



Uema
UNIVERSIDADE ESTADUAL
DO MARANHÃO



PPGCA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM CIÊNCIA ANIMAL

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO MARANHÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL**

Marxo Santana Guimarães Moraes

**BACTÉRIAS PULMONARES DE MORCEGOS DO CERRADO BRASILEIRO:
DIVERSIDADE E SUSCETIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS**

**Caxias – MA
2026**

Marxo Santana Guimarães Moraes

**BACTÉRIAS PULMONARES DE MORCEGOS DO CERRADO BRASILEIRO:
DIVERSIDADE E SUSCETIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – Curso de Mestrado da Universidade Estadual do Maranhão (PPGCA/UEMA) como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Orientadora: Prof. Dr^a. Maria Claudene Barros

**Caxias – MA
2026**

Morais, Marxo Santana Guimarães.

Bactérias pulmonares de morcegos do cerrado brasileiro: diversidade e suscetibilidade a antimicrobianos./ Marxo Santana Guimarães Moraes. - São Luís - MA, 2026.

64f.

Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal) - Universidade Estadual do Maranhão, São Luís, 2026.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Claudene Barros.

1. Antibiógrama. 2. Chiroptera. 3. Microbiota. 4. Pulmão. I. Título.

CDU: 599.4(812.1)

Marxo Santana Guimarães Moraes

**BACTÉRIAS PULMONARES DE MORCEGOS DO CERRADO BRASILEIRO:
DIVERSIDADE E SUSCETIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS**

BANCA EXAMINADORA

Caxias/MA, 13 / 02 /2026

Documento assinado digitalmente
 **MARIA CLAUDENE BARROS**
Data: 13/05/2026 16:27:51-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Maria Claudene Barros - Orientador
UEMA, Campus Caxias

Documento assinado digitalmente
 **ALCINA VIEIRA DE CARVALHO NETA**
Data: 24/06/2026 06:56:32-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Alcina Vieira de Carvalho Neta – Membro interno
UEMA, Campus São Luís

Documento assinado digitalmente
 **MARIA CLEONEIDE DA SILVA**
Data: 19/05/2026 16:21:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Maria Cleoneide da Silva – Membro externo
UEMA, Campus Caxias

Prof. Dr. Francisco Laurindo da Silva – Suplente externo
UEMA, Campus Caxias

Prof. Dr. Elmary da Costa Fraga – Suplente interno
UEMA, Campus Caxias

BACTÉRIAS PULMONARES DE MORCEGOS DO CERRADO BRASILEIRO: DIVERSIDADE E SUSCETIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS

Os morcegos desempenham papéis ecológicos fundamentais, com ampla adaptabilidade a diferentes ambientes, favorecendo o contato com humanos e atenuando o papel desses animais como potenciais reservatórios de patógenos. Bactérias patogênicas, já isoladas de morcegos como *Bartonella* spp., *Leptospira* sp., *Rickettsia rickettsii* e *Escherichia coli*, reforçam a importância de investigar a biologia, ecologia e relevância sanitária desses animais. Estudos recentes demonstram que, ao contrário do que se acreditava, os pulmões não são estéreis e podem abrigar comunidades bacterianas estáveis com funções importantes. Dessa forma, a presente pesquisa teve como objetivo analisar a composição da microbiota pulmonar de morcegos do cerrado brasileiro e determinar o perfil de suscetibilidade das cepas bacterianas isoladas a antimicrobianos. Os morcegos foram coletados, com auxílio de rede de neblina, nos municípios de Caxias/MA, Floriano/PI e Barão de Grajaú/MA, todos esses municípios pertencentes ao bioma Cerrado e foram encaminhados ao Laboratório de Genética/LABGEN, sediado no complexo GENBIMOL UEMA, Campus Caxias, com subsequentes procedimentos laboratoriais para identificar as espécies de morcegos e para obtenção das bactérias pulmonares. As bactérias pulmonares foram obtidas em duas abordagens: Abordagem independente de cultivo e abordagem dependente de cultivo. Na abordagem independente de cultivo fez-se a extração de DNA diretamente do tecido pulmonar dos morcegos, seguido de amplificação do gene rRNA16S a fim de verificar presença ou ausência das bactérias. Na abordagem dependente de cultivo fez-se uso de swab junto ao órgão pulmonar, cultivou-se as bactérias em placas em ágar sangue de carneiro, ágar nutriente, ágar eosina-azul de metileno e ágar Mueller-Hinton. A partir das bactérias cultivadas fez-se a extração de DNA, amplificação do gene rRNA 16S e sequenciamento deste. No Ágar nutriente foi adicionado penicilina visando selecionar bactérias resistentes a β -lactâmicos e no Ágar Mueller-Hinton, pelo método de difusão em disco (Kirby-Bauer) avaliou-se a resistência a outros antibióticos. Para identificação e composição dos morcegos optou-se por o uso de marcadores morfológicos, moleculares e ecológicos. Como resultado obteve-se nos municípios amostrados o registro de 21 espécies de morcegos, distribuídas em cinco famílias, com predominância da espécie *Carollia perspicillata* família Phyllostomidae. Das 21 espécies registradas 11 evidenciaram presença bacteriana, onde pela análise molecular dos pulmões confirmou-se a presença de DNA bacteriano em oito espécies de morcegos: *Rhynophylla pumilio*, *Molossus molossus*, *Carollia perspicillata*, *Artibeus cinereus*, *Phyllostomus hastatus*, *Glossophaga soricina*, *Sturnira lilium*, *Artibeus planirostris* e na análise do plaqueamento em quatro espécies a saber: *Eumops glaucinus*, *Myotis riparius*, *C. perspicillata* e *Artibeus lituratus*. Para as 11 espécies de morcegos foram isoladas apenas quatro espécies bacterianas: *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus saprophyticus*, *Acinetobacter* spp. e *Gordonia* spp, sendo o primeiro registro desta em pulmão de morcegos. Foi possível isolar e identificar bactérias que apresentaram perfis distintos de suscetibilidade antimicrobiana, com destaque para a resistência à penicilina e a outros β -lactâmicos, bem como a resposta intermediária à polimixina B pelo *Acinetobacter* spp., sugerindo a ocorrência de mecanismos adaptativos mesmo em ambientes não clínicos.

Palavras-chave: Antibiógrama, Chiroptera, Microbiota, Pulmão

LUNG BACTERIA OF BATS FROM THE BRAZILIAN CERRADO: DIVERSITY AND SUSCEPTIBILITY TO ANTIMICROBIALS.

Bats play key ecological roles, with broad adaptability to different environments, favoring contact with humans and mitigating the role of these animals as potential reservoirs of pathogens. Pathogenic bacteria, already isolated from bats such as *Bartonella* spp., *Leptospira* sp., *Rickettsia rickettsii*, and *Escherichia coli*, reinforce the importance of investigating the biology, ecology, and health relevance of these animals. Recent studies show that, contrary to what was previously believed, lungs are not sterile and can harbor stable bacterial communities with important functions. Thus, the present study aimed to analyze the composition of the lung microbiota of bats from the Brazilian Cerrado and determine the susceptibility profile of isolated bacterial strains to antimicrobials. The bats were collected using mist nets in the municipalities of Caxias/MA, Floriano/PI, and Barão de Grajaú/MA, all of which belong to the Cerrado biome, and were sent to the Genetics Laboratory/LABGEN, based at the GENBIMOL UEMA complex, Caxias *Campus*, for subsequent laboratory procedures to identify the bat species and obtain the pulmonary bacteria. Lung bacteria were obtained using two approaches: a culture-independent approach and a culture-dependent approach. In the culture-independent approach, DNA was extracted directly from the bats' lung tissue, followed by amplification of the 16S rRNA gene to verify the presence or absence of bacteria. In the culture-dependent approach, a swab was taken from the lung, and the bacteria were cultured on plates containing sheep blood agar, nutrient agar, eosin-methylene blue agar, and Mueller-Hinton agar. DNA was extracted from the cultured bacteria, and the 16S rRNA gene was amplified and sequenced. Penicillin was added to the nutrient agar to select bacteria resistant to β -lactams, and resistance to other antibiotics was evaluated using the disc diffusion method (Kirby–Bauer) on Mueller–Hinton agar. Morphological, molecular, and ecological markers were used to identify and classify the bats. As a result, 21 bat species were recorded in the sampled municipalities, distributed across five families, with a predominance of the species *Carollia perspicillata*, family Phyllostomidae. Of the 21 species recorded, 11 showed bacterial presence, where molecular analysis of the lungs confirmed the presence of bacterial DNA in eight bat species: *Rhynophylla pumilio*, *Molossus molossus*, *Carollia perspicillata*, *Artibeus cinereus*, *Phyllostomus hastatus*, *Glossophaga soricina*, *Sturnira lilium*, *Artibeus planirostris*, and plaque analysis in four species, namely: *Eumops glaucinus*, *Myotis riparius*, *C. perspicillata*, and *Artibeus lituratus*. Only four bacterial species were isolated from the 11 bat species: *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus saprophyticus*, *Acinetobacter* spp., and *Gordonia* spp., the latter being recorded for the first time in bat lungs. It was possible to isolate and identify bacteria that presented distinct antimicrobial susceptibility profiles, with emphasis on resistance to penicillin and other β -lactams, as well as an intermediate response to polymyxin B by *Acinetobacter* spp., suggesting the occurrence of adaptive mechanisms even in non-clinical environments.

Keyword: Antibiogram, Chiroptera, Lung, Microbiota.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, pela vida, pela força diária e pela sabedoria concedida ao longo de toda esta caminhada, permitindo-me superar os desafios com fé, determinação e dignidade.

À minha orientadora, Profa. Dra. Maria Claudene Barros, expresso minha profunda gratidão pela orientação, paciência, confiança e incentivo durante todas as etapas deste trabalho, contribuindo de forma significativa para o meu crescimento acadêmico e profissional.

À UEMA, pela formação acadêmica e pelas oportunidades oferecidas ao longo do Curso.

À CAPES e FAPEMA, pelo apoio financeiro concedido, essencial para o desenvolvimento desta pesquisa.

À FAPEMA pela bolsa proporcionando a minha permanência no Programa de Pós-Graduação.

Ao Programa de Pós-Graduação Mestrado em Ciência Animal e a todo o seu corpo docente, pela dedicação, pelos conhecimentos transmitidos e pelas contribuições ao meu aprendizado e amadurecimento científico.

Aos integrantes do laboratório, que formam a família do Laboratório de Genética e do laboratório de Biologia Molecular (GENBIMOL) pelo convívio, colaboração, troca de experiências e apoio durante a realização das atividades acadêmicas e científicas.

Ao Laboratório de Bactérias Entomatopatogênicas e marcadores moleculares (BEMMOL), na pessoa da Profa. Dra. Maria Cleoneide e Ludmilla Alencar, pela disponibilidade, suporte e contribuição fundamental para a execução deste trabalho.

Ao laboratório coordenado pelo Prof. Dr. Francisco Laurindo, bem como a toda a sua equipe, pelo apoio técnico-científico, pela parceria e pelas contribuições fundamentais na identificação bacteriana e na realização das análises de suscetibilidade e resistência antimicrobiana, etapas essenciais para o desenvolvimento e a qualidade dos resultados desta pesquisa.

Agradeço ao grupo de coletas de Morcegos do Maranhão, equipe de campo e os demais colaboradores envolvidos nas coletas e análises, pela parceria, comprometimento e auxílio indispensável para a execução deste trabalho. Agradeço a Cleison Luís, Aglay Morgana, Paulo Rubens, Socorro Costa.

Aos meus pais, Francinaldo Moraes e Solange Moraes por todo o amor, apoio e compreensão demonstrados ao longo de minha vida pessoal e acadêmica. Vocês estiveram presentes em cada etapa, compartilhando alegrias, acolhendo angústias e oferecendo palavras de conforto e motivação. São vocês que dão sentido às minhas conquistas e que tornam cada vitória verdadeiramente significativa.

Aos amigos que caminharam comigo ao longo da vida acadêmica e pessoal, pelo companheirismo, incentivo e amizade genuína. Cada momento compartilhado contribuiu para transformar desafios em aprendizados e tornar essa jornada mais leve e significativa.

SUMARIO

1 INTRODUÇÃO	9
2 REFERENCIAL TEÓRICO	10
2.1 Morcegos: aspectos gerais	10
2.2 Microbioma <i>versus</i> Microbiota	12
2.3 Microbioma Pulmonar	14
2.4 Antimicrobianos: Identificação, resistência, e perspectiva One Health	16
3 OBJETIVOS	17
3.1 Objetivo Geral	17
3.2 Objetivos Específicos	17
4 MATERIAIS E MÉTODOS	18
4.1 Área de estudo e coletas	18
4.2 Procedimentos técnicos	20
4.2.1 Identificação e Caracterização dos Morcegos	20
4.2.2 Coleta de material biológico por swab e armazenamento do tecido pulmonar	20
4.2.3 Obtenção das bactérias pulmonares	20
4.2.4 Identificação bacteriana	22
4.2.5 Determinação dos perfis de suscetibilidade bacteriana	22
4.3 Análise de dados	23
4.3.1 Diversidade ecológica e composição das espécies dos morcegos	23
4.3.2 Análise microbiota	24
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
5.1 Diversidade ecológica e composição das espécies dos morcegos	24
5.2 Composição bacteriana do pulmão de morcegos	32
5.3 Suscetibilidade antimicrobiana	36
6 CONCLUSÃO	47
7 REFERÊNCIAS	47

1 INTRODUÇÃO

Os morcegos (ordem Chiroptera) representam a segunda maior ordem em diversidade entre os mamíferos, com 1.500 espécies descritas no mundo, sendo os únicos capazes de realizar o voo verdadeiro (SIMMONS; CIRRANELLO, 2025). Esses animais desempenham importantes funções ecológicas, como polinização, dispersão de sementes e controle de pragas (REIS et al., 2017), além de serem reconhecidos como reservatórios naturais de diversos patógenos com relevância para a saúde pública e veterinária (CALISHER et al., 2006; BROOK; DOBSON, 2015; MORATELLI; CALISHER, 2015; NUNES; ROCHA; CORDEIRO-ESTRELA, 2017).

A ampla diversidade e adaptabilidade dos morcegos permitem sua ocupação em distintos ambientes, desde áreas naturais até regiões urbanas, favorecendo o contato com seres humanos e a convivência entre diferentes espécies. Essas características os tornam vetores eficientes e reservatórios naturais de diversos patógenos, além de possuírem elevada longevidade, taxa reprodutiva significativa e a capacidade de compartilhar habitats com populações humanas (BREDET; UIEDA, 1996; DIPTYANUSA et al., 2021).

A intensificação do desmatamento e da urbanização tem promovido a aproximação entre áreas naturais e centros urbanos, alterando interações ecológicas e favorecendo o contato entre morcegos e humanos. Esse cenário potencializa a transmissão de patógenos e contribui para a emergência de doenças infecciosas, reforçando a importância de investigar a biologia, ecologia e relevância sanitária desses animais em ambientes antrópicos (MOUTINHO et al., 2020).

Bactérias patogênicas isoladas de morcegos, como *Bartonella* spp., *Leptospira* sp., *Rickettsia rickettsii* e *Escherichia coli* produtora de β -lactamases de espectro estendido (ESBLs) já foram relatadas (D'AURIA et al., 2010; MÜHLDOERFER, 2013; BALLADOS-GONZÁLEZ et al., 2018; CORDUNEANU et al., 2021; FEDERICI et al., 2022). As primeiras tentativas de caracterização de bactérias em morcegos datam dos anos 1960 e se apoiavam em métodos de cultivo convencionais, que não conseguiam detectar grande parte dos micro-organismos (KLITE, 1965; HEARD et al., 1997). Com o desenvolvimento de técnicas modernas de sequenciamento de DNA foi revelado uma diversidade muito mais rica e inesperada de micro-organismos, inclusive em regiões como o trato respiratório inferior, antes consideradas livres de micro-organismos (HILTY et al., 2010; ZHAO et al., 2022).

Por muito tempo os pulmões foram considerados estéreis, portanto, pouco explorados em estudos microbiológicos, especialmente em morcegos. No entanto,

pesquisas em humanos demonstraram que mesmo os pulmões saudáveis abrigam comunidades bacterianas estáveis, com funções importantes na regulação da homeostase e da resposta inflamatória, evidenciando a necessidade de maior atenção a esse órgão (DICKSON; ERB-DOWNWARD; HUFFNAGLE, 2013; DICKSON et al., 2017) e alguns estudos começaram a explorar essa área, contribuindo para uma compreensão mais aprofundada da microbiota associada ao trato respiratório inferior em morcegos (PIERLÉ et al., 2015; ZHAO et al., 2022; SHAH et al., 2025). Contudo, a maioria dos estudos com morcegos ainda se concentra na microbiota intestinal, permanecendo incipiente o conhecimento sobre a diversidade e as funções microbianas do trato respiratório inferior nesses animais (SUN et al., 2020; GUO et al., 2023).

Nesse sentido esta pesquisa objetiva analisar a composição da microbiota pulmonar de morcegos do cerrado brasileiro e determinar o perfil de suscetibilidade das cepas bacterianas isoladas a antimicrobianos, além de estimar a riqueza e a composição das espécies de morcegos, caracterizar a diversidade bacteriana de relevância médica e veterinária e identificar novos registros bacteriano em pulmão de morcegos;

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Morcegos: aspectos gerais

A ordem Chiroptera (do grego *cheir*: mão, e *pteron*: asa) pertence à classe Mammalia e constitui aproximadamente 25% de todas as espécies de mamíferos conhecidas, sendo o segundo maior grupo, atrás apenas da ordem Rodentia (FENTON; SIMMONS, 2014). Atualmente, são reconhecidas 1.500 espécies de morcegos distribuídas em todos os continentes, com exceção da Antártida, o que demonstra sua ampla capacidade de adaptação a diferentes ambientes (GORBUNOVA; SELUANOV; KENNEDY, 2020; SIMMONS; CIRRANELLO, 2025).

Os morcegos são os únicos mamíferos com capacidade de voo ativo, o que foi possível graças a uma série de adaptações anatômicas especializadas. Entre elas destacam-se os ossos tubulares, a musculatura peitoral robusta, os ombros fortalecidos, as costelas achatadas e a rotação das pernas, que posiciona os joelhos para trás, conferindo sustentação adicional à membrana alar (NOWAK, 1991).

No Brasil, são registradas 186 espécies de morcegos, distribuídas em nove famílias e 68 gêneros, o que corresponde a cerca de 15% da diversidade mundial de quirópteros. Destas, 13 espécies são endêmicas do país (DELGADO-JARAMILLO et al., 2020; GARBINO et al., 2024). Os morcegos possuem hábitos noturnos e gregários,

utilizando uma ampla variedade de abrigos, como cavernas, copas de árvores, fendas rochosas e edificações humanas. Seu ciclo de atividade geralmente se inicia ao crepúsculo, com retorno aos abrigos antes do amanhecer (FIALHO, 2009; UIEDA; BRED, 2016; GORBUNOVA; SELUANOV; KENNEDY, 2020).

Essa diversidade também se reflete nos hábitos alimentares, que abrangem praticamente todas as guildas tróficas conhecidas para a ordem, incluindo hematofagia, insetivoria, frugivoria, nectarivoria, piscivoria, carnivoria, polinivoria e onivoria. Essa variedade de estratégias alimentares garante aos morcegos um papel ecológico fundamental na manutenção dos ecossistemas tropicais, atuando como controladores de insetos, dispersores de sementes e polinizadores (Figura 1) (FENTON; SIMMONS, 2014; REIS et al., 2017).

Figura 1. Morcego *Phyllostomus* sp. consumindo fruto de *Annona* sp.



Fonte: Olímpio, 2021

A família Phyllostomidae é uma das mais diversas entre os quirópteros, com ampla distribuição nas regiões tropicais e subtropicais do continente americano. Conhecidos como “morcegos nariz-de-folha”, apresentam uma estrutura nasal geralmente triangular ou lanceolada, com variações nas espécies hematófagas. Reunindo mais de 160 espécies em sete subfamílias, constituem um exemplo de elevada diversidade trófica, abrangendo frugívoros, nectarívoros, insetívoros e hematófagos, o que evidencia sua importância ecológica nos ecossistemas neotropicais (GARDNER, 2008; PEIXOTO; BRAGA; MENDES, 2018).

Além da importância ecológica, os morcegos também são reconhecidos como reservatórios de uma ampla gama de micro-organismos de interesse em saúde pública (GOÉS et al., 2013). Estima-se que cerca de 60% a 80% das doenças emergentes tenham origem zoonótica e diversos vírus emergentes têm sido associados a esses animais, incluindo filovírus (Ebola e Marburg), henipavírus (vírus Nipah) e coronavírus (SARS-

CoV-2), além do clássico exemplo do vírus da raiva (Lyssavirus) (MARRA et al., 2003; O'SHEA et al., 2014; HAN et al., 2015; FIGUEIROA et al., 2025). Também já foram identificadas bactérias como *Leptospira* spp. e *Pasteurella* spp., bem como fungos, *Pseudogymnoascus destructans* agente da síndrome do nariz branco (CASTELO-BRANCO et al., 2023; WALLAU et al., 2023).

Diversos fatores explicam o papel dos morcegos como reservatórios naturais. A capacidade de voo eleva sua temperatura corporal acima de 40 °C, patamar comparável ao estado febril em humanos, favorecendo o controle de patógenos, ao mesmo tempo em que acelera processos imunológicos (O'SHEA et al., 2014; LUO et al., 2021). Além disso, esses animais podem utilizar estados fisiológicos como torpor e hibernação que permitem a economia de energia em condições adversas e possibilitam a persistência viral por longos períodos (BOUMA; CAREY; KROESE, 2010; HAYMAN et al., 2013; SERRACOCO; LÓPEZ-ROIG, 2017).

Comportamentos como o gregarismo, as migrações sazonais e o empoleiramento entre diferentes espécies favorecem a manutenção e circulação de vírus em populações naturais (WILLOUGHBY et al., 2017). Somam-se a esses fatores a diversidade de hábitos alimentares dos morcegos que ampliam suas interações com diferentes ambientes e espécies, favorecendo o rompimento de barreiras interespecíficas. O consumo de frutos e insetos contaminados, assim como a deposição de fezes e restos alimentares no ambiente, podem atuar como fonte de infecção para outros animais e para os seres humanos (LI et al., 2021).

