

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO MARANHÃO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL**

AMANDA CRISTINY DA SILVA LIMA

**DIVERSIDADE DE MORCEGOS DA FAMÍLIA PHYLLOSTOMIDAE
(MAMMALIA, CHIROPTERA) DE OCORRÊNCIA NOS BIOMAS BRASILEIROS
COM FOCO NA CONSERVAÇÃO**

SÃO LUÍS – MA

2021

AMANDA CRISTINY DA SILVA LIMA

**DIVERSIDADE DE MORCEGOS DA FAMÍLIA PHYLLOSTOMIDAE
(MAMMALIA, CHIROPTERA) DE OCORRÊNCIA NOS BIOMAS BRASILEIROS
COM FOCO NA CONSERVAÇÃO**

Dissertação de Mestrado apresentado ao programa de Pós - Graduação em Ciência Animal, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Reprodução e Conservação Animal.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Claudene Barros

SÃO LUÍS – MA

2021

Lima, Amanda Cristiny da Silva.

Diversidade de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas brasileiros com foco na conservação / Amanda Cristiny da Silva Lima. – São Luís, 2021.

141 f

Dissertação (Mestrado) – Curso de Ciência Animal, Universidade Estadual do Maranhão, 2021.

Orientador: Profa. Dra. Maria Claudene Barros.

1.Biodiversidade. 2.Complexo de espécies. 3.DNA barcode. 4.Phyllostomidae. 5.Bioindicadores. I.Título.

CDU: 599.424(81)

AMANDA CRISTINY DA SILVA LIMA

**DIVERSIDADE DE MORCEGOS DA FAMÍLIA PHYLLOSTOMIDAE
(MAMMALIA, CHIROPTERA) DE OCORRÊNCIA NOS BIOMAS BRASILEIROS
COM FOCO NA CONSERVAÇÃO**

Dissertação de Mestrado apresentado ao programa de Pós - Graduação em Ciência Animal,
como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Claudene Barros

Aprovado em: _17/_08__/_2021__

BANCA EXAMINADORA

Prof^ª. Dr^ª. Maria Claudene Barros – Orientadora
Universidade Estadual do Maranhão -UEMA

Prof^ª. Dr^ª. Grazielle Fernanda Evangelista Gomes - membro
Universidade Federal do Pará – UFPA

Prof. Dr. Hugo Mantilla-Meluk - membro
Universidad del Quindío – Colômbia

Dedico à Deus por guiar meus passos e pela saúde; a família e meu marido pelo apoio, incentivo e compreensão nos momentos de ausência e dificuldades.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por sempre me ouvir nos momentos de dificuldades e nunca me desamparar quando necessitei, pela infinita bondade de me fortalecer por meio dos obstáculos e pelas conquistas ao longo de minha vida. Agradeço ainda, por guiar meus passos e por me cercar de pessoas abençoadas.

A minha orientadora professora Dra. Maria Claudene Barros, por ter me acolhido no Laboratório de Genética e Biologia Molecular (GENBIMOL), pela confiança e persistência para comigo ao longo desses dois anos e meio de aprendizado. Obrigada por sempre me apoiar nos momentos de dificuldades, com seus conselhos cheios de amor e sabedoria, pelas broncas e pressões que só me proporcionaram crescimento e por sempre acreditar no meu potencial.

Ao Programa de Pós- Graduação em Ciência Animal (PPGCA) da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA) pela formação acadêmica.

A Fundação de Amparo à Pesquisa e o Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA) pelo financiamento dos projetos

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida.

Aos meus pais, José Kenede da Silva e Maria das Graças Vital, por sempre estarem ao meu lado e me proporcionarem a felicidade de estudar em Caxias/MA, já que vim de Coelho Neto/MA, mesmo diante das dificuldades. Obrigada pai e mãe, pelo suporte acadêmico, emocional, financeiro, por serem minha base, pelo amor, confiança e fé na minha pessoa.

Aos meus irmãos, Alanna, Morgana e Robert, por me proporcionarem à alegria e tranquilidade de sempre poder contar com eles, seja nos momentos bons ou de tristeza, e agradeço por sempre me sentir tão amada pelos mesmos. A meu marido Matheus Firmo, por sempre me apoiar e me acalmar nos momentos de ansiedade e preocupação, por seu amor, carinho e companheirismo e sempre me ajudar a nunca desistir dos meus sonhos. Aos meus tios Cleomir Lima e Maria do Carmo por me cederam uma casa para morar em Caxias e todo auxílio necessário ao longo desses últimos anos.

A Elidy Rayanne e sua família por me acolherem em sua casa em São Luís, MA quando necessário, possibilitando eu mim cursar as disciplinas do mestrado com tranquilidade na referida cidade, agradeço de todo meu coração por todo apoio e os considero da minha família.

A toda família GENBIMOL, a qual sempre pude contar com os amigos nos meus momentos de preocupação e busca do saber, entre estes: Cleison Luís, Viviane Almeida, Samira Mendes, Fábio Cardoso, Priscila Olímpio, Maria Histelle, Marcelo Almeida, Luzianny Farias, Walna Mikaelly, Tiago Reis, Jordânia Leticia, Amanda Caroline e aos demais meu muito obrigado. Meu obrigada especial para Aryel Morais e Yasmine Silva que nesses meses me ajudaram muito com algumas análises e empréstimo de notebook quando necessário, entre outras coisas, muito obrigada meus queridos.

A toda equipe de campo sem os quais este trabalho não teria sido realizado: Cleison Luís, Samira Mendes, Fábio Cardoso, Tiago Reis, Ana Priscila, Marcelo Ventura, Bruno Campos, Samuel Coutinho e Marxo Morais, os melhores morcegológos do Maranhão.

A todo o corpo docente do PPGCA/UEMA por contribuírem com meu aprendizado e crescimento acadêmico durante esses últimos anos, em especial os professores: Maria Claudene, Elmary Fraga, Diego Carvalho, Andrea Pereira, Rita de Maria Seabra, Francisco Borges, Helder de Moraes e aos demais professores do programa, obrigada. Agradeço ainda, a Professora Dr^a. Grazielle Fernanda Evangelista Gomes e sua orientanda de doutorado Thais Martins da Universidade Federal do Pará pelo auxílio nas análises de delimitação de espécies.

Quero agradecer de todo o coração as pessoas que de forma direta ou indireta contribuíram para a realização de mais um sonho, ser Mestre. Por fim agradeço a todos por serem meus amigos.

A todos, meu muito obrigada!

*“Instruir-te-ei e te ensinarei o caminho que
deves seguir; e, sob as minhas vistas, te darei
conselhos”.*

Salmo (32:8)

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

Figura 1. Representantes de morcegos das famílias Vespertilionidae (A-B), Emballonuridae (C-D), Phyllostomidae (E-P), Noctilionidae (Q), Molossidae (R-T), Mormoopidae (U). A- *Lasiurus ega*, B- *Myotis nigricans*, C- *Rhynchonycteris naso*, D- *Saccopteryx bilineata*, E- *Carollia perspicillata*, F- *Artibeus lituratus*, G- *Rhinophylla pumilio*, H- *Phylloderma stenops*, I- *Trachops cirrhossus*, J- *Micronycteris minuta*, L- *Platyrrhynchus recifinus*, M- *Tonatia bidens*, N- *Lophostoma silvicola*, O- *Gardnerycteris crenulatum*, P- *Uroderma magnirostrum*, Q- *Noctilio albiventris*, R- *Molossus rufus*, S- *Molossops temminckii*, T- *Eumops glaucinus*, U- *Pteronotus parnellii*. 20

Figura 2. Exemplo das espécies *Rhinophylla pumilio* (A) e *Desmodus rotundus* (B), destacando apêndice nasal de cada espécie, característica da família Phyllostomidae. 23

Figura 3. Exemplo de espécies de morcegos Phyllostomidae com diferentes hábitos alimentares. A- *Artibeus lituratus* (Frugívoro), B- *Trachops cirrhossus* (Carnívoro), C- *Leptonycteris yababuenae* (Polinívoro/ nectarívoros), D- *Phyllostomus discolor* (Onívoro). 25

CAPÍTULO 2

Figura 1. Espécie *Sturnira tildae* (fêmea, RRM 117) coletada em Cândido Mendes, bioma Amazônia maranhense. 39

Figura 2. Crânio de *S. tildae* (RRM 117). (A) vista dorsal mostrando caixa craniana pequena; (B) vista lateral mostrando rostró amplo e longo; (C) vista lateral da mandíbula com destaque para os primeiros e segundos molares com cúspides linguais separadas por entalhes rasos; (D) vista frontal dos incisivos superiores com destaque para os internos com base larga e pouco bilobada. Barra = 5 mm. 40

Figura 3. Distribuição geográfica de *Sturnira tildae* para o Brasil. A área em que o espécime do presente estudo foi coletado está indicada por uma estrela no estado do Maranhão. Os biomas brasileiros são sombreados em escala de preto (pantanal), cinza escuro a claro (Pampas, Mata Atlântica, Cerrado, Caatinga) e branco (Amazônia). 40

CAPÍTULO 3

Figura 1. Localização das áreas de aquisição das amostras de morcegos da família Phyllostomidae em fragmentos dos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga e obtidas do GenBank (na cor preta). Legenda: 1-Carutapera, 2-Luís Domingues, 3-Godofredo Viana, 4-Cândido Mendes, 5-Turiaçu, 6-Chapadinha, 7-Codó, 8-Caxias, 9-Picos. 48

Figura 2. Similaridade obtida para haplótipos de espécies da família Phyllostomidae de ocorrência no Maranhão e Piauí com as espécies da plataforma BOLD Systems. 51

- Figura 3.** Árvore bayesiana colapsada demonstrando o resultado dos modelos de delimitação de espécies para os modelos ABGD, ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC. Entre parêntese a sigla de países de origem das amostras do GenBank que podem ser encontradas no apêndice A. A sigla HPE refere-se aos haplótipos do presente estudo. 53
- Figura 4.** Árvore de Verossimilhança utilizando o algoritmo Kimura 2-paramêtros demonstrando o resultado dos modelos de delimitação de espécies para os modelos ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC para as espécies com problemáticas na identificação morfológica e molecular. Da esquerda para direito valores de bootstrap e probabilidade posterior. 56
- Figura 5.** Diversidade de espécies da família Phyllostomidae registradas nas áreas amostradas. A contagem de espécies leva-se em conta a identificação morfológica. As cinco primeiras cidades encontram-se em bioma Amazônico, as três em seguida em bioma Cerrado no Maranhão e a última em bioma Caatinga no Piauí. 57

CAPÍTULO 4

- Figura 1.** A) Espécie *Artibeus lituratus*. B) As bordas da orelha e trago escuros representa as porções amareladas, característica dessa espécie. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 89
- Figura 2.** Distribuição geográfica da espécie *Artibeus lituratus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie para o Cerrado maranhense (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiaçu) com base em nossos estudos. 90
- Figura 3.** A) Espécie *Artibeus obscurus*. B) Tonalidade mais escurecida em torno dos olhos. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 91
- Figura 4.** Distribuição geográfica da espécie *Artibeus obscurus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Godofredo Viana, Cândido Mendes) com base em nossos estudos. 92
- Figura 5.** A) Espécie *Artibeus planirostris*. B) Folha nasal com borda inferior e laterais livres com ondulações. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 93
- Figura 6.** Distribuição geográfica da espécie *Artibeus planirostris*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Godofredo Viana, Carutapera, Turiaçu, Cândido Mendes) com base em nossos estudos. 94
- Figura 7.** A) Espécie *Carollia perspicillata*. b) O segundo incisivo superior não visualizado (imagem à direita) diferente de *C. brevicauda* (imagem à esquerda). C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 95
- Figura 8.** Distribuição geográfica da espécie *Carollia perspicillata*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Godofredo Viana, Turiaçu, Cândido Mendes) com base em nossos estudos. 96
- Figura 9.** A) Espécie *Artibeus cinereus*. B) Crânio mais robusto que as demais espécies do gênero. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 97
- Figura 10.** Distribuição geográfica da espécie *Artibeus cinereus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiaçu e Godofredo Viana) com base em nossos estudos. 98

Figura 11. A) Espécie <i>Desmodus rotundus</i> . B) Polegares compridos com três calosidades. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	99
Figura 12. Distribuição geográfica da espécie <i>Desmodus rotundus</i> no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiaçu e Godofredo Viana) com base em nossos estudos.	100
Figura 13. A) Espécie <i>Diaemus youngii</i> . B) Bordas das asas brancas. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	101
Figura 14. Distribuição geográfica da espécie <i>Diaemus youngii</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera) com base em nossos estudos.	102
Figura 15. A) Espécie <i>Gardnerycteris crenulatum</i> . B) Folha nasal longa com bordas crenuladas e pilosas. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	103
Figura 16. Distribuição geográfica da espécie <i>Gardnerycteris crenulatum</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.	104
Figura 17. A) Espécie <i>Glossophaga soricina</i> . B) Dois pares de incisivos superiores, sendo o interno maior que o externo. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	105
Figura 18. Distribuição geográfica da espécie <i>Glossophaga soricina</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiaçu e Godofredo Viana) com base em nossos estudos.	106
Figura 19. A) Espécie <i>Hsunnycteris thomasi</i> . B) Focinho mais curto que outras espécies do gênero. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	107
Figura 20. Distribuição geográfica da espécie <i>Hsunnycteris thomasi</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie na Amazônia maranhense (Carutapera) com base em nossos estudos.	108
Figura 21. A) Espécie <i>Lophostoma brasiliense</i> . B) Lábio interno com fileira de pequenas papilas dispostas em “U”. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	109
Figura 22. Distribuição geográfica da espécie <i>Lophostoma brasiliense</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.	110
Figura 23. A) Espécie <i>Lophostoma silvicola</i> . B) Orelhas bastante desenvolvidas e arredondas. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	111
Figura 24. Distribuição geográfica da espécie <i>Lophostoma silvicola</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.	112
Figura 25. A) Espécie <i>Micronycteris minuta</i> . B) Orelhas ligadas por uma faixa de pele alta com entalhe pouco profundo. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	113
Figura 26. Distribuição geográfica da espécie <i>Micronycteris minuta</i> . O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.	114
Figura 27. A) Espécie <i>Phylloderma stenops</i> . B) Ponta das asas despigmentadas. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems.	115

- Figura 28.** Distribuição geográfica da espécie *Phylloderma stenops*. A estrela representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos. 116
- Figura 29.** A) Espécie *Phyllostomus discolor*. B) Focinho comprido e estreito com almofadas na base da folha nasal. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 117
- Figura 30.** Distribuição geográfica da espécie *Phyllostomus discolor*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos 118
- Figura 31.** A) Espécie *Phyllostomus hastatus*. B) O calcâneo é mais longo que o comprimento do pé, com garras longas e fortes. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 119
- Figura 32.** Distribuição geográfica da espécie *Phyllostomus hastatus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos. 120
- Figura 33.** A) Espécie *Platyrrhinus fusciventris*. B) Membrana interfemural em forma de “V” invertido. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 121
- Figura 34.** Distribuição geográfica da espécie *Platyrrhinus fusciventris*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Godofredo Viana, Cândido Mendes e Turiaçu) com base em nossos estudos. 122
- Figura 35.** A) Espécie *Rhinophylla pumilio*. B) Ausência de diastema entre o segundo incisivo e o canino superiores (imagem à direita) diferente de *Rhinophylla fischeriae* (imagem à esquerda). C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 123
- Figura 36.** Distribuição geográfica da espécie *Rhinophylla pumilio*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias). 124
- Figura 37.** A) Espécie *Sturnira lilium*. B) Incisivos superiores internos falciformes (forma de foice). C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 125
- Figura 38.** Distribuição geográfica da espécie *Sturnira lilium*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiaçu) com base em nossos estudos. 126
- Figura 39.** A) Espécie *Tonatia bidens*. B) Lábio inferior com uma verruga central rodeadas de diversas papilas pequenas. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*. 127
- Figura 40.** Distribuição geográfica da espécie *Tonatia bidens* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos. 128
- Figura 41.** A) Espécie *Trachops cirrhosus*. B) Numerosas papilas cilíndricas no lábio e folha nasal com bordas serrilhadas. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 129
- Figura 42.** Distribuição geográfica da espécie *Trachops cirrhosus* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e Amazônia maranhense (Godofredo Viana e Carutapera) com base em nossos estudos. 130
- Figura 43.** A) Espécie *Trinectes nicefori*. B) Lábio inferior com um par de almofadas lisas divididas por um suco raso. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 131
- Figura 44.** Distribuição geográfica da espécie *Trinectes nicefori* no Brasil. Os círculos preto representa o primeiro registro dessa espécie para Amazônia (Cândido Mendes e Godofredo Viana) com base em nossos estudos. Fonte: Lima et al., 2018. 132

Figura 45. A) Espécie *Uroderma bilobatum*. B) Inclinação na região frontal do crânio. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 133

Figura 46. Distribuição geográfica da espécie *Uroderma bilobatum* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie na Amazônia (Cândido Mendes e Turiaçu) com base em nossos estudos. 134

Figura 47. A) Espécie *Uroderma magnirostrum*. B) Perfil dorsal quase reto na região frontal do crânio. C) Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. D) Similaridade genética da espécie obtida na base de dados Bold Systems. 135

Figura 48. Distribuição geográfica da espécie *Uroderma magnirostrum* no Brasil. O círculo preto o registro dessa espécie na Amazônia maranhense (Cândido Mendes e Turiaçu) com base em nossos estudos. 136

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2

Tabela 1. Medidas craniométricas em mm de *S. tildae* obtidas em Cândido Mendes, Maranhão, Brasil (presente estudo), incluindo os valores observados para *S. tildae* de Recife - PE, Morretes - PR e Guiana Francesa. 39

Tabela 2. Divergência genética interespecífica para *Sturnira tildae* a partir do gene COI utilizando o algoritmo Kimura - 2 parâmetros. As espécies *Lophostoma silvicola* e *Carollia perspicillata* correspondem aos outgroups. Legenda: GUY: Guianas, SUR: Suriname, ECU: Equador, GUF: Guiana Francesa, CM: Candido Mendes/MA, CX: Caxias/MA. 41

CAPÍTULO 3

Tabela 1. Distâncias genéticas gerada com base no gene COI para as espécies da família Phyllostomidae que apresentaram médias intraespecíficas superiores a 2%. Os valores mínimos representados por traço (-) representa aquelas espécies com apenas dois haplótipos. 52

Tabela 2. Resultados da análise ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery) e utilizando o modelo Kimura 2-parametros (K2P). O valor padrão do Barcoding Gap foi $X = 1.5$. 54

Tabela 3. Resultados da análise ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning) utilizando o modelo Kimura 2-parametros (K2P). Os valores com asterisco correspondem as partições mais prováveis para esta análise. Os valores padrão são 0,005 e 0,05. 54

Tabela 4. Espécies de morcegos do presente estudo identificados pela morfologia e genética com suas respectivas localidades de coleta no estado do Maranhão e Piauí. Destaca-se que o município de Picos foi o único local de coleta no estado do Piauí, correspondendo ao bioma caatinga. O * corresponde as espécies do presente estudo que ainda necessitam de um estudo mais abrangente de seus táxons. 57

CAPÍTULO 4

Tabela 1. Espécies de morcegos da família Phyllostomidae coletadas no Maranhão e os respectivos biomas onde foram coletadas. 88

SUMÁRIO

APRESENTAÇÃO	16
RESUMO GERAL	17
ABSTRACT	18
CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA	19
1 Aspectos gerais sobre os morcegos	20
2 A família Phyllostomidae	22
3 Relações complexas na família Phyllostomidae	26
4 Objetivos	28
4.1 Objetivo geral	28
4.2 Objetivos específicos	28
Referências Bibliográficas	29
CAPÍTULO 2: Occurrence of <i>Sturnira tildae</i> De La Torre, 1959 (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) in the state of Maranhão, Brazil	36
CAPÍTULO 3: Diversidade molecular de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga do Brasil com foco na conservação	44
CAPÍTULO 4: Espécies de morcegos da família Phyllostomidae de ocorrência nos biomas Cerrado e Amazônia maranhenses	84
CONCLUSÃO INTEGRADORA	141

APRESENTAÇÃO

Esta dissertação, intitulada “Diversidade de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas brasileiros com foco na conservação” é um dos requisitos exigidos pelo Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, da Universidade Estadual do Maranhão, para a obtenção do título de Mestre. Os resultados aqui apresentados foram gerados no Laboratório de Genética e Biologia Molecular vinculado a esta instituição no Campus Caxias/MA. Este estudo contou com o apoio financeiro da Fundação de Pesquisa e Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), sendo que a última concedeu também a bolsa de mestrado. A dissertação será apresentada em quatro capítulos sendo o Capítulo 1: Revisão de literatura e objetivos sobre os temas abordados neste trabalho e os demais capítulos serão apresentados em formato de artigo científico. Capítulo 2: Occurrence of *Sturnira tildae* De La Torre, 1959 (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) in the state of Maranhão, Brazil, aceito em Papéis Avulsos de Zoologia. Capítulo 3: Diversidade molecular de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga do Brasil com foco na conservação a ser submetido a Ecology and Evolution e Capítulo 4: Espécies de morcegos da família Phyllostomidae de ocorrência nos biomas Cerrado e Amazônia maranhenses publicado no livro morcegos dos biomas Cerrado e Amazônia maranhense: conhecer para conservar.

RESUMO GERAL

Os morcegos pertencem a ordem Chiroptera e apresentam uma alta diversidade, o que torna este grupo um interessante objeto de estudo, sobretudo na área de sistemática animal. A família Phyllostomidae destaca-se dentro da ordem como uma das mais diversas o que faz com que as relações filogenéticas entre os táxons ainda sejam incertas. Além disso, há ocorrência de espécies crípticas e complexos de espécies o que dificulta a identificação das espécies para a família. Neste contexto, objetivou-se identificar e investigar a diversidade de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga do Brasil com foco na conservação. Para tanto, coletou-se espécimes nos diferentes biomas e no laboratório de Genética e Biologia Molecular da UEMA, campus Caxias/MA fez-se os procedimentos laboratoriais no que se refere a identificação morfológica, bem como, as técnicas moleculares tornando possível formar um banco de dados com sequências do gene COI produzida neste laboratório e sequências do GenBank. Os resultados do presente estudo revelaram a ocorrência de um novo registro para o estado do Maranhão, a espécie *Sturnira tildae* que está apresentada no Capítulo 2 da dissertação. A identificação, diversidade das espécies e a conservação foi o foco do capítulo 3, em que com o uso dos caracteres morfológicos foram identificados 34 espécies nominais da família Phyllostomidae, as incongruências obtidas com os dados moleculares apontou para 28 espécies, entre estas *A. fimbriatus*, *C. brevicauda*, *M. schmidtorum*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*, *R. fischeriae* e *T. bidens* se apresentaram como táxons complexos a serem esclarecidos, usou-se também vários testes de delimitação de espécie (ABGD, ASAP, bPTP e GMYC) que revelaram 24 (ABGD) a 50 OTUs (ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC). Uma subdivisão de pelo menos dois OTUs foi encontrada dentro de 12 espécies nominais para os testes acima mencionados indicando serem espécies crípticas. Quanto ao status de conservação a diversidade de espécies registradas revelaram que as espécies *C. perspicillata*, *A. lituratus*, *A. planirostris* e *G. soricina* foram registradas nos três biomas estudados e denotam serem espécies tolerantes a áreas perturbadas. *S. lilium* e *D. rotundus* foram descritas para áreas perturbadas e foram registradas no Cerrado e Amazônia. As espécies *L. silvicola*, *L. brasiliense* foram registradas no bioma Cerrado e *D. ecaudata* na Caatinga, tais espécies apresentam maior sensibilidade às alterações do ambiente, sendo encontradas em áreas preservadas. As espécies *C. brevicauda*, *A. fimbriatus*, *A. obscurus*, *P. discolor* também tem sido descritas para áreas antropizadas ou áreas perturbadas. Este estudo apresenta ainda os morcegos de ocorrência nos biomas Cerrado e Amazônia maranhense, sendo isto abordado no capítulo 4.

Palavras-chaves: Biodiversidade, complexo de espécies, DNA barcode, Phyllostomidae, bioindicadores.

GENERAL ABSTRACT

Bats belong to the order Chiroptera and have a high diversity, which makes this group an interesting object of study, especially in the area of animal systematics. The Phyllostomidae family stands out within the order as one of the most diverse, which makes the phylogenetic relationships of many of its taxons still uncertain. In addition, cryptic species and species complexes occur, which makes it difficult to identify the species for the family. In this context, the objective here was to identify and investigate the diversity of bats of the Phyllostomidae family (Mammalia, Chiroptera) that occur in the Amazon, Cerrado and Caatinga biomes of Brazil with a focus on conservation. For this purpose, specimens were collected in different biomes and in the laboratory of Genetics and Molecular Biology of UEMA, campus Caxias/MA, laboratory procedures were performed regarding morphological identification, as well as molecular techniques, making it possible to form a bank data with COI gene sequences produced in this laboratory and GenBank sequences. The results of the present study revealed the occurrence of a new record for the state of Maranhão, the species *Sturnira tildae*, which is presented in Chapter 2 of the dissertation. The identification, species diversity and conservation was the focus of chapter 3, in which 34 nominal species of the Phyllostomidae family were identified using morphological characters. *C. brevicauda*, *M. schmidtorum*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*, *R. fischeriae* and *T. bidens* were presented as complex taxa to be clarified. Several species delimitation tests were also used (ABGD, ASAP, bPTP and GMYC) which revealed 24 (ABGD) at 50 OTUs (ASAP, bPTP, sGMYC and mGMYC). A subdivision of at least two OTUs was found within 12 nominal species for the aforementioned tests indicating they are cryptic species. Regarding the conservation status, the diversity of registered species revealed that the species *C. perspicillata*, *A. lituratus*, *A. planirostris* and *G. soricina* were registered in the three studied biomes and denote that they are tolerant species to disturbed areas. *S. lilium* and *D. rotundus* were described from disturbed areas and were recorded in the Cerrado and Amazon. The species *L. silvicola*, *L. brasiliense* were recorded in the Cerrado biome and *D. ecaudata* in the Caatinga, these species are more sensitive to environmental changes, being found in preserved areas. The species *C. brevicauda*, *A. fimbriatus*, *A. obscurus*, *P. discolor* have also been described for anthropized or disturbed areas. This study also presents the bats that occur in the Cerrado and Amazon biomes, which is discussed in chapter 4.

