., Otárola-Ardilla, A., Rojas-Rojas, A., Suárez-Castro, A., Ramírez-Chavez, H., Gonzáles-Maya, J., Pardo, L., Cruz-Rodríguez, C. y Sánchez, F. (2020). Mamíferos, historia natural y colecciones. *Mammalogy Notes*, 6 (2). <https://doi.org/10.47603/mano.v6n2.201>
- Mantilla-Meluk, H. (2014). Defining species and species boundaries in *Uroderma* (Chiroptera, Phyllostomidae) with a description of a new species. *Occasional Papers, Museum of Texas Tech University*, (325), 25. <https://www.depts.ttu.edu/nsrl/publications/downloads/OP325.pdf>
- Masago, K., Fujita, S., Oya, Y., Takahashi, Y., Matsushita, H., Sasaki, E., & Kuroda, H. (2021). Comparison between Fluorimetry (Qubit) and Spectrophotometry (NanoDrop) in the Quantification of DNA and RNA Extracted from Frozen and FFPE Tissues from Lung

- Cancer Patients: A Real-World Use of Genomic Tests. *Medicina*, 57 (12), 1375. <https://doi.org/10.3390/medicina57121375>
- McGaughan, A. (2020). Effects of sample age on data quality from targeted sequencing of museum specimens: What are we capturing in time? *BMC Genom.* 21, 188.
- Medellín, R., Arita, H., Sánchez, O. (2007). *Identificación de los Murciélagos de México. Clave de campo*. Instituto de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México, 1(2). https://www.researchgate.net/publication/286335207_Identificacion_de_los_murcielagos_de_Mexico_Clave_de_campo_Segunda_Edicion_Instituto_de_Ecologia
- Molbert, N., Ghanavi, H.R., Johansson, T. *et al.* (2013). An evaluation of DNA extraction methods on historical and roadkill mammalian specimen. *Sci Rep* 13, 13080. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-39465-z>
- Mora, J., López, L. y Espinal, M. (2021). Clave de campo para la identificación de los murciélagos de Honduras. *Notas sobre Mamíferos Sudamericanos*, 3, 001-033. <https://ojs.sarem.org.ar/index.php/nms/article/view/761/88>
- Museo Nacional de Historia Natural. (2025). *Colecciones biológicas: ¿Por qué los museos necesitan seguir recolectando ejemplares?* Área de Zoología de Invertebrados. Museo Nacional de Historia Natural, Chile. <https://www.mnhn.gob.cl/noticias/colecciones-biologicas-por-que-los-museos-necesitan-seguir-recolectando-ejemplares>
- OCTA. (2020). La importancia de las colecciones biológicas para la conservación de la biodiversidad. Organización del Tratado de Cooperación Amazónica (OCTA). <https://otca.org/la-importancia-de-las-colecciones-biologicas-para-la-conservacion-de-la-biodiversidad-2/>
- Ossa, P., Giraldo, J., López, G, Días, L. y Rivera, F. (2012). Colecciones Biológicas: Una alternativa para los estudios de diversidad genética. *Boletín Científico. Centro de Museos. Museo de Historia Natural*, 16(1), 143-155. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S012330682012000100012&lng=en&tlng=es.
- Pérez, S.G., López, J.E., McCarthy, T. (2012). Five new records of bats for Guatemala, with comments on the checklist of the country. *Chiroptera Neotropical* 18 (1), 1106-1110. https://www.researchgate.net/publication/317014939_Five_new_records_of_bats_for_Guatemala_with_comments_on_the_checklist_of_the_country
- Pérez-Consuegra, S. G., Patton, J., Velasquez-Domínguez, E., López, J., Ordoñez-Sayle, E. y Nicolle, J. (2017). Distributional extensions of *Carollia castanea* and *Miconycteris minuta* from Guatemala, Central America. *Mammalia*, 82 (1), 72-77. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2016-0090>
- Pérez-Netzahual, E., Santiago-Plata, V. y García-Morales, R. (2023). Diversidad de murciélagos filostómidos en vegetación ribereña, Tabasco, México. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 10 (2). <https://doi.org/10.19136/era.a10n2.3535>
- Pinzan, M. y Morielle-Versute, E. (2008). Suitability of DNA extracted from archival specimens of fruit-eating bats of the genus *Artibeus* (Chiroptera, Phyllostomidae) for polymerase chain