2.2 Microbioma versus Microbiota

O termo microbioma, engloba não apenas os micro-organismos presentes em determinado habitat, mas também suas atividades metabólicas, elementos estruturais, metabólitos, componentes genéticos móveis (como transposons) e até mesmo o DNA residual do ambiente (BERG et al., 2020; FEDERICI et al., 2022).

A composição microbiana varia de acordo com o microambiente ocupado, visto que as espécies respondem diferencialmente às condições físico-químicas e à disponibilidade de nutrientes (KENNEDY; CHANG, 2020; HOU et al., 2022). Além de sua diversidade estrutural, essas comunidades exercem funções de proteção ao hospedeiro, suprimindo populações potencialmente patogênicas por meio de mecanismos como competição por nutrientes, alteração do pH, modificação da disponibilidade de

oxigênio e produção de metabólitos antimicrobianos (BELKAID; HAND, 2014; TORTORA; FUNKE; CASE, 2017).

Trata-se, portanto, de uma comunidade funcional complexa, na qual as interações microbianas e hospedeiro são essenciais para a homeostase. Esse equilíbrio, denominado eubiose, é caracterizado por relações benéficas que contribuem para a manutenção da saúde; já a ruptura dessas interações favorece a disbiose ou patobioma, condição associada ao estabelecimento e à progressão de doenças (BOSCH; MCFALL-NGAI, 2011).

Além de sua dimensão estrutural e ecológica, o microbioma desempenha funções metabólicas e imunológicas fundamentais. Ele participa da digestão de compostos não digeríveis, da absorção de nutrientes, da biossíntese de vitaminas e da modulação das respostas imunes, incluindo a resistência à colonização por patógenos (ROOKS; GARRETT, 2016; ZHENG; LIWINSKI; ELINAV, 2020). Evidências demonstraram que tais interações podem determinar estados de saúde ou doença, influenciando tanto funções imunológicas quanto processos metabólicos (OGUNRINOLA et al., 2020).

A microbiota de um organismo, por sua vez corresponde ao conjunto de microrganismos heterogêneos que colonizam diferentes regiões do corpo, estando presente tanto em superfícies externas quanto em cavidades internas (BERG et al., 2020; HOU et al., 2022). A comunidade é composta por bactérias, mas também inclui arqueias, vírus e eucariotos, como fungos e protozoários (KARKMAN; LEHTIMÄKI; RUOKOLAINEN, 2017; BALATO et al., 2019).

Pesquisas sobre a microbiota do pulmão de morcegos têm avançado, mas ainda são relativamente escassas em comparação com os estudos voltados a microbioma intestinal (BAZZONI et al., 2024). A limitação de recursos humanos especializados e a dificuldade de coleta de espécimes no campo são fatores que provavelmente contribuem para a subestimação da diversidade bacteriana nesses hospedeiros (DIMKIĆ et al., 2021).

A caracterização da microbiota bacteriana tem sido realizada, sobretudo, a partir de tecidos intestinais, guano fresco ou do conteúdo intestinal, além de swabs retais e orais (MÜHLDORFER, 2013; CLÁUDIO et al., 2018; COSTA et al., 2018). A análise de guano de morcegos provenientes de cavernas e edificações tem confirmado a presença de diversas bactérias entéricas patogênicas de relevância médica e veterinária, como *Escherichia*, *Klebsiella*, *Salmonella*, *Shigella*, *Proteus*, *Yersinia*, *Staphylococcus* e *Campylobacter*, entre outras (SRIDHAR et al., 2006; MÜHLDORFER, 2013;

BANSKAR et al., 2016; DIMKIĆ et al., 2020). Também foram detectados gêneros associados a potenciais novas espécies de interesse em saúde pública, como *Bartonella*, *Borrelia*, *Leptospira* e *Acinetobacter* (LEI; OLIVAL, 2014; VEIKKOLAINEN et al., 2014; DIMKIĆ et al., 2020). Essa composição microbiana é influenciada por fatores como tipo de amostra, condições ambientais de coleta e diferenças fisiológicas entre as espécies de morcegos (NEWMAN et al., 2018).

Análises baseadas em métodos de cultivo identificaram como gêneros predominantes no guano, independentemente do tipo ou local de coleta, *Staphylococcus*, *Lactococcus*, *Enterobacter* e *Bacillus* (BANSKAR et al., 2016; NEWMAN et al., 2018; GERBÁČOVÁ et al., 2020).

Dentro desses grupos, bacilos Gram-negativos (BGN) são os mais comuns, incluindo isolados produtores de β -lactamases de espectro estendido (ESBLs) e carbapenemases, com destaque para *E. coli*, considerada espécie-chave para monitorar padrões de resistência antimicrobiana (CABAL et al., 2015; FEDERICI et al., 2022). Já os bacilos Gram-negativos não fermentadores (BGNNF) distinguem-se por utilizar vias oxidativas na metabolização de carboidratos, sendo em sua maioria oxidase positivos (KONEMAN, 2018).

Paralelamente, cocos Gram-positivos (CGP) também têm sido relatados e sua identificação baseia-se em testes como a catalase (para distinguir *Staphylococcus* de *Streptococcus*), a coagulase (para diferenciar *Staphylococcus* coagulase-positivos e negativos) e a análise de hemólise em ágar sangue de carneiro, enquanto *Enterococcus* spp. geralmente requerem métodos automatizados, como MALDI-TOF MS, para identificação precisa (LEBOFFE; PIERCE, 2011; GARCÍA-SOLACHE; RICE, 2019).

2.3 Microbiota Pulmonar

Durante muito tempo, os pulmões foram considerados órgãos estéreis, pois as técnicas microbiológicas clássicas baseadas em cultivo não permitiam a detecção de micro-organismos nesse ambiente (BECK, 2014). Esse paradigma começou a ser questionado com o advento de métodos moleculares, como a reação em cadeia da polimerase (PCR) e o sequenciamento de nova geração (NGS) que revelaram as presenças de comunidades microbianas complexas mesmo em indivíduos saudáveis (BASSIS et al., 2015; DICKSON; ERB-DOWNWARD; HUFFNAGLE, 2015; JOHNSON et al., 2019).

A microbiota pulmonar humana, o mais estudado, caracteriza-se por baixa biomassa microbiana, mas elevada diversidade, sendo considerado dinâmico e transitório

em comparação a nichos mais estáveis, como o intestino (GUARNER; MALAGELADA, 2003; COSTA et al., 2018; MATHIEU et al., 2018). Sua principal origem é o trato respiratório superior, especialmente a orofaringe, através de microaspiração e inalação (BASSIS et al., 2015). Os gêneros bacterianos mais frequentemente identificados em pulmões humanos saudáveis incluem *Prevotella*, *Veillonella*, *Streptococcus*, *Fusobacterium* e *Haemophilus* (HUFFNAGLE; DICKSON; LUKACS, 2017; CHOTIRMALL et al., 2017), sendo essa composição continuamente modulada por mecanismos de depuração, como a tosse, a ação mucociliar, que atuam como barreiras seletivas à colonização (DICKSON; ERB-DOWNWARD; HUFFNAGLE, 2014; 2015; SAEEDI et al., 2015).

Esse avanço ampliou as investigações em outros mamíferos, incluindo os quirópteros, cujo sistema respiratório apresenta relevância no contexto ecológico e sanitário (MORATELLI; CALISHER, 2015; NUNES; ROCHA; CORDEIRO-ESTRELA, 2017).

No estudo de ZHAO et al. (2022), o sequenciamento do gene rRNA 16S demonstrou que os pulmões de morcegos abrigam comunidades microbianas diversas e polimórficas, variando conforme a espécie e a localização geográfica, sendo observada uma ampla diversidade taxonômica, com predominância dos filos Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria, Fusobacteria e Bacteroidetes. Por exemplo, morcegos saudáveis da espécie *Miniopterus fuliginosus* apresentaram como gêneros mais abundantes *Lactococcus*, *Paeniclostridium*, *Lactobacillus*, *Faecalibacterium*, *Plesiomonas*, *Bacteroides*, *Mycoplasma* e *Acinetobacter* (ZHAO et al., 2022).

No caso específico de morcegos da espécie *Hipposideros pomona* em estado de gestação, a microbiota pulmonar observada é dominada pelos gêneros *Bartonella*, *Burkholderia* e *Mycoplasma*, além de apresentar abundância de *Streptococcus*, *Anoxybacillus*, *Comamonas*, *Devosia* e *Pseudoalteromonas* (SHAH et al., 2025). Já investigações em áreas urbanas no Brasil destacam a presença de gêneros da ordem Enterobacterales, como *Enterobacter*, *Klebsiella* e *Escherichia*, além de *Staphylococcus* na cavidade oral e no trato respiratório superior (NOBRE, 2023).

As interações entre a microbiota pulmonar e o hospedeiro desempenham papel essencial na regulação imunológica. Evidências indicam que essas comunidades microbianas participam tanto da imunidade inata quanto da adaptativa, modulando a tolerância imunológica e a resposta inflamatória (NEISH, 2014; LI; LI; ZHOU, 2024), visto, período neonatal, em particular, é crítico para a colonização microbiana,

influenciando o desenvolvimento do sistema imune e a suscetibilidade a doenças respiratórias na vida adulta (VISSING; CHAWES; BISGAARD, 2013; GENSOLLEN et al., 2016). A reorganização funcional da microbiota materna durante a gravidez, apresenta um aumento na expressão de genes voltados para a resistência a antibióticos, como mecanismos contra beta-lactâmicos e antifolatos (SHAH et al., 2025).

No contexto da Saúde Única, a microbiota pulmonar dos morcegos assume relevância ainda maior (WHO, 2026). A urbanização, a fragmentação de habitats e a proximidade crescente entre humanos e morcegos aumentam o risco de eventos de spillover de bactérias resistentes a antimicrobianos na microbiota de morcegos, especialmente em áreas urbanas e periurbanas (ACOSTA et al., 2020). Pesquisas no Brasil identificaram elevados índices de resistência a fármacos como ampicilina e cefalotina em isolados provenientes de morcegos não expostos diretamente a antibióticos, sugerindo aquisição ambiental de genes de resistência (NOBRE, 2023).

2.4 Antimicrobianos: Identificação, resistência, e perspectiva One Health

Os antimicrobianos são substâncias de baixa massa molecular capazes de inibir o crescimento (ação bacteriostática) ou provocar a morte (ação bactericida) de micro-organismos, mesmo em baixas concentrações (KOHANSKI et al., 2010). Seu uso extensivo exerce pressão seletiva constante sobre as populações bacterianas, favorecendo a sobrevivência de micro-organismos resistentes. A resistência antimicrobiana (AMR) é definida como a capacidade de micro-organismos, incluindo bactérias, fungos e vírus, de sobreviver e proliferar mesmo na presença de agentes antimicrobianos projetados para inibi-los ou eliminá-los (WHO, 2026). Embora seja um fenômeno biológico natural e ancestral, a AMR tornou-se uma das principais ameaças à saúde pública no século XXI, intensificada pelo uso excessivo e inadequado de antimicrobianos na medicina humana, veterinária e na agropecuária (VENTOLA, 2015; MURRAY et al., 2022).

A identificação de bactérias resistentes aos antimicrobianos inicia-se pela identificação bacteriana prévia, por meio de coloração de Gram, provas bioquímicas ou métodos rápidos como MALDI-TOF MS (ALIZADEH et al., 2021). A partir disso, procede-se à avaliação do perfil de sensibilidade, realizada principalmente por métodos fenotípicos tradicionais, como a determinação da Concentração Mínima Inibitória (CIM) e o teste de disco-difusão (Kirby-Bauer) (CLSI, 2024; ALDEA et al., 2025). Complementarmente, métodos moleculares e genotípicos, como PCR e sequenciamento

genômico, têm sido empregados para identificar diretamente genes de resistência e mutações associadas. (DEBABZA et al., 2023; MUSTAFA, 2024)

A resistência antimicrobiana não se restringe ao ambiente hospitalar, sendo reconhecida como fenômeno ecológico global (LI et al., 2024). Animais silvestres, especialmente morcegos, têm sido apontados como reservatórios e sentinelas ambientais de bactérias multirresistentes (NOWAKIEWICZ et al.; 2020; LI et al., 2024). Estudos demonstram a presença, nesses animais, de bactérias Gram-positivas e Gram-negativas com perfis de resistência preocupantes, incluindo MRSA, enterobactérias produtoras de ESBL e linhagens resistentes à colistina (DOLEJSKA; PAPAGIANNITSIS, 2018). Gêneros como *Escherichia*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Salmonella* e *Acinetobacter* têm sido isolados de fezes, swabs orais e guano (NOBRE, 2023).

A ocorrência desses micro-organismos em morcegos, mesmo sem exposição terapêutica direta, reflete a chamada “poluição por resistência antimicrobiana”, associada à contaminação ambiental por resíduos farmacêuticos e bactérias resistentes oriundas de atividades humanas (SINGER et al., 2016). Sob a perspectiva da Saúde Única (One Health), a interface humano-animal-ambiente favorece a circulação e manutenção de genes de resistência, reforçando a necessidade de vigilância integrada (DESTOUMIEUX-GARZÓN et al., 2018).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo Geral

Analisar a composição da microbiota pulmonar de morcegos do cerrado brasileiro e determinar o perfil de suscetibilidade das cepas bacterianas isoladas a antimicrobianos.

3.2 Objetivos Específicos

- Estimar a riqueza e a composição das espécies de morcegos na área de estudo;
- Caracterizar a diversidade de morcegos com presença bacteriana;
- Caracterizar a diversidade bacteriana de relevância médica e veterinária presente no trato respiratório de morcegos;
- Identificar novos registros bacteriano em pulmão de morcegos;
- Estabelecer os perfis de suscetibilidade a antimicrobiano das cepas bacterianas isoladas do pulmão de morcegos

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Área de estudo e coletas

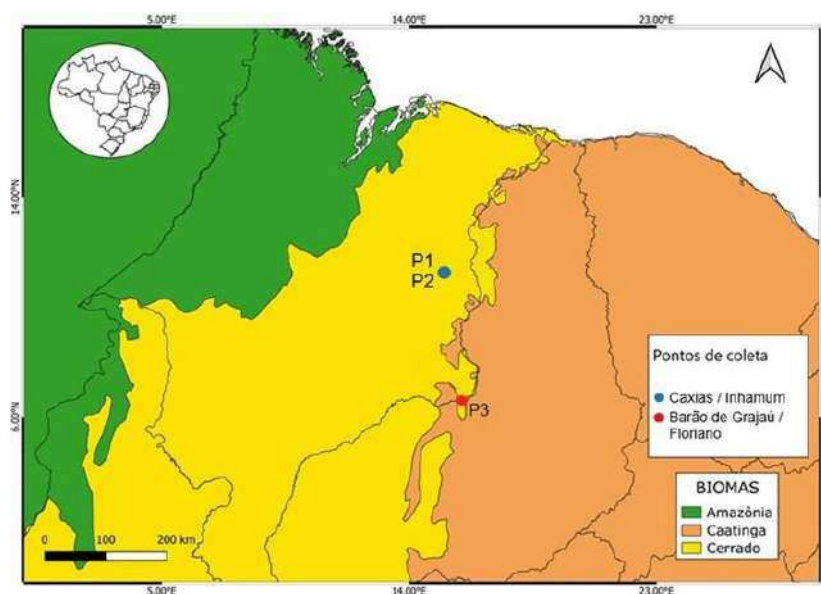
A amostragem foi realizada em três pontos distintos (P1, P2 e P3) todos pertencentes ao bioma Cerrado (Figura 2), a saber:

O ponto P1 está localizado na área urbana do município de Caxias, no leste maranhense (4° 51' 32" S, 43° 21' 21" O), situa-se em uma zona estratégica de transição ambiental. O clima é influenciado pela Zona de Convergência Intertropical, variando entre os tipos seco a subúmido e úmido a subúmido, com temperaturas médias superiores a 18 °C e duas estações bem definidas: seca, de junho a novembro, e chuvosa, de dezembro a maio. A vegetação reflete o ecótono da Mata dos Cocais, reunindo elementos do Cerrado, da Floresta Amazônica e da Caatinga, com predomínio de savana florestada, babaçuais e matas de galeria ao longo do rio Itapecuru (PEREIRA; NUNES; SOUZA, 2022).

O ponto P2 está localizado na Área de Proteção Ambiental Municipal do Inhamum (04° 53' 30" S / 43° 24' 53" W) inserida no município de Caxias, Maranhão. Esta APA foi criada pela Lei Municipal nº 1.464/2001, sendo reconhecida como Patrimônio Municipal. Sua posição geográfica está em uma área de contato entre a Mata dos Cocais, formações pré-amazônicas e o bioma Cerrado o que favorece a ocorrência de elevada riqueza biológica, refletida na diversidade de espécies vegetais e animais registradas na área (CAXIAS, 2001; ALBUQUERQUE, 2012; PEREIRA et al., 2021).

O ponto P3 abrange os municípios de Floriano e Barão de Grajaú. Floriano localiza-se no sul do estado do Piauí (6° 46' 01" S, 43° 01' 22" O), na margem direita do rio Parnaíba, a aproximadamente 240 km de Teresina. O clima é tropical semiárido, com precipitação média anual entre 850 e 959 mm, concentrada entre os meses de novembro e abril. A vegetação predominante é o Cerrado, com áreas de transição para a Caatinga e formações de cerradão, além de matas ciliares associadas ao rio Parnaíba, onde se destacam os carnaubais. O município de Barão de Grajaú está situado na mesorregião Leste Maranhense (6° 45' 21" S, 43° 01' 26" O), às margens do rio Parnaíba limitando-se ao município de Floriano (PI). Apresenta clima tropical subúmido, com temperaturas médias elevadas (27–37 °C) e precipitação anual entre 1.200 e 1.400 mm, distribuída em duas estações bem definidas: chuvosa, de novembro a abril, e seca, de maio a outubro. A vegetação é predominantemente composta por formações do bioma Cerrado, com espécies arbóreas e arbustivas típicas, além de palmáceas como carnaúba, buriti e babaçu (SANTOS; FEITOSA, 2020; FLORIANO, 2021).

Figura 2: Localização geográfica dos pontos de coleta de morcegos nos municípios de Caxias e Barão de Grajaú (MA) e Floriano (PI), Brasil.



A coleta, preparação e identificação do material biológico ocorreram como descritas por Brasil (2018a), onde foram realizadas expedições, com duração de três noites consecutivas em pontos específicos com durações de seis horas diárias de esforço (das 18h00min às 00h00min).

Os morcegos foram acondicionados em sacos de panos e transportados ao Laboratório de Genética situado no complexo GENBIMOL, UEMA, *Campus Caxias*, onde foram fotografados, medidos com o auxílio de paquímetro digital (300 mm-12'') e manual, identificados, pesados, sexados, verificados quanto à condição reprodutiva. Em seguida, os animais foram submetidos à ortotanásia mediante administração de pentobarbital (Dolethal©, Vetoquinol, Lure, França), após anestesia química com cetamina (10 mg/kg) e xilazina (1 mg/kg), de acordo com as recomendações do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal – CONCEA (BRASIL, 2018b). As amostras de bactérias foram coletadas assepticamente a partir dos pulmões, utilizando um swab estéril que foi cuidadosamente esfregado sobre o órgão. Em seguida o swab foi armazenado em meio estéril apropriado para transporte. O pulmão foi retirado e acondicionado em um tubo criogênico, e foi preservado a -80 °C até o processamento. As coletas foram realizadas no âmbito dos projetos fomentado pela FAPEMA (002/2019UNIVERSAL) e CAPES (EDITAL 12/2018 PROCAD/AM) e licenciados pelo ICMBIO/SISBIO (nº 68047-2; nº 74512-1). Esses projetos, por sua vez, foram licenciados pelo Comitê de Ética (nº 0011/2020 e nº 025/2019).

4.2 Procedimentos técnicos

4.2.1 Identificação e caracterização dos morcegos

Para identificação morfológica, visando destacar os caracteres diagnósticos taxonômicos das espécies, levaram-se em consideração caracteres externos, que foram plotados e analisados em uma planilha no EXCEL, a saber: coloração da pelagem, peso, medidas dos antebraços direito (AD) e esquerdo (AE), trago (T), orelha (O), pé (P), Cauda (C). As espécies foram identificadas com auxílio de bibliografia especializada (GREGORIN; TADDEI, 2002; REIS et al., 2017), chaves restritas às famílias e gêneros. Para identificação molecular foi extraído DNA dos morcegos usando o kit da PROMEGA de acordo com o fabricante, foi realizado a reação em cadeia da polimerase (PCR) para o gene rRNA COI onde o mesmo foi sequenciado pelo método de Sanger (SANGER, 1981).

4.2.2 Coleta de material biológico por swab e armazenamento do tecido pulmonar

Com Swab estéril, de modo asséptico, foi realizado esfregaço na superfície pulmonar, após o esfregaço o swab foi inserido em tubo contendo o meio CARY-BLAIR (ABSORVE/ 230917) para conservar a flora bacteriana coletada até o cultivo desta flora. Adicionalmente, os tecidos pulmonares foram, assepticamente, transferidos para criotubos imersos em nitrogênio líquido e, em seguida, encaminhados ao Laboratório de Genética/LABGEN, onde foram armazenados em freezer -80 °C até a realização das análises moleculares.

4.2.3 Obtenção das bactérias pulmonares

Para obtenção das bactérias pulmonares, foram realizadas duas abordagens complementares: Abordagem independente de cultivo e abordagem dependente de cultivo.