Keywords: Biodiversity, species complex, DNA barcode, Phyllostomidae, bioindicators.

CAPÍTULO 1
REVISÃO DE LITERATURA

1 Aspectos gerais sobre os morcegos

Morcegos são mamíferos placentários, pertencentes a ordem Chiroptera, palavra derivada do grego *Cheir* (mão) e *pteron* (asa), logo, são os únicos mamíferos que possuem a capacidade de voo verdadeiro. Estão distribuídos por todo o globo terrestre, ocupando os mais variados tipos de ambientes, com exceção dos polos (SIMMONS, 2005). É a segunda maior ordem de mamíferos com 21 famílias, 219 gêneros e 1.384 espécies reconhecidas (Figura 1), isso representa aproximadamente 22% das espécies conhecidas de mamíferos, número superado apenas pela ordem Rodentia (TAYLOR e TUTTLE, 2019).

Figura 1. Representantes de morcegos das famílias Vespertilionidae (A-B), Emballonuridae (C-D), Phyllostomidae (E-P), Noctilionidae (Q), Molossidae (R-T), Mormoopidae (U). A- *Lasiurus ega*, B- *Myotis nigricans*, C- *Rhynchonycteris naso*, D- *Saccopteryx bilineata*, E- *Carollia perspicillata*, F- *Artibeus lituratus*, G- *Rinophylla pumilio*, H- *Phylloderma stenops*, I- *Trachops cirrhossus*, J- *Micronycteris minuta*, K- *Platyrrhinus recifinus*, L- *Tonatia bidens*, M- *Lophostoma silvicola*, N- *Gardnerycteris crenulatum*, O- *Uroderma magnirostrum*, P- *Noctilio albiventris*, Q- *Molossus rufus*, R- *Molossops temminckii*, S- *Eumops glaucinus*, T- *Pteronotus parnellii*.



Fonte: Acervo de imagens do Laboratório de Genética e Biologia Molecular da UEMA, Campus Caxias.

As espécies de morcegos são incrivelmente diversas, em forma, tamanho e hábitos, e há muita discordância sobre como melhor classificá-los em uma ordem taxonômica. Tradicionalmente, a ordem Chiroptera foi dividida em duas subordens: Microchiroptera (compreendendo cerca de 17 famílias) e Megachiroptera (com apenas uma família, Pteropodidae). No entanto, pesquisas recentes utilizando abordagens filogenéticas com genética molecular de morcegos sugerem que esta divisão pode não expressar adequadamente como os diferentes morcegos estão relacionados (TAYLOR e TUTTLE, 2019).

O uso da ferramenta molecular levou a uma nova classificação em duas subordens: Yinpterochiroptera (ou Pteropodiformes) e Yangochiroptera (ou Vespertilioniformes). A subordem Yinpterochiroptera está representada por sete famílias: Rhinolophidae, Rhinonycteridae, Hipposideridae, Hipopomatidae, Craseonycteridae, Megadermatidae e Pteropodidae, enquanto a Yangochiroptera compreende 14 famílias das quais nove, Emballonuridae, Mormoopidae, Noctilionidae, Furipteridae Thyropteridae, Natalidae, Molossidae, Vespertilionidae e Phyllostomidae, ocorrem nas Américas e no Brasil (REIS et al, 2017; TAYLOR e TUTTLE, 2019).

O Brasil abriga cerca de 15% da riqueza de morcegos do planeta, ficando no ranking como o segundo país com o maior número de espécies depois da Colômbia. Esta riqueza está distribuída em nove famílias, 68 gêneros e 181 espécies, sendo oito espécies endêmicas a este país (GARIBINO et al., 2020). Grande parte da riqueza brasileira está presente no bioma Amazônico, assim a Amazônia contribui com a maior parte da diversidade de espécies de morcegos do Brasil (BERNARD et al., 2011). Dados para os biomas Cerrado e Caatinga ainda são incipientes.

O sucesso adaptativo e a diversificação acentuada desses mamíferos estão associados a fatores como o uso do sistema de ecolocalização, o qual apresenta grande importância na locomoção da maioria das espécies e a própria capacidade de voo, que associada à alta adaptação morfológica, propiciou aos morcegos migrar por grandes áreas e forragear em locais antes inacessíveis (FENTON, 1992; NORBERG, 1994).

Os morcegos são animais noturnos que possuem escassos cones na retina, a qual possui células responsáveis pelas percepções de cores. Todavia, não são cegos, e mesmo que a maioria use a ecolocalização para se orientar, algumas espécies maiores se orientam pela visão (REIS et al., 2007). Esses mamíferos voadores ocupam uma grande variedade de

abrigos, tanto estruturas construídas pelo homem, como ambientes naturais, entre estes: cavernas, minas, fendas feitas em rocha e plantas (PERACCHI et al., 2011).

No que se refere a hábitos alimentares, os morcegos constituem um dos grupos de mamíferos mais diversificados dentre os demais mamíferos (PERACCHI et al., 2011). Por apresentar hábito alimentar insetívoro, muitos desses animais são de grande importância para o controle populacional de insetos, os frugívoros e nectarívoros, são responsáveis pela dispersão de sementes e polinização, promovendo assim grande regeneração nas florestas fragmentadas naturalmente ou por ações antrópicas (JORGE et al., 2017). Há também os carnívoros, como *Chrotopterus auritus* que se alimentam de pequenos vertebrados e *Noctilio leporinus* que se alimenta de peixes, e/ou os hematófagos, que se alimentam de sangue, como *Desmodus rotundus*, que possui grande importância zoonosológica devido a transmissão da raiva (REIS et al, 2007).

A notável diversidade de formas, adaptações morfológicas e hábitos alimentares dos morcegos permitem a utilização dos mais variados nichos, em complexa relação de interdependência com o meio (CHAVES et al., 2012). A importância ecológica que eles exercem, sua alta diversidade e abundância nas regiões tropicais tornam este grupo um interessante objeto de estudo nos vários aspectos da sua biologia (COLE e WILSON, 1996). No entanto, entre as muitas espécies que exercem serviços ambientais nos biomas brasileiros, ainda há muita negligência quando se refere a esse conhecimento (BERNARD et al., 2012).

Os morcegos são importantes na regulação dos ecossistemas tropicais, de forma a representar de 40% a 50% das espécies de mamíferos em algumas áreas. Assim, à medida que partilham os recursos, em especial os alimentares, esses animais influenciam a dinâmica dos ecossistemas naturais, agindo como dispersores de sementes, polinizadores e reguladores de populações animais e como indicadores de níveis de alteração no ambiente (BLANCONI et al., 2004; CHAVES et al., 2012). A família Phyllostomidae se destaca nesses aspectos e apresenta muitas espécies indicadoras de níveis de perturbação de habitats e ambientes preservados (FENTON, 1992).

2 A família Phyllostomidae

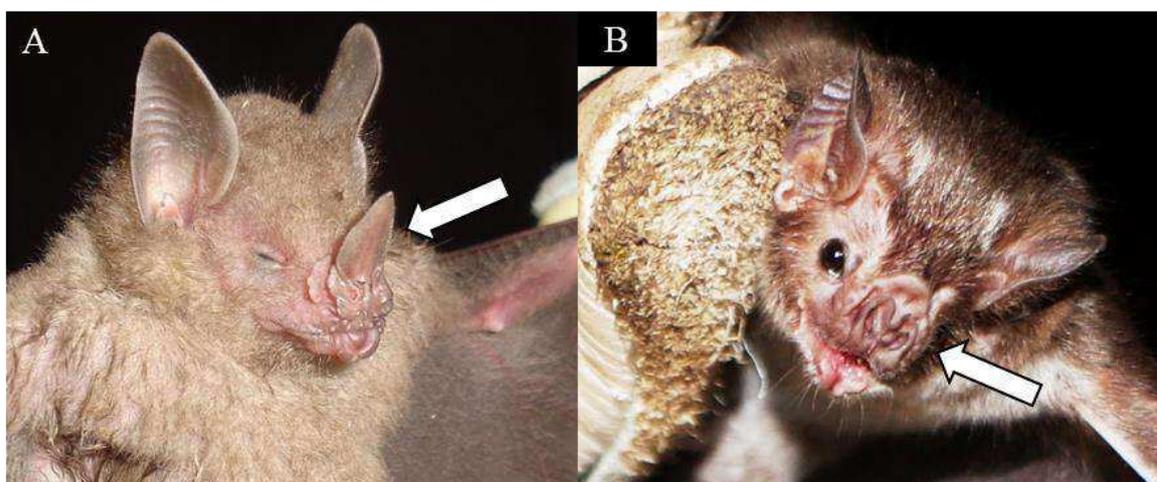
Dentre a ordem Chiroptera, a família Phyllostomidae compreende a segunda maior em número de espécies, com 60 gêneros e 216 espécies (TAYLOR e TUTTLE, 2019). Na região neotropical, destaca-se por ser a maior família e constituir a mais diversa do Brasil,

com um total de dez subfamílias, a saber: Desmodontinae, Carrollinae, Glyphonycterinae, Glossophaginae, Lonchophyllinae, Micronycterinae, Lonchorhininae, Phyllostominae, Rhinophyllinae e Stenodermatinae; 43 gêneros e 93 espécies (GARBINO et al., 2020).

Trata-se de um clado endêmico do Novo Mundo, encontrado em regiões tropicais e subtropicais, com registros desde do sudoeste do Arizona nos Estados Unidos até ao norte da Argentina (SIMMONS, 2005). Os registros fósseis mais antigos para a família datam do Mioceno e Pleistoceno na América do Sul e América do Norte (MCKENNA e BELL, 1998).

Os morcegos da família Phyllostomidae se distinguem por apresentarem uma membrana nasal em forma de lança, ou folha, na extremidade do focinho (Figura 2, A) (PERACCHI et al., 2011). Desta forma, a palavra Phyllostomidae deriva do grego: *phyllo* = folha + *stoma* = boca (SIMMONS, 2005). Esses morcegos usam a ecolocalização nasal e acredita-se que a folha nasal desempenhe um papel no direcionamento de suas chamadas amplificando-as. Sua forma e ângulo costumam ser úteis para identificação, a qual pode ser bem desenvolvida em espécies que capturam insetos, como as do gênero *Lonchorhina*, ou modificada, como na subfamília Desmodontinae (hematófagos), onde a folha se apresenta em forma de estrutura discoide, semelhante a uma ferradura (Figura 2, B) (AGUIAR, 2007; TAYLOR e TUTTLE, 2019).

Figura 2. Exemplo das espécies *Rhinophylla pumilio* (A) e *Desmodus rotundus* (B), destacando apêndice nasal de cada espécie, característica da família Phyllostomidae.



Fonte: Acervo de imagens do Laboratório de Genética e Biologia Molecular da UEMA, Campus Caxias.

Os filostomídeos frequentemente apresentam dimorfismo sexual; em alguns casos os machos são maiores do que as fêmeas, em outros o reverso também acontece. Em algumas

espécies, os machos têm ornamentações faciais carnudas que faltam às fêmeas (TAYLOR e TUTTLE, 2019). Estes são bons indicadores de qualidade ambiental ou de perturbação, já que atuam nos diversos níveis tróficos (FENTON et al., 1992). Estudos apontam os filostomídeos como indicadores de florestas intactas ou com alto grau de preservação, pois são capturados principalmente nestes locais (FENTON et al., 1992; ESTRADA e COATES-ESTRADA, 2002; GORRENSSEN & WILLIG, 2004; PETERS et al., 2006). Já outros estudos apontam que quando se trata de riqueza de espécies, não há basicamente diferenças entre esses dois tipos de ambientes (MEDELLIN et al., 2000; SATO et al., 2015).

Segundo Medellín et al. (2000), o que indica o estado de conservação de um local não é a existência de determinadas espécies, e sim, a abundância em que elas aparecem. Estudos apontam que as subfamílias Stenodermatinae e Desmodontinae são conhecidas por se adaptarem a áreas amplamente modificadas, como *Artibeus lituratus*, *Sturnira lilium* (Stenodermatinae) e *D. rotundus* (Desmodontinae) (FENTON et al., 1992; REIS et al., 2002; CLARKE et al., 2005; ORTÊNCIO et al., 2005). Por outro lado, a subfamília Phyllostominae costuma ser associada a áreas mais conservadas, como *Lophostoma silvicola* e *Lophostoma brasiliense* (FENTON et al., 1992; CLARKE et al. 2005; REIS et al. 2007).

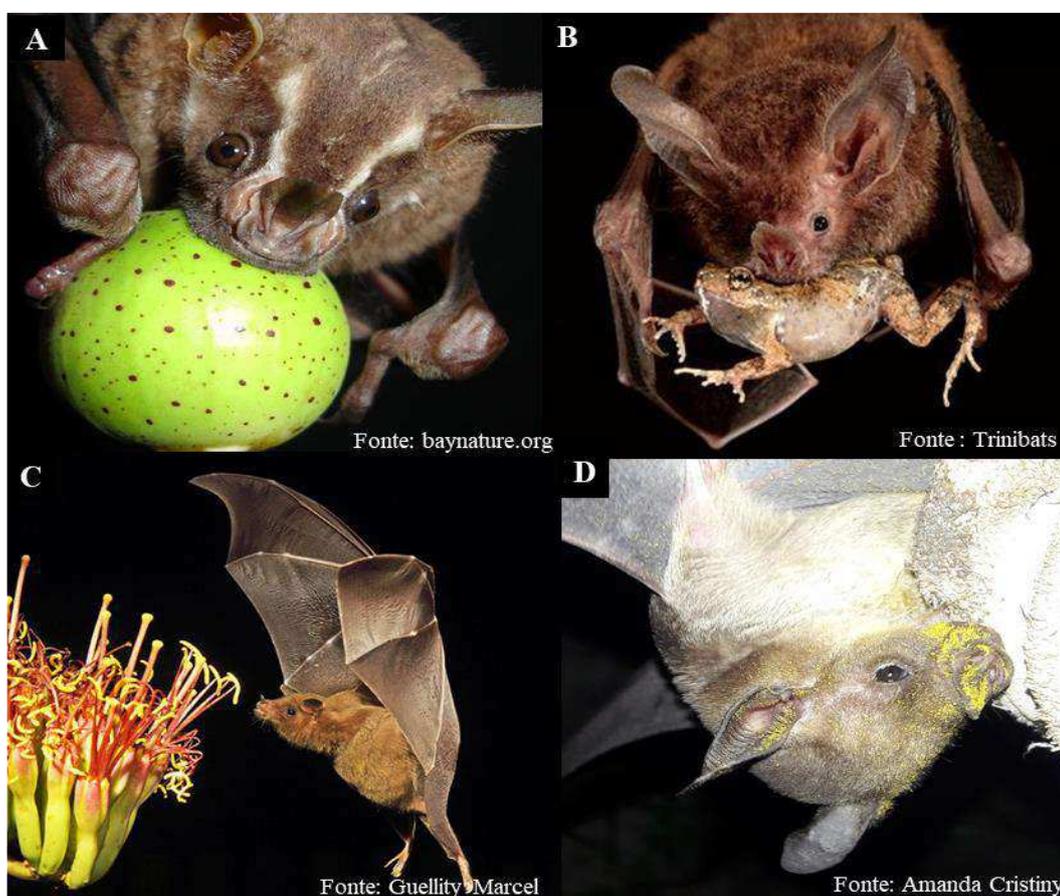
Outras espécies de Phyllostomidae também são descritas na literatura para áreas antropizadas e denotam serem espécies tolerantes a áreas perturbadas, como: *Phyllostomus discolor*, *Artibeus fimbriatus*, *Artibeus obscurus*, *Carollia brevicauda*, *Carollia perspicillata*, *Glossophaga soricina*, entre outros (EVELYN e STYLES 2003; ORTÊNCIO et al., 2005; NOGUEIRA et al. 2007).

A irradiação adaptativa dos Phyllostomidae permitiu a estes explorar os vários nichos alimentares no Novo Mundo (SMITH, 1976), exibindo uma diversidade de especializações alimentares que não encontra precedentes dentre os demais mamíferos, com grupos de espécies cujo hábito alimentar varia de insetívoros, carnívoros, frugívoros, nectarívoros, onívoros ou exclusivamente hematófagos (Figura 3) (PERACCHI et al., 2011). Apenas três espécies de morcegos se especializaram para a hematofagia: *D. rotundus*, *Diaemus youngi* e *Diphylla ecaudata* e ocorrem apenas na região neotropical. Das três espécies citadas, *D. rotundus* é a mais estudada devido a sua importância social, zoonosológica e econômica, por ser o principal agente transmissor de raiva em herbívoros (TADDEI, 1997, CHAVES et al., 2012).

Como consequência da diversidade de hábitos alimentares, é observado uma ampla variação na morfologia dos Phyllostomidae quando comparada a qualquer outra família de

mamíferos. A espécie *Vampyrum spectrum* apresenta o maior tamanho corporal entre os filostomídeos e chega a 190 g e 70 cm de envergadura (REIS et al., 2017). O número de indivíduos por abrigo é bastante variável de acordo com a espécie, com registro de espécies que formam colônias com centenas de indivíduos como em *D. rotundus* e outras que possuem tendências solitárias como *V. spectrum* (REIS et al. 2007). Abrigos com colônias de múltiplas espécies são muito comuns (SIMMONS, 2005).

Figura 3. Exemplo de espécies de morcegos Phyllostomidae de diferentes hábitos alimentares. A - *Artibeus lituratus* (Frugívoro), B - *Trachops cirrhossus* (Carnívoro), C - *Leptonycteris yababuenae* (Polinívoro/nectarívoros), D - *Phyllostomus discolor* (Onívoro).



A diversidade morfológica relacionada aos variados hábitos alimentares, tem dificultado a reconstrução da história filogenética do grupo (WATTERE et al., 2000; BAKER et al., 2003). Assim, apesar de existir uma considerável quantidade de trabalhos envolvendo a filogenia da família Phyllostomidae, algumas relações sistemáticas e taxonômicas são inconclusivas e até discordantes. Um dos fatores que propicia a dificuldade na descoberta de novas espécies são os desafios encontrados na identificação das espécies

apenas por meio da taxonomia tradicional (WATTERE et al., 2000), conseqüentemente isto tem proporcionado o uso de ferramentas moleculares que vem sendo bastante utilizados na identificação de espécies (GEURGAS e RODRIGUES, 2010), como por exemplo no auxílio da identificação de *Sturnira tilda* neste estudo, que constitui um novo registro para o estado do Maranhão.

3 Relações complexas na família Phyllostomidae

A família Phyllostomidae tem sido historicamente rearranjada inúmeras vezes, em termos de classificação (GREGORIN e TAVARES, 2008). Os autores Wattere et al. (2000) e Baker et al. (2000), conduziram alguns dos primeiros estudos fundamentados explicitamente em reconstruções filogenéticas para espécies da família Phyllostomidae. A partir daí, outros estudos foram realizados e apontaram mais problemáticas para esta família.

A dificuldade na reconstrução da história filogenética da família Phyllostomidae está relacionada diretamente a sua ampla diversidade de espécies, com variadas morfologias, o que propicia trabalhos inconclusivos e até discordantes entre alguns autores (DÁVALOS et al., 2012). As relações evolutivas discutidas na literatura já subdividiram a família em duas a 11 subfamílias (KOOPMAN 1993, 1994; BAKER et al., 2000; 2003).

Estes e outros estudos apresentaram consenso quanto a monofilia de Phyllostomidae, entretanto algumas variações quanto a posição dos gêneros nas subfamílias e mesmo no inter-relacionamento entre as subfamílias, ainda são estudadas com conseqüente variação nos arranjos classificatórios (GREGORIN e TAVARES, 2008; FLEMING e MELLO, 2020).

Dentre as 11 subfamílias reconhecidas atualmente para Phyllostomidae (FLEMING e MELLO, 2020), a subfamília Phyllostominae tem-se mostrado bastante problemática quanto aos seus arranjos taxonômicos, apresentando algumas relações filogenéticas de difícil compreensão (WETTERER et al., 2000; BAKER et al., 2003; SIMMONS, 2005; WILLIAMS e GENOWAYS, 2008; DÁVALOS et al., 2012; HURTADO e PACHECO, 2014).

Com base em estudos de diversidade genética e filogenética utilizando marcadores nucleares e mitocondriais, Baker et al. (2003), observaram que a subfamília Phyllostominae é polifilética e ao longo dos anos suas espécies já foram realocados em mais quatro subfamílias além dessa, sendo elas: Macrotinae, Micronycterinae, Lonchorhininae e Glyphonycterinae (NOGUEIRA et al., 2014; REIS et al., 2017).

A subfamília Stenodermatinae apresenta o maior número de espécies da família Phyllostomidae e conflitos na identificação morfológica são comuns para muitos de seus gêneros, como: *Artibeus*, *Sturnira*, *Platyrrhinus* e *Vampyressa*. Tais conflitos deve-se ao fato desses gêneros apresentarem muitas semelhanças compartilhadas entre as espécies, constituindo assim, em alguns casos, complexos de espécies (REDONDO, 2008; PERACCHI et al., 2011). Além dos exemplos citados, conflitos semelhantes também são comuns nos gêneros das subfamílias Carollinae, Desmodontinae, Rhinophyllinae e Lonchophyllinae (HOFFMANN e BAKER, 2003; MARTINS et al., 2007; REIS et al., 2017).

Alguns estudos de diversidade molecular relataram a existência de espécies crípticas para Phyllostomidae, como observado para os gêneros *Desmodus*, *Sturnira*, *Artibeus*, *Phylloderma*, *Carollia* e *Gardnerycteris* que exibiram mais de uma linhagem em suas espécies (PACHECO e PATTERSON, 1991; MARQUES-AGUIAR, 1994; GUERRERO, 2004; MARTINS et al., 2007; CLARE et al., 2007; REDONDO, 2008; CLARE et al., 2011; DINELLI, 2013; HURTADO et al. 2014).

Desse modo, novos estudos têm sido realizados a fim de compreender melhor os limites entre as espécies de morcegos, e contribuir para o entendimento da diversidade e preservação das mesmas. Para tal, a aplicação de métodos moleculares é cada vez mais utilizado na identificação e delimitação de espécies, por sua capacidade de detectar padrões de subdivisão filogenética e espécies crípticas, muitas vezes não mensuradas em análises apenas por meio da morfologia (GEURGAS e RODRIGUES 2010).

O gene Citocromo C Oxidase Subunidade I (COI) representa o *DNA Barcode* e constitui um dos métodos bastante utilizados para estudar a diversidade genética de espécies e devido a isso foi proposto como um sistema universal de identificação e delimitação de espécies animais (HEBERT et al., 2004). A identificação de espécies crípticas e a ampliação da diversidade de morcegos aumentaram de forma considerável com auxílio do *DNA Barcode* (CLARE et al., 2007; 2011; OLIVEIRA, 2016).

Clare e colaboradores (2007) utilizaram o *DNA Barcode* em 87 espécies de morcegos procedentes da Guiana e observaram que 81 dessas mostraram baixa variação intraespecífica e, seis espécies apresentaram linhagens intraespecíficas profundamente divergentes, sugerindo que representam um complexo de espécies. Clare e colaboradores (2011) examinaram a diversidade de 163 espécies de morcegos da região Neotropical utilizando o *DNA Barcode*, entre essas, foram identificados 44 casos de linhagens intraespecíficas

distintas e bem suportadas, o que poderia sugerir a presença de espécies crípticas, sendo a maioria representada por morcegos Phyllostomidae.

Visto que a família Phyllostomidae apresenta relações complexas de parentesco, com presença de complexos ainda não resolvidos, é imprescindível estudos moleculares para uma maior compreensão da diversidade de suas espécies. Tal afirmação justifica-se pelo fato de que o reconhecimento de clados podem ter escapado da identificação taxonomia tradicional, devido a sua convergência morfológica, com presença de complexos de espécies e na resolução de relações filogenéticas, como observado em alguns estudos (YU et al., 2000; LARSEN et al., 2012; TEELING et al., 2005; CLARE et al., 2007; 2011).

No capítulo 2 será abordado sobre uma nova ocorrência de *S. tildae* para o estado do Maranhão, a qual foi encontrada durante expedições em Cândido Mendes, bioma Amazônia, no referido estudo. O capítulo 3 será trabalhado a diversidade genética de morcegos da família Phyllostomidae em fragmentos dos biomas da Amazônia, Cerrado e Caatinga brasileira, utilizando o *DNA Barcode*. Este estudo ainda objetivou verificar a existência de espécies crípticas e complexos de espécies para a família Phyllostomidae, na área deste estudo, que são bastante incipientes. Além disso, foi discutido indícios de impacto e/ou conservação ambiental, o que propiciará informações para um melhor monitoramento e preservação da diversidade de morcegos e das áreas estudadas. O capítulo 4 refere-se a biologia, morfologia, morfometria e confirmação genética por DNA barcode de espécies de morcegos Phyllostomidae coletados nos biomas Cerrado e Amazônia maranhenses.

4 OBJETIVOS

4.1 Objetivo geral

- ✓ Caracterizar a diversidade de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga.

4.2 Objetivos específicos

- ✓ Registrar novas ocorrências de Phyllostomidae;
- ✓ Caracterizar os morcegos da família Phyllostomidae utilizando DNA mitocondrial;
- ✓ Verificar a existência de diferentes linhagens e/ou complexos de espécies para a família Phyllostomidae mediante diferentes testes de delimitação de espécies;

- ✓ Inferir quanto ao grau de conservação da área estudada com base na diversidade de espécies;
- ✓ Revelar as espécies de morcegos da família Phyllostomidae de ocorrência nos biomas Cerrado e Amazônia maranhenses.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, L. M. S. Subfamília Desmodontinae. In: REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. (eds) **Morcegos do Brasil**. Technical Books, Londrina, Paraná, p 39-43, 2007.

BAKER, R. J.; HOOFER, S. R.; PORTER, C. A.; et al. Diversification among New World Leaf- Nosed Bats: an evolutionary hypothesis and classification inferred from digenomic congruence of DNA sequence. **Occasional Papers of the Museum of Texas Tech University**. Lubbock, v. 230, p.1-32. 2003.

BAKER, R. J.; PORTER, C. A.; PATTON, J. C.; VAN DEN BUSSCHE, R. A. Systematics of bats of the family Phyllostomidae based on RAG2 DNA sequences. **Occasional Papers of the Museum of Texas Tech University**, v. 202, p. 1-16, 2000.