- reaction and sequencing análisis. *Genetics and Molecular Biology*, 31 (1), 160-165. <https://www.scielo.br/j/gmb/a/PrdHKJYkwpjk5QpdKpv9Rdy/?format=pdf&lang=en>
- Portal de Biodiversidad de Guatemala. (s.f.). Digitalización y Manejo de Colecciones Biológicas. <https://biodiversidad.gt/portal/collections/list.php?db=4&taxa=Phyllostomidae&usethes=1&taxontype=2&comingFrom=newsearch&sortfield1=o.sciname&sortorder=&page=4>
- Reid, F. A. (2009). *A field guide to the mammals of Central America and southeast Mexico* (2da. ed.). Nueva York: Oxford University Press.
- Redondo, R., Brina, L., Silva, R., ditchfield, A., y Santos, F. (2008). Molecular systematics of the genus *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 24 (1), 44-58. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.07.00>
- Simmons, N. B. y Cirranello, A. L. (2020). Bat species of the world: a taxonomic and geographic database. Nueva York, E.U.A.: American Museum of Natural History. <https://batnames.org/>
- Solari, S., Hoofer, S., Larsen, P., Brown, A., Bull, R., Guerrero, J., Ortega, J., Carrera, J., Badley, R. y Baker, R. (2009). Operational Criteria for Genetically Defined Species: Analysis of the Diversification of the Small Fruit-Eating Bats, *Dermanura* (Phyllostomidae: Stenodermatinae). *Acta Chiropterologica*, 11 (2). 279-288. <http://www.bioone.org/doi/full/10.3161/150811009X485521>
- Solari, S. y Esquivel, D. (2018). Revisión morfológica de cinco especies de *Dermanura* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Boletín de la Red Latinoamericana y del Caribe para la Conservación de Murciélagos (RELCOM)*, 9 (1). 3-10. <https://www.relcomlatinoamerica.net/images/PDFs/Boletines/2018-9-1%20Ene-Abr.pdf>
- Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L. y Coissac, E. (2018). Environmental DNA for biodiversity research and monitoring. *Oxford University Press*, 215. <https://doi.org/10.1093/oso/9780198767220.001.001>
- Torres-Morales, L. (2019). Límites de distribución actual de *Sturnira hondurensis*. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. Instituto de Biología de la Universidad Autónoma de México. <https://revista.ib.unam.mx/index.php/bio/article/view/2644>
- Turcios-Casco, M. A., Ávila-Palma, H. D., LaVal, R. K., Stevens, R. D., Ordoñez-Trejo, E. J., Soler-Orellana, J. A. y Ordoñez-Mazier, D. I. (2020). A systematic revision of the bats (Chiroptera) of Honduras: an updated checklist with corroboration of historical specimens and new records. *Zoosystematics and Evolution*, 96 (2), 411-429. <https://doi.org/10.3897/zse.96.51059>
- Universidad del Valle de Guatemala. (s.f.). Nuestra Biodiversidad se reúne en Colecciones Biológicas UVG. <https://noticias.uvg.edu.gt/biologia-biodiversidad-colecciones-biologicas-uvg/>
- Velazco, P. M. y Patterson, B.D. (2013). Diversification of the Yellow-Shouldered Bats, Genus *Sturnira* (Chiroptera, Phyllostomidae). In the New World Tropics, *Molecular Phylogenetics and Evolution*. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2013.04.016>

VIII. ANEXOS

Cuadro 4. Especímenes seleccionados de Colecciones biológicas UVG para análisis genético

No.	Código UVG	Subfamilia	Especie
1	UVGM001240	Sternodermatine	<i>Sturnira parvidens</i>
2	UVGM000133		<i>Sturnira hondurensis</i>
3	UVGM000159		<i>Sturnira hondurensis</i>
4	UVGM000645		<i>Sturnira sp.</i>
5	UVGM001239		<i>Sturnira hondurensis</i>
6	UVGM000430		<i>Platyrhinus helleri</i>
7	UVGM001231		<i>Centurio senex</i>
8	UVGM000020		<i>Artibeus toltecus</i>
9	UVGM000501		<i>Artibeus watsoni</i>
10	UVGM000847		<i>Artibeus sp.</i>
11	UVGM001127		<i>Artibeus astecus</i>
12	UVGM000147		<i>Artibeus literatus</i>
13	UVGM000238		<i>Artibeus jamaicensis</i>
14	UVGM002529		<i>Enchisthenes hartii</i>
15	UVGM000828		<i>Vampyressa thylene</i>
16	UVGM001133		<i>Vampyrodes major</i>
17	UVGM002510		<i>Uroderma davisii</i>
18	UVGM000074	Phyllostominae	<i>Phyllotomus discolor</i>
19	UVGM000436		<i>Phylloderma stenops</i>
20	UVGM000128		<i>Mimon cozumelae</i>
21	UVGM000439		<i>Lonchorhina aurita</i>
22	UVGM000835		<i>Macrophyllum macrophyllum</i>
23	UVGM001118		<i>Micronycteris minuta</i>
24	UVGM000649		<i>Hylonycteris unerwoodi</i>
25	UVGM000500		<i>Lophostoma nicaraguae</i>