Para a abordagem independente de cultivo extraiu-se o DNA total dos pulmões dos morcegos, de acordo com o seguinte protocolo: cerca de 0,2 g de tecido pulmonar foi adicionado em um tubo tipo eppendorf com 600 µL de tampão de lise onde foram macerados, homogeneizados e adicionados 10 µL de Proteinase K (10 mg/mL), e 10 µL de DTT (1 M), esta mistura foi incubada a 60 °C sob agitação por cerca de 1 h ou a 37 °C overnight, até completar a digestão do tecido. Após a digestão, foram adicionados 600 µL de fenol-clorofórmio-álcool isoamílico (25:24:1), com agitação por 5 min, seguida de centrifugação a 14.000 rpm por 20 min. O sobrenadante foi transferido para um novo tubo

e submetido a uma extração adicional com 600 μL de clorofórmio, repetindo-se a agitação por 5 min e a centrifugação a 14.000 rpm por 15 min. O sobrenadante resultante foi então transferido para outro tubo, ao qual foram adicionados 50 μL de acetato de sódio, 3 M e 600 μL de isopropanol 100% gelado, misturando-se suavemente para promover a precipitação do DNA. A amostra foi mantida a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ overnight ou a $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ por 1 h e, em seguida, centrifugada a 14.000 rpm por 30 min a $4\text{ }^{\circ}\text{C}$. O sobrenadante foi descartado e o pellet de DNA lavado com 500 μL de etanol 70%, seguido de centrifugação a 14.000 rpm por 10 min a $4\text{ }^{\circ}\text{C}$. Após a remoção do sobrenadante, o pellet foi seco em estufa a $37\text{ }^{\circ}\text{C}$, o DNA total foi ressuspensionado em 100 μL água Milli-Q e mantido em temperatura ambiente overnight para completa eluição.

A presença ou ausência bacteriana foi realizada por meio da amplificação do gene rRNA 16S via PCR, utilizando-se primers específicos (YU et al., 2005). A PCR foi conduzida em um volume final de 25 μL , contendo 12,5 μL de GoTaq® Green Master Mix (Promega) (1X), 1,5 μL de cada primer (pmol), 0,5 μL de DNA e 9 μL de água livre de nucleases. A eficiência das reações de PCR foi verificada em gel de agarose a 2%. Os fragmentos foram separados por eletroforese em tampão TBE 0,5X (100 mM Tris-base, 50 mM ácido bórico, 2 mM EDTA, pH 8,0) a 85 Volts por 90 min (SAMBROOK; FRITSCH; MANIATIS, 1989). Para determinação do tamanho dos produtos amplificados, foi incluído no gel um marcador de peso molecular (DNA ladder, 250–10.000 pb; GeneDireX) como referência. Após a eletroforese, o gel foi visualizado em transluminador com luz ultravioleta (UV) e fotografado. As amostras foram consideradas positivas quando foi observada a presença de bandas no tamanho esperado $\sim 440\text{pb}$ (LEE et al., 2023).

Para abordagem dependente de cultivo as amostras obtidas por swab pulmonar foram transportadas até o Laboratório de Bactérias Entomopatogênicas e Marcadores Moleculares (BEMMOL), UEMA, *Campus* Caxias. Os swabs com o material biológico foram semeados em placas de ágar sangue de carneiro e ágar nutriente como meio basal. Paralelamente, foi preparada uma condição seletiva de ágar nutriente, com a adição de penicilina ($100\text{ }\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$), visando selecionar bactérias resistentes a β -lactâmicos. As culturas foram incubadas a $37\text{ }^{\circ}\text{C}$ por 24 - 72 hs em atmosfera aeróbia, com monitoramento diário para registro do crescimento. Colônias com morfologias distintas foram isoladas em novas placas para obtenção de culturas puras e posterior caracterização.

4.2.4 Identificação bacteriana

As culturas de bactérias, em ágar sangue de carneiro, ágar nutriente e ágar eosina-azul de metileno, foram incubadas durante 36 a 48 horas em estufa a $35 \pm 1^\circ\text{C}$ de acordo com a metodologia recomendada por Pasquarella, Pitzurra e Savino (2000). As colônias isoladas foram inicialmente caracterizadas por morfologia (forma, tamanho, cor, borda e elevação) e foram realizados os testes diferenciais simples - Gram, coagulase e catalase/oxidase - (STROHL; ROUSE; FISHER, 2004; TORTORA; FUNKE; CASE, 2017). Esse conjunto de análises permitiu a observação de características macroscópicas específicas, como padrões de hemólise em Ágar Sangue de Carneiro e fermentação de lactose em Ágar eosina-azul de metileno. Posteriormente, a identificação foi confirmada por meio da amplificação do gene rRNA 16S utilizando primers universais (PRK341F/PRK806R), seguindo protocolos de referência (YU et al., 2005). O DNA genômico foi extraído a partir das colônias utilizando o kit comercial PROMEGA de acordo com as instruções do fabricante. Os produtos de PCR positivos foram submetidos ao sequenciamento em plataforma Sanger e as sequências obtidas foram comparadas com bancos de dados públicos (NCBI/BLAST) para atribuição taxonômica, considerando como critério $\geq 98,7\%$ de similaridade para identificação em nível de espécie.

4.2.5 Determinação dos perfis de suscetibilidade bacteriana

A resistência antimicrobiana dos isolados bacterianos obtidos a partir do plaqueamento foi avaliada por meio do teste de suscetibilidade a antimicrobianos utilizando o método de difusão em disco (Kirby-Bauer), conforme as recomendações do *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI, 2024). Colônias bacterianas puras foram selecionadas e suspensas em solução salina estéril, com a turbidez ajustada ao padrão 0,5 da escala de McFarland (CLSI, 2024).

As suspensões bacterianas foram semeadas em placas contendo ágar Mueller-Hilton, utilizando swab estéril para obtenção de um crescimento homogêneo. Em seguida, discos com antimicrobianos (Tabela 1), de diferentes classes foram aplicados sobre a superfície do meio, respeitando as distâncias de 5cm. As placas semeadas foram incubadas a $35 \pm 2^\circ\text{C}$ por 18 a 24 hs, em atmosfera aeróbia (CLSI, 2024). Após o período de incubação, os diâmetros dos halos de inibição foram mensurados em milímetros e os isolados foram classificados como sensíveis, intermediários ou resistentes de acordo com os pontos de corte estabelecidos pelo CLSI (CLSI, 2024).

Tabela 1: Discos com antimicrobianos testados em bactérias isoladas a partir de tecido pulmonar de morcegos coletados nos municípios de Caxias e Barão de Grajaú (MA) e Floriano (PI), Brasil.

Agente antimicrobiano	Código	Potência dos discos μg
Moxifloxacina	MFX	05
Ceftazidima	CAZ	30
Cefepime	CPM	30
Sulfametoxazol/Trimetoprim	SUT	25 (23,75/1,25)
Doxiciclina	DOX	30
Ciprofloxacina	CIP	05
Polimixina B	POL	300
Amicacina	AMI	30
Meropenem	MPM	10
Ceftriaxona	CRO	30
Gentamicina	GEN	10
Piperacilina/Tazobactam	PIT	110 (100/10)
Levofloxacina	LEV	05
Vancomicina	VAN	30
Teicoplanina	TEC	30
Claritromicina	CLA	15
Oxacilina	OXA	01
Rifampicina	RIF	05
Cefoxitina	CFO	30
Linezolida	LNZ	30

Fonte: CLSI 2024

4.3 Análise de dados

4.3.1 Diversidade ecológica e composição das espécies dos morcegos

Para a comunidade de morcegos foram realizadas análises com diferentes índices ecológicos, incluindo o índice de diversidade de Shannon-Wiener (H'), que avalia a diversidade da comunidade considerando simultaneamente a riqueza e a abundância das espécies. A dominância foi estimada pelo índice de Simpson (D), que confere maior peso às espécies mais abundantes, enquanto a uniformidade na distribuição dos espécimes foi mensurada pelo índice de equitabilidade de Pielou (J'), cujos valores refletem o grau de equilíbrio entre as espécies. Para verificar as diferenças na abundância total e na composição de espécies entre os pontos de amostragem (P1, P2 e P3), aplicou-se o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis (SIEGEL, 1975), apropriado para dados que não atendem aos pressupostos de normalidade. As análises foram conduzidas no software RStudio (versão 12.1+563; RStudio Team, 2024), utilizando a função *kruskal.test* disponível no pacote *vegan* (OKSANEN et al., 2024).

4.3.2 Análise microbiota

Para análise microbiota verificou-se forma, tamanho, cor e borda das colônias; analisou-se por testes a coloração de Gram, coagulase e catalase/oxidase. Além disso, verificou-se em gel de agarose a positividade da amplificação gênica das bactérias obtidas do tecido pulmonar e do plaqueamento. Os produtos amplificados foram posteriormente submetidos ao sequenciamento, permitindo a confirmação taxonômica dos isolados por comparação das sequências com o banco de dados GenBank, por meio da ferramenta BLASTn.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Diversidade ecológica e composição das espécies dos morcegos

Foram registradas neste estudo 21 espécies de morcegos distribuídas em cinco famílias: *Phyllostomidae*, *Molossidae*, *Vespertilionidae*, *Emballonuridae* e *Mormoopidae*. As espécies identificadas foram: *Carollia perspicillata* (Linnaeus, 1758), *Rhynophylla pumilio* (Peters, 1865), *Phyllostomus discolor* (Wagner, 1843), *Phyllostomus hastatus* (Pallas, 1767), *Trachops cirrhosus* (Spix, 1823), *Glossophaga soricina* (Pallas, 1766), *Platyrrhinus fusciventris* (Velazco, Gardner & Patterson, 2010), *Sturnira lilium* (Geoffroy, 1810), *Desmodus rotundus* (Geoffroy, 1810) *Artibeus cinereus* (Gervais, 1856), *Artibeus planirostris* (Spix, 1823), *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818), *Chiroderma villosum* (Peters, 1860), *Molossus rufus* (É. Geoffroy, 1805), *Molossus molossus* (Pallas, 1766), *Eumops glaucinus* (Wagner, 1843), *Myotis riparius* (Handley, 1960), *Saccopteryx bilineata* (Temminck, 1838), *Pteronotus parnellii* (Gray, 1843), *Pteronotus gymnonotus* (Natterer, 1843) e *Micronycteris sanborni* (Simmons, 1996) (Tabela 2).

Tabela 2. Espécies de morcegos coletados nos municípios de Caxias/MA, Barão de Grajaú/MA e Floriano/PI, com respectivos códigos de amostras e locais de coleta.

Espécies	Código	Local de coleta
<i>E. glaucinus</i>	CXPR01; CXPR140	Caxias
<i>M. molossus</i>	CXPR02; CXPR56; CXPR57-58; CXPR60-61; CXPR121; CXPR124; CXPR125; CXPR136-137	
<i>M. rufus</i>	CXPR59; CXPR62-72; CXPR122; CXPR138-139	
<i>A. cinereus</i>	CXPR04; CXPR26; CXPR90-91; CXPR109; CXPR111	

<i>R. pumilio</i>	CXPR15; CXPR38-39; CXPR44-45; CXPR52; CXPR55; CXPR77; CXPR82; CXPR89; CXPR94; CXPR96; CXPR101; CXPR105-106; CXPR112; CXPR114; CXPR119	
<i>S. lilium</i>	CXPR08; CXPR80; CXPR83; CXPR87	
<i>G. soricina</i>	CXPR28-29; CXPR40	
<i>S. bilineata</i>	CXPR41-42; CXPR79; CXPR126	
<i>P. parnelli</i>	CXPR78; CXPR88	
<i>C. villosum</i>	CXPR73	
<i>P. fusciventris</i>	CXPR75	
<i>A. lituratus</i>	CXPR123; CXPR127-129; CXPR132; JFV831; JFV840-841	
<i>C. perspicillata</i>	CXPR3; CXPR5-6; CXPR9-12; CXPR16- 21; CXPR24-25; CXPR27; CXPR30- CXPR34; CXPR37; CXPR46-51; CXPR54; CXPR85-86; CXPR62-63; CXPR95; CXPR97-100; CXPR102; CXPR104; CXPR108; CXPR110; CXPR113; CXPR115-118; CXPR120; CXPR130; JFV825; JFV833	Caxias/ Barão de Grajaú/ Floriano
<i>T. cirrhosus</i>	CXPR13-14; CXPR35; JFV824	
<i>P. hastatus</i>	CXPR131; CXPR135; JFV847-848	
<i>A. planirostris</i>	CXPR23; CXPR107; JFV827	Caxias/ Barão de Grajaú
<i>P. discolor</i>	CXPR07; CXPR22; CXPR36; CXPR43; CXPR53; CXPR133-134; JFV813	
<i>D. rotundus</i>	CXPR103; JFV842	
<i>P. gymnonotus</i>	JFV812	Barão de Grajaú
<i>M. sanborni</i>	JFV826	
<i>M. riparius</i>	CXPR76; CXPR81; CXPR84; JFV834-835	Caxias/Floriano

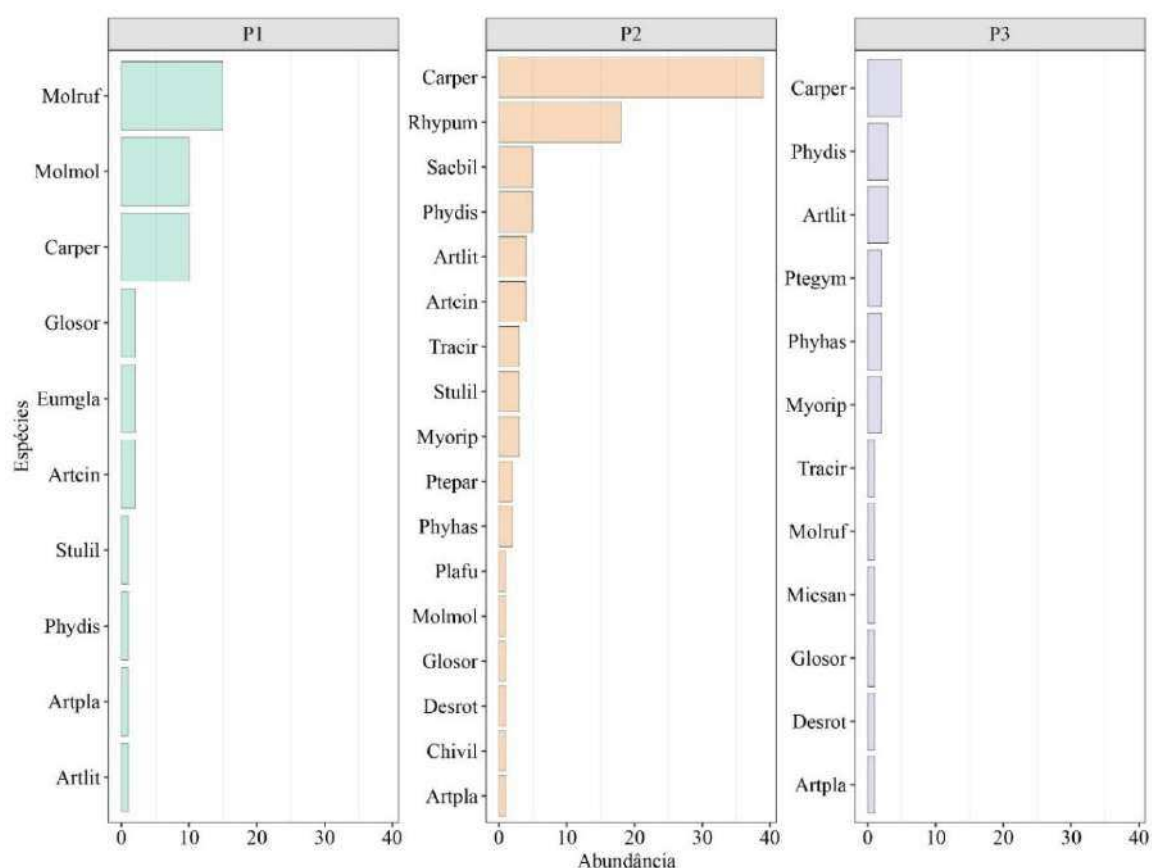
CXPR = Código referente as coletas em Caxias / Área de proteção ambiental do Inhamum; JFV = Código referente as coletas em Barão de Grajaú / Floriano.

A figura 3 apresenta a abundância das espécies de morcegos registradas nos três pontos de coleta. No ponto 1 (área urbana do município de Caxias) foram registradas 10 espécies, com destaque para *M. rufus*, *M. molossus* e *C. perspicillata*. Outras espécies observadas nesse ponto incluíram *E. glaucinus*, *A. cinereus*, *G. soricina*, e em menor proporção *S. lilium*, *P. discolor*, *A. planirostris*, *A. lituratus*.

No ponto 2 (área de proteção ambiental APA do Inhamum) observou-se a maior riqueza e diversidade de espécies, totalizando 17 espécies distribuídas principalmente entre representantes da família Phyllostomidae, como *C. perspicillata*, *R. pumilio*, *P. discolor*. Também foram registradas espécies de *T. cirrhosus*, *A. planirostris* e *A. lituratus*.

No ponto 3 (área mista – zona urbana em Floriano e área rural em Barão de Grajaú) apresentou 12 espécies registradas, com abundância de *C. perspicillata*, *A. lituratus*, *P. discolor*. As demais espécies nesse ponto ocorreram com frequência reduzida.

Figura 3. Abundância total das espécies de morcegos registradas nos três pontos de amostragem P1 (área urbana do município de Caxias - Maranhão), P2 (área de proteção ambiental APA do Inhamum - Maranhão) e P3 (área mista – zona urbana em Floriano - Piauí e área rural em Barão de Grajaú - Maranhão).

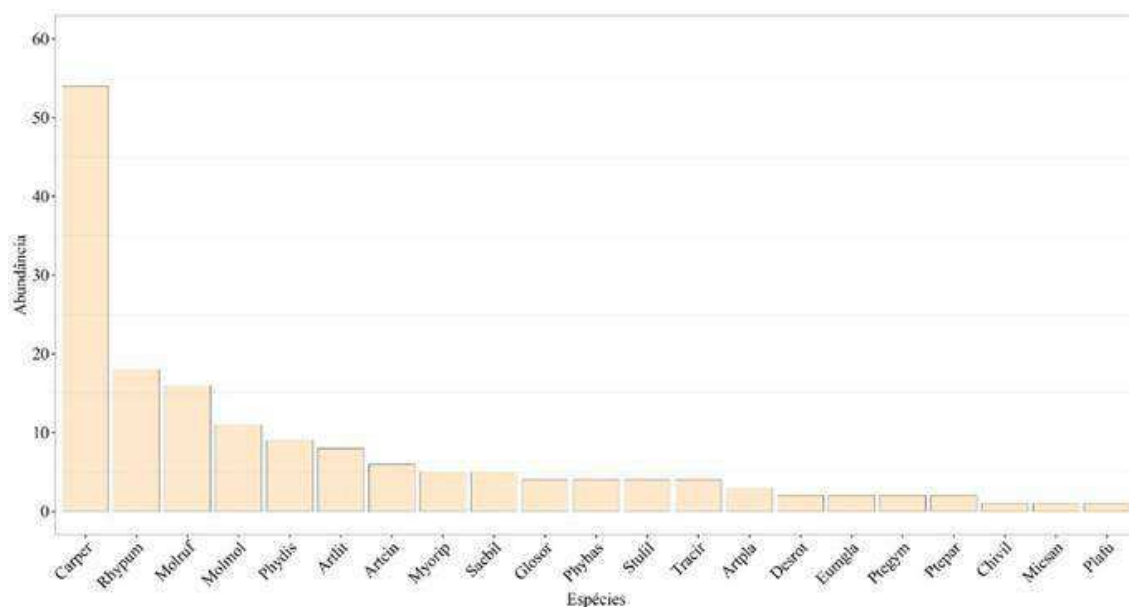


Molruf: *M. rufus*; Molmol: *M. molossus*; Eumgla: *E. glaucinus*; Artcin: *A. cinereus*; Rhypum: *R. pumilio*; Stulil: *S. lilium*; Glosor: *G. soricina*; Sacbil: *S. bilineata*; Ptepar: *P. parnelli*; Chivil: *C. villosus*; Plafus: *P. fusciventris*; Artlit: *A. lituratus*; Carper: *C. perspicillata*; Tracir: *T. cirrhosus*; Phyhas: *P. hastatus*; Artpla: *A. planirostris*; Phydis: *P. discolor*; Desrot: *D. rotundus*; Ptegy: *P. gymnonotus*; Micsan: *M. sanborni*; Myorip: *M. riparius*.

A figura 4 apresenta a abundância total das espécies de morcegos registradas nas áreas amostradas. *C. perspicillata* foi a espécie mais abundante, com 54 espécimes, seguida por *R. pumilio* (18), *M. rufus* (16), *M. molossus* (11), *P. discolor* (9), *A. lituratus*

(8), *A. cinereus* (6). Outras espécies com menor abundância foram *M. riparius* (5) e *S. bilineata* (5). As demais espécies apresentaram abundância inferior a cinco espécimes, incluindo *G. soricina*, *P. hastatus*, *S. lilium*, *T. cirrhosus*, *A. planirostris*, *D. rotundus*, *E. glaucinus*, *P. gymnonotus*, *P. parnelli*, *C. villosus*, *M. sanborni* e *P. fusciventris*.

Figura 4. Abundância total das espécies de morcegos.



Molruf: *M. rufus*; Molmol: *M. molossus*; Eumgla: *E. glaucinus*; Artcin: *A. cinereus*; Rhypum: *R. pumilio*; Stulil: *S. lilium*; Glosor: *G. soricina*; Sacbil: *S. bilineata*; Ptepar: *P. parnelli*; Chivil: *C. villosus*; Plafus: *P. fusciventris*; Artlit: *A. lituratus*; Carper: *C. perspicillata*; Tracir: *T. cirrhosus*; Phyhas: *P. hastatus*; Artpla: *A. planirostris*; Phydis: *P. discolor*; Desrot: *D. rotundus*; Ptegym: *P. gymnonotus*; Micsan: *M. sanborni*; Myorip: *M. riparius*.