BERNARD, E.; AGUIAR, L. M. S.; BRITO, D.; et al. Uma análise de horizontes sobre a conservação de morcegos no Brasil. In: **Mamíferos do Brasil. Genética, Sistemática, Ecologia e Conservação**, vol. II (ed. T. R.O Freitas & E. M. Vieira). Rio de Janeiro. Sociedade Brasileira de Matozologia, p. 19-35, 2012.

BERNARD, E.; TAVARES, V.C.; SAMPAIO, E. Updated compilation of bat species (Chiroptera) for the Brazilian Amazonia. **Biota Neotropica**, v. 11, n. 1, 2011.

BLANCONI, G. V.; MIKICH, S. B.; PEDRO, W. A. Diversidade de morcegos (Mammalia, Chiroptera) em remanescentes florestais do Município de Fênix, Noroeste do Paraná, Brasil. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 21, n. 4, p 943-945, 2004.

CHAVES, P. M. R.; FRANCO, P. A. D.; PEREIRA, V. C. R. Diversidade de morcegos (Mammalia, Chiroptera) em gruta de formação calcária localizada na Fazenda Cantinho, Município de Formosa – Goiás (GO). **Revista Meio Ambiente e Sustentabilidade**, vol.1, n.1, 2012.

CLARKE, F.M.; ROSTANT, L.V. & RACEY, P.A. Life after logging: post-logging recovery of a Neotropical bat community. **Journal of Applied Ecology**, n. 42, p. 409-420, 2005.

CLARE, E. L., LIM, B. K., FENTON, M. B., et al. Neotropical bats: estimating species diversity with DNA barcodes. **PLoS ONE**, v. 6, n. 7, p. 322-648, 2011.

CLARE, E. L.; LIM, B. K.; ENGSTROM, M. D.; EGER, J. L.; HEBERT, P. D. N. DNA barcoding of neotropical bats: species identification and discovery within Guyana. **Molecular Ecology Notes**, n. 7, p. 184–190, 2007.

COLE, F. R.; WILSON, D. E. Mammalian diversity and natural history. In: WILSON, D.E.; COLE, F.R.; NICHOLS, J.D.; RUDRAN, R.; FOSTER, M.S. (Eds.). **Measuring and monitoring biological diversity. Standard methods for mammals**. Washington, Smithsonian Institution Press, n. 409, p. 9-39, 1996.

DÁVALOS, L. M., CIRRANELLO, A. L.; GEISLER, J. H., et al. Understanding phylogenetic incongruence: lessons from phyllostomid bats. **Biological Reviews**, n. 87, p. 991–1024, 2012.

DINELLI, L. L. **Três espécies crípticas em *Sturnira lilium* (Chiroptera: Phyllostomidae): evidências baseadas no genoma mitocondrial**. 2013. 66 p. Dissertação (Mestre em (Biologia Animal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória, 2013.

ESTRADA, A.; COATES-ESTRADA, R. Bats in continuous forest, forest fragments and in an agricultural mosaic habitat island at Los Tuxtlas, Mexico. **Biological Conservation**, n. 103, p. 237-245, 2002.

EVELYN, M. J., e D. A. STILES. Roosting requirements of two frugivorous bats (*Sturnira lilium* and *Artibeus intermedius*) in fragmented neotropical forest. **Biotropica**, n. 35, p. 405–418, 2003.

FENTON, M. B., L. ACHARYA, D. AUDET, M.B.C. HICKEY, C. MERRIMAN, M.K. OBRIST; D.M SYME. Phyllostomid bats (Chiroptera: Phyllostomidae) as indicators of habitat disruption in the Neotropics. **Biotropica**, n. 24, p. 440 – 446, 1992.

FLEMING, T.H., DÁVALOS, L.M. & MELLO, M.A.R. **Phyllostomid bats: a unique mammalian radiation**. The University of Chicago Press, Chicago; London, 489pp, 2020.

GARBINO, G.S.T., GREGORIN, R., LIMA, I. P., LOUREIRO, L., MORAS, L.M., MORATELLI, R., NOGUEIRA, M.R., PAVAN, A.C., TAVARES & PERACCHI, V.C. Updated checklist of Brazilian bats: versão. **Comitê da Lista de Morcegos do Brasil-CLMB. Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros (Sbeq)**. 2020. Disponível em: <https://www.sbeq.net/lista-de-especies/> (acessado em: 01/05/2021).

GUERRERO, J. A. DE LUNA, E. GONZÁLEZ, D. Taxonomic status of *Artibeus jamaicensis* triomylus inferred from molecular and morphometric data. **Journal Mammalogy**, v. 85, n. 5, p. 866-874, 2004.

GEURGAS, S. R.; RODRIGUES, M. T. The hidden diversity of *Coleodactylus amazonicus* (Sphaerodactylinae, Gekkota) revealed by molecular data. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, n. 54, p. 583–593, 2010.

GORRENSEN, P.M.; WILLIG, M.R. Landscape responses of bats to habitat fragmentation in Atlantic forest of Paraguay. **Journal of Mammalogy**, v. 85, n. 4, p. 688-697, 2004.

GREGORIN R.; TAVARES, V. C. Sistemática de morcegos no Brasil: história e perspectivas. In: PACHECO, S.; FABIÁN, M.; ESBÉRARD, C. (Org.). **Morcegos no Brasil: Biologia, Sistemática, Ecologia e Conservação**. P. 59-68. Porto Alegre: Armazém Digital. 2008.

HEBERT, P. D. N.; PENTON, E. H.; BURNS, J. M.; JANZEN, D.H.; HALLWACHS, W. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. **PNAS**, n. 101, p. 14812–14817, 2004.

HOFFMANN, F. G.; BAKER, R. J. Comparative phylogeography of short-tailed bats (Carollia: Phyllostomidae). **Molecular Ecology**, v. 12, n. 12, p. 3403-14, 2003.

HURTADO, I. N.; ARIAS, E.; PACHECO, V. Redescription of *Mimon koepckeae* (Chiroptera: Phyllostomidae). **Zoologia**, v. 31, n. 4, p. 377–388, 2014.

HURTADO, N.; PACHECO, V. Análisis filogenético del género *Mimon* Gray, 1847 (Mammalia, Chiroptera, Phyllostomidae) con la descripción de un nuevo género. **THERYA**, v. 5, n. 3, p. 751-791, 2014.

KOOPMAN, K. F. Chiroptera: Systematics. **Handbook of Zoology**, v. 8, Part 60: Mammalia., 1994.

KOOPMAN, K.F. Order Chiroptera. In: WILSON, D. E.; REEDER, D. M. (Eds.) **Mammal Species of the World: a Taxonomic and Geographic Reference**. 2.ed. Washington: Smithsonian Institution Press, p. 137-241, 1993.

JORGE, T. M. R.; SILVA, A. V. C.; FILHO, H. O. Interação morcego-planta: uma análise cienciométrica de estudos no Brasil. **Interfaces Científicas - Saúde e Ambiente**, Aracaju, v. 6, n. 1, p. 43 – 52, 2017.

LARSEN, R.J.; KNAPP, M.C.; GENOWAYS, H.H.; KHAN, F.A.A.; LARSEN, P.A.; WILSON, D.E.; BAKER, R.J. Genetic Diversity of Neotropical Myotis (Chiroptera: Vespertilionidae) with an Emphasis on South American Species. **Plos One**, v.7, p. 9, 2012.

MARQUES-AGUIAR, S. A. A systematic review of the large species of *Artibeus* Leach, 1821 (Mammalia: Chiroptera) with some phylogenetic inferences. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi (Zoologia)**, v. 10, n. 1, p. 3-83, 1994.

MARTINS, F. M.; DITCHFIEL, A. D.; MEYER, D.; MORGANTE, J. S. Mitochondrial DNA phylogeography reveals marked population structure in the common vampire bat, *Desmodus rotundus* (Phyllostomidae). **Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research**, v.45, [s.n.] p. 372-378, 2007.

MEDELLIN, R.A.; EQUIHUA, M., AMIN, M.A. Bat diversity and abundance as indicators of disturbance. In: Neotropical rainforests. **Conservation Biology**, n. 14, p. 1666-1675, 2000.

MCKENNA, C. M. BELL, S. K. **Classification of mammals above the species level**. New York, Columbia University, p. 631, 1998.

NORBERG, U. M. Wing design, flight performance and habitat use in bats. In: Wainwright P. C.; Reilly, S. M. (Eds.) **Ecological Morphology: Integrative Organismal Biology**. Chicago: The University of Chicago Press, p. 205–239, 1994.

NOGUEIRA, M. R.; LIMA, I. P.; MORATELLI, R.; TAVARES, V. C.; GREGORIN, R.; PERACCHI, A. L. Checklist of Brazilian bats, with comments on original records. *Journal of species lists and distribution*. **Check list**, v.10, n. 4, 2014.

NOGUEIRA, M.R., DIAS, D.; PERACCHI, A.L. Subfamília Glossophaginae. In **Morcegos do Brasil** (N.R. Reis, A.L. Peracchi, W.A. Pedro e I.P. Lima, eds). Nelio R. dos Reis, Londrina, p.45-60, 2007.

ORTÊNCIO FILHO, H.; REIS, N. R.; PINTO, D.; VIEIRA, D. C. Aspectos reprodutivos de *Artibeus lituratus* (Phyllostomidae) em fragmentos florestais na região de Porto Rico, Paraná, Brasil. **Chiroptera Neotropical**, v. 13, n. 2, p. 313-318, 2007.

OLIVEIRA, R. C. **Diversidade de espécies de morcegos (Mammalia: Chiroptera) na Amazônia brasileira**. 2016. 67 p. Dissertação (Mestre em Genética, Conservação e Biologia Evolutiva) -Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia- Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas, 2016.

PACHECO, V.; PATTERSON, B. D. Phylogenetic relationships of the New World bat genus *Sturnira* (Chiroptera: Phyllostomidae). **Bulletin of the American Museum of Natural History**, n. 206, p. 101- 121, 1991.

PERACCHI, A. L.; LIMA, I. P.; REIS, N. R.; NOGUEIRA, M, R.; FILHO, H. O. Ordem Chiroptera. In: REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. **Mamíferos do Brasil**. 2ª ed. Londrina: N. R. REIS, p. 155-234, 2011.

PETERS, S.L.; MALCOLM, J.R.; ZIMMERMAN, A.B.L. Effects of selective logging on bat communities in the southeastern Amazon. **Conservation Biology**, v. 20, n. 5, p. 1410-1421, 2006.

REDONDO, R. A. et al. Molecular systematics of the genus *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 49, n. 1, p. 44-58, 2008.

REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; BATISTA, C. B., et al. **História Natural dos morcegos brasileiros: chave de identificação de espécies**. Rio de Janeiro: Technical Books, 416 p., p. 196- 202, 2017.

REIS, N.R dos; PERACCHI, A. L; PEDRO, W. A; LIMA, I. P. Sobre Morcegos do Brasil. In: **Morcegos do Brasil**. Londrina: edição do autor, p.18-19, 2007.

REIS, N.R.; PERACCHI, A. L.; LIMA, I. P. Morcegos da bacia do rio Tibagi. In: MEDRI, M. E.; BIANCHINI, E.; SHIBATTA, O. A.; PIMENTA, J. A. (Eds.). **A bacia do rio Tibagi**. Londrina: p. 251-270, 2002.

SATO, T. M.; CARVALHO-RICARDO, M. C. UIEDA, W.; PASSOS, F. C. Estrutura da comunidade de morcegos (Mammalia, Chiroptera) da Estação Experimental de Itirapina, estado de São Paulo, Brasil. **Papéis avulsos de Zoologia: Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo**, v. 55, n. 1, p. 1-11, 2015.

SIMMONS, N. B. Order Chiroptera. In: WILSON, D. E. e REEDER, D. M. (Eds.) **Mammals species of the world: a taxonomic a geographic reference**. 3^oed. v.1. Baltimore: Johns Hopkins University Press. p. 312-529, 2005.

SMITH, J. D. Chiropteran Evolution. In: Biology of Bats of the New World Family Phyllostomidae, Part I (Baker RJ, Jones JK Jr and Carter DC, eds.). **Spec. Publ. Mus. Texas Tech Univ.**, Lubbock, p. 49-69, 1976.

TADDEI, V. A. **Taxonomia de morcegos. Biológico**, São Paulo, n. 59, p. 89-92, 1997.

TAYLOR M.; TUTTLE M, D. **BATS**: an illustrated guide to all species. ed 4. China: science editor & photographer, 2019.

TEELING, E.C; SPRINGER, M.S; MADSEN, O.; BATES, P.; O'BRIEN, S.J.; MURPHY, W.J. A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. **Science**, n. 307, p. 580-584. 2005.

YU, N.; ZHENG, C.; ZHANG, Y.; LI, W. Molecular systematics of Pikas (Genus Ochotona) inferred from mitochondrial DNA sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, n. 16, p. 85-95. 2000.

WETTERER, A. L.; ROCKMAN, M. V.; SIMMONS, N. B. Phylogeny of Phyllostomid bats (Mammalia: Chiroptera): data from diverse morphological systems, sex chromosomes, and restriction sites. **Bulletin of the American Museum of Natural History**. New York, n. 248, p. 1-200, 2000.

WILLIAMS, S. L.; GENOWAYS, H. H. Subfamily Phyllostominae Gray, 1825. In Gardner, A.L. (ed.). **Mammals of South America, v 1: Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats**. Chicago and London: The University of Chicago Press. p. 255–300, 2008.

CAPÍTULO 2: Occurrence of *Sturnira tildae* De La Torre, 1959 (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) in the state of Maranhão, Brazil

Artigo aceito em Papéis Avulsos de Zoologia – ISSN 1807-0205 online | 0031-1049 print

| Fator de Impacto: 0.93

Occurrence of *Sturnira tildae* De La Torre, 1959 (Chiroptera: Phyllostomidae) in the state of Maranhão, Brazil

Amanda Cristiny da Silva Lima^{1,5}; Cleison Luís da Silva Costa^{2,6}; Samira Brito Mendes^{3,7}; Fabio Henrique Souza Cardoso^{1,8}; Bruno Augusto Torres Parahyba Campos^{2,9}; Elmary Costa Fraga^{4,10} & Maria Claudene Barros^{4,11}

¹ Universidade Estadual do Maranhão (UEMA), Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. São Luís, MA, Brasil.

² Universidade Estadual do Maranhão (UEMA), Centro de Estudos Superiores de Caxias (CESC), Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade Meio Ambiente e Saúde. Caxias, MA, Brasil.

³ Universidade Estadual do Maranhão (UEMA), Programa de Pós-Graduação da Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal – BIONORTE. São Luís, MA, Brasil.

⁴ Universidade Estadual do Maranhão (UEMA), Centro de Estudos Superiores de Caxias (CESC), Departamento de Química e Biologia (DQB), Laboratório de Genética e Biologia Molecular. Caxias, MA, Brasil.

⁵ ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-6202-8058>. E-mail: amanda01cristiny@outlook.com

⁶ ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-1717-9994>. E-mail: cleison-costa@outlook.com

⁷ ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-0291-6859>. E-mail: mendesbrito25@gmail.com

⁸ ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-6446-1031>. E-mail: fabiohenrique16s@hotmail.com

⁹ ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-5586-2597>. E-mail: atpcampos@gmail.com

¹⁰ ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-8062-0338>. E-mail: elmaryfraga@yahoo.com.br

¹¹ ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-9055-1911>. E-mail: mbdene@yahoo.com.br (corresponding author)

Abstract. The bat genus *Sturnira* is widely distributed in the Neotropical region, from northwestern Mexico to northern Argentina, and four species occur in Brazil: *Sturnira lilium*, *Sturnira giannae*, *Sturnira magna*, and *Sturnira tildae*. The present study is the first to record *Sturnira tildae* in the state of Maranhão, Brazil, based on morphological and molecular diagnoses. The specimen was identified based on its cranial and morphometric traits. The diagnostic traits include discreetly bilobed inner upper incisors with a broad base, lower first and second molars with lingual cusps separated by shallow grooves, and forearm longer than 45 mm. The molecular sequences of Cytochrome C Oxidase Subunit 1 (COI) and 16S rRNA genes confirmed the morphological identification and thus the occurrence of *Sturnira tildae* in the Amazon biome of Maranhão. This record represents an eastward extension of the known distribution of the species in the Amazonia, to Cândido Mendes, Maranhão, within an area dominated by dense rainforest and influenced by tides.

Keywords. 16S rRNA; Amazon; COI; DNA barcode; Range extension; Stenodermatinae.

INTRODUCTION

Brazil has is the country with the third richest bat fauna in the world, with 181 species (including eight endemics) representing 68 genera and nine families (Garbino *et al.*, 2020; Velazco 2021). Much of this diversity is found in the Amazon biome, which is home to most of the species known to occur in Brazil (Bernard *et al.*, 2011). In this scenario, the Amazon of Maranhão, in the eastern extreme of the biome, is one of the Amazonian regions that have a fragmented distribution of bat species records, but which are gradually a number of recent studies have provided important insights into the distribution of chiropterans in this region (Bernard *et al.*, 2011; Oliveira *et al.*, 2011; Olímpio

et al., 2016; Lima *et al.*, 2018; Olímpio *et al.*, 2018; Mendes *et al.*, 2020).

Bats of the family Phyllostomidae are the most ecologically diverse group of mammals, and the second most speciose mammalian family, with 216 recognized species (Taylor & Tuttle, 2019). In recent years, a number of studies reporting the fauna of poorly-known areas associated with phylogenetic analyses, have advanced the scientific understanding of phyllostomid diversity, including the discovery of new species and the expansion of the inventories available for many genera, such as *Sturnira* (Miretzki *et al.*, 2002).

The phyllostomid genus *Sturnira* has a wide distribution in the Neotropical region, occurring from Mexico to northern Argentina (Gardner,

Pap. Avulsos Zool., 2021; v.61: e202161##

<http://doi.org/10.11606/1807-0205/2021.61.##>

<http://www.revistas.usp.br/paz>

<http://www.scielo.br/paz>

Edited by: Luís Fábio Silveira

Received: 28/06/2021

Accepted: 22/07/2021

Published: ##/##/2021

ISSN On-Line: 1807-0205

ISSN Printed: 0031-1049

ISNI: 0000-0004-0384-1825



2008). *Sturnira* is the most speciose phyllostomid genus, with 23 recognized species (Fleming *et al.*, 2020), of which, four occur in Brazil – *Sturnira lilium* (Geoffroy, 1810), *Sturnira giannae* Velazco & Patterson, 2019, *Sturnira magna* De La Torre, 1966 and *Sturnira tildae* De La Torre, 1959 (Garbino *et al.*, 2020). *Sturnira tildae* is found in Brazil, Colombia, Ecuador, the Guianas, Peru, Bolivia, Trinidad and Tobago, and Venezuela (Simmons, 2005; Gardner, 2008). In Brazil, this species has been recorded in the states of Amapá, Amazonas, Pará, Acre, Tocantins, Ceará, Pernambuco, Bahia, Mato Grosso, Goiás, Mato Grosso do Sul, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, and Santa Catarina (Martins *et al.*, 2020).

Relatively few data are available on the diet or reproductive patterns of *S. tildae*, but this bat is assumed to be an important seed disperser, which contributes to the regeneration of forested areas (Simmons, 2005; Gardner, 2008). *S. tildae* shares a number of external characteristics with the other members of the genus, such as the lack of a tail, narrow and hairy interfemoral membrane, small ears, a small, broad nasal leaf, and posterior members and feet hairy, as far as the claws (Peracchi *et al.*, 2011). The color of the pelage varies from tones of yellow to brown, with some males having tufts of orangish or dark reddish-brown hair on the shoulders (Reis *et al.*, 2017).

The external measurements of *S. tildae* are similar to *S. lilium*, although *S. lilium* tends to be smaller (Gardner, 2008). Some studies point to the possibility of identification errors of identification related to the morphological similarities of these species and the overlap in their geographic distributions (Miretzki *et al.*, 2002; Sampaio *et al.*, 2016; Velazco & Patterson, 2017; Martins *et al.*, 2020). In areas that are in sympatry, *S. lilium* differs from *S. tildae* only by dental and morphometric characteristics (Simmons & Voss, 1988; Martins *et al.*, 2020). The present study uses morphological and molecular data to report on a new record of *S. tildae* from the state of Maranhão, which extends the known geographic distribution of the species in Brazil.

MATERIAL AND METHODS

Bats were collected in June 2016 in a fragment of forest located within the Amazon biome of the Brazilian state of Maranhão, in the municipality of Cândido Mendes. Specimen collection followed the protocol of Pacheco (2004) and permits were duly provided by the Brazilian federal agency for the environment (IBAMA/SISBIO permit number 42670-3). The vegetation of the study region is dense rainforest typical of the Amazon biome, and it has a humid equatorial climate, as well as being influenced by the tides of the Maracaçumé River, which crosses the town of Cândido Mendes (Bandeira, 2013).

The specimen described here was collected using a 3 m high and 12 m long mist-net, with a 25 mm mesh. The age of the specimen was determined in the field based on the ossification of the phalangeal epiphyses, and its

sex and reproductive status were also recorded (Brunet & Austad, 2004). The specimen was photographed, euthanized, labeled, and stored on ice for transportation to the Genetics and Molecular Biology Laboratory (GENBIMOL) of Universidade Estadual do Maranhão (UEMA) in Caxias, Maranhão, where it was weighed and measured, and a sample of a muscle tissue was extracted, which was stored in ethanol 70° for the molecular analyses.

The skull was extracted through the buccal aperture. Once clean, the skull was clarified with 10% peroxide and dried in a stove at 30°C, after which, it was labeled and stored in a clean recipient. The specimen was fixed in formaldehyde and preserved in ethanol, and is presently in the UEMA Genetics and Molecular Biology Laboratory, on the Caxias campus of UEMA, awaiting transfer to the mammal collection of the Federal University of Paraíba, in João Pessoa, Brazil, where it will be deposited. The specimen was identified based on its external traits and craniometric measurements, following Vizzoto & Taddei (1973), Simmons & Voss (1998), and Reis *et al.* (2013, 2017). Measurements taken include the length of right and left forearms, ear, tragus, foot, greatest length of the skull, basal length and condylobasal length, width of the brain case and the mastoid, zygomatic width, the length of the upper tooth row, and the width across the molars (Table 1). Body mass, after the specimen had been dead for hours, was determined using a precision balance after euthanasia of the specimen.

The total DNA was extracted from the muscle tissue using Promega's Wizard Genomic DNA Purification kit, following the default protocol. Two mitochondrial genes, Cytochrome C Oxidase Subunit 1 (COI) and rRNA 16S, were amplified by Polymerase Chain Reaction (PCR) using the primers LCO-1490 and HCO-2198 for the COI gene (Folmer *et al.*, 1994) and L1987 and H2609 for the rRNA 16S (Palumbi *et al.*, 2002). The samples were sequenced by the dideoxyterminal method of Sanger *et al.* (1977) in an ABI Prism™ 3500 (Applied Biosystems, USA) automatic DNA sequencer, using the Big Dye kit. The sequences were edited and aligned in BIOEDIT 7.0 (Hall, 1999), with the genetic divergence matrices being compiled in MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) using the Kimura 2-parameter algorithm. The sequences were plotted in the BOLD Systems v4 (www.boldsystems.org) and BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) platforms to confirm their identification and determine their degree of similarity with sequences of other *Sturnira* species.

RESULTS

We collected an adult female *S. tildae* (field number: RRM 117, voucher: xxx) in June 2016 from a farm located within the urban perimeter of the town of Cândido Mendes (01°27'21"S, 45°43'32"W), in the Amazon biome, within an area containing remnants of rainforest. The length of the right forearm was 45.77 mm, while its left forearm was 46.34 mm. The length of ear of the specimen was 12.95 mm, the tragus 5.46 mm, and the foot 12.45 mm. The specimen was a non-lactating which

Table 1. Craniometric measurements (in mm) of the *Sturnira tildae* specimen from Cândido Mendes, Maranhão, Brazil (present study), together with the values recorded from specimens of the same species from Recife (Pernambuco), Morretes (Paraná), and French Guiana.

Measurements (mm)	Present study	Martins et al. (2020)	Miretzki et al. (2002)	Simmons & Voss (1998)	
	Cândido Mendes	Recife	Morretes	French Guiana	
	Female (n=1)	Female (n=1)	Male (n=1)	Female (n=13)	Male (n=11)
Length of the skull	23.6	23.6	—	—	—
Basal length	18	—	18.5	—	—
Condylbasal length	21.6	22.6	21.71	21.26	21.65
Length of upper tooth row	7.1	7.6	7.10	6.87	6.81
Postorbital width	6.2	6.5	6.55	6.16	6.21
Width of the mastoid	11.9	—	12.92	12.76	12.96
Zygomatic width	14	—	14.80	14.15	14.37
Width of the braincase	10.1	10.2	10.96	10.80	10.94
Width across the molars	8	7.9	—	8.21	8.02

had ectoparasites, orange-brown pelage, with the venter paler than the dorsum, and dark hairs around the eyes (Fig. 1).

Sturnira tildae was also identified based on the following set of morphological cranial traits: small brain case and broad, high rostrum, slightly bilobed upper incisors with a wide base and narrower points, and first and second lower molars with lingual cusps separated by shallow grooves with no vertical border (Fig. 2A-D and Table 1).

The present study provides the first record of *S. tildae* from the Brazilian state of Maranhão, and only the fifth for the Brazilian Northeast geographic region (two from Bahia state – Faria & Baumgarten, 2007; Faria, 2006, one from Pernambuco; Martins et al., 2020 and one from Ceará – Novaes & Laurindo, 2014). The geographically closest locality to Cândido Mendes with records of *S. tildae* is Santa Barbara, in the neighboring state of Pará, which is ca. 280 km due west (Fonseca, 2006). There is also a record from the municipality of Muaná, in Pará (Marques-Aguiar et al., 2002), which is 402 km west of Cândido Mendes. Both these localities are within the Amazon biome. South of Maranhão, the nearest locality is in the municipality of Goiatins, in Tocantins state (Maas et al., 2018), which is 724 km to the south, in the Cerrado savanna biome, while the nearest record to the east is from the municipality of Barbalha, in Ceará state,

**Figure 1.** *Sturnira tildae* (female, RRM 117) collected em Cândido Mendes, in the Amazon biome of Maranhão state, Brazil.

at a distance of 967 km, in the Caatinga biome (Novaes & Laurindo, 2014) (Fig. 3). The present study extends the known distribution of *S. tildae* to the eastern extreme of the Amazon biome.