No.	Código UVG	Subfamilia	Especie
26	UVGM000129		<i>Tonatia bakeri</i>
27	N/A		<i>Chrotopterus auritus</i>
28	UVGM000142	Desmodontinae	<i>Desmodus rotundus</i>
29	UVGM000494		<i>Diphylla ecaudata</i>
30	UVGM001104	Carolliinae	<i>Carollia perspicillata</i>
31	UVGM001102		<i>Carollia perspicillata</i>
32	UVGM000502		<i>Carollia sowelli</i>
33	UVGM000496		<i>Carollia perspicillata</i>
34	UVGM000169		<i>Carollia subrufa</i>
35	UVGM000160	Glossophaginae	<i>Anoura geoffroyi</i>
36	UVGM000498		<i>Glossophaga commisarisi</i>
37	UVGM000134		<i>Glossophaga soricina</i>
38	UVGM000142		<i>Desmodus rotundus</i>
39	UVGM000405		<i>Choeronycteris mexicana</i>

Figura 20. Espectroferograma de buena calidad

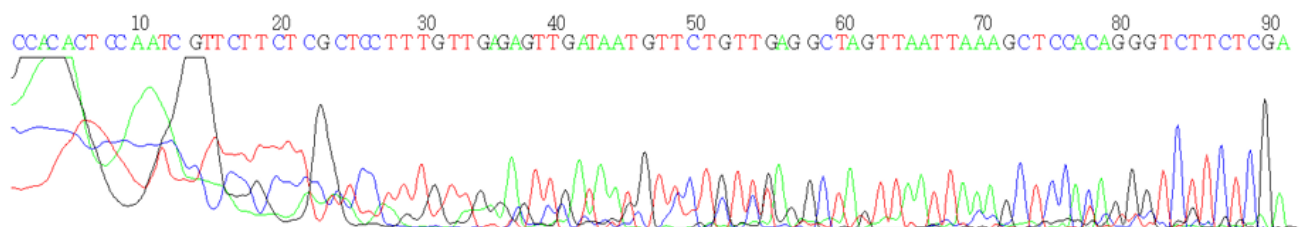


Figura 21. Espectroferograma de baja calidad con pérdida de señal (muestra A18)

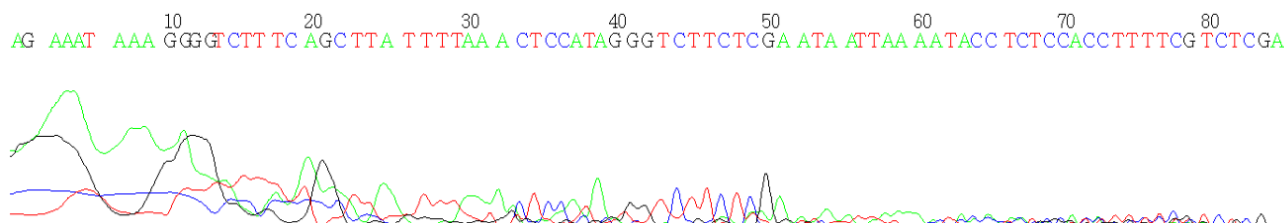


Figura 22. Coincidencias resultantes de la búsqueda manual en la base de datos de NCBI para la especie *Enchisthenes hartii*



National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Gene

Gene

Enchisthenes hartii

Search

[Create RSS](#)
[Save search](#)
[Advanced](#)

Gene sources

Mitochondria
Organelles

Categories

Annotated genes
Non-coding
Protein-coding

Sequence content

RefSeq

Status

Current

[Clear all](#)

[Show additional filters](#)

Tabular

50 per page

Sort by Chromosome

Send to

Hide sidebar

Search results

Items: 37

Showing Current items.

Name/Gene ID	Description	Location	Aliases
☐ NYM53_mgt01 ID: 74550496	tRNA-Phe [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (1..71)	NYM53_mgt01
☐ NYM53_mgt02 ID: 74550497	12S ribosomal RNA [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (72..1042)	NYM53_mgt02
☐ NYM53_mgt02 ID: 74550498	tRNA-Val [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (1043..1112)	NYM53_mgt02
☐ NYM53_mgt01 ID: 74550499	16S ribosomal RNA [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (1113..2673)	NYM53_mgt01
☐ NYM53_mgt03 ID: 74550500	tRNA-Leu [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (2675..2749)	NYM53_mgt03
☐ ND1 ID: 74550501	NADH dehydrogenase subunit 1 [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (2752..3707)	NYM53_mgt13
☐ NYM53_mgt04 ID: 74550502	tRNA-Ile [<i>Artibeus hartii</i> (little fruit-eating bat)]	Chromosome MT, NC_065681.1 (3708..3776)	NYM53_mgt04

Filters: [Manage Filters](#)

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

"Artibeus hartii"[Organism] AND alive[prop]

Search

See more...

Recent activity

enchisthenes hartii AND (alive[prop]) (37)

enchisthenes hartii mitochondrion AND (alive[prop]) (0)

NYM53_mgt01 [Artibeus hartii]

39