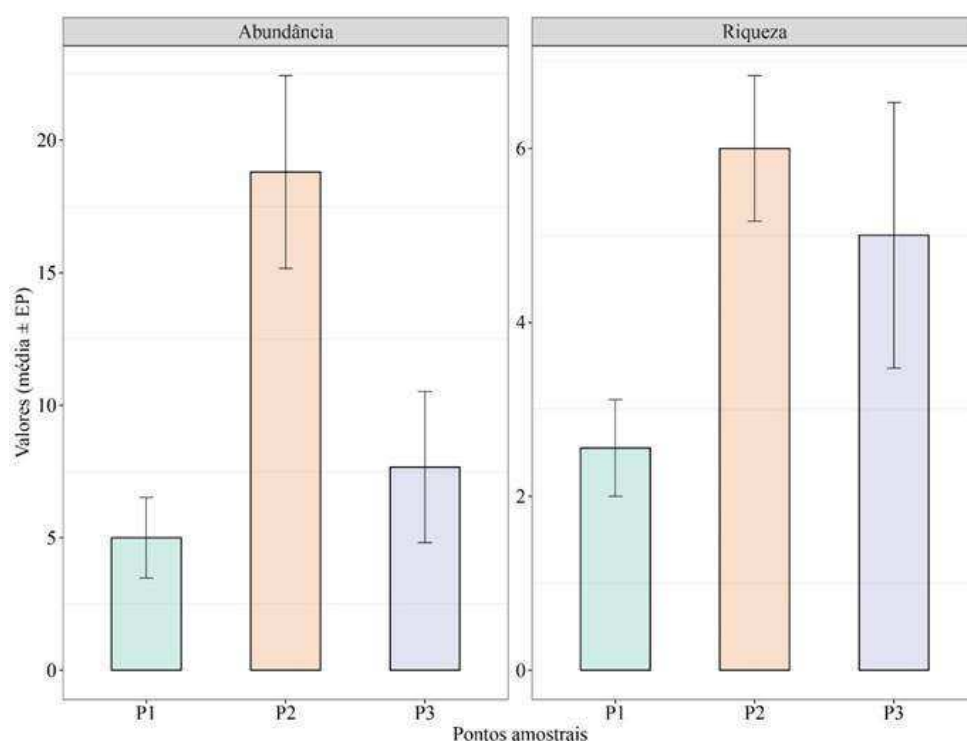
A análise estatística revelou diferença significativa na abundância de morcegos entre os pontos amostrais (teste de Kruskal–Wallis: $\chi^2 = 7,86$; $p = 0,02$). A análise pós-hoc par a par indicou que essa diferença ocorreu exclusivamente entre os pontos P1 e P2 ($p = 0,01$), enquanto as demais comparações não apresentaram diferenças significativas.

De forma semelhante, a riqueza de espécies também diferiu significativamente entre os pontos amostrais (Kruskal–Wallis: $\chi^2 = 7,06$; $p = 0,03$), com o teste par a par evidenciando diferença apenas entre P1 e P2 ($p = 0,02$). Não foram observadas diferenças significativas entre os demais pares de pontos amostrais.

Esses padrões são observados na figura 5, que evidencia maior abundância e riqueza de morcegos no ponto P2 em comparação ao ponto P1. O ponto P2 (APA do Inhamum) apresentou os maiores valores médios tanto de abundância quanto de riqueza, enquanto o ponto P1 registrou os menores valores para ambas as métricas. O ponto P3 apresentou valores intermediários, situando-se entre P1 e P2.

Os índices ecológicos evidenciaram variações espaciais na estrutura da comunidade de morcegos entre os pontos amostrais. A riqueza observada de espécies (Taxa_S) variou de 10 espécies em P1 a 17 espécies em P2, enquanto P3 apresentou valor intermediário, com 12 espécies. O maior número de espécimes foi registrado em P2 ($n = 94$), seguido por P1 ($n = 45$) e P3 ($n = 23$).

Figura 5: Valores médios ($\pm$ erro-padrão) da abundância e da riqueza de espécies de morcegos registradas nos três pontos amostrais P1 (área urbana do município de Caxias - Maranhão), P2 (área de proteção ambiental APA do Inhamum - Maranhão) e P3 (área mista – zona urbana em Floriano - Piauí e área rural em Barão de Grajaú - Maranhão).



O índice de diversidade de Shannon–Wiener (H') apresentou aumento progressivo entre os pontos, variando de 1,888 em P1 para 2,131 em P2, atingindo o maior valor em P3 ($H' = 2,557$), indicando maior diversidade e distribuição mais equilibrada das espécies nesse ponto, apesar da menor abundância total. A dominância de Simpson

(D) foi mais elevada em P2 ($D = 0,214$) e P1 ($D = 0,200$), enquanto P3 apresentou o menor valor ($D = 0,075$), refletindo menor dominância e maior heterogeneidade da comunidade.

A equitabilidade de Pielou (J') reforçou esse padrão, com valores mais elevados em P3 ($J' = 1,029$), em comparação a P1 ($J' = 0,820$) e P2 ($J' = 0,752$), indicando maior uniformidade na distribuição dos espécimes entre as espécies. Quanto à riqueza estimada, os índices Chao-1 variaram de 11,47 em P1 a 21,95 em P2, enquanto o estimador ACE apresentou valores entre 17,02 (P1) e 21,02 (P2), sugerindo que a amostragem foi representativa, especialmente em P2, que concentrou a comunidade mais rica, ao passo que P3, embora menos abundante, apresentou maior diversidade relativa.

Os padrões de riqueza e abundância entre os pontos amostrais evidenciam a influência do tipo de ambiente na estrutura da comunidade de morcegos. O ponto P2 (Área de Proteção Ambiental do Inhamum) apresentou maior riqueza (17 espécies) e abundância ($n = 94$), corroborando estudos que associam habitats mais conservados e estruturalmente heterogêneos a maiores níveis de diversidade de quirópteros (SOUSA; VENERE; FARIA, 2013; SALDAÑA-VÁZQUEZ et al., 2025). Em contraste, áreas urbanas ou de uso misto tendem a sustentar comunidades menos ricas e abundantes, em função da menor complexidade ambiental e disponibilidade de recursos (SALDAÑA-VÁZQUEZ et al., 2025).

Os índices ecológicos evidenciaram diferenças na estrutura das comunidades entre os pontos amostrais. P3 apresentou maior diversidade ($H' = 2,557$) e equitabilidade ($J' = 1,029$), apesar da menor abundância, indicando menor dominância e distribuição mais uniforme das espécies, padrão associado a ambientes mais equilibrados (MAGURRAN 2004). Em contraste, os maiores valores de dominância em P1 e P2 refletem a predominância de espécies mais abundantes ou adaptadas, como observado em áreas submetidas a diferentes níveis de modificação ambiental (RUSSO; ANCILLOTTO, 2015).

Os estimadores de riqueza Chao-1 (11,47–21,95) e ACE (17,02–21,02) indicam que a amostragem capturou grande parte da diversidade presente nos pontos estudados, especialmente em P2, onde os valores estimados foram mais próximos da riqueza observada, corroborando a adequação do esforço amostral, conforme descrito em estudos ecológicos (GOTELLI; COLWELL, 2011; GWINN et al., 2016).

Nesse sentido, a variação observada na abundância e diversidade de morcegos entre os três pontos de coletas refletem a influência do gradiente de urbanização sobre a

estrutura das comunidades. No ponto urbano, a predominância de *M. molossus* e *M. rufus* indica a capacidade dos molossídeos de se adaptarem a ambientes antropizados, comportamento já descrito em estudos que associam esses táxons a áreas abertas e construídas, onde encontram abrigo e abundância de insetos atraídos pela iluminação artificial (NUNES; ROCHA; CORDEIRO-ESTRELA, 2017; MELO et al., 2021).

Em contraste, o ponto localizado em área de proteção ambiental apresentou maior riqueza e diversidade de espécies, com predominância de filostomídeos como *C. perspicillata*, *R. pumilio* e *P. discolor*, o que evidencia a dependência desse grupo por habitats florestados e maior disponibilidade de recursos alimentares, como frutos e néctar (OLÍMPIO et al., 2016; CAMPOS et al., 2021).

A área mista, composta por trechos urbanos e fragmentos florestais, apresentou uma composição intermediária, com a coexistência de espécies generalistas como *A. lituratus*, *M. riparius* e *C. perspicillata*. Esse padrão indica o papel das zonas de transição como refúgios relevantes para morcegos em paisagens antropizadas. Resultados semelhantes foram relatados por Brito et al. (2023), que observaram comunidades dominadas por filostomídeos frugívoros e nectarívoros, como *S. lilium*, *A. lituratus*, *A. fimbriatus*, *G. soricina* e *P. lineatus*, que juntos representaram mais de 85% dos espécimes coletados (n=247)

O resultado desta pesquisa revelou a família Phyllostomidae como a mais rica e mais abundante, representada por 119 espécimes, o que corresponde a 73,46% dos espécimes coletados (n = 162), além de compreender 14 espécies. As demais famílias apresentaram menor riqueza, com Molossidae (3 espécies), Mormoopidae (2 espécies) e Vespertilionidae e Emballonuridae representadas por uma espécie cada (Tabela 3).

Tabela 3. Composição da comunidade de morcegos amostrada nos municípios de Caxias/MA, Barão de Grajaú/MA e Floriano/PI, com abundância relativa (%).

Família	Espécie	Abun. (n)	Abun. Relat. (%)	Riqueza
Phyllostomidae	<i>C. perspicillata</i>	54	33,33	14
	<i>R. pumilio</i>	18	11,11	
	<i>P. discolor</i>	9	5,56	
	<i>P. hastatus</i>	4	2,47	
	<i>T. cirrhosus</i>	4	2,47	
	<i>D. rotundus</i>	2	1,23	
	<i>S. lilium</i>	4	2,47	
	<i>A. cinereus</i>	6	3,70	
	<i>A. planirostris</i>	3	1,85	

	<i>A. lituratus</i>	8	4,94	
	<i>C. villosum</i>	1	0,62	
	<i>M. sanborni</i>	1	0,62	
	<i>P. fusciventris</i>	1	0,62	
	<i>G. soricina</i>	4	2,47	
Molossidae	<i>M. molossus</i>	11	6,79	
	<i>M. rufus</i>	16	9,88	3
	<i>E. glaucinus</i>	2	1,23	
Vespertilionidae	<i>M. riparius</i>	5	3,09	1
Emballonuridae	<i>S. bilineata</i>	5	3,09	1
Mormoopidae	<i>P. parnellii</i>	2	1,23	
	<i>P. gymnonotus</i>	2	1,23	2
Total		162	100,00	21 espécies

Dentre as espécies coletadas, *C. perspicillata* foi a mais abundante, correspondendo a 33,33%. Essa espécie apresentou pelagem predominantemente marrom-acinzentada, com nuances mais claras na região ventral e, em alguns espécimes, uma faixa mediana dorsal mais pálida, conforme descrito em Reis et al. (2017). A dominância de *C. perspicillata* reflete um padrão amplamente documentado na literatura, pois trata-se de uma espécie frugívora adaptada a ambientes com diferentes graus de perturbação antrópica (TORRES; ANJOS; FERREIRA, 2018; LEAL et al., 2019). Segundo Passos et al. (2003), essa espécie é oportunista quanto à dieta, consumindo uma ampla variedade de frutos, o que contribui para seu sucesso em ambientes fragmentados.

De acordo com Pianka (1982), existe um ajuste entre os organismos e seu ambiente, determinado pelo grau de integração de cada espécie em diferentes dimensões ecológicas, como espaço, tempo e disponibilidade de recursos. Espécies com maior plasticidade ecológica tendem a apresentar ampla distribuição e elevada abundância, refletindo maior potencial adaptativo. No presente estudo, esse padrão é evidente em *C. perspicillata*, que apresentou alta abundância especialmente em P2, além de estar presente nos três pontos amostrais, bem como *R. pumilio* em P2 e *M. molossus* em P1.

Em menor abundância, destacaram-se as espécies *C. villosum*, *P. fusciventris*, *M. sanborni*, *E. glaucinus*, *P. parnellii*, *M. riparius*, *S. bilineata*, cujas valores variaram entre 0,62% e 3,09%. A presença dessas espécies, pertencentes a diferentes famílias — como Phyllostomidae, Molossidae, Mormoopidae, Vespertilionidae e Emballonuridae — evidencia a diversidade de nichos ecológicos explorados pela quiropteroфаuna local, abrangendo múltiplos hábitos alimentares e estratégias de forrageamento o que está de acordo com Reis et al. (2017) e Simmons e Cirranello (2025).

Estudos semelhantes realizados em ambientes de Cerrado, como o de Campos et al. (2021) também evidenciam a predominância de frugívoros da família Phyllostomidae, especialmente *Carollia* e *Sturnira*, adaptadas a áreas com interferência humana. A presença de espécies como *P. parnellii* e *S. bilineata*, típicas de bordas de mata e formações florestais mais conservadas, indica a heterogeneidade ambiental.

O presente estudo registrou uma riqueza total de 21 espécies de morcegos, com predominância de representantes da família Phyllostomidae. Esse padrão de riqueza é compatível com o observado em inventários faunísticos realizados em diferentes áreas do bioma Cerrado, os quais geralmente registram valores variando entre 11 e 37 espécies, evidenciando que a composição observada neste estudo se insere dentro do intervalo esperado para a região (FERREIRA; FISCHER; PULCHÉRIO-LEITE, 2010; SOUSA; VENERE; FARIA, 2013; CAMPOS et al., 2021).

Entre as espécies amostradas, *C. perspicillata* apresentou elevada abundância relativa, correspondendo a 33,33% dos espécimes capturados. Assim como nos trabalhos de Sousa; Venere; Faria (2013) e Olímpio et al. (2016) o que reforça a ampla adaptabilidade ecológica da espécie a diferentes graus de alteração ambiental (PAROLIN; MIKICH; BIANCONI, 2012). Além disso, esses resultados ressaltam a importância de esforços continuados e abordagens metodológicas múltiplas para a compreensão da diversidade de morcegos locais (GONÇALVES; GREGORIN, 2004).

5.2 Composição bacteriana do pulmão de morcegos

O importante papel dos morcegos como hospedeiros de diferentes micro-organismos, incluindo bactérias potencialmente associadas a infecções zoonóticas, é amplamente reconhecido. Contudo, no estado do Maranhão, embora haja grande diversidade de espécies de morcegos e ampla distribuição de habitats favoráveis, há uma lacuna significativa no conhecimento acerca da diversidade bacteriana associada ao ambiente pulmonar desses animais. Neste estudo, foram analisadas 21 espécies de morcegos, sendo constatada a presença de bactérias em 11 destas. Dentre essas, em oito espécies *R. pumilio*, *M. molossus*, *C. perspicillata*, *A. cinereus*, *P. hastatus*, *G. soricina*, *S. lilium*, *A. planirostris* a detecção foi a partir de amplificação gênica pela abordagem, independente de cultivo, isto é direto do tecido pulmonar e em quatro *E. glaucinus*, *A. lituratus*, *C. perspicillata*, *M. riparius* a detecção ocorreu por meio de abordagem dependente de cultivo, sendo as bactérias identificadas como *Bacillus subtilis*,

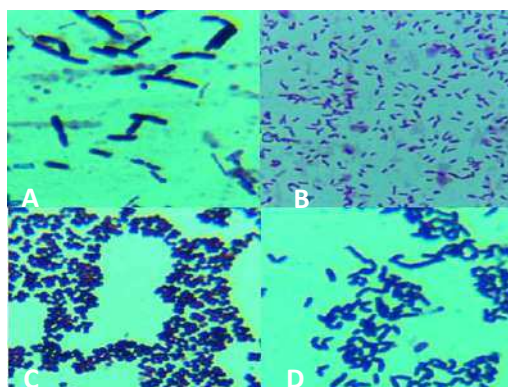
Staphylococcus saprophyticus, *Acinetobacter* spp. e *Gordonia* spp. nesses morcegos (Tabela 4).

Tabela 4. Espécies bacterianas isoladas do pulmão de diferentes espécies de morcegos coletados nos municípios de Caxias/MA, Barão de Grajaú/MA e Floriano/PI,

Famílias/morcegos	Código	Espécies/morcegos	Espécies/bactérias
Molossidae	CXPR140	<i>E. glaucinus</i>	<i>B. subtilis</i>
Phyllostomidae	JFV841	<i>A. lituratus</i>	<i>Gordonia</i> spp
	JFV831; JFV840		<i>Acinetobacter</i> spp
	JFV833	<i>C. perspicillata</i>	<i>Acinetobacter</i> ssp
Vespertilionidae	JFV835	<i>M. riparius</i>	<i>S. saprophyticus</i>

A coloração de Gram permitiu caracterizar morfológicamente e diferenciar os isolados bacterianos obtidos (Figura 6). *B. subtilis* (Figura 6A) apresentou-se como bastonetes Gram-positivos, corados em roxo e dispostos isoladamente, aos pares ou em pequenas cadeias, aspecto típico do gênero *Bacillus* (KOCH, 1995). O isolado identificado como *Acinetobacter* spp. (Figura 6B) mostrou cocos ou cocobacilos Gram-negativos, corados em róseo e distribuídos de forma irregular pelo campo microscópico, em conformidade com a morfologia descrita para o gênero (BAZZI; AL-TAWFIQ; RABAAN, 2017). Já *S. saprophyticus* (Figura 6C) exibiu cocos Gram-positivos agrupados em cachos irregulares, com intensa coloração púrpura, padrão característico do gênero *Staphylococcus* (FOSTER, 1996). Adicionalmente, em *Gordonia* spp. (Figura 6D) foi evidenciado bastonetes curtos, predominantemente Gram-positivos, distribuídos de forma irregular no campo microscópico (TSUKAMURA, 1971).

Figura 6. Visualização em microscópio óptico em aumento 1000× de bactérias isoladas de pulmão de morcegos submetidas à coloração de Gram. (A) *B. subtilis* (B) *Acinetobacter* spp (C) *S. saprophyticus* (D) *Gordonia* spp

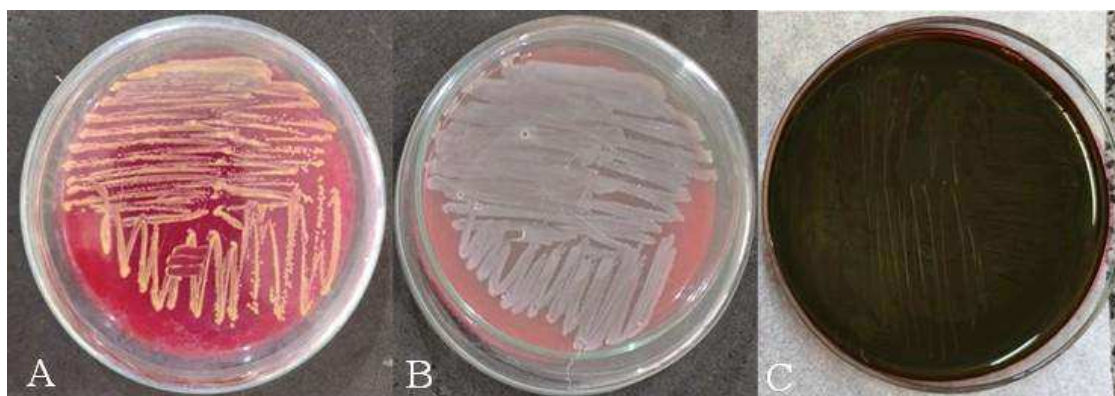


Fonte: Autor, 2025

O cultivo em Ágar Sangue de Carneiro permitiu observar diferenças morfológicas importantes entre os isolados bacterianos. *S. saprophyticus* apresentou crescimento caracterizado por colônias de coloração amarelada, aspecto convexo e superfície lisa, sem ocorrência de hemólise (Figura 7A). Já o isolado identificado como *Acinetobacter* spp. formou colônias opacas, acinzentadas e sem ocorrência de hemólise (Figura 7B). A ausência de halo hemolítico ao redor das colônias em ambos os casos sugere comportamento não hemolítico, o que indica menor potencial patogênico frente a cepas hemolíticas (NOGUEIRA; MIGUEL, 2009).

No meio seletivo e diferencial ágar eosina-azul de metileno (LAL; CHEEPHAM, 2007) utilizado para a triagem de enterobacter hemolíticas (Figura 7C), foi observado que o isolado não é fermentador de lactose (ASHRAF et al., 2024). Esse resultado confirma o perfil metabólico compatível com *Acinetobacter* spp., gênero de bactérias Gram-negativas não fermentadoras, frequentemente resistentes a antibióticos β -lactâmicos, incluindo penicilina (ASHRAF et al., 2024). O ágar eosina-azul de metileno inibe o crescimento de Gram-positivos e permite diferenciar enterobactérias fermentadoras de lactose, como *E. coli*, que apresentaria colônias de coloração metálica, de não fermentadoras, como o *Acinetobacter* spp., que não produz alteração de cor no meio (LAL; CHEEPHAM, 2007).

Figura 7. Cultivo bacteriano em meios de cultura diferenciais: Ágar Sangue de Carneiro (A) *S. saprophyticus*; e (B) *Acinetobacter* spp.; Ágar Eosina Azul de Metileno (C) *Acinetobacter* spp.



Fonte: Autor, 2025

O isolado identificado como *Gordonia* spp. apresentou crescimento em Ágar Nutriente com colônias fortemente pigmentadas em tonalidade laranja intensa (Figura 8).

As colônias mostraram-se opacas, elevadas, com superfície predominantemente lisa a levemente rugosa e aspecto brilhante em alguns pontos, sugerindo consistência discretamente mucoide. A pigmentação observada é compatível com a produção de carotenoides descrita para algumas espécies do gênero *Gordonia*, característica frequentemente associada a colônias que variam do laranja ao laranja-avermelhado. O conjunto dessas características morfológicas é consistente com o perfil fenotípico descrito para actinobactérias do gênero *Gordonia*, reforçando a identificação do isolado (ANDALIBI; FATAHI-BAFGHI, 2017).

Figura 8: Cultivo bacteriano em Ágar Nutriente do gênero *Gordonia*.