The sequence of the rRNA 16S gene obtained from the specimen analyzed in the present study diverged by 0.4% from those of *S. tildae* from French Guiana and by 4.8% from *S. liliium*. The BLAST search identified a genetic similarity of 100% with *S. tildae* from French Guiana. In the case of the COI gene sequences, intraspecific genetic divergence between the study specimen and sequences from French Guiana, Surinam, Ecuador, and Guyana was 0.92-1.58%, while it was 11.8% in relation to *S. liliium*. In the BOLD Systems platform, the sequence returned a similarity of 99.09% with *S. tildae* from French Guiana (Table 2). These results are consistent with the morphological and craniometric identification of the specimen, and confirm the occurrence of *S. tildae* in the Amazon biome of Maranhão state.

DISCUSSION

In the present study, the cranial and morphological measurements of the specimen, are typical of *S. tildae*, as defined by De La Torre (1959), Simmons & Voss (1998), Miretzki et al. (2002), López-Baucells et al. (2016), Velazco & Patterson (2019), and Martins et al. (2020). The cranial and dental measurements of the specimen (skull, basal, and condylbasal lengths, the length of the upper tooth row, and the postorbital and zygomatic widths, the width of the braincase, and the width across the molars) are all very similar to those of the *S. tildae* specimens collected in Recife, Pernambuco (Martins et al., 2020) and Morretes, Paraná (Miretzki et al., 2002). This indicates that differences due to the geographic or sexual variation are negligible.

The species *S. tildae* has great morphological similarities with *S. liliium*, making identification difficult. (Simmons & Voss, 1998). A number of diagnostic traits can nevertheless be used to distinguished the two taxa, including the length of the forearm, which exceeds 45 mm in *S. tildae*, but never exceeds this value in *S. liliium* (Simmons & Voss, 1998; Reis et al., 2013, 2017; Martins

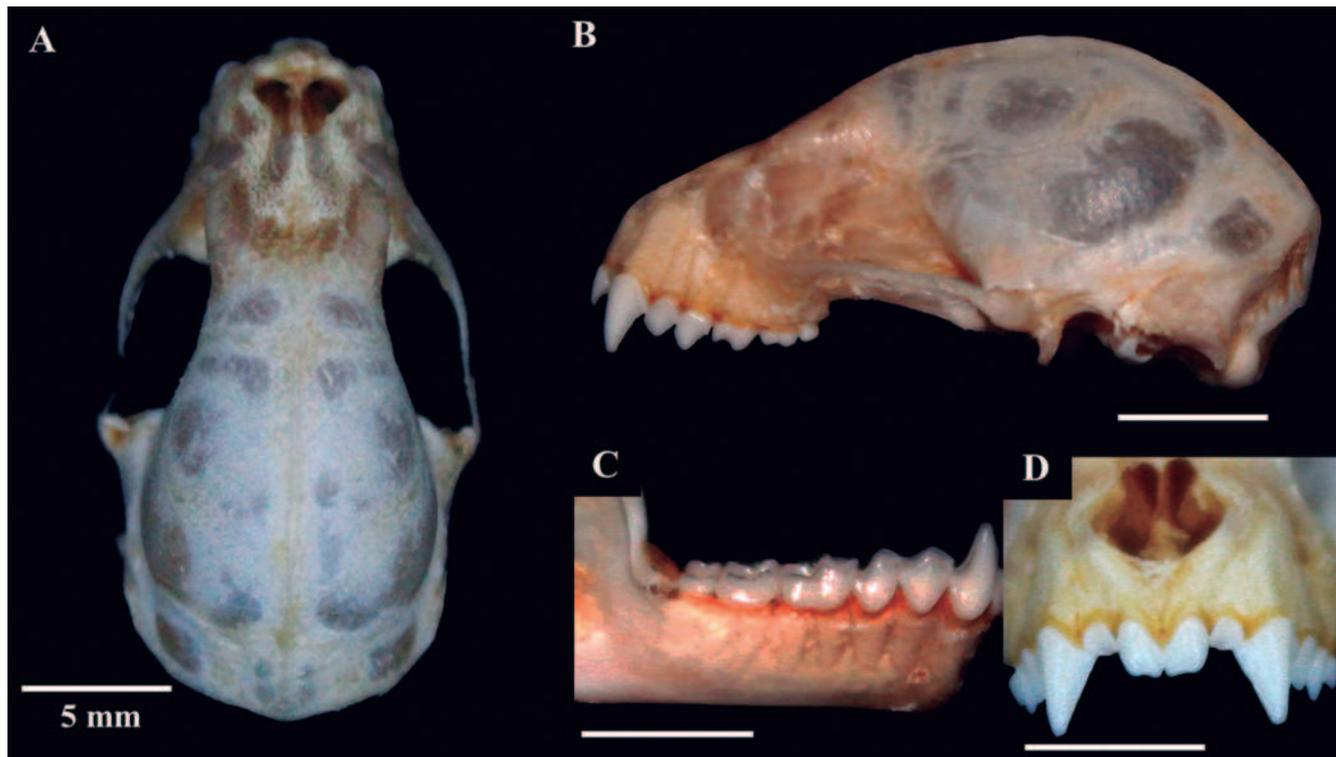


Figure 2. Skull of *Sturnira tildae* (RRM 117). (A) dorsal view showing the small braincase; (B) lateral view showing the broad, elongated rostrum; (C) lateral view of the mandible showing the first and second molars with lingual cusps separated by shallow grooves; (D) frontal view of the upper incisors, showing the slightly bilobed internal incisors with a wide base. Scale bar: 5 mm. Source: Olímpio, A.P.M.; Lima, A.C.S.

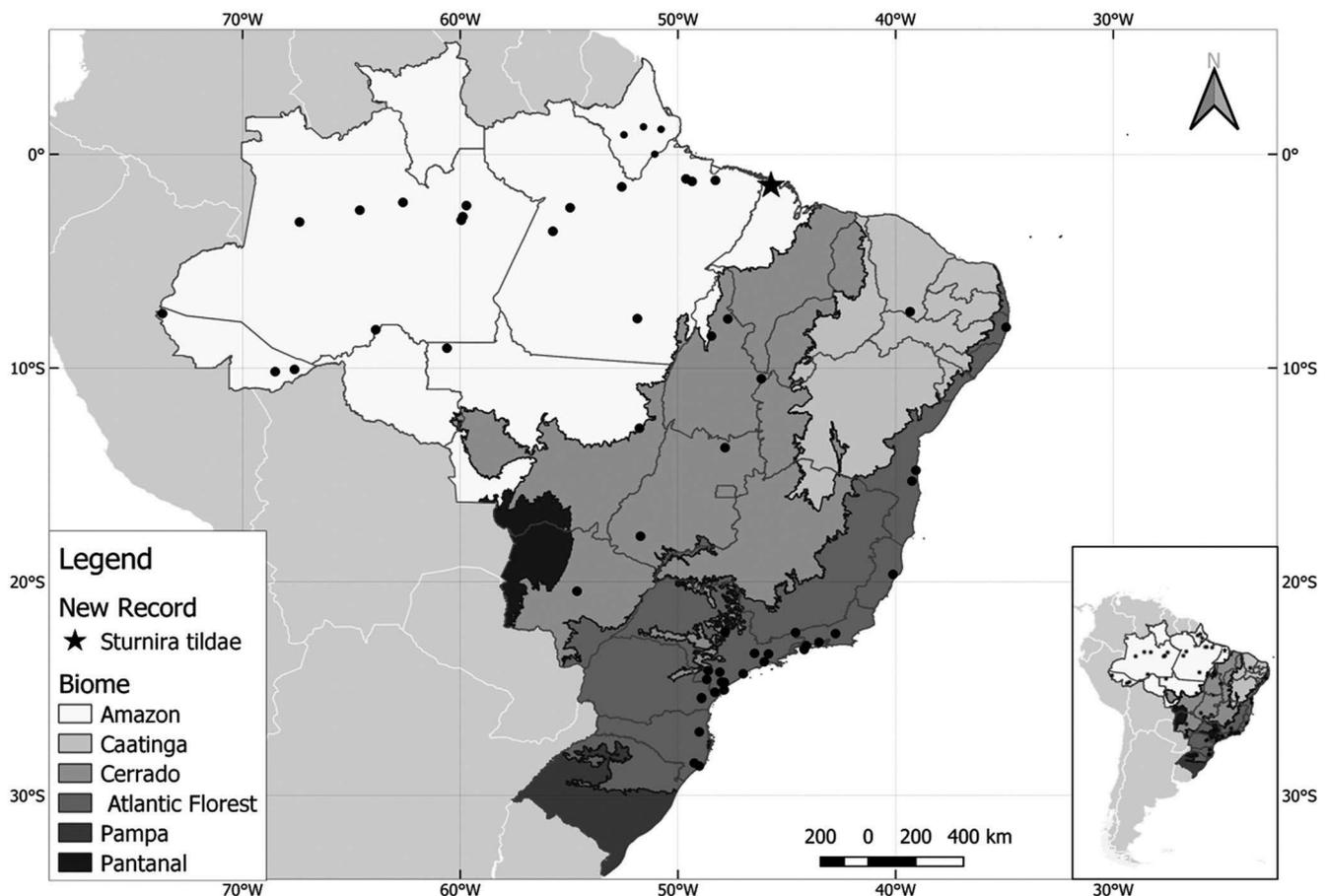


Figure 3. Geographic distribution of *Sturnira tildae* in Brazil. The locality reported in the present study in the state of Maranhão is shown by a star. The Brazilian biomes are shaded in black (Pantanal), darker to lighter gray (Pampas, Atlantic Forest, Cerrado, and Caatinga, in this order), and white (Amazon). Source: adapted from Martins *et al.* (2020).

Table 2. Interspecific genetic divergence in *Sturnira tildae* based on the sequences of the COI gene, using the 2-parameter Kimura algorithm. *Lophostoma silvicola* and *Carollia perspicillata* were included as outgroups. Legend: GUY = Guyana, SUR = Suriname, ECU = Ecuador, FGU = French Guiana, CM = Candido Mendes, CX = Caxias (Maranhão).

Species/specimens	Genetic Divergence (%)												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
1. <i>S. tildae</i> JF455913 GUY	—												
2. <i>S. tildae</i> JF455917 GUY	0.17												
3. <i>S. tildae</i> JQ601103 SUR	0.34	0.52											
4. <i>S. tildae</i> JF447740 SUR	0.52	0.69	0.52										
5. <i>S. tildae</i> JF449229 ECU	0.52	0.69	0.87	0.69									
6. <i>S. tildae</i> JF449230 ECU	0.34	0.52	0.69	0.52	0.17								
7. <i>S. tildae</i> KU295485 GUF	0.00	0.18	0.36	0.55	0.55	0.36							
8. <i>S. tildae</i> HG003314 GUF	0.17	0.34	0.52	0.69	0.69	0.52	0.18						
9. <i>S. tildae</i> RRM117 CM	1.04	1.22	1.40	1.58	1.58	1.40	0.92	1.22					
10. <i>S. lilium</i> CES52 CX	11.5	11.6	11.5	11.7	12.2	11.5	12.2	12.2	11.8				
11. <i>L. silvicola</i> CES51CX	23.5	23.8	23.5	22.8	23.1	23.5	23.8	23.8	24.4	22.7			
12. <i>C. perspicillata</i> CES9CX	27.0	26.6	27.4	27.4	26.3	26.6	28.2	27.4	27.6	24.5	24.7	—	

et al., 2020); the lighter coloration of the pelage of the venter in *S. tildae* in comparison with *S. lilium*, and the larger lengths of the ear, tibia, wing, and condylobasal length in *S. tildae* (Fazzolari-Correa, 1995; Davis, 1980). All these differences were also observed in the *S. tildae* specimens analyzed in the present study.

The dentition provides the most reliable evidence for the differentiation of the two species, given the presence of bilobed internal superior incisors and wider in *S. tildae*, than observed in *S. lilium* (Eisenberg, 1989), as well as the lingual cusps of the first and second molars of the mandible, *S. lilium* has high lingual cusps, separated by a deep vertical notch between the first and second molars and in *S. tildae* these cusps are low and separated by shallow notches (Miretzki et al., 2002). These authors considered the differences in the configuration of the cusps of the mandibular molars to be completely reliable for the distinction of the specimens of *S. lilium* and *S. tildae* from Paracou, in French Guiana, and this conclusion was further confirmed in the present study.

The analyses of the 16S rRNA and COI genes revealed a high degree of similarity, in both cases, between the specimen presented here and *S. tildae* from French Guiana, with a genetic divergence of less than 2% in comparison with the specimens from of different localities, which is consistent with the 2% intraspecific threshold of the COI marker established for bats by Clare et al. (2011). Despite the fact that *S. lilium* and *S. tildae* present major morphological similarities, the analysis of the rRNA 16S sequences indicated a divergence of 4.8% between the *S. tildae* specimen presented here and *S. lilium*, increasing to 11.8% for the COI gene. The genetic data thus support conclusively the morphological and craniometric analyses, and confirm the occurrence of *S. tildae* in Maranhão.

As for distribution, *S. tildae* is considered a common species within its geographic distribution (Wilson 1996; Miretzki et al., 2002), with a distinct preference for more humid forest environments (Trajano, 1984; Marques, 1985; Brosset et al., 1996; Simmons & Voss, 1998; Miretzki et al., 2002; Novaes & Laurindo, 2014), such as the locality

surveyed during the present study. Even so, *S. tildae* has been captured relatively infrequently in most bat field studies, in all different biomes (Oliveira, 2000; Marques-Aguiar et al., 2002; Miretzki et al., 2002; Carvalho et al., 2013; Luz et al., 2013; Menezes et al., 2015; Maas et al., 2018; Cláudio et al., 2020; Martins et al., 2020).

In Brazil, *S. tildae* has been recorded in the Amazon, Atlantic Forest, Cerrado, and Caatinga biomes. In the Amazon biome (IBGE, 2019), there are records from the Brazilian states of Amazonas, Acre, Rondônia, Pará, Amapá, Roraima, and Mato Grosso (Tavares et al., 2008; Reis et al., 2013; Novaes & Laurindo, 2014; Reis et al., 2017), and the closest locality to the present study site is 280 km west, in Pará. This is the fifth record of the occurrence of *S. tildae* in the Brazilian Northeast. The previous records included one from the Caatinga biome, in Barbalha, Ceará state (Novaes & Laurindo, 2014), and three from the Atlantic Forest, in Ilhéus (Faria & Baumgarten, 2007) and Una (Faria, 2006), both in Bahia, and Recife in Pernambuco state (Martins et al., 2020). Barbalha is very close – about 20 km – to Floresta Nacional do Araripe. The area is considered to be a relict of Atlantic Forest in the middle of the Caatinga (Silveira et al., 2019).

CONCLUSIONS

The present study recorded the occurrence of *S. tildae* in the Amazon biome of the Brazilian state of Maranhão, based on both morphological and molecular evidence. This is the first record of the species for the state, and the fifth for the Brazilian Northeast, and extends the known distribution of the species to the municipality of Cândido Mendes, 280 km east of the nearest locality in the Amazon biome. The findings of the study reinforce the need for attention when identifying the species of the genus *Sturnira*, in particular in areas where *S. lilium* and *S. tildae* are likely to be captured together and then released, given that the considerable morphological similarities of these sympatric taxa may result in errors of identification. As *S. tildae* occurs more frequently in moist

forests, new records are expected in other Amazonian areas in Maranhão, as well as in Brejos de Altitude habitats within the Caatinga biome (see Tabarelli & Santos, 2004).

ACKNOWLEDGMENTS

ACSL and FHSC were supported by postgraduate fellowships and BATPC was supported by Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) postdoctoral fellowships. CLSC was supported by a postgraduate grant from the Universidade Estadual do Maranhão (UEMA). This study was financed in part by CAPES – Financial Code 001 and the Foundation for Research and Scientific and Technological Development of Maranhão (FAPEMA).

AUTHORS' CONTRIBUTIONS

ACSL: Conceptualization, Writing – original draft, Visualization, Investigation, Data curation, Formal Analysis, Validation. **CLSC:** Conceptualization, Visualization, Writing – review & editing. **SBM:** Visualization, Methodology, Data curation, Writing – review & editing. **FHSC:** Visualization, Methodology, Writing – review & editing. **BATPC:** Supervision, Data curation, Writing – review & editing. **ECF:** Supervision, Writing – review & editing, Funding acquisition, Project administration, Validation. **MCB:** Supervision, Writing – review & editing, Formal Analysis, Validation, Data curation, Funding acquisition, Project administration. All the authors actively participated in the discussion of the results, they reviewed and approved the final version of the paper.

CONFLICT OF INTEREST

Authors declare that there is no conflict of interest.

REFERENCES

- Bandeira, I.C.N. 2013. *Geodiversidade do estado do Maranhão. Programa Geologia do Brasil. Levantamento da Geodiversidade*. Teresina, CPRM. 294p.
- Bernard, E.; Tavares, V.C. & Sampaio, E. 2011. Compilação atualizada das espécies de morcegos (Chiroptera) para a Amazônia Brasileira. *Biota Neotropica*, 11(1): 35-46. DOI
- Brosset, A.; Charles-Oominique, P.; Cockle, A.; Cosson, J.F. & Masson, O. 1996. Bat communities and deforestation in French Guiana. *Canadian Journal of Zoology*, 74(11): 1974-1982. DOI
- Brunet, A.K. & Austad, S.N. 2004. Aging studies on bats: a review. *Biogerontology*, 5(4): 211-222. DOI
- Carvalho, F.; Fabián, M.E. & Menegheti, J.O. 2013. Vertical structure of an assemblage of bats (Mammalia: Chiroptera) in a fragment of Atlantic Forest in Southern Brazil. *Zoologia*, 30(5): 491-498. DOI
- Clare, E.L.; Lim, B.K.; Fenton, M.B. & Hebert, P.D.N. 2011. Neotropical bats: estimating species diversity with DNA barcodes. *PLoS ONE*, 6(7): 322-648. DOI
- Cláudio, V.C.; Barbosa, G.P.; Rocha, V.J.; Moratelli, R. & Rassy, F.B. 2020. The bat fauna (Mammalia: Chiroptera) of Carlos Botelho State Park, Atlantic Forest of Southeastern Brazil, including new distribution records for the state of São Paulo. *Zoologia*, 37(e36514): 1-32. DOI
- Davis, W.B. 1980. New *Sturnira* (Chiroptera, Phyllostomidae) from Central and South America, with key to currently recognized species. *Occasional Papers of the Museum of Texas Tech University*, 93: 1-16. DOI
- De La Torre, L. 1959. A new species of bat of the genus *Sturnira* (Phyllostomidae) from the Island of Trinidad, West Indies. *Natural History Miscellanea*, Chicago, 166: 1-6.
- Eisenberg, J.F. 1989. *Mammals of the Neotropics: the northern Neotropics*. Chicago, The University of Chicago Press. v. 1, 449p.
- Faria, D. 2006. Phyllostomid bats of a fragmented landscape in the north-eastern Atlantic forest, Brazil. *Journal of Tropical Ecology*, 22(5): 531-542. DOI
- Faria, D. & Baumgarten, J. 2007. Shade cacao plantations (*Theobroma cacao*) and bat conservation in southern Bahia, Brazil. *Biodiversity and Conservation*, 16(2): 291-312. DOI
- Fazzolari-Correa, S. 1995. *Aspectos sistemáticos, ecológicos e reprodutivos de morcegos na Mata Atlântica*. Doctoral thesis. São Paulo, Universidade de São Paulo, Instituto de Biociências. 168p.
- Fleming, T.H.; Dávalos, L.M. & Mello, M.A.R. 2020. *Phyllostomid bats: a unique mammalian radiation*. Chicago, The University of Chicago Press. 489p.
- Folmer, O.; Black, M.; Hoeh, W.; Lutz, R. & Vrijenhoek, R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial Cytochrome C Oxidase Subunit 1 from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5): 294-299.
- Fonseca, R.T.D. 2006. *Diversidade da quiropterofauna (Mammalia) no Parque Ecológico de Gunma, Santa Bárbara do Pará*. Master thesis. Belém, Universidade Federal do Pará. 120p.
- Garbino, G.S.T.; Gregorin, R.; Lima, I.P.; Loureiro, L.; Moras, L.M.; Moratelli, R.; Nogueira, M.R.; Pavan, A.C.; Tavares & Peracchi, V.C. 2020. *Updated checklist of Brazilian bats: versão 2020*. Comitê da Lista de Morcegos do Brasil – CLMB. Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros (SBEQ). Available: <https://www.sbeq.net/lista-de-especies>. Access: 01/05/2021.
- Gardner, A.L. 2008. Tribe Sturnirini. In: Gardner, A.L. (Ed.). *Mammals of South America. Volume 1: Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats*. Chicago, The University of Chicago Press. p. 363-376.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic acids symposium*, 41: 95-98.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). 2019. *Biomass e sistema costeiro-marinho do Brasil: compatível com a escala 1:250.000*. Rio de Janeiro. *Coordenação de Recursos Naturais e Estudos Ambientais, Relatórios metodológicos (IBGE)*, ISSN 0101-2843, 164pp.
- Kumar, S.; Stecher, G.; Lim, Knyaz & Tamura, K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6): 1547-1549.
- Lima, A.C.S.; Cardoso, F.H.S.; Mendes, S.B.; Fraga, E.C. & Barros, M.C. 2018. New records of Niceforo's big-eared bat, *Trinycteris nicefori* (Sanborn, 1949) (Chiroptera, Phyllostomidae), from the state of Maranhão, Brazil. *ZooKeys*, 787: 127-134. DOI
- López-Baucells, A.; Rocha, R.; Bobrowiec, P.E.D.; Palmeirim, J.M. & Meyer, C.F.J. 2016. *Field guide to amazonian bats*. Manaus, Editora INPA. 173p.
- Luz, J.L.; Costa, L.M.; Jordão-Nogueira, T.; Esbérard, C.E.L. & Bergallo, H.G. 2013. Morcegos em área de Floresta Montana, Visconde de Mauá, Resende, Rio de Janeiro. *Biota Neotropica*, 13(2): 190-195. DOI
- Maas, A.C.S.; Gomes, L.; Martins, M.A.; Dias, D.; Pol, A.; Chaves, G.F.; Schutte, M.; Araújo, R. & Peracchi, A.L. 2018. Bats in a Cerrado landscape of Northern Brazil: species occurrence, influence of environmental

- heterogeneity and seasonality, and eight new records for the state of Tocantins. *Mammalia*, 82(5): 469-480. [DOI](#)
- Marques, S.A. 1985. Novos registros de morcegos do Parque Nacional da Amazônia (Tapajós), com observações do período de atividade noturna e reprodução. *Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi Zoologia*, 2(1): 71-83. Available: <https://repositorio.museu-goeldi.br/handle/mgoeldi/401>.
- Marques-Aguiar, S.A.; Melo, C.C.S.; Aguiar, G.F.S. & Queiroz, J.A.L. 2002. Levantamento preliminar da mastofauna da região de Anajás-Muaná, Ilha de Marajó, Pará, Brasil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 19(3): 841-854. [DOI](#)
- Martins, T.C.S.L.; Leal, E.S.B.; Neves, C.H.C.B.; Ferreira, A.F.; Silva, L.G.; Garcia, A.C.L. & Montes, M.A. 2020. First record of *Sturnira tildae* De La Torre, 1859 (Chiroptera, Phyllostomidae) for the state of Pernambuco, Brazil. *Oecologia Australis*, 24(1): 223-234. [DOI](#)
- Mendes, S.B.; Lima, A.C.S.; Reis, T.S.; Fraga, E.C. & Barros, M.C. 2020. First record of *Gynomops planirostris* (Peters, 1865) (Chiroptera, Molossidae) from Maranhão state, Brazil, based on morphological and molecular data. *Brazilian Journal of Biology*, 80(2): 405-409. [DOI](#)
- Menezes, L.F.; Pinto, A.C.D.C.; Contildes, M.D.R. & Peracchi, A.L. 2015. Lista de morcegos (Mammalia Chiroptera) do Parque Natural Municipal da Serra do Mendanha, Município do Rio de Janeiro, RJ, Brasil. In: Pontes, J.A.L. (Ed.). *Biodiversidade carioca*. Rio de Janeiro, Technical Books. p. 238-245.
- Miretzki, M.; Perrachi, A.L. & Bianconi, G.V. 2002. Southernmost records of *Sturnira tildae* De La Torre, 1959 (Chiroptera: Phyllostomidae) in Brazil. *Mammalia*, 66(2): 306-309.
- Noavaes, R.L.M. & Laurindo, R.S. 2014. Morcegos da Chapada do Araripe, Nordeste do Brasil. *Papéis Avulsos de Zoologia*, 54(22): 1-13. [DOI](#)
- Olimpio, A.P.M.; Cardoso, F.H.S.; Costa, C.L.S.; Fraga, E.C. & Barros, M.C. 2018. Expansion of the known range of the lesser bulldog bat, *Noctilio albiventris* Desmarest, 1818 (Chiroptera, Noctilionidae) in the Brazilian Cerrado. *Check List*, 14(2): 313-317. [DOI](#)
- Olimpio, A.P.M.; Ventura, M.C.S.; Mascarenhas, M.J.O.; Nascimento, D.C.; Andrade, F.A.G.; Fraga, E.C. & Barros, M.C. 2016. Bat fauna of the Cerrado savanna of eastern Maranhão, Brazil, with new species occurrences. *Biota Neotropica*, 16(3), e20150089. [DOI](#)
- Oliveira, E.R. 2000. *Espaço ecomorfológico da fauna de quirópteros da região do Alto Tocantins, GO: uma perspectiva através da análise da morfologia alar*. Master thesis. Rio de Janeiro, Universidade Federal do Rio de Janeiro. 82p.
- Oliveira, T.G.; Júnior, J.S.S. & Dias, P.A. 2011. Mamíferos da Amazônia maranhense. In: Martins, M.B. & Oliveira, T.G. (Eds.). *Amazônia Maranhense: Diversidade e conservação*. Belém, Museu Paraense Emílio Goeldi. p. 251-267.
- Pacheco, S.M. 2004. Técnicas de campo empregadas no estudo de quirópteros. *Caderno La Salle XI*, Canoá, 1(2): 195-202.
- Palumbi, S.; Martin, A.; Romano, S.; McMillan, W.O.; Stice, L.; Grabowski, G. & MacMillan, W.O. 2002. *The simple fool's guide to PCR, version 2.0*. University of Hawaii, Honolulu.
- Peracchi, A.L.; Lima, I.P.; Reis, N.R.; Nogueira, M.R. & Filho, H.O. 2011. Ordem Chiroptera. In: Reis, N.R.; Peracchi, A.L.; Pedro, W.A. & Lima, I.P. *Mamíferos do Brasil*. 2. ed. Londrina. p. 155-234.
- Reis, N.R.; Fregonezi, M.N.; Peracchi, A.L. & Shibatta, A.O. 2013. *Morcegos do Brasil: guia de campo*. Rio de Janeiro, Technical Books. 225p.
- Reis, N.R.; Peracchi, A.L.; Batista, C.B.; Lima, I.P. & Pereira, A.D. 2017. *História natural dos morcegos brasileiros: chave de identificação de espécies*. Rio de Janeiro, Technical Books. 416p.
- Sampaio, E.; Lim, B. & Peters, S., 2016. *Sturnira tildae*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2016*: e.T20960A22050501. [DOI](#)
- Sanger, F.; Nicklen, S. & Coulson, A.R. 1977. DNA sequencing with chain termination inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences Cambridge*, 74(12): 5463-5467.
- Simmons, N.B. 2005. Order Chiroptera. In: Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Eds.). *Mammals species of the world: a taxonomic a geographic reference*. 3. ed. Baltimore, Johns Hopkins University Press. v. 1, p. 312-529.
- Simmons, N.B. & Voss, R.S. 1998. The mammals of Paracou, French Guiana: a neotropical lowland rainforest fauna. Part I. Bats. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 237: 1-219.
- Tabarelli, M. & Santos, A.M.M. 2004. Uma Breve Descrição Sobre a História Natural dos Bregos Nordestinos. In: Pôrto, K.C.; Cabral, J.J.P. & Tabarelli, M. (Eds.). *Bregos de Altitude em Pernambuco e Paraíba – História Natural, Ecologia e Conservação*. 17-24pp.
- Tavares, V.C.; Gregorin, R. & Peracchi, A.L. 2008. Diversidade de morcegos no Brasil: lista atualizada com comentários sobre distribuição e taxonomia. In: Pacheco, S.M.; Marques, R.V. & Esberard, C.E.L. (Eds.). *Morcegos no Brasil: Biologia, Sistemática, Ecologia e Conservação*. Armazém Digital Comunicação Ltda., Porto Alegre, 25-58.
- Taylor, M. & Tuttle, M.D. 2019. *BATS: an illustrated guide to all species*. (4^a ed.), China: science editor & photographer, 403pp.
- Trajano, E. 1994. Ecologia de populações de morcegos cavernícolas em uma região cárstica do sudeste do Brasil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 2(5): 255-320. [DOI](#)
- Velazco, P. & Patterson, B.D. 2017. *Sturnira lilium*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2017*: e.T88159688A22049384. [DOI](#)
- Velazco, P.M. & Patterson, B.D. 2019. Small mammals of the Mayo river basin in northern Peru, with the description of a new species of *Sturnira* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 429: 1-67.
- Velazco, P.M. 2021. Murciélagos del Perú/Bats of Peru. Available: http://www.paulvelazco.com/murcielagos_peru.html. Access: 10/07/2021.
- Vizzoto, L.D. & Taddei, V.A. 1973. Chave para determinação de quirópteros brasileiros. *Revista da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras. Boletim de Ciências, São José do Rio Preto*, 1: 1-72.
- Wilson, D.E. 1996. Neotropical bats: a checklist with conservation status. In: Gibson, A.C.; Mildred, E. & Mathias, B.G. *Neotropical Biodiversity and Conservation*, University of California, Los Angeles, California, pp. 167-177.