Fonte: Autor, 2025

Assim, os resultados obtidos em Ágar Sangue de Carneiro, Ágar EMB e Ágar Nutriente reforçam a identificação fenotípica dos isolados, evidenciando o comportamento não hemolítico e não fermentador de lactose de *Acinetobacter* spp., perfil classicamente descrito para bacilos Gram-negativos não fermentadores (KONEMAN et al., 2018; CLSI, 2024). De modo semelhante, o perfil Gram-positivo e não hemolítico observado para *Staphylococcus saprophyticus* está em consonância com as descrições taxonômicas do gênero (FOSTER, 1996).

Subsequentemente, confirmou-se via molecular a presença de DNA bacteriano nos tecidos pulmonares e nos isolados obtidos, com a amplificação do gene rRNA 16S, no qual de acordo com Church et al. (2020), é um gene altamente conservado entre bactérias, mas contém regiões variáveis que permitem a distinção entre gêneros e espécies. A amplificação foi confirmada a partir do DNA genômico extraído dos pulmões e dos isolados bacterianos (Figura 9).

Figura 9. Eletroforese em gel de agarose 2% mostrando a positividade da PCR do gene rRNA 16S de DNA genômico a partir dos pulmões e de isolados bacterianos. 1= PM (ladder) e 2 - 7 = amostras amplificadas.



Fonte: Autor, 2025

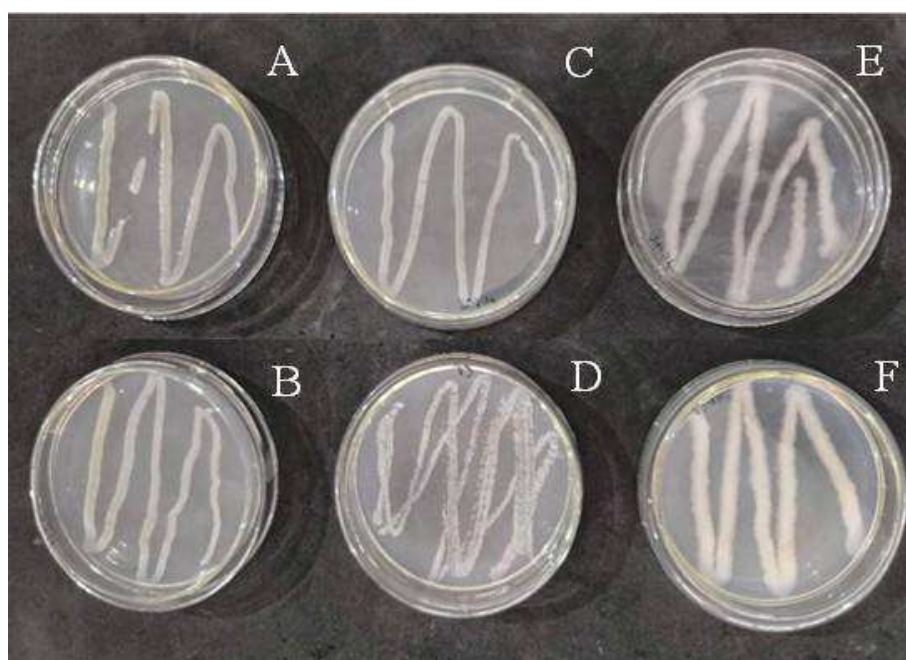
Adicionalmente, os produtos amplificados do gene rRNA 16S dos isolados identificados como *Gordonia* spp. e *B. subtilis* foram submetidos ao sequenciamento, permitindo a confirmação taxonômica em nível molecular. As sequências obtidas apresentaram 470 pares de bases e foram de elevada similaridade quando plotadas no GenBank por meio da ferramenta BLASTn. O isolado de *B. subtilis* exibiu 100% de identidade com sequências de referência dessa espécie, enquanto o isolado de *Gordonia* spp. apresentou 98% de similaridade com sequências pertencentes ao gênero *Gordonia*, corroborando a identificação previamente baseada em características fenotípicas e bioquímicas. Esses resultados confirmam a acurácia da amplificação do gene 16S rRNA e reforçam a confiabilidade da identificação dos isolados bacterianos obtidos a partir do tecido pulmonar dos morcegos.

5.3 Suscetibilidade antimicrobiana

A avaliação do crescimento bacteriano na presença de antibiótico permitiu inferir aspectos funcionais relacionados à suscetibilidade antimicrobiana. As colônias de *Acinetobacter* spp. e *B. subtilis* apresentaram crescimento semelhante tanto nas placas-controle quanto nas placas suplementadas com penicilina, indicando ausência de inibição

visível e sugerindo resistência ou baixa sensibilidade ao antibiótico (Figura 10). Esse resultado é compatível com o perfil de resistência descrito para o gênero *Acinetobacter*, que inclui espécies amplamente reconhecidas por sua capacidade de sobrevivência em ambientes adversos e pela propensão a desenvolver multirresistência antimicrobiana (LUPO; HAENNI; MADEC, 2018).

Figura 10 Análise comparativo do crescimento entre cepas de *Acinetobacter* spp. (A - D) e *B. subtilis* (E e F). *Acinetobacter* spp. em meio sem penicilina (A e C) e em meio com penicilina (B e D). *B. subtilis* em meio sem penicilina (E) e em meio com penicilina (F)



Fonte: Autor, 2025

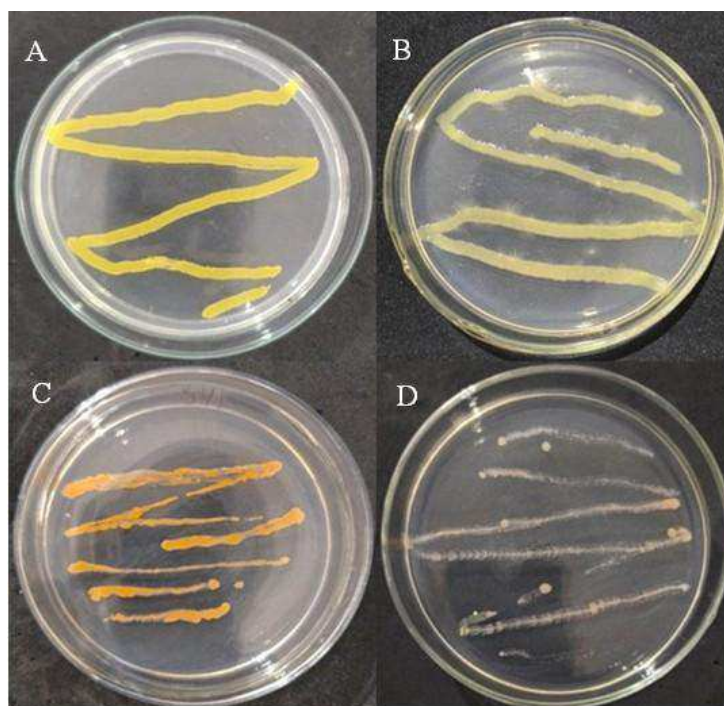
No caso de *B. subtilis*, a resistência observada é coerente com o perfil descrito em estudos recentes envolvendo isolados ambientais e de alimentos. Na pesquisa realizada por Zhai et al. (2023), cepas de *Bacillus* isoladas de leite pasteurizado apresentaram resistência intrínseca à penicilina, sendo que, entre 114 isolados analisados, aproximadamente 86% demonstraram resistência a esse antibiótico.

O *S. saprophyticus* (Figura 11 A e B) apresentou crescimento na placa-controle, e de maneira reduzida na placa suplementada com penicilina, indicando resistência ou baixa sensibilidade a esse antibiótico. Esse resultado é consistente com achados recentes que evidenciam um perfil variável de resistência entre cepas dessa espécie. No estudo de Gaeta et al. (2023), com três cepas de *S. saprophyticus* isoladas da pele de morcegos apenas uma demonstrou resistência à penicilina. No estudo de Santos, Damasceno e Souto

(2019) foi relatado frequências de 50% de resistência à penicilina em cepas isoladas de *S. saprophyticus* provenientes de infecção do trato urinário humano.

No isolado identificado como *Gordonia* spp., observou-se crescimento evidente na placa-controle e de maneira reduzida na placa suplementada com penicilina, indicando baixa sensibilidade ou sensibilidade a esse antibiótico (Figura 11 C e D). Esse resultado é consistente com o relatado por Blaschke et al. (2007), onde evidenciaram antibióticos como ampicilina, trimetoprim-sulfametoxazol, claritromicina e penicilina com baixa atividade, com muitos isolados exibindo concentrações inibitórias mínimas (CIM) elevadas para esses fármacos. Embora tradicionalmente consideradas bactérias ambientais, espécies do gênero *Gordonia*, são patógenos oportunistas, que causam doenças no pulmão e na pele humana, e em vários casos levando a bacteremia (BARTHEL et al., 2023).

Figura 11 Crescimento de *S. saprophyticus* (A e B) e de *Gordonia* spp (C e D). Em meio sem penicilina (A e C) e em meio com penicilina (B e D).



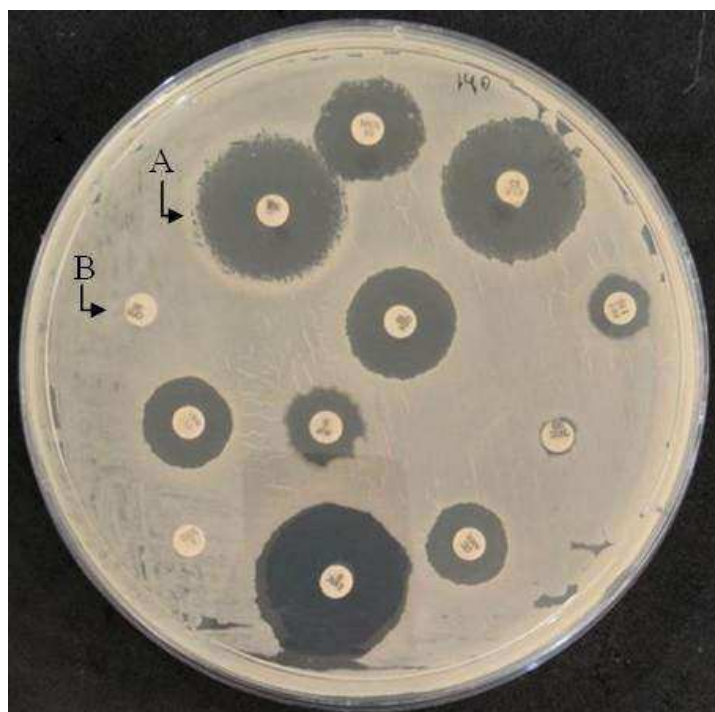
Fonte: Autor, 2025

Embora a resistência à penicilina tenha sido um achado consistente entre os isolados bacterianos deste estudo, a ampliação dos testes de sensibilidade a outros antimicrobianos permitiu uma caracterização mais detalhada do perfil fenotípico de resistência. Esses dados adicionais possibilitam avaliar se a resistência observada se

restringe aos β -lactâmicos ou se se estende a múltiplas classes de antibióticos, aspecto relevante para compreender os mecanismos adaptativos e o potencial epidemiológico das bactérias associadas ao ambiente pulmonar dos morcegos (ALLEN et al., 2010; DAVIES; DAVIES, 2010).

Os testes de sensibilidade ampliados indicaram que alguns isolados apresentaram resistência ou redução de sensibilidade a outras classes de antimicrobianos além da penicilina, sugerindo um perfil fenotípico de resistência mais complexo. Esse padrão reforça a hipótese de que o ambiente pulmonar dos morcegos pode atuar como um nicho seletivo, favorecendo a manutenção de bactérias com múltiplas estratégias adaptativas frente à pressão antimicrobiana, mesmo na ausência de exposição clínica direta a antibióticos (Figura 12).

Figura 12. Perfil de suscetibilidade pelo método de disco-difusão para avaliar a sensibilidade antimicrobiana, *B. subtilis*. Presença (A), e ausência (B), de halo de inibição



Fonte: Autor, 2025

Os testes de suscetibilidade antimicrobiana realizados pelo método de disco-difusão demonstraram que os isolados de *Acinetobacter* spp. (JFV831, JFV833 e JFV840) apresentaram, de modo geral, amplo perfil de sensibilidade aos antimicrobianos avaliados (Tabela 5). Observou-se sensibilidade consistente às cefalosporinas de terceira e quarta gerações (ceftazidima, cefepime e ceftriaxona), às fluoroquinolonas (ciprofloxacina), aos

aminoglicosídeos (amicacina e gentamicina), ao sulfametoxazol/trimetoprim e ao carbapenêmico meropenem.

Tabela 5: Perfil de resistência e suscetibilidade antimicrobiana de isolados de *Acinetobacter* spp., *S. saprophyticus*, *B. subtilis* e *Gordonia* spp. determinado pelo método de disco-difusão.

Antimicrobianos	Isolados bacterianos / Códigos					
	<i>Acinetobacter</i> spp			<i>S. saprophyticus</i>	<i>B. subtilis</i>	<i>Gordonia</i> spp
	JFV831	JFV833	JFV840	JFV835	CXPR140	JFV841
MFX	S	S	S	NT	NT	NT
CAZ	S	S	R	NT	NT	NT
CPM	S	S	S	NT	NT	NT
SUT	S	S	S	NT	NT	NT
DOX	S	R	S	NT	NT	NT
CIP	S	S	S	NT	NT	NT
POL	I	I	I	NT	NT	NT
AMI	S	S	S	NT	NT	NT
CRO	S	S	S	NT	NT	NT
MPM	S	S	S	S	I	S
GEN	S	S	S	S	S	S
PIT	S	S	S	I	R	S
LEV	NT	NT	NT	S	S	S
VAN	NT	NT	NT	S	I	S
TEC	NT	NT	NT	S	R	S
CLA	NT	NT	NT	S	S	S
VAN	NT	NT	NT	S	I	S
OXA	NT	NT	NT	R	R	S
RIF	NT	NT	NT	S	R	S
CFO	NT	NT	NT	S	R	S
LNZ	NT	NT	NT	S	S	S

NT: Não testado; R: Resistente; I: Intermediário; S: Sensível; MFX: Moxifloxacina; CAZ: Ceftazidima; CPM: Cefepime; SUT: Sulfametoxazol/Trimetoprim; DOX: Doxiciclina; CIP: Ciprofloxacina; POL: Polimixina B; AMI: Amicacina; MPM: Meropenem; CRO: Ceftriaxona; GEN: Gentamicina; PIT: Piperacilina/Tazobactam; GEN: Gentamicina; LEV: Levofloxacina; VAN: Vancomicina; TEC: Teicoplanina; CLA: Claritromicina; VAN: Vancomicina; OXA: Oxacilina; RIF: Rifampicina; CFO: Cefoxitina; LNZ: Linezolida.

Foi detectada variabilidade fenotípica entre os isolados para alguns antimicrobianos específicos, como a resistência à ceftazidima e à doxiciclina em um dos isolados, além de resposta intermediária à polimixina B observada de forma consistente entre os três isolados de *Acinetobacter* spp. Esses resultados indicam um perfil

predominantemente sensível, com variações pontuais, refletindo possível heterogeneidade intraespecífica entre os isolados ambientais associados ao tecido pulmonar dos morcegos.

O isolado de *S. saprophyticus* apresentou resistência à oxacilina, além de resposta intermediária à piperacilina/tazobactam. Por outro lado, demonstrou sensibilidade a antimicrobianos de diferentes classes, incluindo gentamicina, levofloxacina, vancomicina, teicoplanina, claritromicina, rifampicina, cefoxitina e linezolida. Esses resultados indicam um perfil fenotípico caracterizado por resistência seletiva a β -lactâmicos específicos, com manutenção da sensibilidade a glicopeptídeos e oxazolidinonas.

Para o isolado de *B. subtilis*, o teste de suscetibilidade revelou resistência à oxacilina, rifampicina e cefoxitina. Em contrapartida, observou-se sensibilidade à gentamicina, levofloxacina, meropenem e linezolida. Esse perfil evidencia resistência dirigida principalmente a determinados β -lactâmicos, mantendo sensibilidade a antimicrobianos de outras classes amplamente utilizadas.

O isolado identificado como *Gordonia* spp. apresentou sensibilidade a todos os antimicrobianos testados no ensaio de disco-difusão. Foram observadas respostas sensíveis ao meropenem, gentamicina, piperacilina/tazobactam, levofloxacina, vancomicina, teicoplanina, claritromicina, rifampicina, cefoxitina e linezolida. Não foram detectados perfis de resistência ou resposta intermediária para esse gênero no painel avaliado.

A presença de comunidades microbianas nos pulmões de diversos mamíferos tem sido amplamente reconhecida, incluindo primatas, bovinos, ovinos e morcegos, desafiando a antiga concepção de que o trato respiratório inferior seria estéril em indivíduos saudáveis (BECK; YOUNG; HUFFNAGLEL, 2012; NICOLA et al., 2017; FACIOLI et al., 2020). Em morcegos, estudos demonstram uma microbiota pulmonar diversificada, composta principalmente pelos gêneros *Lactococcus* (12%), *Paeniclostridium* (7%), *Lactobacillus* (7%), *Faecalibacterium* (3%), *Clostridiales* não identificados (3%), *Plesiomonas* (3%), *Bacteroides* (3%), *Mycoplasma* (2%), *Acinetobacter* (2%) e *Agathobacter* (1%) (ZHAO et al., 2022). Essa composição reflete um ecossistema equilibrado, no qual micro-organismos comensais e potenciais patógenos coexistem, desempenhando papel importante na homeostase pulmonar. Nesta pesquisa, apesar de incipiente foi encontrado os seguintes gêneros: *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Acinetobacter* e *Gordonia* o que corrobora com uma microbiota pulmonar diversificada.

Ao ser comparado com o encontrado em outros mamíferos, observa-se que a microbiota pulmonar dos morcegos apresenta semelhanças notáveis com a dos primatas, cuja composição inclui principalmente as famílias Neisseriaceae (34,45%), Pasteurellaceae (12,41%), Family XI (8,55%), Aerococcaceae (6,52%), Paenibacillaceae (2,94%), Streptococcaceae (1,77%), Bacillaceae (1,64%), Helicobacteraceae (1,49%), Ruminococcaceae (1,38%), Lactobacillales não classificadas (1,33%), Alcaligenaceae (1,17%) e Moraxellaceae (1,08%) (FACIOLI et al., 2020). Para os morcegos amostrados nesta pesquisa observou-se as famílias Bacillaceae, Staphylococcaceae, Moraxellaceae e Gordoniaceae.

Tais semelhanças sugerem a existência de um núcleo funcional conservado entre mamíferos, associado à homeostase imunológica e à proteção da mucosa respiratória (LEMON et al., 2012; DICKSON; HUFFNAGLE, 2015). No entanto, diferenças ecológicas e fisiológicas, como o hábito de voo e o metabolismo elevado dos morcegos, podem resultar em comunidades bacterianas mais variáveis e adaptadas ao estresse oxidativo e à hipóxia (SHEN et al., 2010; PEREIRA et al., 2023). Além disso, a detecção de gêneros com potencial patogênico, como *Staphylococcus* e *Acinetobacter*, nesta pesquisa, corrobora com achados de estudos anteriores que também identificaram bactérias potencialmente patogênicas - incluindo *Acinetobacter*, *Streptococcus* e *Neisseria* - na microbiota respiratória de morcegos assintomáticos (ZHAO et al., 2022). Esses resultados reforçam a hipótese de que os morcegos podem atuar como reservatórios naturais de patógenos respiratórios, desempenhando um papel relevante na dinâmica ecológica e epidemiológica desses micro-organismos (CALISHER et al., 2006; BROOK; DOBSON, 2015; ZHAO et al., 2022).

Nesta pesquisa igualmente a Nobre (2023) foi encontrado a partir do ambiente pulmonar a *Acinetobacter* spp. que é Gram-negativa. Entre os Gram-positivos os gêneros *Staphylococcus* e *Bacillus*, com predominância da *B. subtilis*. Adicionalmente, a identificação de *Gordonia* spp., um gênero raramente reportado nesse nicho, diferencia o presente estudo e sugere que condições ecológicas locais, aliadas ao hábito insetívoro e ao uso de abrigos específicos, podem favorecer a colonização pulmonar por actinobactérias ambientais, ampliando o conhecimento sobre a diversidade microbiana associada a morcegos.

É necessário salientar que três dos quatro gêneros isolados nesta pesquisa, *Acinetobacter*, *Staphylococcus* e *Bacillus* foram resistentes ao antibiótico penicilina o que sugere o ambiente pulmonar atuando como um importante reservatório de micro-

organismos com potencial de resistência antimicrobiana, esses achados estão em concordância com Nobre (2023). O isolado identificado como *Acinetobacter* spp. apresentou crescimento nas placas suplementadas com penicilina, evidenciando resistência ao antibiótico. Resultados semelhantes foram relatados por Huang et al. (2022a) e Devnath et al. (2022), que identificaram *Acinetobacter* resistentes em morcegos na China e no Iraque, reforçando o papel desses mamíferos como possíveis reservatórios naturais de bactérias resistentes.

Além disso, foi observada para o isolado *Acinetobacter* spp. sensibilidade predominante à maioria dos antimicrobianos testados, incluindo cefalosporinas de terceira e quarta gerações, fluoroquinolonas, aminoglicosídeos, sulfametoxazol/trimetoprim e meropenem, com resposta intermediária consistente à polimixina B. Entretanto, de acordo com a tabela 5, observou-se variabilidade intraespecífica, com a detecção pontual de resistência à ceftazidima e à doxiciclina em um dos isolados avaliados, enquanto os demais mantiveram perfis de sensibilidade a esses antimicrobianos.

Em contraste, no estudo de Sohail et al. (2016) com isolados clínicos provenientes de amostras respiratórias humanas têm demonstrado elevadas taxas de resistência a cefalosporinas, aminoglicosídeos e carbapenêmicos, com sensibilidade preservada apenas para antimicrobianos de última linha, como tigeciclina, colistina e polimixina B. Essa discrepância reforça que o perfil observado neste estudo reflete a origem não clínica do isolado, embora a resposta intermediária à polimixina B indique a possibilidade de mecanismos iniciais de adaptação, mesmo em ambientes naturais (GOMES et al., 2016), entretanto, comparações entre isolados clínicos e ambientais de *Acinetobacter* têm evidenciado que mecanismos adaptativos como a formação de biofilme podem ocorrer em ambos, reforçando a importância de vigilância de resistência mesmo em ambientes não clínicos (BOULESNAM et al., 2023).