CAPÍTULO 3

Diversidade molecular de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga do Brasil com foco na conservação

Este manuscrito foi escrito nas normas da Ecology and Evolution ISSN 2045-7758 |

Fator de Impacto 2.34

Diversidade molecular de morcegos da família Phyllostomidae (Mammalia, Chiroptera) de ocorrência nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga do Brasil com foco na conservação

Amanda Cristiny da Silva Lima ¹; Ana Priscila Medeiros Olímpio², Cleison Luis Silva Costa ³, Elmary da Costa Fraga ⁴; Maria Claudene Barros ⁴

¹ Programa de Pós- graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual do Maranhão (UEMA), cidade universitária Paulo VI, Avenida Lourenço Vieira da Silva, nº 1000. Jardim São Cristóvão, 65055-310, São Luís, MA, Brasil. E-mail: amanda01cristiny@outlook.com

² Programa de Genética e Biologia Molecular - PPGBM, Universidade Federal do Pará (UFPA), R. Augusto Corrêa, 01-Guamá, 66075-110, Belém, PA. E-mail: priscila_cx2006@hotmail.com

³ Programa de Pós- graduação em Biodiversidade, Meio Ambiente e Saúde - PPGBAS, Centro de Estudos Superiores - CESC, Universidade Estadual do Maranhão - UEMA, Praça Duque de Caxias, S / N, Bairro Alecrim, 65604-380, Caxias, MA, Brasil. E-mail: cleison-costa@outlook.com

⁴ Laboratório de Genética e Biologia Molecular, Centro de Estudos Superiores de Caxias (CESC), Universidade Estadual do Maranhão (UEMA), Praça Duque de Caxias S / N, Bairro Alecrim, 65604-000, Caxias, MA, Brasil.

RESUMO

A ampla diversidade na família Phyllostomidae associada a presença de complexos de espécies e espécies crípticas, faz com que as relações de parentesco do grupo ainda sejam incertas. Com isso, o uso de ferramentas moleculares, como o *DNA Barcode*, se tornou importante na identificação e caracterização de morcegos. Desta forma, este trabalho visa investigar sob influência de métodos de delimitação a diversidade de Phyllostomidae para os biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga e inferir quanto a conservação das áreas de estudo. O banco de dados consta de sequências do gene COI de espécimes coletados em fragmentos da Amazônia e Cerrado maranhenses e da Caatinga no Piauí e ainda sequências do GenBank. Os resultados do presente estudo revelaram a identificação de 34 espécies nominais da família Phyllostomidae, porém as incongruências obtidas com os dados moleculares evidenciam 28 espécies. As espécies *A. fimbriatus*, *C. brevicauda*, *M. schmidtorum*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*, *R. fischeriae* e *T. bidens* se apresentaram como táxons complexos a serem esclarecidos. Os testes de delimitação revelaram de 24 (ABGD) a 50 OTUs (ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC). Uma subdivisão de pelo menos dois OTUs foi encontrada dentro de 12 espécies nominais, para os testes ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC, indicando serem espécies crípticas. Quanto ao status de conservação, a grande diversidade de espécies registradas na APA do Inhamum (Cerrado) é um indicativo de um bom estado de conservação e a presença de determinadas espécies em abundância e baixa riqueza nas áreas do bioma Amazônia é um indicativo de alteração ambiental, embora para o bioma Caatinga não foi possível inferir o status de conservação. Por meio deste estudo pode-se observar com base na divergência genética e análises de delimitação que algumas espécies mostram ainda problemáticas taxonômicas e diferentes linhagens. Além disso, foi evidenciado várias espécies como indicadores de ambientes preservados e/ou alterados.

Palavras-chave: Biodiversidade, complexo de espécies, DNA barcode, Phyllostomidae, bioindicadores.

1 INTRODUÇÃO

Os morcegos (Ordem Chiroptera) apresentam fundamental importância nos ecossistemas, com papel imprescindível para a manutenção da vida (Freitas, 2016). É a segunda maior ordem de mamíferos com 21 famílias, 219 gêneros e 1.384 espécies reconhecidas (Taylor & Tuttle, 2019). De forma geral, os estudos na área da sistemática influenciaram bastante no entendimento da diversidade de morcegos nas últimas décadas e a inclusão de dados moleculares ampliou a compreensão sobre o relacionamento entre as espécies e suas famílias (Gregorin & Loureiro, 2011; Meredith et al., 2011). No entanto, ainda existem muitas lacunas no conhecimento, especialmente para os morcegos da família Phyllostomidae, o qual constitui um grupo de grande diversidade (Meredith et al., 2011; Cirranello et al., 2016).

A família Phyllostomidae possui uma grande representatividade nos estudos na região Neotropical, por ser a família mais abundante nessa região, incluindo o Brasil (Peracchi et al., 2011; Nogueira et al., 2014). Nesse país, apresenta-se como a família mais diversa com dez subfamílias, 43 gêneros e 93 espécies (Garbino et al., 2020) e com o maior número de guildas alimentares dentre os morcegos, sendo possível a ocorrência de muitas espécies em simpatria (Kalko, 1998). Suas espécies se distinguem das demais por apresentarem uma membrana nasal em forma de lança, ou folha, na extremidade do focinho (Peracchi et al., 2011).

Estes morcegos são bons indicadores de qualidade ambiental ou de perturbação, já que atuam nos diversos níveis tróficos (Fenton et al., 1992). Estudos apontam que as subfamílias Stenodermatinae e Desmodontinae são conhecidas por se adaptarem a áreas amplamente modificadas, como *Artibeus lituratus*, *Sturnira lilium* (Stenodermatinae) e *D. rotundus* (Desmodontinae) (Fenton et al., 1992; Reis et al., 2002; Clarke et al., 2005; Ortêncio et al., 2005). Por outro lado, a subfamília Phyllostominae costuma ser associada a áreas mais conservadas, como *Lophostoma silvicola* e *Lophostoma brasiliense* (Fenton et al., 1992; Clarke et al. 2005; Reis et al. 2007).

A ampla diversidade relacionada aos variados hábitos alimentares presente na família Phyllostomidae faz com que as relações filogenéticas no grupo ainda sejam incertas (Wetterer et al., 2000). Além disso, muitos gêneros na família Phyllostomidae apresentam complexos de espécies, como na subfamília Stenodermatinae, que destacam-se com o maior número de espécies da família e conflitos na identificação morfológica são comuns para alguns de seus gêneros, como: *Artibeus*, *Sturnira*, *Platyrrhinus* e *Vampyressa*. Tais conflitos deve-se ao fato desses gêneros apresentarem muitas semelhanças compartilhadas entre as espécies, constituindo assim, em alguns casos, complexos de espécies (Redondo, 2008; Peracchi et al., 2011).

Além dos exemplos citados, conflitos semelhantes também são comuns nos gêneros das subfamílias Phyllostominae, Carollinae, Desmodontinae, Rhinophyllinae e Lonchophyllinae (Baker et al., 2003; Hoffmann e Baker, 2003; Martins et al., 2007; Williams e Genoways, 2008; Reis et al., 2017). Alguns estudos de diversidade molecular também relataram a existência de espécies crípticas para os gêneros: *Desmodus*, *Sturnira*, *Artibeus*, *Phylloderma*, *Carollia* e *Gardnerycteris* que exibiram mais de uma linhagem em suas espécies (Pacheco e Patterson, 1991; Marques-Aguiar, 1994; Guerrero, 2004; Martins et al., 2007; Clare et al., 2007; Redondo, 2008; Clare et al., 2011; Dinelli, 2013; Hurtado et al. 2014). Assim, apesar de existir uma considerável quantidade de trabalhos envolvendo a filogenia da família Phyllostomidae, algumas relações sistemáticas e taxonômicas são inconclusivas e até discordantes.

Desse modo, novos estudos têm sido realizados a fim de compreender melhor os limites entre as espécies de morcegos, e contribuir para o entendimento da diversidade e

preservação das mesmas. A aplicação de métodos moleculares é cada vez mais utilizado na identificação e delimitação de espécies, por sua capacidade de detectar padrões de subdivisão filogenética e espécies crípticas, muitas vezes não mensuradas em análises apenas por meio da morfologia (Geurgas e Rodrigues 2010).

O uso de critérios para identificação e delimitação de espécies está se tornando rotina e métodos com base em um único locus aumentou em número e são amplamente usados, como por exemplo o gene citocromo C oxidase subunidade I (COI), que representa o *DNA Barcode* e constitui uma das ferramentas bastante utilizados para estudar a diversidade molecular de espécies (Hebert et al., 2003; Carstens et al., 2013; Hubert & Hanner, 2015). A identificação de espécies crípticas e o aumento do conhecimento da diversidade de morcegos aumentaram de forma considerável com auxílio do *DNA Barcode* (Clare et al., 2007; 2011; Esselstyn et al., 2012; Oliveira, 2016).

Visto que a família Phyllostomidae apresenta relações complexas de parentesco, com presença de complexos ainda não resolvidos, é imprescindível estudos moleculares para uma maior compreensão da diversidade de suas espécies. Desta forma, neste trabalho utilizando o *DNA barcode*, foi investigado sob influência de vários métodos de delimitação de espécies, a diversidade de espécies da família Phyllostomidae para os biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga do Brasil e ainda fez-se inferências quanto a conservação das áreas de estudo mediante a diversidade de espécies identificadas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Considerações éticas

A pesquisa foi licenciada pelo ICMBIO/SISBIO (n° 42670-3; n°54384-1 e n° 68047-1) e submetida a comissão de Ética e Experimentação Animal (CEFA) sob protocolo n° 044/2019.

2.2 Aquisição de dados e amostragem

As coletas foram realizadas nos diferentes biomas: Amazônia, Cerrado e Caatinga, nos estados do Maranhão e Piauí, Brasil. Além das amostras das áreas de estudo foram incluídas sequências do GenBank, para as seguintes localidades: Mato Grosso, São Paulo (Brasil- BRA); Abel Iturralde (Bolívia- BOL); San Onofre (Colômbia-COL); Napo (Equador -ECU); Upper Takutu-Upper Essequibo, East Berbice-Corentyne, Potaro-Siparuni (Guiana- GUY); Grotte Parfum (Guiana Francesa-GUF); Sipaliwini, Nickerie, Tafelberg, Brokopondo (Suriname- SUR) (Figura 1). As espécies, localidades e os respectivos códigos do GenBank encontram-se disponíveis no Apêndice A.

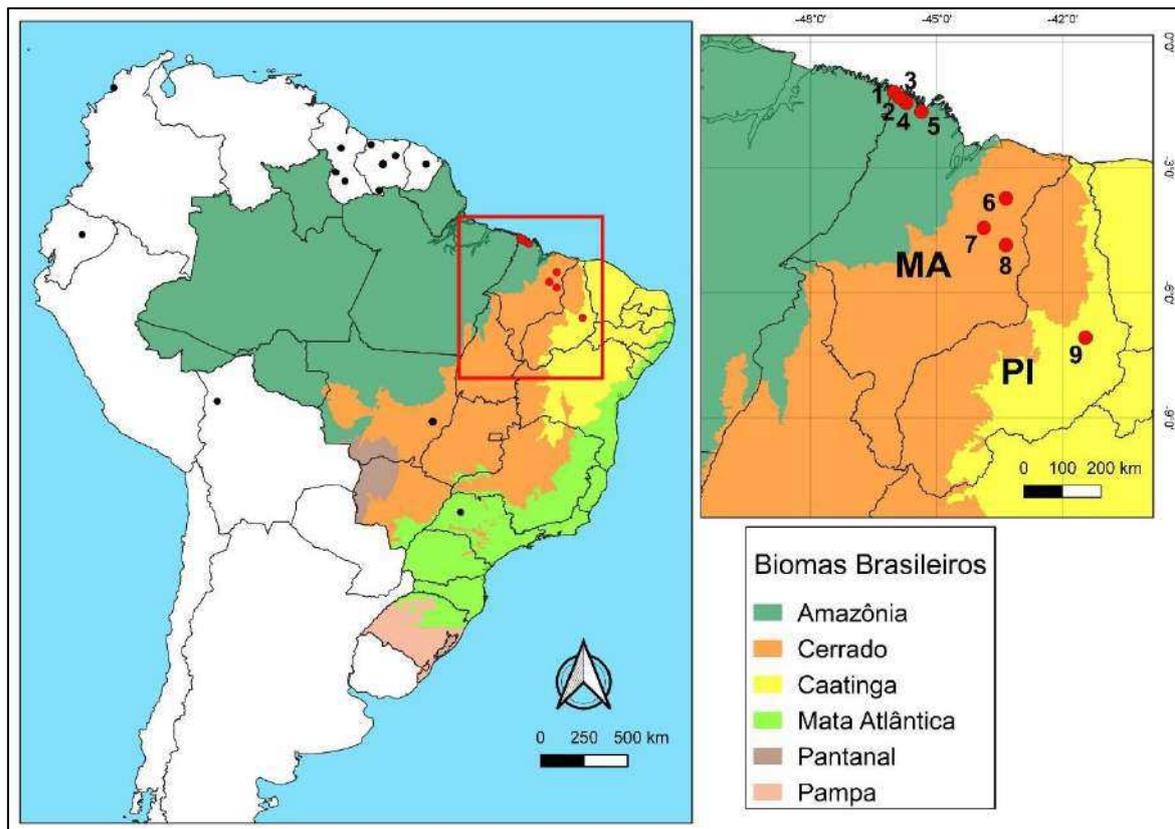


Figura 1. Localização das áreas de aquisição das amostras de morcegos da família Phyllostomidae em fragmentos dos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga (cor vermelha) e obtidas do GenBank (na cor preta). Legenda: 1-Carutapera, 2-Luís Domingues, 3-Godofredo Viana, 4-Cândido Mendes, 5-Turiaçu, 6-Chapadinha, 7-Codó, 8-Caxias, 9-Picos.

2.3 Coleta e preparação do material biológico

Foram realizadas expedições entre os anos de 2014 a 2019 em fragmentos dos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga com duração de três dias consecutivos por localidade e esforço de seis horas diárias de captura (das 18:00 às 00:00 h). Para coleta foi utilizada redes de neblinas com medidas de 3 m de altura, 9 m X 12 m de comprimento, malha de 25 mm. Em campo foi verificado: categoria etária por meio da ossificação das epífises das falanges; sexo e estado reprodutivo (Brunet & Austad, 2004). Os espécimes grávidas e lactantes foram soltos em campo e os demais foram fotografados, eutanasiados, etiquetados, condicionado em gelo e levado ao Laboratório Genética e Biologia Molecular da UEMA, campus Caxias/MA, onde foram: pesados, medidos e retirado tecido muscular peitoral de cada espécime que foi armazenado em microtubo com álcool a 70% para posterior uso molecular.

A identificação foi realizada com base em caracteres externos conforme Uieda (2006) e Reis et al. (2013; 2017) onde foram aferidas: antebráço direito e esquerdo, orelha, trago, pé e cauda e a massa corporal foi verificada com uma balança de alta precisão. O epíteto específico das espécies foi adotado de acordo com atualização do status específico e genérico proposto por Garbino et al. (2020). Os espécimes foram fixados em formol a 10% e conservado em álcool 70% LG como material testemunho e encontram-se depositados no Laboratório de Genética e Biologia Molecular da UEMA, Campus Caxias, Brasil.

2.4 Técnicas moleculares

O DNA total foi isolado a partir de tecido muscular, utilizando-se o kit Wizard Genomic DNA Purification da PROMEGA seguindo as instruções do fabricante. Para amplificação do gene citocromo C oxidase subunidade I (COI) foi empregada a técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em volume final de 25 μ L utilizando as combinações de *primers* LCO-1490 e HCO-2198 (Folmer et al., 1994). O Protocolo de amplificação para o gene COI consistiu de 40 ciclos a 94°C por 45 segundos (denaturation), 50°C por 45 segundos (Annealing) e 72°C por 1 minuto e 30 segundos (Extension). Inicialmente teve um ciclo de desnaturação de 3 minutos a 94°C e no final uma extensão de 3 minutos a 72°C. Os produtos positivos da PCR foram purificados com o kit “ExoSap-IT” (USB Corporation) conforme recomendações do fabricante e submetidos à reação de sequenciamento de DNA utilizando o método didesoxiterminal (Sanger et al., 1977) no sequenciador automático de DNA ABI Prism™ 3500 (Applied Biosystems, USA) com o Kit “Big dye”. A descrição dos protocolos de extração de DNA, amplificação e de sequenciamento está relatada no anexo A, B e C respectivamente.

2.5 Análises moleculares

2.5.1 Alinhamento das sequências e Divergência genética

As sequências obtidas do gene mitocondrial COI foram alinhadas no programa CLUSTALW (Thompson et al., 1994) do programa BIOEDIT, versão 7.0.5.2 (Hall, 1999) e editadas manualmente. Para verificação do número de haplótipos foi utilizado o programa DnaSP 4.9 (Librado & Rozas, 2009). Os haplótipos foram plotados na plataforma bioinformática BOLD System v.4 (<http://www.boldsystems.org/>) para verificar o grau de similaridade entre as espécies de outras localidades e conseqüentemente auxiliar na identificação taxonômica. Independentemente dos resultados obtidos para similaridade no BOLD Systems, as espécies foram nomeadas nas análises levando - se em conta a identificação morfológica, com o intuito de comparar resultados obtidos entre a identificação morfológica e a molecular, devido a isso tais espécies em alguns momentos são chamadas de espécies nominais ao longo do texto fazendo referência a identificação morfológica. Os níveis de divergência genética intraespecífica e interespecíficas, número de sítios variáveis e conservados, matriz de divergência genética e árvore filogenética de Verossimilhança (ML) (para análise de alguns táxons isolados) foram geradas no programa MEGA X (Kumar et al., 2018), utilizando o algoritmo Kimura-2-parâmetros (K2P).

2.5.2 Testes de delimitação de espécie

Foi realizada uma seleção estatística para escolha do modelo evolutivo que melhor se ajustasse aos dados utilizando o software jModelTest (Darriba et al., 2012), disponível no CIPRES Science Gateway v. 3.3 (Miller et al., 2009), baseado no critério de informação bayesiana (BIC), o modelo escolhido para o banco completo foi o TrN+I+G. Os modelos evolutivos selecionados para os táxons analisados de forma isolados foram: *Artibeus* e *Micronycteris* (HKY+G), *Carollia* e *Platyrrhinus* (HKY+I), *Rinophylla* e *Tonatia* (HKY). A construção das árvores de inferência bayesiana (BI) foram realizadas usando o software BEAST v. 1.10.4 (Suchard et al., 2018). Foi utilizado um relógio estrito, base de frequência empírica e o processo de especiação de Yule foi usado como *prior* da árvore. A análise foi realizada com base em 80 milhões de gerações para o banco completo e de 40 milhões de gerações para os grupos isolados.

Os arquivos de log resultantes foram chegados no Tracer v1.6 (Rambaut et al., 2014) para avaliar a convergência, a qual foi considerada adequada quando os parâmetros apresentaram ESS (*Effective Sample Size*) superiores a 200. As árvores geradas no BEAST

foram sumarizadas no TreeAnnotator v.10.4 (Suchard et al., 2018) para obtenção de árvores consensos, onde foram descartando os 10% de *burn in*. Após isso, o figTree v 1.4.4 (Rambaut, 2018) foi utilizado para visualizar as árvores resultantes de todas as análises.

A delimitação de espécie foi realizada mediante quatro modelos: GMYC, PTP, ASAP e ABGD, considerando como marcador barcode o gene COI. Os testes no modelo GMYC (Generalized Model Yule Coalescent) com um único limiar (sGMYC) (Pons et al. 2006; Fujisawa & Barraclough, 2013) e múltiplos limiares (mGMYC) (Monaghan et al., 2009) foram realizadas a partir das árvores ultramétricas consenso construídas no software BEAST v1.8, as quais foram submetidas nos pacotes APE e Splits, disponíveis no software R v. 4.1.0 (Venables et al., 2021). O teste no modelo bPTP (Poison Tree Process) (Zhang et al., 2013) foi realizado no servidor da web (<https://species.h-its.org/>) usando como arquivo de entrada uma árvore filogenética de Máxima Verossimilhança construída no programa IQTREE 2.1.3 (Nguyen et al., 2014). No modelo ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery) (Puillandre et al., 2012), o teste foi executado na versão gráfica da web (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>) usando como entrada o banco de sequências alinhadas, o modelo de distância foi o Kimura-2-parâmetro (K2P) e demais valores são padrões da interface (Pmin:0,001, Pmáx: 0,1, Passos: 10, NBins: 20, intervalo relativo: 1,5).

O teste no modelo ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning) (Puillandre et al., 2020) foi realizado por meio da interface gráfica da web (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/>), usando como entrada uma matriz de distância genética feita no MEGA X, o modelo de distância utilizado foi Kimura-2-parâmetro (K2P). Após as análises de delimitação o figTree v 1.4.4 e o programa Inkscape v. 1.1 (<https://inkscape.org/pt-br/>) foram usados para edição da árvore consenso de todas as espécies. Sequências da espécie *Bradypus tridactylus*, família Bradypodidae foram utilizadas como grupo externo na árvore.

3 RESULTADOS

3.1 Análise DNA Barcode (gene COI)

Para o gene COI obteve-se 227 sequências de morcegos Phyllostomidae correspondendo a 166 haplótipos. Ao banco de haplótipos foi adicionado 42 sequências do GenBank, como referencial para identificação molecular das espécies. Assim o banco de sequências analisado compreendeu de 208 haplótipos, com um fragmento de 600 pares de bases (pb), onde 325 sítios foram conservados e 275 variáveis.

As sequências do presente estudo foram plotadas na plataforma BOLD Systems e para a maioria das espécies foi revelado altos valores de similaridade com uma variação de 97,98 a 100%, sustentando assim a identificação morfológica (Apêndice B, Figura 2). No entanto, algumas espécies apresentaram similaridades divergentes a identificação morfológica, o que não descarta a possibilidade de erro de identificação na plataforma BOLD Systems (Figura 2).