Ainda assim, a resposta intermediária à polimixina B merece atenção, uma vez que as polimixinas constituem uma das poucas classes de antimicrobianos que demonstram atividade contra a maioria dos bacilos Gram-negativos multirresistentes, incluindo *Acinetobacter* spp., sendo, portanto, consideradas terapias de última linha no tratamento dessas infecções, sugerindo a presença de mecanismos iniciais de adaptação mesmo em ambientes não clínicos (DIEKEMA et al., 2019).

O isolado *B. subtilis* apresentou resistência à penicilina, essa característica está relacionada, principalmente, à presença de β -lactamases e à baixa afinidade das proteínas

ligadoras de penicilina (PBPs), que reduzem a eficácia desses antimicrobianos (LUO; HELMANN, 2012; CAULIER et al., 2019; HAQUE et al., 2024; LIU; YU, 2025). Embora *B. subtilis* seja amplamente reconhecido como um micro-organismo ambiental e geralmente considerado não patogênico, sua resistência natural a penicilina reflete uma adaptação ecológica importante, associada à exposição constante a compostos antimicrobianos produzidos por outros micro-organismos no solo e em substratos orgânicos (SCHALLMEY; SINGH; WARD, 2004; SU et al., 2020). Sua presença em diversos ecossistemas reflete tanto sua resiliência ambiental quanto sua capacidade de adaptação a diferentes hospedeiros e substratos orgânicos (SU et al., 2020; JAMIL et al., 2023).

De forma consistente, o perfil de suscetibilidade revelou que o isolado de *B. subtilis* apresentou resistência à oxacilina, rifampicina e cefoxitina, com sensibilidade preservada a aminoglicosídeos, fluoroquinolonas, carbapenêmicos e linezolida. Esse padrão é consistente com estudos que demonstram resistência intrínseca ou adquirida de espécies do gênero *Bacillus* a determinados β -lactâmicos, especialmente aqueles associados à ação de β -lactamases ou a alterações na permeabilidade da parede celular, enquanto mantêm sensibilidade a antimicrobianos de amplo espectro utilizados em infecções sistêmicas (LOGAN; VOS, 2015; AHN et al., 2025).

Do ponto de vista ecológico, *B. subtilis* é uma bactéria amplamente distribuída no ambiente. A presença de fenótipos de resistência em isolados de origem silvestre indica que pressões seletivas naturais, como competição microbiana e antibióticos no ambiente, podem desempenhar papel relevante na seleção desses perfis, reforçando o potencial do ambiente como reservatório de resistência antimicrobiana (ALLEN et al., 2010; BERIĆ et al., 2018).

No tocante ao isolado de *S. saprophyticus*, que também apresentou resistência ao antibiótico penicilina, corrobora os resultados de Gaeta et al. (2023), que relataram a resistência dessa espécie a β -lactâmicos em morcegos frugívoros da Região Metropolitana de São Paulo, sugerindo que a resistência observada em um morcego insetívoro neste trabalho pode refletir diferenças ambientais e seletivas entre populações. De outro modo, estudos anteriores têm identificado *S. saprophyticus* em diferentes espécies e habitats de morcegos, incluindo *Myotis myotis*, *Miniopterus schreibersii* e *Rhinolophus hipposideros*, geralmente como componente não patogênico da microbiota (FEDERICI et al., 2022; FOTI et al., 2022).

Com a ampliação dos testes de suscetibilidade, permitiu-se neste estudo detalhar o perfil do isolado de *S. saprophyticus* revelando presença de resistência à oxacilina e resposta intermediária à piperacilina/tazobactam, mantendo sensibilidade a glicopeptídeos, fluoroquinolonas, macrolídeos e linezolida. Em um estudo abrangente com 61 cepas de *S. saprophyticus*, isolados de humanos e animais, a resistência à oxacilina foi observada em 42,62% dos isolados, figurando entre os antimicrobianos com maiores taxas de resistência, além de antimicrobianos como linezolida, tigeciclina e trimetoprim/sulfametoxazol apresentarem, taxas muito baixas ou ausência de resistência, corroborando a sensibilidade observada no presente estudo (PROROK et al., 2025).

Portanto, o perfil de sensibilidade do isolado de *S. saprophyticus* observado coincide com os relatos em isolados provenientes de morcegos frugívoros, igualmente com resistência à oxacilina. Contudo, diferentemente, o presente isolado foi obtido de um morcego insetívoro, indicando que diferentes guildas tróficas podem abrigar bactérias com perfis de resistência semelhantes, reforçando o papel dos morcegos como reservatórios ambientais de micro-organismos com potencial resistência antimicrobiana, independentemente do hábito alimentar (UDDIN et al., 2025).

O isolado identificado como *Gordonia* spp. apresentou baixa sensibilidade a penicilina e sensibilidade a todos os antimicrobianos testados, incluindo carbapenêmicos, aminoglicosídeos, fluoroquinolonas, glicopeptídeos, macrolídeos e linezolida. No estudo de Moser et al. (2012) de suscetibilidade envolvendo isolados clínicos demonstraram elevada sensibilidade de *G. polyisoprenivorans* a antimicrobianos como amicacina, ceftriaxona, imipenem, ciprofloxacina, vancomicina e linezolida, corroborando o padrão observado no presente estudo. Em contrapartida uma pesquisa envolvendo vacas com mastite, indicam que *Gordonia* pode atuar como patógeno oportunista, apresentando perfis variáveis de resistência, especialmente a trimetoprim/sulfametoxazol, embora mantenha sensibilidade à maioria dos β -lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas (BZDIL et al., 2022).

A presença do gênero *Gordonia* em morcegos já foi documentada em estudos taxonômicos realizados no sul da China, nos quais cepas foram isoladas a partir de fezes e descritas como actinobactérias aeróbias ambientais associadas a hospedeiros silvestres (HUANG et al., 2022b). No entanto, até o presente momento, não há relatos na literatura da detecção de *Gordonia* em tecido pulmonar de morcegos. Dessa forma, o achado descrito neste estudo representa o primeiro registro desse gênero no pulmão de morcegos,

ampliando o conhecimento sobre a diversidade bacteriana associada ao trato respiratório desses mamíferos.

A diversidade microbiana observada nos morcegos é possivelmente modulada por uma série de fatores ecológicos, dentre os quais a dieta se destaca como um dos principais determinantes. Como é evidenciado, no estudo Corduneanu et al. (2023) mesmo com hábitos alimentares semelhantes, a estruturação (ou composição) das comunidades microbianas pode diferir entre espécies de morcegos. Essas variações tornam-se evidentes quando se comparam as espécies amostradas neste estudo, por exemplo *E. glaucinus* e *M. riparius* representam dietas insetívoros (REIS et al., 2017), com distintas estratégias ecológicas (ALURRALDE; DIAZ, 2021; NOVAES; SOUZA; MORATELLI, 2017). *E. glaucinus* é um Molossideo com registros apontando uma dieta dominada por lepidópteros (ALURRALDE; DIAZ, 2021). *M. riparius* é Vespertilionideo e se alimenta principalmente de artrópodes (NOVAES; SOUZA; MORATELLI, 2017). Ambas as espécies de morcegos apresentaram espécies distintas de bactérias, *B. subtilis* (*E. glaucinus*) e *S. saprophyticus* (*M. riparius*).

As espécies *A. lituratus* e *C. perspicillata* são frugívoros, ambos da família Phyllostomidae, sendo esta última mais generalista (REIS et al., 2017). *A. lituratus* tem preferência por frutas das famílias *Cecropiaceae* e *Moraceae* (PEREIRA et al., 2019), já *C. perspicillata* por frutos do gênero *Piper*, e pode complementar sua dieta com néctar ou pólen (DE OLIVEIRA MOURA; DA SILVA; GUEDES, 2024). Ambas as espécies apresentaram as bactérias, *B. subtilis* (*A. lituratus*) e *Acinetobacter* spp. (*C. perspicillata*).

Os resultados desta pesquisa revelam maior riqueza da bacterias em morcegos com hábitos alimentares frugívoros (*A. lituratus*, *C. perspicillata*, *R. pumilio*, *S. lilium*), seguidos dos insetívoros (*E. glaucinus*, *M. molossus*, *M. riparius*) e nectarívoros (*G. soricina*) diferindo de Carrillo-Araujo et al. (2015) e Mena et al. (2024).

É importante observar que espécies diferentes de morcegos (*A. lituratus* e *C. perspicillata*) que compartilhavam de ambientes antropizados apresentaram micro-organismos compartilhados como *Acinetobacter* spp. em ambas as espécies, portanto, micro-organismos semelhantes entre espécies distintas. Por outro lado, espécies diferentes (*E. glaucinus* e *M. riparius*) em habitats diferentes, mas ambas insetívoras apresentaram micoorganismos diferentes (*B. subtilis* e *S. saprophyticus* respectivamente). Essas variações indicam que a diversidade microbiana pode diferir de acordo com as espécies, condições ecológicas e amplitude da dieta.

6 CONCLUSÃO

Foram registradas 21 espécies de morcegos, com predominância de *Carollia perspicillata*, evidenciando a representatividade da família Phyllostomidae nas áreas de estudo. A análise microbiológica revelou a presença de bactérias no tecido pulmonar de 11 dessas 21 espécies de morcegos, a saber: *R. pumilio*, *M. molossus*, *C. perspicillata*, *A. cinereus*, *P. hastatus*, *G. soricina*, *S. liliu*, *A. planirostris*, *E. glaucinus*, *A. lituratus*, *M. riparius* com identificação para quatro espécies de bactérias: *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus saprophyticus*, *Acinetobacter* spp. e *Gordonia* spp.

Staphylococcus saprophyticus e *Acinetobacter* spp. são evidenciadas como as bactérias de maior relevância médica e veterinária em relação a *Bacillus subtilis* e *Gordonia* spp;

O registro de *Gordonia* spp. no pulmão de morcegos constitui o primeiro relato desse gênero nesse nicho anatômico, ampliando o conhecimento sobre a diversidade microbiana associada ao sistema respiratório desses mamíferos silvestres.

O estudo apresenta dados inéditos sobre a diversidade bacteriana pulmonar de morcegos do Cerrado com bactérias que apresentam perfis distintos de suscetibilidade antimicrobiana, com *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus saprophyticus*, *Acinetobacter* spp. resistentes à penicilina e a outros antimicrobianos e *Acinetobacter* spp. com resposta intermediária à polimixina B, sugerindo a ocorrência de mecanismos adaptativos mesmo em ambientes não clínicos.

Esses resultados indicam que morcegos podem atuar como reservatórios de bactérias ambientais e oportunistas portadoras de fenótipos de resistência antimicrobiana, refletindo a influência das condições ecológicas locais e da pressão antrópica.

7 REFERÊNCIAS

ACOSTA, A. L.; XAVIER, F.; CHAVES, L. S. M.; SABINO, E. C.; SARAIVA, A. M.; SALLUM, M. A. M. Interfaces à transmissão e spillover do coronavírus entre florestas e cidades. **Estudos Avançados**, v. 34, p. 191-208, 2020.

AHN, K.; CHOI, H.; LEE, T.; UH, Y. Isolation frequency and antimicrobial susceptibilities of *Bacillus* species in a tertiary care hospital in Korea in the past four years (2020–2024): a retrospective surveillance study. **Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials**, v. 28, p. 7, 2025.

ALIZADEH, M.; YOUSEFI, L.; PAKDEL, F.; GHOTASLOU, R.; REZAEI, M. A.; KHODADADI, E.; OSKOU, M. A.; SOROUSH BARHAGHI, M. H.; KAFIL, H. S. MALDI-TOF mass spectroscopy applications in clinical microbiology. **Advances in Pharmacological and Pharmaceutical Sciences**, v. 2021, p. 9928238, 2021.

ALURRALDE, S. G.; DIAZ, M. Diet of arthropodophagous bats (Mammalia, chiroptera) from northwestern argentina. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 93, p. e20190549, 2021.

ALBUQUERQUE, A. B. **Riacho do Ponte e Área de Proteção Ambiental do Inhamum, Caxias/MA**. In: Barros M.C., Biodiversidade da área de Proteção Ambiental Municipal Inhamum. ed. UEMA. São Luís: pp. 13-20, 2012.

ALDEA, A. C.; DIGUȚĂ, F. C.; PRESACAN, O.; VOAIDEȘ, C.; TOMA, R. C.; MATEI, F. Detecting antibiotic resistance: classical, molecular, advanced bioengineering, and AI-enhanced approaches. **Frontiers in Microbiology**, v. 16, 2025.

ALLEN, H.; DONATO, J.; WANG, H.; CLOUD-HANSEN, K. A.; DAVIES, J.; HANDELSMAN, J. Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments. **Nature Reviews Microbiology**, v. 8, p. 251–259, 2010.

ANDALIBI, F.; FATAHI-BAFGHI, M. *Gordonia*: isolation and identification in clinical samples and role in biotechnology. **Folia microbiologica**, v. 62, p. 245-252, 2017.

ASHRAF, A.; ZAHRA, N.; SADIQQUI, F.; ZEESHAN, B.; SARWAR, A.; ULLAH, N.; AZIZ, T.; ALHARBI, M.; ALSHAMMARI, A.; ALASMARI, A. F. Effect of methylene blue, eosin methylene blue agar, and combinational antibiotic on carbapenem resistance of *Acinetobacter baumannii* via in vitro and in silico approach. **Applied Ecology & Environmental Research**, v. 22, 2024.

BALLADOS-GONZÁLEZ, G. G., SÁNCHEZ-MONTES, S., ROMERO-SALAS, D., COLUNGA SALAS, P., GUTIÉRREZ-MOLINA, R., LEÓN-PANIAGUA, L., BECKER, I., MÉNDEZ-OJEDA, M. L., BARRIENTOS-SALCEDO, C., SERNALAGUNES, R., CRUZ-ROMERO, A. Detection of pathogenic *Leptospira* species associated with phyllostomid bats (Mammalia: Chiroptera) from Veracruz, Mexico. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 65, p. 773–781, 2018.

BALATO, A.; CACCIAPUOTI, S.; DI CAPRIO, R.; MARASCA, C.; MASARÀ, A.; RAIMONDO, A.; FABBROCINI, G. Human Microbiome: Composition and Role in Inflammatory Skin Diseases. **Archivum immunologiae et therapiae experimentalis**, v. 67, p. 1-18, 2019.

BARTHEL, A.; URSENBACH, A.; KAEUFFER, C.; KOEBEL, C.; GRAVET, A.; DE BRIEL, D.; DUBOIS, J.; HAERREL, E.; ROUGIER, E.; GERBER, V. Characteristics and Treatment of *Gordonia* spp. Bacteremia, France. **Emerging Infectious Diseases**, v. 29, p. 1025-1028, 2023.

BANSKAR, S.; BHUTE, S.; SURYAVANSHI, M.; PUNEKAR, S.; SHOUCHE, Y. Microbiome analysis reveals the abundance of bacterial pathogens in *Rousettus leschenaultii* guano. **Scientific Reports**, v. 6, p. 36948, 2016.

BASSIS, C. M.; ERB-DOWNWARD, J. R.; DICKSON, R. P.; FREEMAN, C. M.; SCHMIDT, T. M.; YOUNG, V. B.; BECK, J. M.; CURTIS, J. L.; HUFFNAGLE, G. B. Analysis of the upper respiratory tract microbiotas as the source of the lung and gastric microbiotas in healthy individuals. **MBio**, v. 6, n. 2, p. 10.1128/mbio. 00037-15, 2015.

BAZZI, A. M.; AL-TAWFIQ, J. A.; RABAAN, A. A. Misinterpretation of Gram Stain from the stationary growth phase of positive blood cultures for *Brucella* and *Acinetobacter* species. **The Open Microbiology Journal**, v. 11, p. 126, 2017.

BAZZONI, E.; CACCIOTTO, C.; ZOBBA, R.; PITTAU, M.; MARTELLA, V.; ALBERTI, A. Bat Ecology and Microbiome of the Gut: **A Narrative Review of Associated Potentials in Emerging and Zoonotic Diseases**. **Animals**, v. 14, p. 3043, 2024.

BECK, J. M.; YOUNG, V. B.; HUFFNAGLE, G. B. The microbiome of the lung. **Translational Research**, v. 160, p. 258-266, 2012.

BECK, J. M. ABCs of the lung microbiome. **Annals of the American Thoracic Society**, v. 11, p. S3-S6, 2014.

BELKAID, Y.; HAND, T. W. Role of the microbiota in immunity and inflammation. **Cell**, v. 157, p. 121–141, 2014.

BERG, G.; RYBAKOVA, D.; FISCHER, D.; CERNAVA, T.; CHAMPOMIER VERGÈS, M.-C.; CHARLES, T.; CHEN, X.; COCOLIN, L.; EVERSOLE, K.; HERRERO CORRAL, G.; KAZOU, M.; KINKEL, L.; LANGE, L.; LIMA, N.; LOY, A.; MACKLIN, J. A.; MAGUIN, E.; MAUCLINE, T.; McCLURE, R.; MITTER, B.; RYAN, M.; SARAND, I.; SMIDT, H.; SCHELKLE, B.; ROUME, H.; SEGHAL KIRAN, G.; SELVIN, J.; SOARES CORREA DE SOUZA, R.; VAN OVERBEEK, L.; SINGH, B. K.; WAGNER, M.; WALSH, A.; SESSITSCH, A.; SCHLOTER, M. Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. **Microbiome**, v. 8, p. 103, 2020.

BERIĆ, T.; BIOČANIN, M.; STANKOVIĆ, S.; DIMKIĆ, I.; JANAKIEV, T.; FIRA, Đ.; LOZO, J. Identification and antibiotic resistance of *Bacillus* spp. isolates from natural samples. **Archives of Biological Sciences**, v. 70, p. 581-588, 2018.

BLASCHKE, A. J.; BENDER, J.; BYINGTON, C. L.; KORGENSKI, K.; DALY, J.; PETTI, C. A.; PAVIA, A. T.; AMPOFO, K. *Gordonia* species: emerging pathogens in pediatric patients that are identified by 16S ribosomal RNA gene sequencing. **Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America**, v. 45, p. 483–486 2007.

BOSCH, T. C. G.; MCFALL-NGAI, M. J. Metaorganisms as the new frontier. **Zoology**, v. 114, n. 4, p. 185–190, set. 2011.

BOULESNAM, S.; HAMAIDI-CHERGUI, F.; BENAMARA, M.; AZROU, S. Phenotypical comparison between environmental and clinical *Acinetobacter baumannii* strains isolated from an Intensive Care Unit. **Malaysian Journal of Medical Sciences**, v. 30, p. 85–93, 2023.

BOUMA, H. R.; CAREY, H. V.; KROESE, F. G. M. Hibernation: the immune system at rest? **Journal of Leukocyte Biology**, v. 88, p. 619–624, 2010.

BRASIL. Secretaria estadual de saúde. Centro Estadual de Vigilância em Saúde. Guia de Manejo e Controle de Morcegos: técnicas de Identificação Capturas e Coletas. Porto Alegre, CEVS/ RS, 2018a.

BRASIL. Ministério da Ciência, Tecnologia, Inovações e Comunicações. Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA). Resolução Normativa nº 37, de 15 de fevereiro de 2018. Estabelece as Diretrizes da Prática de Eutanásia do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal – CONCEA. Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF, 19 fev. 2018b.

BREDT, A.; UIEDA, W. Bats from urban and rural environments of the Distrito Federal, mid-western Brazil. **Chiroptera Neotropical**, v. 2, p. 54-57, 1996.

BRITO, J. E. C.; MELLO, B. G. V.; GAETA, N. C.; BATISTA, J. M. N.; BRITO, T. R.; AGOSTINHO, W. C.; BRANDÃO, P. E.; HEINEMANN, M. B.; DIAS, R. A. Bats (Mammalia: Chiroptera) in urban–rural interfaces: community structure associated with pathogen screening in São Paulo—the largest metropolitan region in Brazil. **Veterinary Research Communications**, v. 47, p. 1575-1600, 2023.

BROOK, C. E.; DOBSON, A. P. Bats as ‘special’ reservoirs for emerging zoonotic pathogens. **Trends in Microbiology**, v. 23, n. 3, p. 172–180, 2015.

BZDIL, J.; SLOSARKOVA, S.; FLEISCHER, P.; MATIASOVIC, J. *Gordonia* species as a rare pathogen isolated from milk of dairy cows with mastitis. **Scientific Reports**, v. 12, p. 6028, 2022.

CABAL, A.; PEREIRA, M. J.; AGUIAR, L. M. S.; DOMÍNGUEZ, L.; FONSECA, C.; ÁLVAREZ, J.; DREXLER, J. F.; GORTÁZAR, C. Direct Detection of *Escherichia coli* Virulence Genes by Real-Time PCR in Fecal Samples from Bats in Brazil. **Journal of Wildlife Diseases**, v.51, p. 942–945, 2015.

CALISHER, C. H.; CHILDS J. E.; FIELD H. E.; HOLMES K.V. SCHOUNTZ, T. Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 19, p. 531-545, 2006.

CAMPOS, B. A. T. P.; OLÍMPIO, A. P. M.; ANDRADE, F. A. G.; CASTRO, F. F. C. A **Quiroptero fauna de Ocorrência nos Biomas Cerrado e Amazônia Maranhense: Importância e Conservação**. In: BARROS, M. C.; OLÍMPIO, A. P. M.; LIMA, A. C. da S. (Orgs.). Morcegos dos biomas Cerrado e Amazônia Maranhense: conhecer para conservar. Ponta Grossa, PR: Atena Editora. p. 41–50, 2021.

CARRILLO-ARAUJO, M.; TAŞ, N.; ALCÁNTARA-HERNÁNDEZ, R. J.; GAONA, O.; SCHONDUBE, J. E.; MEDELLÍN, R. A.; JANSSEN, J. K.; Falcón, L. L. Phyllostomid bat microbiome composition is associated to host phylogeny and feeding strategies. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 447, 2015.