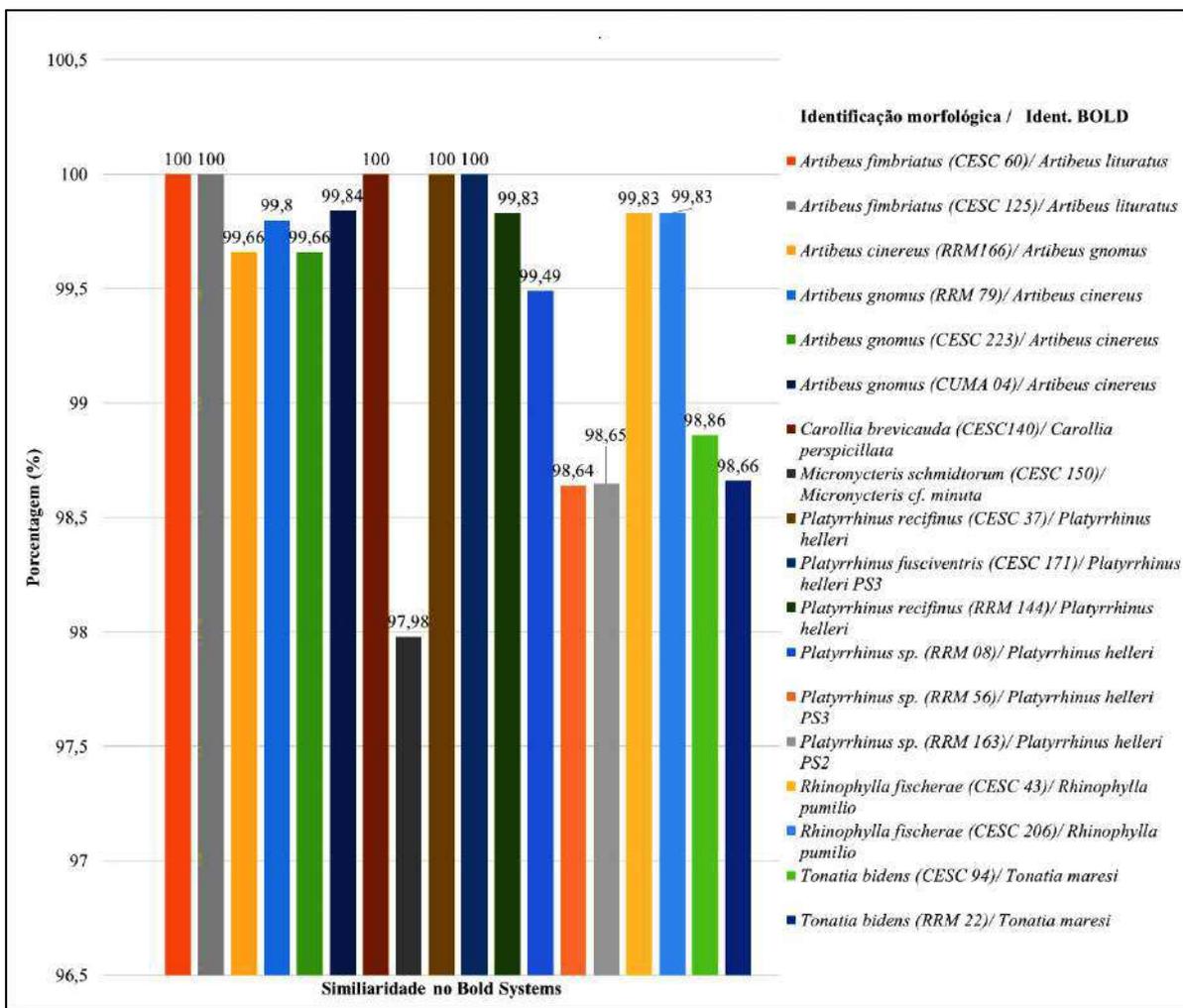


Figura 2. Similaridade obtida para haplótipos de espécies da família Phyllostomidae de ocorrência no Maranhão e Piauí com as espécies da plataforma BOLD Systems.

Analisou-se as médias de divergência interespecíficas e foi observado que as menores médias foram entre as espécies conflitantes na morfologia e genética, sendo que *Artibeus fimbriatus* apresentou média de divergência de 0,7% com *Artibeus lituratus*, porém a média intraespecífica de *A. fimbriatus* foi de 5,6%. *Carollia brevicauda* apresentou média de 0,5% com *Carollia perspicillata* e intraespecífica de 1,7%. Situações semelhantes as citadas, aconteceu com os haplótipos conflitantes das espécies: *Artibeus cinereus*, *Artibeus gnomus*, *Micronycteris schmidtorum*, *Rhinophylla fischeriae* e *Tonatia bidens*, o que corrobora a identificação molecular pelo BOLD Systems.

Já os haplótipos conflitantes de *Platyrrhinus recifinus* apresentaram médias de 3,6% com *Platyrrhinus helleri* e média intraespecífica de 4,3% e *Platyrrhinus fusciventris* apresentou média de 2,8% com *Platyrrhinus helleri*. Observando assim, valores próximos dentro do gênero *Platyrrhinus*. A maior média de divergência interespecífica foi de 37,7% entre *Desmodus rotundus* e *Trachops cirrhosus* (Tabela Suplementar 1 - <https://drive.google.com/file/d/1MOryUcdWT67DPZ3-nhdkInzoyCFSd79m/view?usp=sharing>).

Quando analisado as médias de divergências intraespecíficas para os haplótipos do presente estudo foi verificado uma variação de 0,0% (*R. fischeriae*) a 5,7% (*P. helleri*), sendo que nove das espécies do presente estudo apresentaram divergências intraespecíficas acima

de 2%, quando comparadas a sequências do GenBank, a saber: *D. rotundus* (3,3%), *Diphylla ecaudata* (5,5%), *Gardnerycteris crenulatum* (4,1%), *Hsunycteris thomasi* (3,4%), *Micronycteris minuta* (3,5%), *Phylloderma stenops* (5,1%), *P. helleri* (3,8%), *P. recifinus* (3,5%), *Sturnira lilium* (4,9%) (Tabela 1 e Tabela Suplementar 1 - <https://drive.google.com/file/d/1MOryUcdWT67DPZ3-nhdKlnzoyCFSd79m/view?usp=sharing>).

Tabela 1. Distâncias genéticas gerada com base no gene COI para as espécies da família Phyllostomidae que apresentaram médias intraespecíficas superiores a 2%. Os valores mínimos representados por traço (-) representa aquelas espécies com apenas dois haplótipos.

Família Phyllostomidae		Distância intraespecífica		
Subfamílias	Espécies	Mínimo	Média	Máxima
Desmodontinae	<i>Desmodus rotundus</i>	0,0	3,3	5,4
	<i>Diphylla ecaudata</i>	0,0	5,5	8,3
Lonchophyllinae	<i>Hsunycteris thomasi</i>	0,3	3,4	6,7
Micronycterinae	<i>Micronycteris minuta</i>	-	3,5	3,5
Phyllostominae	<i>Gardnerycteris crenulatum</i>	-	4,1	4,1
	<i>Phylloderma stenops</i>	-	5,1	5,1
Stenodermatinae	<i>Platyrrhynchus helleri</i>	0,0	3,8	5,6
	<i>Platyrrhynchus recifinus</i>	-	3,5	3,5
	<i>Sturnira lilium</i>	0,6	4,9	9,8

3.2 Testes de delimitação

Os modelos ABGD, ASAP, bPTP e GMYC (de único e múltiplo limiar), foram selecionados como potenciais modelos estatísticos que permitem discriminar espécies e possíveis linhagens crípticas a nível molecular, sendo definidas como espécies putativas ou Unidades Taxonômicas Operacionais - OTUs (*Operational Taxonomic Units*). Por meio do gene COI, mediante árvores ultramétricas e filogenéticas foi possível observar resultados semelhantes entre os métodos de delimitação utilizados, com variações para alguns táxons, o que destaca a complexidade dos mesmos (Figura 3).

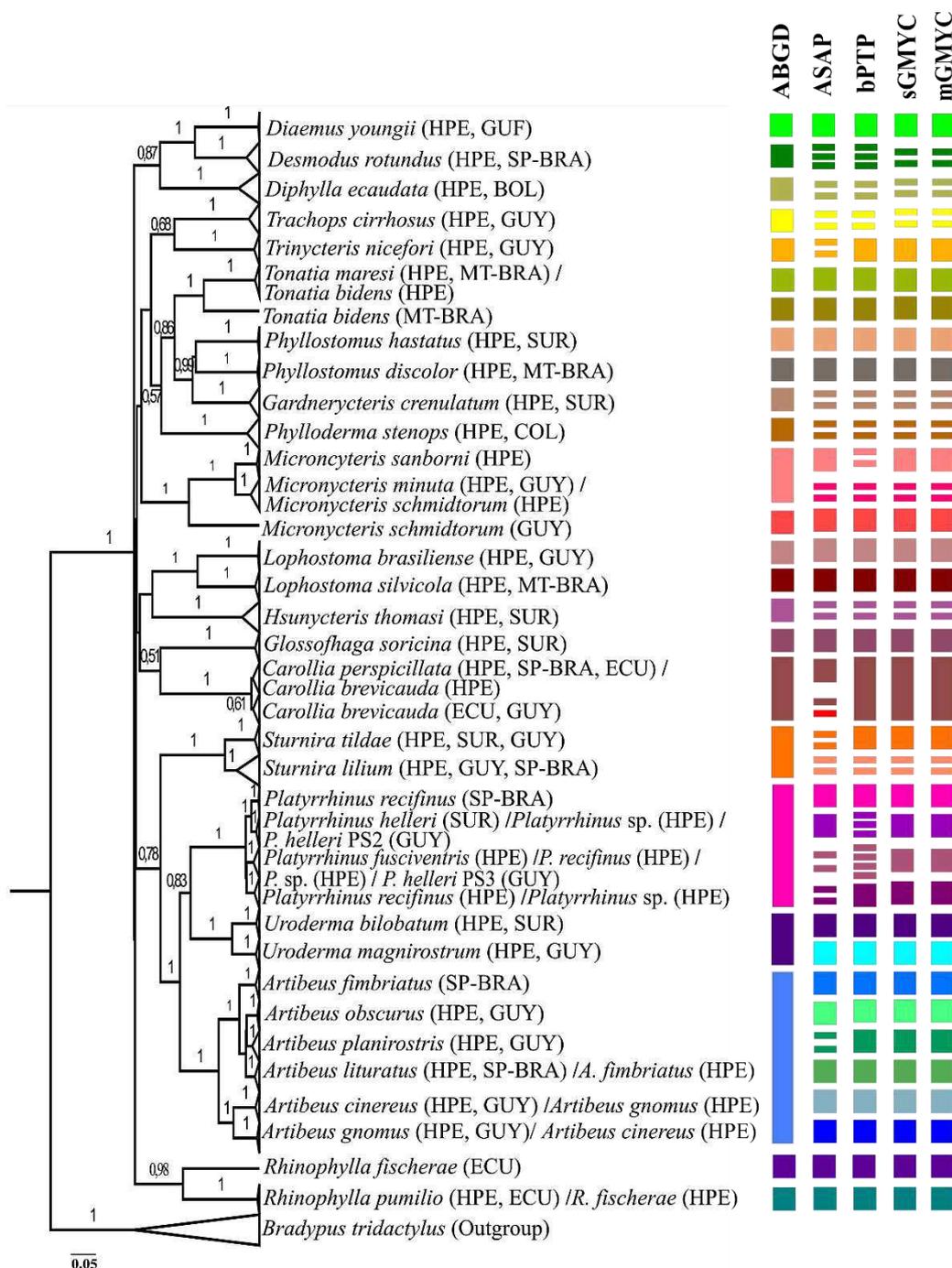


Figura 3. Árvore bayesiana colapsada demonstrando o resultado dos modelos de delimitação de espécies para os modelos ABGD, ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC. Entre parêntese a sigla de países de origem das amostras do GenBank que podem ser encontradas no apêndice A. A sigla HPE refere-se aos haplótipos do presente estudo.

Com relação à delimitação de espécies com métodos de distância, a análise ABGD recuperou inicialmente 24 OTUs (Figura 3, Tabela 2). A tabela 2 apresenta os resultados obtidos pelo modelo de substituição K2P, onde são analisadas as divergências intraespecíficas entre as sequências do conjunto de dados trabalhados, aqui é possível observar as dez melhores partições com de 24 ($P = 0,001$) a 40 ($P = 0,010$) OTUs da

repartição inicial a repartição recursiva (Tabela 2, Apêndice C). Na partição inicial não foi possível distinguir como OTUs distintas as espécies nominais dos gêneros: *Artibeus*, *Carollia*, *Platyrrhinus*, *Sturnira*, *Micronycteris* e *Uroderma*, porém ao realizar uma análise para o ABGD separadamente para cada grupo observou-se uma separação semelhante ao observado no método ASAP (Figura 3), com exceção de *Artibeus* que recuperou cinco OTUs na partição inicial ao invés de sete (Apêndice D) e *Platyrrhinus* que recuperou sete OTUs ao invés de seis (Apêndice E).

Tabela 2. Resultados da análise ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery) e utilizando o modelo Kimura 2-parametros (K2P). O valor padrão do Barcoding Gap foi $X = 1.5$.

Partition	Prior intraespecific divergence (P) (%)									
	0.100	0.1668	0.2783	0.4642	0.7743	1.2915	2.1544	3.5938	5.994	10.0
Inicial	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24
Recursiva	40	40	40	38	35	33	30	27	25	-

O modelo ASAP também reconstruiu as dez melhores partições para o grupo estudado e foi selecionado a partição 17, com delimitação de 50 espécies putativas, como a melhor partição de acordo com a probabilidade calculada (Figura 3, Tabela 3). Nessa análise, dos 36 táxons definidos na árvore de IB, 14 deles são delimitados com presença de linhagens, sendo eles: *D. rotundus* (3), *D. ecaudata* (2), *Trachops cirrhosus* (2), *Trinycteris nicefori* (2), *G. crenulatum* (2), *P. stenops* (2), *M. minuta* / *M. schmidtorum* HPE (2), *H. thomasi* (2), *C. brevicauda* (2), *S. lilium* (2), *Sturnira tildae* (2), *P. recifinus* HPE/ *P. fusciventris* HPE/ *P. helleri* PS3 (2), *P. recifinus* HPE/ *Platyrrhinus* sp. HPE (2) e *Artibeus planirostris* (2) (Figura 3). Na análise com todo o conjunto de dados, o ASAP foi o único a delimitar como OTUs distintas as espécies nominais *C. perspicillata* e *C. brevicauda*, além de delimitar um espécime de *C. brevicauda* como pertencente a OTUs de *C. perspicillata*, o que só foi observado na análise isolada para o gênero. Na tabela 3 é demonstrado que para cada partição foi calculado uma probabilidade e quanto mais escura for a cor dos pontos, menor será a probabilidade do grupo ser provável.

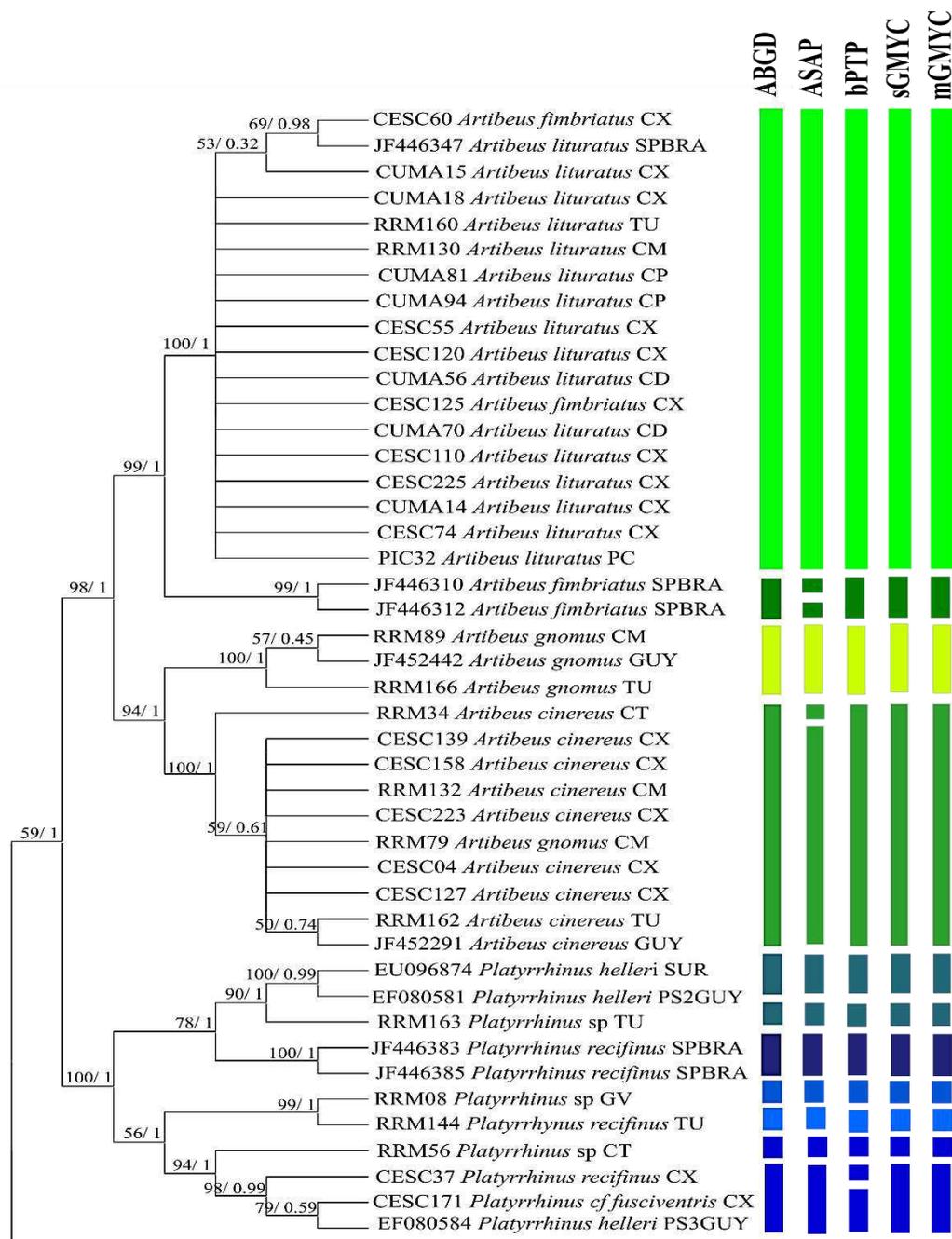
Tabela 3. Resultados da análise ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning) utilizando o modelo Kimura 2-parametros (K2P). Os valores com asterisco correspondem as partições mais prováveis para esta análise. Os valores padrão são 0,005 e 0,05.

Partition	Treshold dist. (%)									
	9.465	8.847	8.392	7.311	5.693	16.422	8.507	2.900	10.374	1.452
Nº de espécies	27	28	30	31	32	24	29	42*	26	50*
P-val (classificação)	9,47e-03	2,54e-02	1,80e-01	1,96e-01	1,76e-01	1,99e-02	5,67e-01	3,99e-01	5,19e-01	5,43e-01
	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●

O modelo bPTP definiu 50 espécies putativas, os suportes de cada espécie putativa podem ser visualizados na figura 3. Pode se observar a delimitação dos mesmos OTUs que o ASAP, com exceção de *C. brevicauda* (1), *T. nicefori* (1), *Micronycteris sanborni* (2) e para o gênero *Platyrrhinus*, onde o bPTP recuperou mais linhagens para os táxons *P. recifinus* HPE / *P. fusciventris* HPE / *P. helleri* PS3 (4) e *P. helleri* / *P. helleri* PS2/ *Platyrrhinus* sp. HPE (3). O modelo GMYC (de único e múltiplo limiar) delimitou 44 OTUs cada, sem distinção, dos quais pode-se observar uma delimitação mais semelhante ao modelo bPTP, com exceção para os táxons: *P. helleri* / *P. helleri* PS2/*Platyrrhinus* sp. HPE (1); *P.*

recifinus HPE /*P. fusciventris* HPE /*P. helleri* PS3 (1), *D. rotundus* (2) e *Micronycteris sanborni* (1) (Figura 3).

Foi realizada análises isoladas apenas para os grupos com identificação morfológica conflitante da molecular. Observou-se que as árvores filogenéticas de ML e IB não separaram os haplótipos conflitantes, reunindo-os de acordo com o observado na identificação pelo BOLD Systems, como: *C. brevicauda* e *C. perspicillata*; *T. bidens* e *Tonatia maresi*; *M. schmidtorum* e *M. minuta*; *R. fischeriae* e *Rhinophylla pumilio*; *P. recifinus*, *P. fusciventris* e *P. helleri*; *A. gnomus* e *A. cinereus*; *A. fimbriatus* e *A. lituratus* (Figura 3, Figura 4). Nas análises de delimitação de espécie foi observado a formação de mais espécies putativas que anteriormente na análise em conjunto e também não houve a separação entre as espécies problemáticas do presente estudo com seus congêneres (Figura 4).



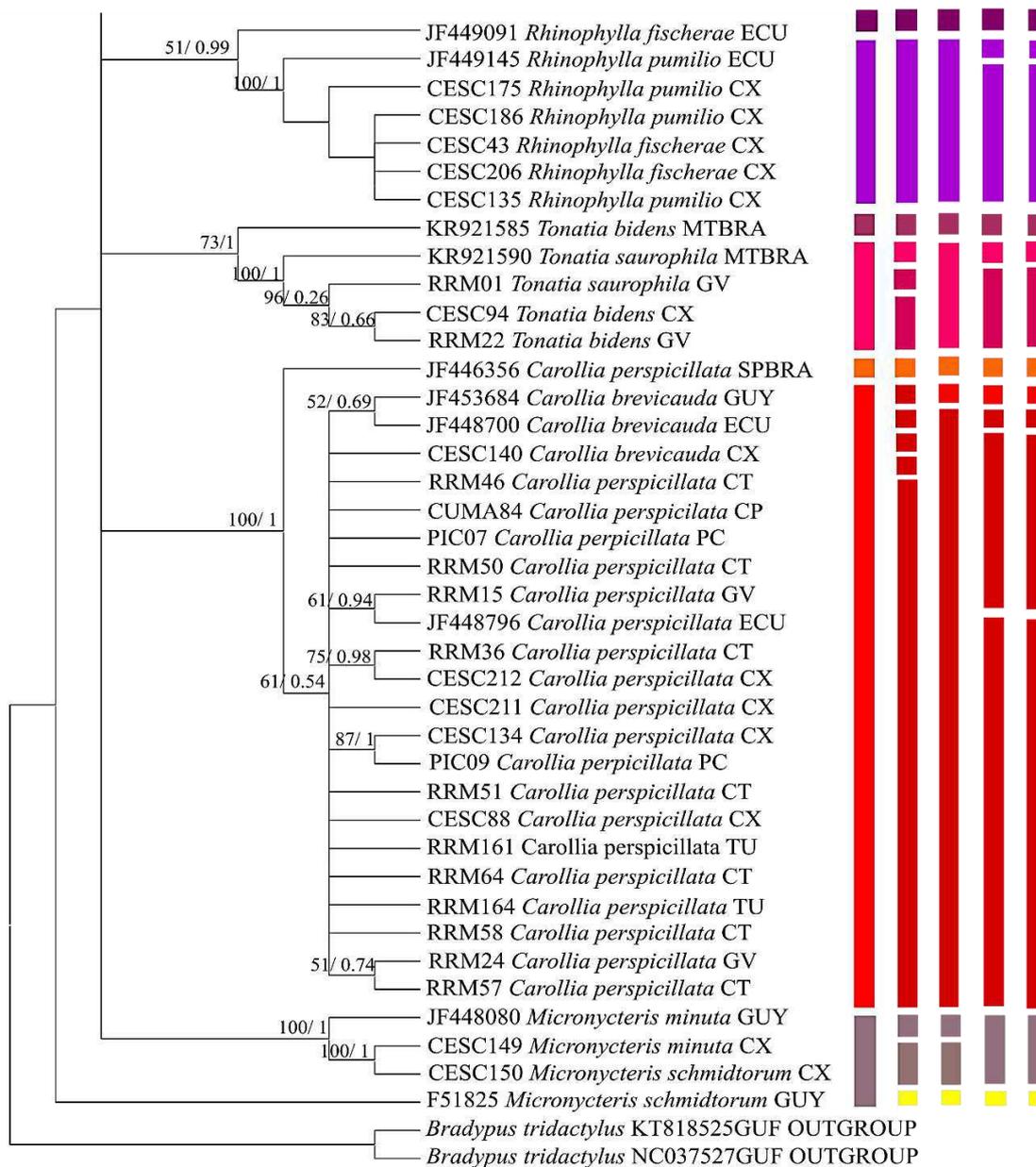


Figura 4. Árvore de Verossimilhança utilizando o algoritmo Kimura 2-paramêtros demonstrando o resultado dos modelos de delimitação de espécies para os modelos ABGD, ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC para as espécies com problemáticas na identificação morfológica e molecular. Da esquerda para direito, valores de bootstrap e probabilidade posterior.

3.3 Diversidade de Phyllostomidae nas áreas de estudo

Observou-se uma grande diversidade de espécies da família Phyllostomidae nas áreas amostradas, sendo que a cidade de Caxias foi a que apresentou maior riqueza de espécies (Figura 5). Entre as espécies coletadas foram identificadas algumas que são descritas como indicadoras de ambientes preservadas, como: *L. silvicola*, *L. brasiliense* e *D. ecaudata* e espécies sinantrópicas, responsáveis por reflorestar ambientes degradados em algumas áreas estudadas, como: *C. perspicillata*, *C. brevicauda*, *A. lituratus* e *S. lilium*. Isso reforça a necessidade da proteção das florestas e áreas de proteção.

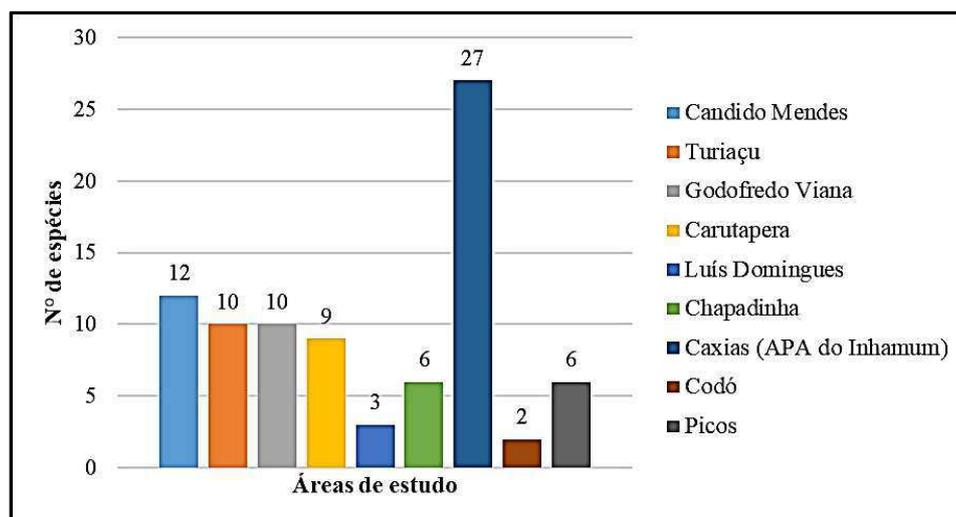


Figura 5. Diversidade de espécies da família Phyllostomidae registradas nas áreas amostradas. A contagem de espécies leva-se em conta a identificação morfológica. As cinco primeiras cidades encontram-se em bioma Amazônico, as três em seguida em bioma Cerrado no Maranhão e a última em bioma Caatinga no Piauí.

Apresenta-se a seguir a lista de espécie identificados pela morfologia e genética da família Phyllostomidae de ocorrência na área deste estudo. As espécies *A. fimbriatus*, *C. brevicauda*, *M. schmidtorum*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*, *R. fischeriae* e *T. bidens*, ainda se apresentam como táxons complexos a ser esclarecidos (Tabela 4).

Tabela 4. Espécies de morcegos do presente estudo identificados pela morfologia e genética com suas respectivas localidades de coleta no estado do Maranhão e Piauí. O * corresponde as espécies do presente estudo que ainda necessitam de um estudo mais abrangente de seus táxons.

Subfamílias	Espécies	Locais de coleta	Biomias
Carolliinae	<i>Carollia perspicillata</i>	Candido Mendes, Turiaçu, Godofredo Viana, Carutapera, Luís Domingues, Chapadinha, Caxias, Picos	Amazônia, Cerrado, Caatinga
	<i>Carollia brevicauda</i> *	Caxias	Cerrado
Desmodontinae	<i>Diphylla ecaudata</i>	Picos	Caatinga
	<i>Desmodus rotundus</i>	Candido Mendes, Turiaçu, Carutapera, Caxias	Amazônia, Cerrado
	<i>Diaemus youngii</i>	Carutapera, Caxias	Amazônia, Cerrado
Glossophaginae	<i>Glossophaga soricina</i>	Godofredo Viana, Carutapera, Luís Domingues, Chapadinha, Codó, Caxias, Picos	Amazônia, Cerrado, Caatinga
	<i>Hsunycteris thomasi</i>	Godofredo Viana, Carutapera	Amazônia
Glyphonycterinae	<i>Trinycteris nicefori</i>	Candido Mendes, Godofredo Viana	Amazônia
Phyllostominae	<i>Gardnerycteris crenulatum</i>	Caxias	Cerrado

	<i>Lophostoma brasiliense</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Lophostoma silvícola</i>	Carutapera, Caxias	Amazônia Cerrado
	<i>Micronycteris minuta</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Micronycteris sanborni</i>	Picos	Caatinga
	<i>Micronycteris schmidtorum*</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Phyllostomus discolor</i>	Chapadinha, Caxias	Cerrado
	<i>Phyllostomus hastatus</i>	Chapadinha, Caxias	Cerrado
	<i>Phylloderma stenops</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Trachops cirrhosus</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Tonatia bidens*</i>	Caxias, Godofredo Viana	Amazônia, Cerrado
	<i>Tonatia maresi</i>	Caxias, Godofredo Viana	Amazônia
Rinophyllinae	<i>Rhinophylla fischeriae*</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Rhinophylla pumilio</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Artibeus fimbriatus*</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Artibeus cinereus</i>	Candido Mendes, Turiaçu, Godofredo Viana, Carutapera, Caxias	Amazônia Cerrado
	<i>Artibeus gnomus</i>	Caxias, Candido Mendes	Amazônia Cerrado
	<i>Artibeus lituratus</i>	Candido Mendes, Turiaçu, Chapadinha, Codó, Caxias e Picos	Amazônia, Cerrado, Caatinga
	<i>Artibeus obscurus</i>	Godofredo Viana, Candido Mendes, Caxias	Amazônia, Cerrado
Stenodermatinae	<i>Artibeus planirostris</i>	Godofredo Viana, Carutapera, Turiaçu, Candido Mendes, Picos, Chapadinha, Caxias	Amazônia, Cerrado, Caatinga
	<i>Platyrrhinus fusciventris*</i>	Caxias	Cerrado
	<i>Platyrrhinus recifinus*</i>	Caxias, Turiaçu	Amazônia, Cerrado
	<i>Platyrrhinus helleri</i>	Godofredo Viana, Turiaçu, Carutapera	Amazônia
	<i>Sturnira lilium</i>	Candido Mendes, Turiaçu, Luís Domingues, Caxias	Amazônia, Cerrado
	<i>Sturnira tildae</i>	Candido Mendes	Amazônia
	<i>Uroderma bilobatum</i>	Candido Mendes, Turiaçu	Amazônia
	<i>Uroderma magnirostrum</i>	Candido Mendes, Turiaçu	Amazônia

4 DISCUSSÃO

4.1 Análises das delimitações de espécies

Neste trabalho foi utilizado diferentes métodos de análises de delimitação de espécie, somado a árvores filogenéticas, divergências genéticas e análises comparativas com BOLD Systems com um total de 34 espécies nominais. Essa abordagem foi empregada com intuito de confirmar a identificação de tais táxons, assim como a hipótese da existência de possíveis linhagens e/ou complexos de espécies dentro da família Phyllostomidae. Este trabalho é pioneiro nas áreas estudadas e os resultados apresentados aqui reforça a ideia geral de que ainda há muito da diversidade não documentada e que há muito a compreender dentro do grupo nos biomas Amazônia, Cerrado e Caatinga.

As análises identificaram 24 (ABGD) a 50 espécies putativas diferentes (ASAP, PTP, sGMYP e mGMYP) (Figura 3), o que contrasta com as 34 espécies nominais identificadas inicialmente. Isso acontece devido a existência de espécies crípticas não observadas apenas pela morfologia. Assim, o presente estudo confirma a hipótese da presença de linhagens para as espécies nominais analisadas. Alguns estudos com morcegos sugerem uma associação entre a média de divergência genética intraespecífica e a presença de diferentes linhagens.

Clare et al. (2011) usando o marcador COI, observou um limite intraespecífico em torno de 2% para espécies de morcegos e de acordo Bradley & Baker (2001), valores entre 2 e 11% é um indicativo de populações coespecíficas ou mesmo espécies válidas. Isso foi observado para algumas espécies do presente estudo, em que sete espécies nominais apresentaram médias de divergência genética acima de 2% associado a presença de mais de uma espécie putativa nos testes de delimitação, sendo elas: *D. rotundus*, *D. ecaudata*, *G. crenulatum*, *P. stenops*, *M. minuta*, *H. thomasi*, *S. liliun* e haplótipos do gênero *Platyrrhinus* do presente estudo (Figura 3, Tabela suplementar 1).

Outros estudos envolvendo a identificação molecular de espécies de morcegos também relatam vários casos de altas médias de divergência intraespecífica para algumas espécies e essa diversidade tem sido associada à existência de espécies crípticas para a família Phyllostomidae (Baker et al., 2003; Martins et al., 2007; Martins et al., 2009; Hurtado & Pacheco, 2014). No entanto, neste estudo utilizando os modelos de delimitação ASAP, bPTP e GMYP observou-se a delimitação de mais de uma linhagem para as espécies *T. cirrhosus*, *T. nicefori*, *S. tildae*, *A. planirostris* e *M. sanborni* que apresentaram médias de divergência de 1,95%, 1,26%, 1,25%, 1,40% e 0,85% respectivamente (Material suplementar 1), pelo menos para um dos modelos citados (figura 3), valores abaixo do esperado para averiguar diversidade críptica em trabalhos com morcegos.

Nesse sentido, tais modelos demonstraram serem eficientes na descoberta de processos de especiações que estejam iniciando e que não seriam verificados baseando-se apenas nas médias de divergências. Possivelmente, uma amostragem maior de tais espécies apresentaria médias mais elevadas e seria maior a possibilidade de uma inferência mais acurada para populações dessas espécies utilizando tais modelos de delimitação.

Isso é validado considerando uma análise individual para cada espécie nominal do presente estudo, que apresentou mais de uma espécie putativa ou linhagens, como por exemplo *D. rotundus* que apresentou média de 3,3% e quatro linhagens para os modelos ASAP e bPTP e duas linhagens para o GMYP (de único e múltiplo limiar), algo bastante interessante considerando apenas sete haplótipos. Ao analisar tais valores, observam-se resultados semelhantes a outros estudos, como o de Martins et al. (2007) que verificaram para *D. rotundus*, usando marcador mitocondrial, níveis extremamente altos de divergência intraespecíficas (variação de 6 a 11%), indicando que essa espécie compreende duas ou mais espécies distintas, possivelmente crípticas, mas com um N amostral muito maior. Martins et al. (2009) usando sequências de DNA mitocondrial e nucleares observaram a existência de

cinco clados para a espécie *D. rotundus* reciprocamente monofiléticos demonstrando também a existência de diferentes linhagens para este táxon.

Estudos específicos sobre divergências genéticas e filogenéticas para as espécies *S. liliium*, *T. cirrhosus*, *P. stenops*, *G. crenulatum* e gênero *Platyrrhinus*, também já foram realizados e observaram a presença de muitas linhagens e altas divergências genéticas intraespecíficas (Dinelli, 2013; Hurtado et al., 2014; Hurtado & Pacheco 2014; Fonseca, 2019; Martínez-Cerón et al., 2019). Visto o citado acima não é surpresa que as mesmas espécies coletadas no presente estudo apresentem diferenciações genéticas quando comparada com amostras de outras localidades dentro ou fora do Brasil.

Estudos que envolve divergências genéticas e filogenéticas para as espécies: *D. ecaudata*, *H. thomasi*, *M. minuta*, e *T. nicefori* são bastante incipientes, mas é possível inferir a partir dos resultados desse estudo que essas espécies também estejam passando por diferenciações genéticas significativas, ou seja, iniciando um processo de especiação. Cuidadosamente, estudos envolvendo outros marcadores genéticos e amostragem populacional deve ser realizados futuramente para melhor avaliar a variabilidade genética destas espécies.

É importante ressaltar ainda que as espécies do presente estudo: *D. ecaudata*, *G. crenulatum*, *P. stenops*, *T. nicefori*, *T. cirrhosus*, *M. minuta*, *H. thomasi* e *S. tildae* apresentaram linhagens distintas em relação a diferentes países, já as espécies: *D. rotundus*, *S. liliium*, *A. planirostris* e *M. sanborni* apresentaram linhagens divergentes dentro do Brasil. De acordo com Clare et al. (2011), esses dados é um indicativo de espécies crípticas e que existe pelo menos parcialmente faixas simpátricas para essas linhagens e ainda levanta questões sobre modos de isolamento reprodutivo e fluxo gênico.

A hipótese de que algumas das espécies nominais representam complexos de espécies não foi rejeitada pelas análises de delimitação de espécies com DNA barcode, o que foi reforçado pelas análises de divergência genética e identificação pelo BOLD Systems. Mesmo realizando análises separadamente para cada grupo, não foi possível distinguir geneticamente tais espécies nominais. Assim, foi revelado incertezas taxonômicas para haplótipos das espécies: *C. brevicauda*, *T. bidens*, *M. schmidtorum*, *R. fischeriae*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*; *A. gnomus*, *A. cinereus* e *A. fimbriatus*.

Tais conflitos têm sido esclarecidos para algumas espécies mencionadas, como as do gênero *Artibeus*. Haplótipos de *A. cinereus* revelaram-se como *A. gnomus* e vice-versa e *A. fimbriatus* revelaram-se como *A. lituratus* na identificação molecular. Pode-se constatar em estudos realizados com o gênero *Artibeus* que divergências na identificação são comuns e decorre da extensa similaridade observada em suas características morfológicas, cranianas e externas (Pinto, 2007; Peracchi et al, 2011).

Em relação ao gênero *Platyrrhinus* observa-se um complexo de difícil compreensão. Três espécimes de *Platyrrhinus* não foram identificados morfológicamente ao nível específico e por meio da identificação pelo BOLD foram classificados com *P. helleri*, considerando que eles agruparam com demais *P. helleri* da Guiana (PS2 e PS3) e do Suriname. Além disso, um espécime identificado como *P. recifinus* e outro como *P. fusciventris* também apresentaram maior similaridade genética com a linhagem de *P. helleri* da Guiana (PS3) e agruparam na árvore com a mesma (Figura 3). Isto difere do esperado, visto que em estudos de Velazco & Patterson (2008) e Velazco et al. (2010) baseado em dados morfológicos e moleculares, propuseram que *P. helleri* não ocorre no Brasil e *Platyrrhinus incarum* seria a espécie válido para o Brasil.

Fischer et al. (2015) analisando características externas indicou que pode ocorrer *P. helleri* no Brasil, caso contrário as características externas (coloração do ventre, vibrissas da folha do nariz, margem de uropátagio, faixa dorsal e comprimento do metacarpo III) não são

úteis para discriminar *P. incarum* e *P. helleri*. O presente trabalho corrobora com o achado de Fischer et al. (2015), pois todas as análises demonstram uma provável ocorrência de *P. helleri* para o Brasil, porém destaca-se a necessidade de uma abordagem taxonômica mais profunda para os espécimes de *Platyrrhinus* do presente estudo.

Todos os espécimes do presente estudo identificados como *C. brevicauda* agruparam com *C. perspicillata* em um mesmo clado em todas as árvores filogenéticas. Além disso, os métodos reuniram um haplótipo de *C. brevicauda* da Guiana com os demais *C. perspicillata* do banco de dados. Isso demonstra que a problemática do grupo vai além do que é observado nas áreas estudadas aqui. Na literatura *C. brevicauda* e *C. perspicillata* são descritas como espécies irmãs e conhecidas por pertencer a um complexo de cinco espécies crípticas, ou complexo *brevicauda* (Baker & Hooper, 2003). Segundo Clare et al. (2007; 2011) a delimitação específica entre estas duas espécies por meio de caracteres morfológicos são bastante difíceis quando analisados indivíduos presentes em região de distribuição simpátrica, visto que estes são morfológicamente bastante similares.

De forma geral este estudo corrobora com um estudo robusto realizado por Dávalos et al. (2012), para toda a família Phyllostomidae, os quais descobriram que vários processos biológicos operam em conjuntos de dados morfológicos e moleculares e assim podem resultar em estimativas conflitantes da filogenia comparado com morfologia. Neste sentido, foi observado ainda valores interespecíficos próximos entre as espécies conflitantes e seus congêneres, o que demonstram que são muito próximas geneticamente e levanta questões sobre fluxo genético e possibilidade de hibridização.

Segundo Ditchfield (2000) as espécies neotropicais se comportam de acordo com o padrão esperado para animais com grande potencial de dispersão. Assim, estudos com diferentes marcadores moleculares demonstram um padrão de baixa diferenciação e ampla abrangência geográfica para morcegos migratórios, como observado para gênero *Artibeus* e *Carollia*, que apresentam ampla distribuição pelo Brasil, sugerindo um alto grau de fluxo gênico entre suas populações.

A estrutura populacional e a história evolutiva e natural dos morcegos no Brasil são muito pouco conhecidas, e algumas espécies endêmicos do país, como *Chiroderma doriae* e *Lonchophylla bokermanni* são basicamente desconhecidos do ponto de vista molecular (Baker et al., 1994; Hoffman et al., 2003). Acrescenta-se a essa lista, espécies do gênero *Rinophylla* e *Micronycteris*, já que no presente estudo observou-se que pouco se sabe sobre tais grupos, as problemáticas na identificação molecular e morfológica também necessitam ser melhor investigadas.

Avise et al. (1998) indicam que o modelo da teoria de refúgios, permanece um mecanismo importante para explicar a variação geográfica intraespecífica molecular entre as espécies e entender como elas se relacionam. Ainda mais considerando a porção da Amazônia maranhense que pouco é conhecida quanto a biodiversidade de morcegos e que aqui é explanado, propiciando futuros estudos nesse sentido.

Contudo, as análises de delimitação de espécies validaram a maioria das espécies previamente estabelecidas pela identificação morfológica pra a família Phyllostomidae, com exceção de algumas espécies que se apresentaram como complexos e que possivelmente divergiram a poucos milhares de anos na história evolutiva dessas espécies. Além disso, foi verificado a existência de algumas espécies crípticas, que possivelmente estão em início de especiação. Assim, o gene COI confirmou mediante os quatro métodos (GMYC, PTP, ASAP, ABGD) ser um marcador com uma alta confiabilidade, inclusive para descoberta de possíveis linhagens e complexos de espécie de morcegos.

4.2 Diversidade de Phyllostomidae como bioindicadores nas áreas de estudo

A riqueza de espécies Phyllostomidae coletadas no presente estudo demonstra a importância da realização de inventários nos biomas Amazônia e Cerrado maranhense e Caatinga. Os morcegos são bons indicadores de qualidade ambiental, pois além de possuírem grande riqueza e abundância de espécies, ocupam vários níveis tróficos com organismos ecologicamente diversos (Fenton et al. 1992a). Nesse contexto, a família Phyllostomidae se destaca e de acordo com Fenton et al. (1992b) e Kalko (1998) os morcegos dessa família apresentam um enorme valor como indicadores de níveis de perturbação de habitats já que são muito diversos nas regiões tropicais, o que amplia a importância de mais estudos para esta família e biomas.

No presente trabalho as espécies *C. perspicillata*, *A. lituratus*, *A. planirostris* e *G. soricina* foram registradas em todas as áreas amostradas, o que corrobora as suas amplas distribuições discutidas na literatura (Reis et al., 2017). Essas espécies exploram ampla variedade de alimentos o que também justifica sua abundância nas áreas amostradas, além de atuarem como importantes polinizadores e dispersores de inúmeras espécies vegetais (Marinho-Filho & Guimarães, 2001; Sousa, 2011; Reis et al., 2017).

Segundo Medellín et al. (2000), o que indica o estado de conservação de um local não é a existência de determinadas espécies, e sim, a abundância em que elas aparecem. A abundância e prevalência das espécies *A. planirostris*, *A. cinereus*, *C. perspicillata*, *G. soricina* e *S. liliun* registradas nas áreas de coleta do bioma Amazônico, como Godofredo Viana, Luís Domingues e Turiaçu, evidenciam áreas antropizadas e/ou com altos níveis de perturbação ambiental. Já que essas espécies são descritas para áreas antropizadas na literatura (Marinho-Filho & Guimarães, 2001; Ortêncio et al., 2007; Reis et al., 2007; Sousa, 2011; Reis et al., 2017), indicando serem bioindicadores de ambientes alterados. As espécies *P. discolor*, *C. brevicauda* e *A. obscurus* foram coletadas com baixa frequência nesse estudo, mas também são descritas para áreas antropizadas na literatura (Evelyn & Styles, 2003; Thomas, 2006; Zortéia, 2007).

Apesar de alguns fatores como local de abertura das redes, luminosidade, coletores e número de expedições influenciarem na riqueza de capturas, a riqueza de espécies para o bioma Amazônia foi baixa considerando que foram cinco pontos amostrados, em duas expedições, comparado a outros estudos realizados para o bioma. Assim, reforça-se a necessidade de mais estudos e consequentemente maior preservação nesta área estudada, principalmente porque os pontos encontram-se próximos a áreas de mineração de ouro, como em Luís Domingues ou Carutapera. Tal fato corrobora com outros estudos que demonstram que comunidades de morcegos em áreas fragmentadas sofrem uma diminuição na riqueza e composição de espécies (Granjon et al., 1996, Cosson et al., 1999).

As espécies *L. silvicola*, *L. brasiliense*, *P. stenops*, *T. cirrhosus*, *M. minuta*, *R. fischeriae*, *R. pumilio*, *P. fusciventris* foram coletadas apenas na APA do Inhamum, bioma Cerrado e *D. ecaudata* e *M. sanborni* apenas em Picos/ PI no bioma Caatinga. As espécies *L. silvicola*, *L. brasiliense* e *D. ecaudata* são descritas para áreas preservadas, sendo consideradas como indicadoras de ambientes não perturbados (Nogueira et al., 2007; Reis et al. 2007). Nesse contexto, pode-se deduzir que a APA do Inhamum (Caxias) se encontra em bom estado de preservação, associado a presença de determinadas espécies e riqueza elevada de espécies coletadas (Figura 5, Tabela 5). De acordo com Fenton et al. (1992b), espera-se encontrar uma diversidade maior de morcegos em áreas preservadas do que em áreas perturbadas. No entanto, mais expedições no bioma Cerrado com intuito de verificar o grau de preservação de diferentes áreas são necessárias. Em relação a Picos não foi possível inferir quanto ao status de conservação, sendo necessário também mais expedições em relação ao bioma Caatinga.

As espécies *A. fimbriatus*, *A. obscurus*, *H. thomasi* e *P. stenops* não são encontradas em áreas antropizadas, mas denotam serem espécies tolerantes a áreas perturbadas, apesar que *H. thomasi* e *P. stenops* estão fortemente associadas a florestas tropicais e preferem áreas úmidas (Nogueira et al., 2007; Reis et al., 2007). As espécies, *H. thomasi*, *D. youngii*, *T. bidens*, *T. maresi*, *T. nicefori*, *P. recifinus*, *S. tildae*, *U. bilobatum* e *U. magnirostrum* foram coletados em menor frequência nesse estudo, mas em geral preferem áreas de florestas primárias ou secundárias (Reis et al., 2007). A espécie *D. rotundus* foi coletada em abundância ao longo do ano na APA do Inhamum e alguns exemplares em áreas do bioma Amazônico, mas essa abundância pode estar relacionada ao fato das redes estarem aberta em seu caminho habitual em busca de alimento ou próximo a abrigos, o que corrobora Aguiar (2007) e Mialhe (2010).

Esse estudo evidencia que a presença de espécies de morcegos descritas para ambientes antropizados respondem ao processo de fragmentação da paisagem natural dos biomas amostrados - Cerrado, Amazônia e Caatinga - que estão sendo rapidamente transformados pelos avanços da urbanização, agropecuária e mineração.

5 CONCLUSÃO

Neste estudo a riqueza de morcegos para a família Phyllostomidae apontou 34 espécies nominais, porém por meio do gene COI foi possível caracterizar e identificar 28 espécies, com algumas revelando problemáticas taxonômicas, sendo elas: *A. fimbriatus*, *C. brevicauda*, *M. schmidtorum*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*, *R. fischeriae* e *T. bidens*. Algumas espécies como: *C. perspicillata*; *C. brevicauda*, *S. lilium*, *T. maresi*, *P. fusciventris*, *P. helleri*, *A. planirostris*, *A. lituratus* e *A. fimbriatus* tem sido estudadas como complexo de espécies, porém as espécies *M. schmidtorum*, *M. minuta*, *R. fischeriae* e *R. pumilio* necessitam de estudos mais aprofundados.

Entre as espécies do presente estudo, apenas *D. youngii*, *A. lituratus*, *A. obscurus*, *A. gnomus*, *T. maresi*, *P. hastatus*, *P. discolor*, *L. brasiliense*, *C. perspicillata*, *L. silvicola*, *U. bilobatum*, *U. magnirostrum*, *G. soricina* e *R. pumilio* mostraram correspondência entre espécies nominais e uma única OTU. Uma subdivisão de pelo menos dois OTUs foi encontrada dentro de 12 espécies nominais, para pelo menos um dos testes de delimitação (ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC), sendo elas: *D. rotundus*, *D. ecaudata*, *G. crenulatum*, *P. stenops*, *M. minuta*, *H. thomasi*, *S. lilium*, *T. cirrhosus*, *T. nicefori*, *S. tildae*, *A. planirostris* e *M. sanborni*. Todas as espécies de *Platyrrhinus* (*P. recifinus*, *P. fusciventris*, *P. helleri*) do presente estudo, apontaram serem *P. helleri*, com presença de até quatro OTUs por táxon na árvore de IB, necessitando de uma abordagem taxonômica mais profunda.

O modelo ABGD não distinguiu várias espécies nominais na repartição inicial e na repartição recursiva, apenas ao isolar do conjunto de dados completo os gêneros: *Artibeus*, *Carollia*, *Platyrrhinus*, *Sturnira*, *Micronycteris* e *Uroderma*, é que foi possível verificar a delimitações de mais OTUs, mas ainda com divergências para o gênero *Artibeus*. Dessa forma, entre todos os modelos utilizados, o ASAP foi o de melhor resolução.

Quanto ao status de conservação das áreas de estudo, pode-se enfatizar que as espécies *C. perspicillata*, *A. lituratus*, *A. planirostris* e *G. soricina* foram registradas nos três biomas estudados e denotam serem espécies tolerantes a áreas perturbadas. *S. lilium* também é descrito para áreas perturbadas e foi registrada em todos os pontos do Cerrado e Amazônia. As espécies *L. silvicola*, *L. brasiliense* foram registradas no bioma Cerrado e *D. ecaudata* na Caatinga, tais espécies apresentam maior sensibilidade às alterações do ambiente, sendo encontradas em áreas preservadas. As espécies *C. brevicauda*, *A. obscurus*, *P. discolor* também tem sido descritas para áreas antropizadas ou áreas perturbadas, demonstrando que

os morcegos são organismos que respondem rapidamente ao processo de fragmentação e estão se adaptando cada vez às alterações dos ambientes.

Por meio desse estudo, pode-se deduzir que a APA do Inhamum (Caxias) localizada no Cerrado maranhense se encontra em bom estado de preservação diferentemente das áreas amostradas para o bioma Amazônico. A área do bioma caatinga não foi possível inferir quanto ao status de conservação, sendo necessário mais expedições a este bioma.

AGRADECIMENTOS

A ACSL e APMO foram apoiadas por bolsas de pós-graduação da CAPES. O CLSC foi financiado por uma bolsa de pós-graduação da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA). Este estudo foi parcialmente financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código Financeiro 001 e pela Fundação de Pesquisa e Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA).

CONFLITOS DE INTERESSE

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

CONTRIBUIÇÕES DOS AUTORES

ACSL: Conceituação, Redação - rascunho original, Visualização, Investigação, Curadoria de dados, Análise formal, Validação. CLSC: Conceituação, Visualização, Escrita - revisão e edição. APMO: Visualização, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição. ECF: Supervisão, Redação - revisão e edição, Aquisição de financiamento, Administração de projetos, Validação. MCB: Supervisão, Redação - revisão e edição, Análise formal, Validação, Curadoria de dados, Aquisição de financiamento, Administração de projetos. Todos os autores participaram ativamente da discussão dos resultados, revisaram e aprovaram a versão final do artigo.

ORCID

Amanda Cristiny da Silva Lima ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6202-8058>

Ana Priscila Medeiros Olímpio ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7996-9396>

Cleison Luis Silva Costa ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1717-9994>.