CASTELO-BRANCO, D. S. C. M.; NOBRE, J. A.; SOUZA, P. R. H.; DIÓGENES, E. M.; GUEDES, G. M. M.; MESQUITA, F. P.; SOUZA, P. F. N.; ROCHA, M. F. G.; SIDRIM, J. J. C.; CORDEIRO, R. A.; MONTENEGRO, R. C. Role of Brazilian bats in

the epidemiological cycle of potentially zoonotic pathogens. **Microbial Pathogenesis**, v. 177, p. 106032, 2023.

CAULIER, S., NANNAN, C., GILLIS, A., LICCIARDI, F., BRAGARD, C., & MAHILLON, J. Overview of the antimicrobial compounds produced by members of the *Bacillus subtilis* group. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, p. 302, 2019.

CAXIAS. **Lei nº 1.464/2001 de 04 de Julho de 2001**. Dispõe sobre a Criação da Área de Proteção Ambiental (APA) Municipal do Inhamum e dá outras providencias. Prefeitura Municipal de Caxias, Estado do Maranhão, 2001.

CHOTIRMALL, S. H.; GELLATLY, S. L.; BUDDEN, K. F.; MAC AOGAIN, M.; SHUKLA, S. D.; WOOD, D. L.; HUGENHOLTZ, P.; PETHE, K.; HANSBRO, M. Microbiomes in respiratory health and disease: An Asia-Pacific perspective. **Respirology**, v. 22, p. 240-250, 2017.

CLÁUDIO, V. C.; GONZALEZ, I.; BARBOSA, G.; ROCHA, V.; MORATELLI, R.; RASSY, F. Bacteria richness and antibiotic-resistance in bats from a protected area in the Atlantic Forest of Southeastern Brazil. **PLoS ONE**, v. 13, p. e0203411, 2018.

CHURCH, D. L.; CERUTTI, L.; GÜRTLER, A.; GRIENER, T.; ZELAZNY, A.; EMLER, S. Performance and application of 16S rRNA gene cycle sequencing for routine identification of bacteria in the clinical microbiology laboratory. **Clinical microbiology reviews**, v. 33, p. 10.1128, 2020.

CLSI. **Clinical and Laboratory Standards Institute**. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. 33rd ed. Wayne, PA: CLSI; 2024.

CORDUNEANU, A., MIHALCA, A. D., SÁNDOR, A. D., MALMBERG, M., VISO, N. P., BONGCÂM-RUDLOFF, E. The heart microbiome of insectivorous bats from Central and South Eastern Europe. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 75, p. 101605, 2021.

CORDUNEANU, A.; WU-CHUANG, A.; MAITRE, A.; OBREGON, D.; SÁNDOR, A. D.; CABEZAS-CRUZ, A. Structural differences in the gut microbiome of bats using terrestrial vs. aquatic feeding resources. **BMC microbiology**, v. 23, p. 93, 2023.

COSTA, A. N.; COSTA, F. M.; CAMPOS, S. V.; SALLES, R. K.; ATHANAZIO, R. A. The pulmonary microbiome: challenges of a new paradigm. **Jornal Brasileiro de Pneumologia**, v. 44, p. 424-432, 2018.

DEBABZA, M.; DZIRI, R.; MECHAI, A.; BOUGUESSA, A.; KLIBI, N.; OUZARI, H. I. Characterization of carbapenemase-producing Gram-negative bacilli: first report of blaNDM-1 in *Enterobacter cloacae*. **Journal of Infection in Developing Countries**, v. 17, p.1300-1309, 2023.

D'AURIA, S. R. N.; CAMARGO, M. C. G. O.; PACHECO, R. C.; SAVANI, E. S. M. M.; DIAS, M. A. G.; ROSA, A. R.; ALMEIDA, M. F.; LABRUNA, M. B. Serologic Survey for Rickettsiosis in Bats from São Paulo City, Brazil. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 10, p. 459-463, 2010.

DAVIES, J.; DAVIES, D. Origins and evolution of antibiotic resistance. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 74, p. 417-433, 2010.

DELGADO-JARAMILLO, M.; AGUIAR, L. M. S.; MACHADO, R. B.; BERNARD, E. Assessing the distribution of a species-rich group in a continental-sized megadiverse country: Bats in Brazil. **Diversity and Distributions**, v. 26, p. 632-643, 2020.

DESTOUMIEUX-GARZÓN, Delphine et al. The One Health Concept: 10 years old and a long road ahead. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 5, 2018.

DEVNATH, P.; KARAH, N.; GRAHAM, J.P.; ROSE, E.S.; ASADUZZAMAN, M. Evidence of Antimicrobial Resistance in Bats and Its Planetary Health Impact for Surveillance of Zoonotic Spillover Events: A Scoping Review. **International journal of environmental research and public health**, v. 20, p. 243, 2022.

DICKSON, R.P.; ERB-DOWNWARD, J. R.; HUFFNAGLE, G. B. The role of the bacterial microbiome in lung disease. **Expert Review of Respiratory Medicine**, v.7, p. 245-257, 2013.

DICKSON, R. P.; ERB-DOWNWARD, J. R.; HUFFNAGLE, G. B. Towards an ecology of the lung: New conceptual models of pulmonary microbiology and pneumonia pathogenesis. **The lancet Respiratory medicine**, v. 2, p. 238-246, 2014.

DICKSON, R. P.; HUFFNAGLE, G. B. The lung microbiome: new principles for respiratory bacteriology in health and disease. **PLoS pathogens**, v. 11, p. e1004923, 2015.

DICKSON, R. P.; ERB-DOWNWARD, J. R.; HUFFNAGLE, G. B. Homeostasis and its disruption in the lung microbiome. **American Journal of Physiology-Lung Cellular and Molecular Physiology**, v. 309, p. L1047-L1055, 2015.

DICKSON, R. P.; ERB-DOWNWARD, J. R.; FREEMAN, C. M. M.; MCCLOSKEY, L. FALKOWSKI, N.; R.; HUFFNAGLE, G.; B.; CURTIS, J. L. Bacterial topography of the healthy human lower respiratory tract. **mBio** v. 8, e02287-16, 2017

DIEKEMA, D.J.; HSUEH, P.R.; MENDES, R.E.; PFALLER, M.A.; ROLSTON, K.V.; SADER, H.S.; JONES, R.N. The microbiology of bloodstream infection: 20-year trends from the SENTRY antimicrobial surveillance program. **Antimicrobial Agents and Chemotherapy**, 63, p. 1110–1128, 2019.

DIMKIĆ, I.; STANKOVIĆ, S.; KABIĆ, J.; STUPAR, M.; NENADIĆ, M, LJALJEVIĆ-G. M.; ŽIKIĆ, V.; VUJISIĆ, L.; TEŠEVIĆ, V.; VESOVIĆ, N.; PANTELIĆ, D.; SAVIĆ-ŠEVIĆ, S.; VUKOJEVIĆ, J.; ĆURČIĆ, S. Bat guano-dwelling microbes and antimicrobial properties of the pygidial gland secretion of a trogliphilic ground beetle against them. **Applied Microbiology and Biotechnology**. v.104, p. 4109–4126, 2020.

DIMKIĆ, I.; FIRA, D.; JANAKIEV, T.; KABIC, J.; STUPAR, M.; NENADIC, M.; UNKOVIC, N.; GRBIC, M. L. The microbiome of bat guano: For what is this knowledge important? **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 105, p. 1407–1419, 2021.

DIPTYANUSA, A.; HERINI, E. S.; INDARJULIANTO, S.; SATOTO, T. B. T. The detection of Japanese encephalitis virus in Megachiropteran bats in West Kalimantan, Indonesia: A potential enzootic transmission pattern in the absence of pig holdings. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 14, p. 280-286, 2021.

DOLEJSKA, M.; PAPAGIANNITSIS, C. C. Plasmid-mediated resistance in wildlife. **Current Opinion in Microbiology**, v. 45, p. 1–8, 2018.

FACIOLI, F. L.; PEDROTTI, L. F.; ATAIDE, M. W.; SILVA, A. N.; ZANELLA, G. C.; CANTÃO, M. E.; LOSS, C. C.; ZANELLA, R. Microbiota do trato respiratório inferior de Macacos-Prego (*Sapajus* spp.) cativos através de sequenciamento metagenômico. **Science and Animal Health**, v. 8, p. 02-20, 2020.

FEDERICI, L.; MASULLI, M.; LAURENZI, V.; ALLOCATI, N. An overview of bats microbiota and its implication in transmissible diseases. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, p. 1012189, 2022.

FENTON, M.; SIMMONS, N. **Bats: a world of science and mystery**. Chicago: University of Chicago Press, 303 p., 2014.

FERREIRA, C. M. M.; FISCHER, E.; PULCHÉRIO-LEITE, A. Fauna de morcegos em remanescentes urbanos de Cerrado em Campo Grande, Mato Grosso do Sul. **Biota Neotropica**, v. 10, p. 155-160, 2010.

FIALHO, F. S. F. **Análise Morfométrica, Morfológica e Citogenética de Morcegos do Gênero *Artibeus* Leach, 1821 (Chiroptera, Phyllostomidae)**. Dissertação (Mestrado). Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal. Brasília, 2009.

FIGUEIROA, T.; GALVÃO BUENO, M.; BENTO MOURA, P. E.; de OLIVEIRA, M. B.; PASSOS CORDEIRO, J. L.; SANTOS-CAVALCANTE, N.; CAMACHO ANTEVERE MAZZAROTTO, G. A.; WALLAU, G. L.; CORRÊA da SILVA JUNIOR, L.; RESENDE, P. C.; SIQUEIRA, M. M. M.; OGRZEWSKA, M. *Alpha and Betacoronavirus* Detection in Neotropical Bats from Northeast Brazil Suggests Wide Geographical Distribution and Persistence in Natural Populations. **Animals**, v. 15, p. 332, 2025.

FLORIANO. **PLANO MUNICIPAL DE GESTÃO INTEGRADA DE RESÍDUOS SÓLIDOS**, 2021.

FOSTER, T. Chapter 12: staphylococcus. **Medical Microbiology**. 4th edition. Galveston (TX): University of Texas Medical Branch at Galveston, Galveston, Texas, p. 199-205, 1996.

FOTI, M.; SPENA, M.T.; FISICHELLA, V.; MASCETTI, A.; COLNAGHI, M.; GRASSO, M.; PIRAINO, C.; SCIURBA, F.; GRASSO, R. Cultivable Bacteria Associated with the Microbiota of Troglophile Bats. **Animals**, v. 12, p. 2684, 2022.

GAETA, N. C.; BRITO, J. E. C.; BATISTA, J. M. N.; MELLO, B. G. V.; DIAS, R. A.; HEINEMANN, M. B. Bats are carriers of antimicrobial-resistant Staphylococcaceae in their skin. **Antibiotics**, v. 12, p. 331, 2023.

GARCÍA-SOLACHE, M.; RICE, L. B. The Enterococcus: a Model of Adaptability to Its Environment. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 32, 2019.

GARDNER, A. Family Phyllostomidae Gray, 1825. in *Mammals of South America: Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats*, Vol. 1. Chicago: University of Chicago Press. Pp. 207-208, 2008.

GARBINO, G. S. T.; CLÁUDIO, V. C.; GREGORIN, R.; LIMA, I. P.; LOUREIRO, L. O.; MORAS, L. M.; MORATELLI, R.; NASCIMENTO, M. C.; NOGUEIRA, M. R.; NOVAES, R. L. M.; PAVAN, A. C.; TAVARES, V. C.; PERACCHI, A. L. Updated checklist of bats (Mammalia: Chiroptera) from Brazil. **Zoologia**, v. 41, p. e23073, 2024.

GENSOLLEN, T.; IYER, S. S.; KASPER, D. L.; BLUMBERG, R. S. How colonization by microbiota in early life shapes the immune system. **Science**, v. 352, p. 539-544, 2016.

GERBÁČOVÁ, K.; MALINIČOVÁ, L.; KISKOVÁ, J.; MASLIŠOVÁ, V.; UHRIN, M.; PRISTAŠ, P. The faecal microbiome of building-dwelling insectivorous bats (*Myotis myotis* and *Rhinolophus hipposideros*) also contains antibiotic-resistant bacterial representatives. **Current Microbiology**, v. 77, p. 2333-2344, 2020.

GOÊS, L.; RUVALCABA, S.; CAMPOS, A.; QUEIROZ, L. H.; CARVALHO, C., JEREZ, J.; DURIGON, E.; DÁVALOS, L.; DOMINGUEZ, S. Novel bat coronaviruses, Brazil and Mexico. **Emerging infectious diseases**, v. 19, p. 1711-1713. 2013.

GOMES, D. B. C.; GENTELUCI, G. L.; CARVALHO, K. R.; MEDEIROS, L. M.; ALMEIDA, V. C.; DE CASTRO, E. D. A. R.; BOAS, M. H. S. V. *Acinetobacter baumannii* multirresistentes: emergência de resistência à polimixina no Rio de Janeiro. **Vigilância Sanitária em Debate: Sociedade, Ciência & Tecnologia**, v. 4, p. 28-34, 2016.

GONÇALVES, E.; GREGORIN, R. Quirópteros da Estação Ecológica da Serra das Araras, Mato Grosso, Brasil, com o primeiro registro de *Artibeus gnomus* e *A. anderseni* para o Cerrado. **Lundiana**, p. 143 149, 2004.

GORBUNOVA, V.; SELUANOV A.; KENNEDY, B. K. The World Goes Bats: Living Longer and Tolerating Viruses. **Cell Metabolism**, v. 32, p. 31–43, 2020.

GOTELLI, N. J.; COLWELL, R. K. **Estimating species richness**. In 'Biological Diversity: Frontiers in Measurement and Assessment'. (Eds AE Magurran and BJ McGill.) pp. 39–54. 2011.

GREGORIN, R.; TADDEI, V. A. Chave artificial para a identificação de molossídeos brasileiros (Mammalia, Chiroptera). **Mastozoologia Neotropical**, v. 9, p. 13-32, 2002.

GUARNER, F.; MALAGELADA, J. R. Gut flora in health and disease. **The lancet**, v. 361, p. 512-519, 2003.

GUO, M.; XIE, S.; WANG, J.; ZHANG, Y.; HE, X.; LUO, P.; DENG, J.; ZHOU, C.; QIN, J.; HUANG, C.; ZHANG, L. The difference in the composition of gut microbiota is greater among bats of different phylogenies than among those with different dietary habits. **Frontiers in Microbiology**, v. 28, 14:1207482, 2023.

GWINN, D. C.; ALLEN, M. S.; BONVECHIO, K. I.; V. HOYER, M.; BEESLEY, L. S. Evaluating estimators of species richness: the importance of considering statistical error rates. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 7, p. 294-302, 2016.

HAN, H.; WEN, H.; ZHOU, C.-M.; CHEN, F.-F.; LUO, L.-M.; LIU, J.-W.; YU, X.-J. Bats as reservoirs of severe emerging infectious diseases. **Virus Research**, v. 205, p. 1-6. 2015.

HAYMAN, D.; BOWEN, R.; CRYAN, P.; MCCracken, G.; O'SHEA, T.; PEEL, A.; GILBERT, A.; WEBB, C.; WOOD, J. Ecology of Zoonotic Infectious Diseases in Bats: current knowledge and future directions. **Zoonoses And Public Health**, v. 60, p. 2-21. 2013.

HAQUE, M. A.; HU, H.; LIU, J.; ISLAM, M. A.; HOSSEN, F.; RAHMAN, M. A.; AHMED, F.; HE, C. Emergence of multidrug-resistant *Bacillus* spp. derived from animal feed, food and human diarrhea in South-Eastern Bangladesh. **BMC Microbiology**, v. 24, p. 61, 2024.

HEARD, D. J.; DE YOUNG, J. L.; GOODYEAR, B.; ELLIS, G. A. Comparative rectal bacterial flora of four species of flying fox (*Pteropus* sp.). **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 28, p. 471-475, 1997.

HILTY, M.; BURKE, C.; PEDRO, H.; CARDENAS, P. BUSH, A.; BOSSLEY, C.; JANE, D.; ERVINE, A.; LEN, P.; PACHTER, L.; MOFFATT, M. F.; COOKSON, W. O. C. Disordered microbial communities in asthmatic airways. **PLoS One**, v. 5, e8578, 2010.

HUANG, Y.; SUN, Y.; HUANG, Q.; LV, X.; PU, J.; ZHU, W.; LU, S.; JIN, D.; LIU, L.; SHI, Z.; YANG, J.; XU, J.; The threat of potentially pathogenic bacteria in the feces of bats. **Microbiology Spectrum**, v. 10, p. e01802-22, 2022a.

HUANG, Y.; GONG, J.; DONG, L.; YANG, J.; LU, S.; LAI, X. H.; PU, J.; JIN, D.; XU, J. *Gordonia zhenghanii* sp. nov. and *Gordonia liuliyuniae* sp. nov., isolated from bat faeces. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 72, p. 005579, 2022b.

HOU, K.; WU, Z.-X.; CHEN, X.-Y.; WANG, J.-Q.; ZHANG, D.; XIAO, C.; ZHU, D.; KOYA, J. B.; WEI, L.; LI, J.; CHEN, Z.-S. Microbiota in health and diseases. **Signal Transduction and Targeted Therapy**, v. 7, p. 135, 2022.

- HUFFNAGLE, G. B.; DICKSON, R. P.; LUKACS, N. W. The respiratory tract microbiome and lung inflammation: a two-way street. **Mucosal Immunology**, v. 10, n. 2, p. 299-306, 2017.
- JAMIL, S. U. U.; ULLAH, S.; ZADA, S.; RAFIQ, M.; SHAH, A. A.; HASAN, F. Isolation of Antimicrobial Active Compounds Producing *Bacillus subtilis* Strain from Bat Guano of Kashmir Cave, Pakistan. **Geomicrobiology Journal**, v. 40, p. 337-346, 2023.
- JOHNSON, J. S.; SPAKOWICZ, D. J.; HONG, B. Y.; PETERSEN, L. M.; DEMKOWICZ, P.; CHEN, L.; LEOPOLD, S. R.; HANSON, B. M.; AGRESTA, H. O.; GERSTEIN, M.; SODERGREN, E.; WEINSTOCK, G. M. Evaluation of 16s rRNA gene sequencing for species and strain-level microbiome analysis. **Nature Communications**, v. 10, p. 5029, 2019.
- KARKMAN, A.; LEHTIMÄKI, J.; RUOKOLAINEN, L. The ecology of human microbiota: dynamics and diversity in health and disease. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1399, p. 78–92, 2017.
- KENNEDY, M. S.; CHANG, E. B. The microbiome: Composition and locations. **Progress in Molecular Biology and Translational Science**, v. 176, p. 1–42, 2020.
- KLITE, P. D. Intestinal bacterial flora and transit time of three neotropical bat species. **Journal of Bacteriology**; v.90, p. 375-379, 1965.
- KOCH, A. L. Gram-Positive Rod-Shaped Organisms: *Bacillus subtilis*. In: **Bacterial Growth and Form**. Springer, Boston, MA, p. 219-249, 1995.
- KOHANSKI, M. A.; DWYER, D. J.; COLLINS, J. J. How antibiotics kill bacteria: from targets to networks. **Nature Reviews Microbiology**. v. 8, p. 423-35, 2010.
- KONEMAN, E. W., **Diagnóstico Microbiológico** – Texto e Atlas Colorido, 6.ed., Cleveland: Guanabara Koogan, 2018.
- LAL, A.; CHEEPHAM, N. Eosin-methylene blue agar plates protocol. **American Society for Microbiology**, 2007.
- LEBOFFE, M. J.; PIERCE, B. E. **A Photographic Atlas for the Microbiology Laboratory**, 4th ed., Morton Publishing Company, 2011.
- LEAL, E. S. B.; FILHO, D. DE Q. G.; RAMALHO, D. DE F.; SILVA, J. M.; BANDEIRA, R. S.; SILVA, L. A. M.; OLIVEIRA, M. A. B. Fauna de Morcegos (Chiroptera) em ambiente urbano na Floresta Atlântica, Nordeste do Brasil. **Neotropical Biology and Conservation**, v. 14, p. 55-82, 2019.
- LEE, H. B.; JEONG, D. H.; CHO, B. C.; PARK, J. S. Comparative analyses of eight primer sets commonly used to target the bacterial 16S rRNA gene for marine metabarcoding-based studies. **Frontiers in Marine Science**, v. 10, p. 1199116, 2023.

- LEI B.; R.; OLIVAL, K.; J. Contrasting patterns in mammal–bacteria coevolution: *Bartonella* and *Leptospira* in bats and rodents. **PLOS Neglected Tropical Diseases**. v. 8, e2738, 2014.
- LEMON, K. P.; ARMITAGE, G. C.; RELMAN, D. A.; FISCHBACH, M. A. Microbiota-targeted therapies: an ecological perspective. **Science Translational Medicine**, v. 4, p. 137rv5-137rv5, 2012.
- LI, J.; LAI, S.; GAO, G. F.; SHI, W. The emergence, genomic diversity and global spread of SARS-CoV-2. **Nature**, v. 600, p. 408-418, 2021.
- LI, R.; LI, J.; ZHOU, X. Lung microbiome: new insights into the pathogenesis of respiratory diseases. **Signal Transduction and Targeted Therapy**, v.9, p.19, 2024.
- LI, X.; MOWLABOCCUS, S.; JACKSON, B.; CAI, C.; COOMBS, G. W. Antimicrobial resistance among clinically significant bacteria in wildlife: an overlooked One Health concern. **Veterinary Microbiology**, v. 292, 2024.
- LIU, Z. Y.; YU, X. Z.; Engineering *Bacillus subtilis* for high-value bioproduction: recent advances and applications. **Microbial Cell Factories**, v. 24, p. 182, 2025.
- LOGAN, N. A.; VOS, P. D. **Bacillus**. In Bergey's manual of systematics of archaea and bacteria, ed. W. B. Whitman, 1–163. Hoboken, New Jersey: Wiley, 2015.
- LUO, Y.; HELMANN, J. D. Analysis of the role of *Bacillus subtilis* $\sigma(M)$ in β -lactam resistance reveals an essential role for c-di-AMP in peptidoglycan homeostasis. **Molecular Microbiology**, v. 83, p. 623-639, 2012.
- LUO, J.; GREIF, S.; YE, H.; BUMRUNGSRI, S.; EITAN, O.; YOVEL, Y. Flight rapidly modulates body temperature in freely behaving bats. **Animal Biotelemetry**, v. 9, p. 1–10, 2021.
- LUPO, A.; HAENNI, M.; MADEC, J. Antimicrobial resistance in *Acinetobacter* spp. and *Pseudomonas* spp. **Microbiology Spectrum**, v. 6, p. 10.1128/microbiolspec. arba-0007-2017, 2018.
- MAGURRAN, A. E. **Measuring Biological Diversity**. Victoria: Blackwell Publishing Company, p. 215, 2004.
- MARRA, M. A.; JONES, S. J. M.; ASTELL, C. R.; HOLT, R. A.; BROOKS-WILSON, A.; BUTTERFIELD, Y. S. N.; KHATTRA, J.; ASANO, J. K.; BARBER, S. A.; CHAN, S. Y.; CLOUTIER, A.; COUGHLIN, S. M.; FREEMAN, D.; GIRN, N.; GRIFFITH, O. L.; LEACH, S. R.; MAYO, M.; MCDONALD, H.; MONTGOMERY, S. B.; PANDOH, P. K.; PETRESCU, A. S.; ROBERTSON, A. G.; SCHEIN, J. E.; SIDDIQUI, A.; SMAILUS, D. E.; STOTT, J. M.; YANG, G. S.; PLUMMER, F.; ANDONOV, A.; ARTSOB, H.; BASTIEN, N.; BERNARD, K.; BOOTH, T. F.; BOWNESS, D.; CZUB, M.; DREBOT, M.; FERNANDO, L.; FLICK, R.; GARBUTT, M.; GRAY, M.; GROLLA, A.; JONES, S.; FELDMANN, H.; MEYERS, A.; KABANI, A.; LI, Y.; NORMAND, S.; STROHER, U.; TIPPLES, G. A.; TYLER, S.; VOGRIG, R.; WARD, D.; WATSON, B.; BRUNHAM, R. C.; KRAJDEN, M.; PETRIC, M.; SKOWRONSKI,

D. M.; UPTON, C.; ROPER, R. L. The Genome Sequence of the SARS-Associated Coronavirus. **Science**, v. 300, p. 1399-1404, 2003.

MATHIEU, E.; ESCRIBANO-VAZQUEZ, U.; DESCAMPS, D.; CHERBUY, C.; LANGELLA, P.; RIFFAULT, S.; REMOT, A.; THOMAS, M. Paradigms of Lung Microbiota Functions in Health and Disease, Particularly, in Asthma. **Frontiers in Physiology**, v. 9, p. 1168, 2018.

MELO, M. A.; BRAGA, D. D. A.; MANSO, W.; CARVALHO, R. R.; OLIVEIRA, D. C. D.; ROSA, A. R. Morcegos urbanos de Guarulhos: alta riqueza de espécies e dominância de espécies ecologicamente flexíveis reveladas a partir de dados de monitoramento da raiva. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 111, p. e2021009, 2021.

MENA CANATA, D. A.; BENFATO, M. S.; PEREIRA, F. D.; RAMOS PEREIRA, M. J.; HACKENHAAR, F. S.; MANN, M. B.; FRAZZON, A. P. G.; RAMPELOTTO, P. H. Comparative Analysis of the Gut Microbiota of Bat Species with Different Feeding Habits. **Biology**, v. 13, p. 363, 2024.

MOSER, B. D.; PELLEGRINI, G. J.; LASKER, B.A.; BROWN, J. M. Pattern of antimicrobial susceptibility obtained from blood isolates of a rare but emerging human pathogen, *Gordonia polyisoprenivorans*. **Antimicrob Agents Chemother**, v. 56, p. 4991–3, 2012.

MORATELLI, R.; CALISHER, C. H. Bats and zoonotic viruses: can we confidently link bats with emerging deadly viruses?. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, p. 1-22, 2015.

DE OLIVEIRA MOURA, J. B.; DA SILVA, S. S. P.; GUEDES, P. G. Ecologia alimentar e reprodutiva de uma população de *Carollia perspicillata* (Linnaeus, 1758) em um fragmento florestal urbano na cidade do Rio de Janeiro/RJ. **Biodiversidade Brasileira**, v. 14, p. 78-91, 2024.

MOUTINHO, F. F. B.; NUNES, V. M. A.; FERNANDES, P. M.; BORGES, F. V. B. FARIA NETO, F. D. Surto de raiva em morcegos frugívoros no município de Niterói, RJ, 2018. **Medicina Veterinária**, v. 14, p. 307–314, 2020.

MÜHLDORFER, K. Bats and Bacterial Pathogens: A Review. **Zoonoses and Public Health**, v.60, p. 93-103, 2013.

MURRAY, C. J.; IKUTA, K. S.; SHARARA, F.; SWETSCHINSKI, L.; AGUILAR, G. R.; GRAY, A.; TASAK, N. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. **The lancet**, v. 399, p. 629-655, 2022.

MUSTAFA, A. S. Whole Genome Sequencing: Applications in Clinical Bacteriology. **Medical Principles and Practice**, v. 33, p. 185–197, 2024.

NEISH, A. S. Mucosal immunity and the microbiome. **Annals of the American Thoracic Society**, v. 11, p. S28-S32, 2014.

- NEWMAN, M. M.; KLOEPPER, L. N.; DUNCAN M.; MCLNROY, J. A, KLOEPPER, J. W. Variation in bat guano bacterial community composition with depth. **Frontiers in Microbiology**, v. 9, p. 914, 2018.
- NICOLA, I.; CERUTTI, F.; GREGO, E.; BERTONE, I.; GIANELLA, P.; D'ANGELO, A.; PELETTI, S.; BELLINO, C. Characterization of the Upper and Lower Respiratory Tract Microbiota in Piedmontese Calves. **Microbiome**, v. 5, p. 152, 2017.
- NOBRE, J. A. **Caracterização da diversidade bacteriana e sensibilidade antimicrobiana de bactérias isoladas de morcegos da Região Metropolitana de Fortaleza**. 2023. 73 f. Dissertação (Mestrado em Microbiologia Médica) – Faculdade de Medicina, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2023.
- NOGUEIRA, J., M., R.; MIGUEL, L., F., S. Capítulo 3, Bacteriologia. In: MOLINARO, E., M.; CAPUTO, L. F. G.; AMENDOEIRA, M., R., R. (org.). **Conceitos e métodos para a formação de profissionais em laboratórios de saúde**. v. 1. Rio de Janeiro: EPSJV: IOC, p. 221-397, 2009.
- NOWAK, R.M. **Walker's mammals of the world**. The Johns Hopkins University Press, Baltimore & London. 5ª edição, vol.1 1991.
- NOWAKIEWICZ, A.; ZIĘBA, P.; GNAT, S.; TROŚCIAŃCZYK, A.; OSIŃSKA, M.; ŁAGOWSKI, D.; KOSIOR-KORZECKA, U.; PUZIO, I. Bats as a reservoir of resistant *Escherichia coli*: A methodical view. Can we fully estimate the scale of resistance in the reservoirs of free-living animals?. **Research in veterinary science**, v. 128, p. 49–58, 2020.
- NOVAES, R. L. M.; SOUZA, R. DE F.; MORATELLI, R. *Myotis riparius* (Chiroptera: Vespertilionidae), **Mammalian Species**, v. 49, p. 51–56, 2017.
- NUNES, H.; ROCHA, F. L.; CORDEIRO-ESTRELA, P. Bats in urban areas of Brazil: roosts, food resources and parasites in disturbed environments. **Urban Ecosystems**, v. 20, p. 953–969, 2017.
- OGUNRINOLA, G. A.; OYEWALE, J. O.; OSHAMIKA, O. O.; OLASEHINDE, G. I. The Human Microbiome and Its Impacts on Health. **International Journal of Microbiology**, v. 2020, p. 8045646, 2020.
- OLÍMPIO, A. P. M.; VENTURA, M. C. D. S.; MASCARENHAS, M. D. J. O.; NASCIMENTO, D. C. D.; ANDRADE, F. A. G. D.; FRAGA, E. D. C.; BARROS, M. C. Bat fauna of the Cerrado savanna of eastern Maranhão, Brazil, with new species occurrences. **Biota Neotropica**, v. 16, p. e20150089, 2016.
- OLÍMPIO, A. P. M. Morcego *Phyllostomus* sp. consumindo fruto de *Annona* sp.. 2021. 1 fotografia. In: Sociedade Brasileira de Zoologia. **Informativo Sociedade Brasileira de Zoologia**, Curitiba, n. 138, set. 2021.
- OKSANEN, J., SIMPSON, G., BLANCHET, F., KINDT, R., LEGENDRE, P., MINCHIN, P., O'HARA, R., SOLYMOS, P., STEVENS, M., SZOECS, E., WAGNER, H., BARBOUR, M., BEDWARD, M., BOLKER, B., BORCARD, D., CARVALHO, G.,

CHIRICO, M., DE CACERES, M., DURAND, S., EVANGELISTA, H., FITZJOHN, R., FRIENDLY, M., FURNEAUX, B., HANNIGAN, G., HILL, M., LAHTI, L., MCGLINN, D., OUELLETTE, M., RIBEIRO CUNHA, E., SMITH, T., STIER, A., TER BRAAK, C., WEEDON, J. **vegan: Community Ecology Package**. R package version 2.6-8, 2024.

O'SHEA, T. J.; CRYAN, P. M.; CUNNINGHAM, A. A.; FOOKS, A.R.; HAYMAN, D. T.; LUIS, A. D.; PEEL, A. J.; PLOWRIGHT, R. K.; WOOD J. L. Bat flight and zoonotic viruses. **Emerging Infectious Diseases**, v. 20, p. 741–745, 2014.

PAROLIN, L.C.; MIKICH, S.B.; BIANCONI, G.V. Dieta frugívora dos gêneros de morcegos *Artibeus*, *Carollia* e *Sturnira* (Phyllostomidae, Chiroptera) ao longo de sua distribuição geográfica. **Evento de Iniciação Científica da Embrapa Florestas**, 2012.

PASQUARELLA, C.; PITZURRA, O.; SAVINO, A. The index of microbial air contamination. **Journal of hospital infection**, v. 46, p. 15, 2000.

PASSOS, F. C.; SILVA, W. R., PEDRO, W. A.; BONIM, M. R. Frugivoria em morcegos (Mammalia, Chiroptera) no Parque Estadual Intervales, sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zoologia**, 511 517. 2003.

PEIXOTO, F. P.; BRAGA, P. H. P.; MENDES, P. A synthesis of ecological and evolutionary determinants of bat diversity across spatial scales. **BMC Ecology**, v. 18, p. 18, 2018.

PEREIRA, A. D.; REIS, N. R.; ORSI, M. L.; VIDOTTO-MAGNONI, A. P. Dieta de *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818) (Mammalia, Chiroptera) em um fragmento florestal urbano da cidade de Londrina, Paraná, Brasil. **Biotemas**, v. 32, p. 79-86, 2019.

PEREIRA, P. B.; SOUSA, A. S.; BARBOSA, D. A.; ROCHA, G. C. Análise multitemporal do uso e cobertura da terra na área de proteção ambiental municipal (apa) do inhamum, nordeste do brasil. **Anais do XIV ENANPEGE**. Campina Grande: Realize Editora, 2021.

PEREIRA, P. B.; NUNES, H. K. de B.; SOUSA, A. da S. Caracterização Geoambiental do município de Caxias, Maranhão/Brasil. **Revista Geografia em Atos (Online)**, v.6, p. 1-19, 2022.

PEREIRA, F. D.; CANATA, D. A. M.; SALOMON, T. B.; HACKENHAAR, F. S.; PEREIRA, M. J. R.; BENFATO, M. S.; RAMPELOTTO, P. H. Oxidative Stress and Antioxidant Defense in the Heart, Liver, and Kidney of Bat Species with Different Feeding Habits. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, p. 16369, 2023.

PIANKA, E.R. **Ecologia evolutiva**. Omega, Barcelona, pp. 365, 1982.

PIERLÉ, S. A.; MORALES, C. O.; MARTÍNEZ, L. P.; CEBALLOS, N. A.; RIVERO, J. J.; DÍAZ, O. L.; BRAYTON, K. A.; SETIÉN, A. A. Novel *Waddlia* Intracellular Bacterium in *Artibeus intermedius* Fruit Bats, Mexico. **Emerging Infectious Diseases**, v. 21, p. 2161–2163, 2015.

PROROK, P.; BIEROWIEC, K.; SKROK, M.; KARWAŃSKA, M.; SIEDLECKA, M.; MISZCZAK, M.; KSIĄŻCZYK, M.; KAPCZYŃSKA, K.; RYPUŁA, K. Characteristics of *Staphylococcus saprophyticus* Isolated from Humans and Animals. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 26, p. 6885, 2025.

REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; BATISTA, C. B.; LIMA, I. P. de.; PEREIRA, A. D. **História Natural dos Morcegos Brasileiros: Chave de Identificação de Espécies**. 1. ed. Rio de Janeiro: Technical Books Editora Ltda, 2016. v. 1, 416 p., 2017.

ROOKS, M. G.; GARRETT, W. S. Gut microbiota, metabolites and host immunity. **Nature Reviews Immunology**, v. 16, p. 341–352, 2016.

R Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2024. <https://www.R-project.org/>.

RUSSO, D.; ANCILLOTTO, L. Sensitivity of bats to urbanization and habitat fragmentation: a review. **Mammalian Biology**, v. 80, p.205–212, 2015.

SAEEDI, P.; SALIMIAN, J.; AHMADI, A.; IMANI FOOLADI, A. A. The transient but not resident (tbnr) microbiome: a yin yang model for lung immune system. **Inhalation Toxicology**, v. 27, p. 451-461, 2015.

SALDAÑA-VÁZQUEZ, R. A.; CARBALLO-MORALES, J. D.; HERNÁNDEZ-MONTERO, J. R.; RÍOS-CHELÉN, A. A.; VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ, G.; SCHONDUBE, J. E.; AGUILAR-CUCURACHI, M. S.; AVILA-FLORES, R.; MELLA-MENDEZ, I.; SANDOVAL-RUIZ, C. A.; SILVA-RIVERA, E.; SPAAN, D. **Bats in Tropical Cities: the Ecology in, of and for Cities**. In Ecology of Tropical Cities, Volume II: Biodiversity, People & Places. Cham: Springer Nature Switzerland. pp. 235-264, 2025.

SAMBROOK, J., FRITSCH, E.R., MANIATIS, T. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual (2nd ed.)**. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press. 1989.

SANGER, F. Determination of nucleotide sequences in DNA. **Science**, v. 214, n. 4526, p. 1205-1210, 1981.

SANTOS, L. S.; DAMASCENO, N. S.; SOUTO, R. C. F. Resistência de bactérias Gram-positivas isoladas de infecção do trato urinário no LAC/PUC-Goiás. **RBAC**, v. 51, p. 143-8, 2019.

SANTOS, E. C.; FEITOSA, A. C. Análise geoambiental e percepção de unidades de paisagem no município de Grajaú-Maranhão **InterEspaço: Revista de Geografia e Interdisciplinaridade**, v. 6, p. e202008, 2020.

SCHALLMEY, M.; SINGH, A.; WARD, O. P. Developments in the use of *Bacillus* species for industrial production. **Canadian journal of microbiology**, v. 50, p. 1-17, 2004.

SERRA-COBO, J.; LÓPEZ-ROIG, M. Bats and Emerging Infections: An Ecological and Virological Puzzle. **Emerging and Re-emerging Viral Infections**, v. 972, p. 35, 2017.

SHAH, T.; LIU, Q.; YIN, G.; SHAH, Z.; LI, H.; WANG, J.; WANG, B.; XIA, X. Structural and Functional Differences in the Gut and Lung Microbiota of Pregnant *Pomona* Leaf-Nosed Bats. **Microorganisms**, v. 13, p. 1887, 2025.

SHEN, Y. Y.; LIANG, L.; ZHU, Z. H.; ZHOU, W. P.; IRWIN, D. M.; ZHANG, Y. P. Adaptive evolution of energy metabolism genes and the origin of flight in bats. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 107, p. 8666-8671, 2010.

SIEGEL, S. **Estatística Não-paramétrica Para as Ciências do Comportamento**. São Paulo: McGraw-Hill, 1975.

SIMMONS, N. B.; CIRRANELLO, A. L. **Bat Species of the World**: A taxonomic and geographic database. 2025. Disponível em: <https://www.batnames.org/>. Acesso em: 12 mar. 2025.

SINGER, A. C.; SHAW, H.; RHODES, V.; HART, A. Review of Antimicrobial Resistance in the Environment and Its Relevance to Environmental Regulators. **Frontiers in Microbiology**, v. 7, p. 1728, 2016

SOHAIL, M.; RASHID, A.; ASLAM, A.; WASEEM, B.; WASEEM, M.; SHAHID, M.; AKRAM, M.; KHURSHID, M.; RASOOL, M. H. Antimicrobial susceptibility of *Acinetobacter* clinical isolates and emerging antibiogram trends for nosocomial infection management. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 49, p. 316–323, 2016.

SOUSA, R. F. D.; VENERE, P. C.; FARIA, K. D. C. Bats in forest remnants of the Cerrado savanna of eastern Mato Grosso, Brazil. **Biota Neotropica**, v. 13, p. 236-241, 2013.

SRIDHAR, K.R.; ASHWINI, K.M.; SEENA, S.; SREEPADA, K.S. Manure qualities of guano of insectivorous cave bat *Hipposideros speoris*. **Tropical and Subtropical Agroecosystems**. v. 6, p. 103-110, 2006.

STROHL, W. A.; ROUSE, H.; FISHER, B. D. **Microbiologia ilustrada**. Porto Alegre: Artmed, 531 p.15 e 256, 2004.

SU, Y.; LIU, C.; FANG, H.; ZHANG, D. *Bacillus subtilis*: a universal cell factory for industry, agriculture, biomaterials and medicine. **Microbial Cell Factories**, v. 19, p. 173, 2020.

SUN, D. L.; GAO, Y. Z., GE, X. Y.; Shi, Z. L.; ZHOU, N. Y. Special Features of Bat Microbiota Differ From Those of Terrestrial Mammals. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 1040, 2020.

TORRES, J. M.; ANJOS, E. A. C. dos; FERREIRA, C. M. M. Frugivoria por morcegos filostomídeos (Chiroptera, Phyllostomidae) em dois remanescentes urbanos de cerrado

em Campo Grande, Mato Grosso do Sul. **Iheringia, Série Zoologia**, v. 108, e2018002, 2018.

TORTORA, G. J.; FUNKE, B. R.; CASE, C. L. **Microbiologia**. 12. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

TSUKAMURA, M. Proposal of a new genus, *Gordona*, for slightly acid-fast organisms occurring in sputa of patients with pulmonary disease and in soil. **The Journal of General Microbiology**. v. 68, p.15-26, 1971.

UDDIN, M. H.; ISLAM, S.; DUTTA, P.; ISLAM, M.; RAHMAN, M. K.; HOSSAIN, M. S.; SAGOR, M. S.; RUMI, A.; FLORA, M. S.; FORWOOD, J. K.; SAMAD, M. A.; EPSTEIN, J. H.; CHOWDHURY, S.; ISLAM, A. Prevalence and risk factors of antimicrobial resistance in *Staphylococcus* spp. and *Escherichia coli* in fruit bats at high-risk human-wildlife interfaces in Bangladesh. **One Health**, 101300, 2025.

UIEDA, W.; BRED, A. Morcegos: agentes negligenciados da sustentabilidade. **Sustentabilidade em Debate**, v. 7, p. 186-209, 2016.

VEIKKOLAINEN, V.; VESTERINEN, E. J.; LILLEY, T. M.; PULLIAINEN, A. T. Bats as reservoir hosts of human bacterial pathogen, *Bartonella mayotimonensis*. **Emerging infectious diseases**. v. 20, p. 960-7, 2014.

WALLAU, G. L.; BARBIER, E.; TOMAZATOS, A.; SCHMIDT-CHANASIT, J.; BERNARD, E. The Virome of Bats Inhabiting Brazilian Biomes: Knowledge Gaps and Biases towards Zoonotic Viruses. **Microbiology Spectrum**, v. 11, p. 1 - 15, 2023.

WILLOUGHBY, A. R.; PHELPS, K. L.; PREDICT CONSORTIUM; OLIVAL, K. J. A Comparative Analysis of Viral Richness and Viral Sharing in Cave-Roosting Bats. **Diversity**, v. 9, p. 35, 2017.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). Draft updated global action plan on antimicrobial resistance. Geneva: **WHO**, 2026.

VENTOLA, C. L. The antibiotic resistance crisis. **Pharmacy and Therapeutics**, v. 40, n. 4, p. 277–283, 2015.

VISSING, N. H.; CHAWES, B. L.; BISGAARD, H. Increased risk of pneumonia and bronchiolitis after bacterial colonization of the airways as neonates. **American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine**, v. 188, p. 1246-1252, 2013.

YU, Y.; LEE, C.; KIM, J.; HWANG, S. Group-specific primer and probe sets to detect methanogenic communities using quantitative real-time polymerase chain reaction. **Biotechnology and Bioengineering**, v. 89, p. 670-679, 2005.

ZHAI, Z.; CUI, C.; LI, X.; YAN, J.; SUN, E.; WANG, C.; GUO, H.; HAO, Y. Prevalence, antimicrobial susceptibility, and antibiotic resistance gene transfer of *Bacillus* strains isolated from pasteurized milk. **Journal of Dairy Science**, v. 106, p. 75-83, 2023.

ZHAO, N.; REN, H.; JIANG, Y.; LI, Y.; LIAN, X.; QIN, T. Microbial Communities in the Lungs of Bats in China. **Zoonoses**, v. 2, p. 964, 2022.

ZHENG, D.; LIWINSKI, T.; ELINAV, E. Interaction between microbiota and immunity in health and disease. **Cell Research**, v. 30, p. 492-506, 2020.