Elmary da Costa Fraga ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8062-0338>.

Maria Claudene Barros ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9055-1911>

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aguiar, L. M. S. (2007). Subfamília Desmodontinae. In: Reis, N. R.; Peracchi, A. L.; Pedro, W. A. & Lima, I. P. (eds) *Morcegos do Brasil*. Technical Books, Londrina, Paraná, p 39-43.

Baker, R. J.; Hooper, S. R.; Porter, C. A.; et al. (2003). Diversification among New World Leaf- Nosed Bats: an evolutionary hypothesis and classification inferred from digenomic congruence of DNA sequence. *Occasional Papers of the Museum of Texas Tech University*. Lubbock, 230, 1-32. DOI: <https://doi.org/10.5962/bhl.title.156931>

- Baker, R.J., Taddei, V.A., Hudgeons, J.L. & Van Den Bussche, R.A. (1994). Systematics relationships within Chiroderma (Chiroptera: Phyllostomidae) based on cytochrome B sequence variation. *Journal of Mammalogy*, 75 (2), 321-327. DOI: <http://dx.doi.org/10.2307/1382550>
- Bradley, R. D. & Baker, R. J. (2001). A test of the genetic species concept: cytochrome-b sequences and mammals. *Journal of Mammal.*, 82 (4), 960-973, DOI: [https://doi.org/10.1644/1545-1542\(2001\)082<0960:ATOTGS>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1644/1545-1542(2001)082<0960:ATOTGS>2.0.CO;2)
- Brunet, A. K. & Austad, S. N. (2004). Aging studies on bats: a review. *Biogerontology*, 5 (4), 211–222. DOI: 10.1023/B:BGEN.0000038022.65024.d8
- Carstens, B.C.; Pelletier, T. A.; Reid, N. M. & Satler, J. D. (2013). How to fail at species delimitation. *Molecular Ecology*. 22, 4369–4383. DOI: <https://doi.org/10.1111/mec.12413>
- Cirranello, A.; Simmons, N. B.; Solari, S. & Baker, R. J. (2016). Morphological diagnoses of higher-level Phyllostomid taxa (Chiroptera: Phyllostomidae). *Acta Chiropterologica*, 18 (1), 39–71. DOI:10.3161/15081109ACC2016.18.1.002
- Clare, E. L., Lim, B. K. & Fenton, M. B. & Hebert, P. D. N. (2011). Neotropical bats: estimating species diversity with DNA barcodes. *PLoS ONE*, 6 (7), 322-648 DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022648>
- Clare, E. L.; Lim, B. K.; Engstrom, M. D.; Eger, J. L. & Hebert, P. D. N. (2007). DNA barcoding of Neotropical bats: species identification and discovery within Guyana. *Molecular Ecology Notes*, 7, 184–190. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01657.x>
- Clarke, F.M.; Rostant, L.V. & Racey, P.A. (2005). Life after logging: post-logging recovery of a Neotropical bat community. *Journal of Applied Ecology*, 42, 409-420. DOI:10.1111/j.1365-2664.2005.01024.x
- Cosson, J., Pons, J. & Masson, D. (1999). Effects of forest fragmentation on frugivorous and nectarivorous bats in French Guiana. *Journal of Tropical Ecology*, 15, 515-534.
- Dávalos, L. M., Cirranello, A. L.; Geisler, J. H. & Simmons, N. B. (2012). Understanding phylogenetic incongruence: lessons from phyllostomid bats. *Biological Reviews*, 87, 991–1024. DOI: 10.1111/j.1469-185X.2012.00240.x
- Darriba, D.; Taboada, G.L.; Doallo, R. & Posada D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8), 772.
- Dinelli, L. L. (2013). *Três espécies crípticas em Sturnira lilium (Chiroptera: Phyllostomidae): evidências baseadas no genoma mitocondrial*. 2013. 66 p. Dissertação (Mestre em (Biologia Animal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória.
- Ditchfield, AD (2000). The comparative phylogeography of Neotropical mammals: patterns of intraspecific mitochondrial DNA variation among bats contrasted to nonvolant small mammals. *Molecular Ecology*, (9) 1307 - 1318. DOI: 10.1046/j.1365-294x.2000.01013.x.

- Esselstyn, J.A.; Evans, B.J.; Sedlock, J.L.; Ali, F.; Khan, A. & Heaney, L.R. (2012). Single locus species delimitation: a test of the mixed Yule – coalescent model, with an empirical application to Philippine round-leaf bats. *Proceedings of the Royal Society B*, 279, 3678–3686. DOI: <https://doi.org/10.1098/rspb.2012.0705>
- Evelyn, M. J. & Stiles, D. A. (2003). Roosting requirements of two frugivorous bats (*Sturnira lilium* and *Artibeus intermedius*) in fragmented neotropical forest. *Biotropica*, 35 (3), 405-418.
- Fenton, M. B. (1992a). *Bats*. New York: Facts On File, p. 207.
- Fenton, M.B.; Acharya, L.; Audet, D.; Hickey, M. B. C.; Merriman, C.; Obrist, M. K. & Syme, D. M. (1992b). Phyllostomid bats (Chiroptera: Phyllostomidae) as indicators of habitat disruption in the Neotropics. *Biotropica*, 24, 440 - 446.
- Fischer, E.; Santos, C.F.; Carvalho, L.F.A.C.; Camargo, G.; Cunha, N.L.; Silveira, M.; Bordignon, M.O. & Silva, C.L. (2015). Bat fauna of Mato Grosso do Sul, southwestern Brazil. *Biota Neotropica*, 15 (2), e20140066. DOI: <https://doi.org/10.1590/1676-06032015006614>
- Folmer, O.; Black, M.; Hoeh, W. & Lutz, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3 (5), 294–299.
- Fonseca, B. S. (2019). *Taxonomia integrativa revela diversidade críptica em Trachops cirrhosus (Chiroptera, Phyllostomidae)*. 2019. 78f. Tese (Doutorado em Biologia Animal.) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória.
- Freitas, D. F. Leite, L. & Cappellari, L. H. (2016). A importância ecológica do morcego na natureza. *Revista De Projetos Comunitários E Extensão - Congrega Urcamp*. Disponível em: <http://revista.urcamp.tche.br/index.php/rcmpce/article/view/2622>. Acessado em: 04 de jun 2021.
- Fujisawa, T. & Barraclough, T. G. (2013). Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC) approach: a revised method and evaluation on simulated datasets. *Systematic Biology* 44, 1–49. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/syt033>
- Garbino, G.S.T.; Gregorin, R.; Lima, I. P.; Loureiro, L.; Moras, L.M.; Moratelli, R.; Nogueira, M.R.; Pavan, A.C.; Tavares & Peracchi, V.C. (2020). Updated checklist of Brazilian bats: versão 2020. *Comitê da Lista de Morcegos do Brasil-CLMB. Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros (Sbeq)*. Disponível em: <https://www.sbeq.net/lista-de-especies/>. Acesso: 01/05/2021.
- Geurgas, S. R.; Rodrigues, M. T. (2010). The hidden diversity of *Coleodactylus amazonicus* (Sphaerodactylinae, Gekkota) revealed by molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54, 583–593. DOI: [doi:10.1016/j.ympev.2009.10.004](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.10.004)

Guerrero, J. A. De Luna, E. González, D. (2004). Taxonomic status of *Artibeus jamaicensis* *triomylus* inferred from molecular and morphometric data. *Journal Mammalogy*, 85 (5), 866-874. DOI: <https://doi.org/10.1644/BRB-213>

Granjon, L.; Cosson, J. F.; Judas, J. & Ringuet, E S. (1996). Influence of tropical rainforest fragmentation on mammal communities in French Guiana: early trends. *Acta Ecologica*, 17, 673-684.

Gregorin, R. & Loureiro, L. O. (2011). New records of bats for the state of Minas Gerais, with range extension of *Eptesicus chiriquinus* Thomas (Chiroptera: Vespertilionidae) to southeastern Brazil. *Mammalia*, 75, 291-294. DOI:10.1515/mamm.2011.027

Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic acids symposium. Serie A*. 41, 95-98.

Hebert, P. D. N.; Cywinska, A.; Ball, S. L. & deWaard, J. R. (2003). Biological identification through DNA barcode. *Proceedings of the Royal Societ B, Biological sciences*, 279, 313-322. DOI: 10.1098/rspb.2002.2218

Hoffmann, F. G.; Baker, R. J. (2003). Comparative phylogeography of short-tailed bats (Carollia: Phyllostomidae). *Molecular Ecology*, 12 (12), 3403-14. DOI: doi: 10.1046/j.1365-294x.2003.02009.x.

Hoffmann, F.G.; Owen, J.G. & Baker, R.J. (2003). mtDNA perspective on chromosomal diversification and hybridization in Peter's tent-making bat (*Uroderma bilobatum*: Phyllostomidae). *Molecular Ecology*, 12, 2981-2993. DOI: 10.1046/j.1365-294x.2003.01959.x

Hubert, N. & Hanner, R. (2015). DNA barcoding, species delineation and taxonomy: a historical perspective. *DNA Barcodes*. 3,44–58. DOI 10.1515/dna-2015-0006

Hurtado, I. N.; Arias, E. & Pacheco, V. (2014). Redescription of *Mimon koepckeae* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Zoologia*, 31 (4), 377–388. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1984-46702014000400009>

Hurtado, N. & Pacheco, V. (2014). Análisis filogenético del género *Mimon* Gray, 1847 (Mammalia, Chiroptera, Phyllostomidae) con la descripción de un nuevo género. *THERYA*, 5 (3), 751-791. DOI: <https://doi.org/10.12933/therya-14-230>.

Kalko, E. K. V. (1998). Organization and diversity of tropical bat communities through space and time. *Zoology* 101.

Kumar, S.; Stecher, G.; Lim, K. & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35, 1547-1549. DOI: DOI: 10.1093/molbev/msy096

Inkscape: Desenhe Livrement. *Inkscape 1.1*. Disponível em: <https://inkscape.org/pt-br/>. Acesso em 30 de jun de 2021.

- Johns, G. C & Avise, J. C. (1998). A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome b gene. *Molecular Biology and Evolution* 15,1481-1490. DOI:10.1093/OXFORDJOURNALS.MOLBEV.A025875
- Librado, P. & Rozas, J. (2009). DnaSPv5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451-1452. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp187
- Miller, M.; Hoover, P.; Chen, T. & Pfeiffer, W. (2009). *CIPRES Science Gateway v. 3.3*. (2009). Disponível em: <https://www.phylo.org/index.php/portal/about/>. Acesso em 25 de jun de 2021.
- Marques-Aguiar, S. A. A systematic review of the large species of *Artibeus* Leach, 1821 (Mammalia: Chiroptera) with some phylogenetic inferences. 1994. *Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi (Zoologia)*, 10 (1), 3-83.
- Martins, F. M.; Templeton, A. R.; Pavan, A. C. O.; Kohlback, B. C. & Morgante, J. S. (2009). Phylogeography of the common vampire bat (*Desmodus rotundus*): Marked population structure, Neotropical Pleistocene vicariance and incongruence between nuclear and mtDNA markers. *BMC Ecology and Evolution*, 9 (1), 294. DOI:10.1186/1471-2148-9-294
- Martins, F. M.; Ditchfiel, A. D.; Meyer, D. & Morgante, J. S. (2007). Mitochondrial DNA phylogeography reveals marked population structure in the common vampire bat, *Desmodus rotundus* (Phyllostomidae). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 45, 372-378. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0469.2007.00419.x>
- Martínez-Cerón, J. M.; Patiño-Castillo, E.; Carvalho-Madrigal, S. & Díaz-Nieto, J. F. (2019). Molecular and morphological identification of *Phylloderma stenops* Peters, 1865 (Chiroptera, Phyllostomidae) and new records for Colombia, *Check List*, 15 (1), 37–44. DOI:<https://doi.org/10.15560/15.1.37>
- Medellin, R.A.; Equihua, M. & Amin, M.A. (2000). Bat diversity and abundance as indicators of disturbance. In: Neotropical rainforests. *Conservation Biology*, 14, 1666-1675.
- Meredith, R. W; Jánečka, J. E; Gatesy, J; Ryder, O. A. (2011). Impacts of the Cretaceous Terrestrial Revolution and KPg Extinction on Mammal Diversification, *Science*, 334 (6055), 521-524. DOI:10.1126/science.1211028
- Mialhe, Pedro Jacques. (2010). *Análise e caracterização de ataques a rebanhos por morcegos Desmodus rotundus no Município de São Pedro (São Paulo, Brasil)*. 2010. 105p. Dissertação (Mestre em Ciências) - Universidade Federal de São Carlos. São Paulo.
- Monaghan, M. T.; Wild, R.; Elliot, M.; Fujisawa, T.; Balke, M. & Inward, D. J. G. (2009). Accelerated species inventory on Madagascar using coalescent-based models of species delineation. *Systematic Biology* 58:298–311. DOI:10.1093/sysbio/syp027
- Nguyen, Lam-Tung; Schmidt, H. A.; Haeseler, A.; Minh, B. Q. (2014). IQ-TREE: A Fast and Effective Stochastic Algorithm for Estimating Maximum-Likelihood Phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32 (1), 268–274. DOI:10.1093/molbev/msu300.

Nogueira, M. R.; Lima, I. P.; Moratelli, R.; Tavares, V. C.; Gregorin, R. & Peracchi, A. L. (2014). Checklist of Brazilian bats, with comments on original records. *Journal of species lists and distribution. Check list*, 10 (4), 808-821. DOI: <https://doi.org/10.15560/10.4.808>

Nogueira, M. R.; Dias, D. & Peracchi, A.L. (2007). Subfamília Glossophaginae. In *Morcegos do Brasil* (N. R. Reis, A.L. Peracchi, W.A. Pedro & I.P. Lima, eds). Nelio R. dos Reis, Londrina, p.45-60.

Ortêncio Filho, H.; Reis, N. R.; Pinto, D. & Vieira, D. C. (2007). Aspectos reprodutivos de *Artibeus lituratus* (Phyllostomidae) em fragmentos florestais na região de Porto Rico, Paraná, Brasil. *Chiroptera Neotropical*, 13 (2), 313-318.

Oliveira, R. C. *Diversidade de espécies de morcegos (Mammalia: Chiroptera) na Amazônia brasileira*. 2016. 67 p. Dissertação (Mestre em Genética, Conservação e Biologia Evolutiva) -Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia- Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas, 2016.

Pacheco, V.; Patterson, B. D. (1991). Phylogenetic relationships of the New World bat genus *Sturnira* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 206, 101- 121.

Peracchi, A. L.; Lima, I. P.; Reis, N. R.; Nogueira, M. R.; Filho, H. O. Ordem Chiroptera. In: Reis, N. R.; Peracchi, A. L.; Pedro, W. A.; Lima, I. P. (2011). *Mamíferos do Brasil*. 2ª ed. Londrina: N. R. Reis, p. 155-234.

Pinto, M. M. P. L. (2007). *Utilização de marcadores citogenéticos na análise comparativa dos grandes Artibeus (Phyllostomidae, Chiroptera), avaliando estruturas conservadas e sítios espécie-específicos*. 2007, 82p. Dissertação (Mestre em Genética) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife- PE.

Pons, J.; Barraclough, T.; Gomez-Zurita, J.; Cardoso, A.; Duran, D. P.; Hazzel, S.; Kamoun, S.; Sumlin, W.D.; Vogler, A.P. (2006). Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55, 595–609. DOI: <https://doi.org/10.1080/10635150600852011>

Puillandre, N.; Lambert, A.; Brouillet, S. & Achaz, G. (2012). ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*, 21, (8), 1864–1877. DOI: [10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x)

Puillandre, N.; Brouillet, S.; Achaz, G. (2020). ASAP: assemble species by automatic partitioning. *Molecular Ecology Resources*, 21, 609–620. DOI: <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13281>

Rambaut, A.; Suchard, M. A.; Xie, D. & Drummond, A. I. (2014). *Tracer v1.6*. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/tracer>

Rambaut A. (2018). *FigTree v1.4.2*. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>

- Redondo, R. A.; Brina, L. P.S.; Silva, R. F.; Ditchfield, A. D.; Santos, F. R. (2008). Molecular systematics of the genus *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49 (1), 44-58. DOI:10.1016/j.ympev.2008.07.001
- Reis, N. R.; Fregonezi, M.N.; Peracchi, A.L. & Shibatta, A.O. (2013). *Morcegos do Brasil: Guia de Campo*. Technical Books, Rio de Janeiro, 225 pp.
- Reis, N. R.; Peracchi, A. L.; Batista, C. B., (2017). *História Natural dos morcegos brasileiros: chave de identificação de espécies*. Rio de Janeiro: Technical Books, 416 p., 196- 202.
- Reis, N. R.; Peracchi, A. L.; Pedro, W. A & Lima, I. P. (2007). Sobre Morcegos do Brasil. In: *Morcegos do Brasil*. Londrina: edição do autor, 256 p., 18-19.
- Reis, N.R.; Peracchi, A. L.; Lima, I. P. (2002). Morcegos Da Bacia Do Rio Tibagi. In: Medri, M. E.; Bianchini, E.; Shibatta, O. A.; Pimenta, J. A. (Eds.). *A bacia do rio Tibagi*. Londrina: p. 251-270.
- Sanger, F.; Nichlen, S. & Coulson, A. R. (1997). DNA sequencing with chain termination inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, Cambridge, 74 (12), 5463-5467. DOI: 10.1073/pnas.74.12.5463
- Sousa, R. F. (2011). *Biologia, ecologia e aspectos citogenéticos de morcegos (chiroptera, mammalia) em remanescentes florestais de cerrado no leste mato-grossense*. 2011. 99p. Dissertação (Mestre em Ecologia e Conservação) - Universidade do Estado de Mato Grosso, Nova Xavantina, MT.
- Taylor M. & Tuttle M, D. (2019). *BATS: an illustrated guide to all species*. ed 4. China: science editor & photographer, 403p., 96-169.
- Suchard, M. A.; Lemey, P.; Baele, G.; Ayres, D. L.; Drummond, A. J. & Rambaut, A. (2018). Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10 *Virus Evolution* 4, vey016. DOI:10.1093/ve/vey016
- Thomas, M. (2006). *Carrollia brevicauda*. In: *Bocas del Toro Species Databases, Smithsonian Tropical Research Institute*. Disponível em: http://striweb.si.edu/bocas_database/details.php?i=1766.
- Thompson, J. D.; Higgins, D. G.; Gibson, T. J. (1994). Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties, and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22, 4673-4680. DOI: 10.1093/nar/22.22.4673
- Uieda, W.; Ester, M.; Santos, C. F. (2006). *Chave de Campo para Identificação de Morcegos Brasileiros*, 100 (4), 1-3.
- Velazco, P. M. & Patterson, B. D. (2008). Phylogenetics and biogeography of the broad-nosed bats, genus *Platyrrhinus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 49,749-759. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.09.015>

Velazco, P. M.; Gardner, A. L. & Patterson, B. D. (2010). Systematics of the *Platyrrhinus helleri* complex (Chiroptera: Phyllostomidae) with descriptions of two new species. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 151, 789-812. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1096-3642.2009.00610.x>

Venables, W. N.; Smith, D. M. & the R Core Team. (2021). *R version 4.1.0 Patched. 2021*. R: A Programming Environment for Data Analysis and Graphics. Vienna: The Foundation for Statistical Computing.

Wetterer, A. L.; Rockman, M. V. & Simmons, N. B. (2000). Phylogeny of Phyllostomid bats (Mammalia: Chiroptera): data from diverse morphological systems, sex chromosomes, and restriction sites. *Bulletin of the American Museum of Natural History*. New York, 248, 1-200.

Williams, S. L.; Genoways, H. H. Subfamily Phyllostominae Gray, 1825. (2008). In Gardner, A.L. (ed.). *Mammals of South America, v 1: Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats*. Chicago and London: *The University of Chicago Press*. 255–300.

Yang, Z, Rannala, B. (2016). Species identification by Bayesian fingerprinting: a powerful alternative to DNA barcoding. *bioRxiv*. 2016:041608. DOI: <https://doi.org/10.1101/041608>

Zortéa, M. (2007). Subfamília Stenodermatinae. In: REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. *Morcegos do Brasil*. Londrina: edição do autor, 256 p., cap. 7, p. 111.

Zhang, J, Kapli, P, Pavlidis, P, Stamatakis, A. (2013). A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*. 29, 2869–2876. DOI: [10.1093/bioinformatics/btt499](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt499)

APÊNDICES

APÊNDICE A - Acessos da Plataforma GenBank de sequências de DNA analisadas com suas respectivas localidades.

Espécies	Acesso GenBank	Localidades	Siglas usadas no estudo
<i>Artibeus cinereus</i>	JF452291.1	Guiana, Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY
<i>Artibeus fimbriatus</i>	JF446310.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Artibeus fimbriatus</i>	JF446312.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Artibeus gnomus</i>	JF452442.1	Equador, Potaro-Siparuni	ECU
<i>Artibeus lituratus</i>	JF446347.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Artibeus planirostris</i>	JF453493.1	Guiana, Potaro-Siparuni	GUY
<i>Artibeus obscurus</i>	JF453177.1	Guiana, East Berbice-Corentyne	GUY
<i>Bradypus tridactylus</i>	KT818525	Guiana Francesa	GUY
<i>Bradypus tridactylus</i>	NC037527	Guiana Francesa	GUY
<i>Carollia brevicauda</i>	JF453684.1	Guiana, Potaro-Siparuni	GUY
<i>Carollia brevicauda</i>	JF448700.1	Equador, Napo	ECU
<i>Carollia perspicillata</i>	JF448796.1	Equador, Napo	ECU
<i>Carollia perspicillata</i>	JF446356	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Desmodus rotundus</i>	JF435294.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Diaemus youngi</i>	KU295474	Guiana Francesa, Grotte Parfum	GUY
<i>Diphylla ecaudata</i>	NC037138.1	Bolívia, Abel Iturralde	BOL
<i>Gardnerycteris crenulatum</i>	EU096781	Suriname, Sipaliwini	SUR
<i>Glossophaga soricina</i>	JQ601425.1	Suriname, Tafelberg	SUR
<i>Hsunitycteris thomasi</i>	JF447649.1	Suriname, Nickerie	SUR
<i>Lophostoma brasiliense</i>	EF080418.1	Guiana, Potaro-Siparuni	GUY
<i>Lophostoma silvicola</i>	KR921588.1	Brasil, Mato Grosso	MT-BRA
<i>Micronycteris minuta</i>	JF448080.1	Guiana, Potaro-Siparuni	GUY
<i>Micronycteris schmidtorum</i>	F51825	Guiana, Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY
<i>Phylloderma stenops</i>	MH298327	Colômbia, San Onofre	COL
<i>Phyllostomus discolor</i>	KR921593.1	Brasil, Mato Grosso	MT-BRA
<i>Phyllostomus discolor</i>	KR921592.1	Brasil, Ceará	CE-BRA
<i>Phyllostomus hastatus</i>	HQ545486.1	Suriname, Sipaliwini	SUR
<i>Platyrrhinus helleri</i>	EU096874.1	Suriname, Sipaliwini	SUR
<i>Platyrrhinus helleri</i> PS2	EF080581	Guyana: Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY
<i>Platyrrhinus helleri</i> PS3	EF080584.1	Guyana: Potaro-Siparuni	GUY
<i>Platyrrhinus recifinus</i>	JF446383.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Platyrrhinus recifinus</i>	JF446385.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Rhinophylla pumilio</i>	JF449145.1	Equador, Napo	ECU
<i>Rhinophylla fischeriae</i>	JF449091.1	Equador, Napo	ECU

Espécies	Acesso GenBank	Localidades	Siglas usadas no estudo
<i>Sturnira lilium</i>	JF455822.1	Guiana, Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY
<i>Sturnira lilium</i>	JF446388.1	Brasil, São Paulo	SP-BRA
<i>Sturnira tildae</i>	JF455922.1	Guyana, Potaro-Siparuni	GUY
<i>Sturnira tildae</i>	JF447739.1	Brasil, Mato Grosso	MT-BRA
<i>Tonatia bidens</i>	KR921585.1	Brasil, Mato Grosso	MT-BRA
<i>Tonatia saurophila</i>	KR921590.1	Brasil, Mato Grosso	MT-BRA
<i>Trachops cirrhosus</i> PS3	EF080776.1	Guiana, Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY
<i>Trinectes nicefori</i>	EF080785.1	Guiana, Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY
<i>Uroderma bilobatum</i>	EU097064.1	Suriname, Sipaliwini	SUR
<i>Uroderma magnirostrum</i>	JF456032.1	Guiana, Upper Takutu-Upper Essequibo	GUY

APÊNDICE B- Tabela de similaridade obtida para haplótipos de espécies da família Phyllostomidae de ocorrência no Maranhão e Piauí com as espécies da plataforma BOLD Systems.

Código/Genbimol	Identificação Morfológica (Presente estudo)	Identificação molecular (Bold Systems)	Similaridade (%)
CEC 60	<i>Artibeus fimbriatus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 125	<i>Artibeus fimbriatus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
RRM 130	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 55	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 74	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 110	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 115	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 116	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 225	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CUMA 15	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 120	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CEC 126	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CUMA 14	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	99,66
CUMA 94	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CUMA 18	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CUMA 81	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CUMA 56	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
CUMA 70	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	99,83
RRM 160	<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Artibeus lituratus</i>	100,00
PIC24	<i>Artibeuslituratus</i>	<i>Artibeuslituratus</i>	100,00
PIC 32	<i>Artibeuslituratus</i>	<i>Artibeuslituratus</i>	99,33
RRM 81	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
RRM 127	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,50
RRM 138	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,82
RRM 139	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,83
RRM 171	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00

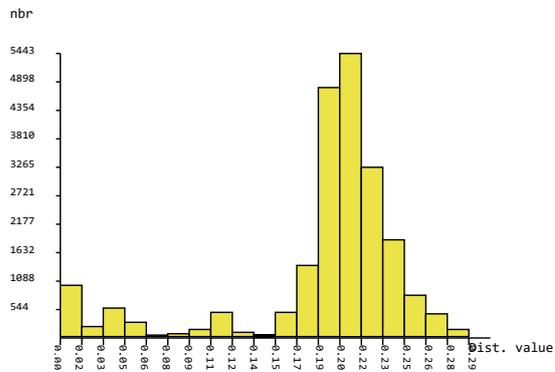
CEC 114	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CUMA 13	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CUMA 89	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CUMA 90	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,60
CUMA 95	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CUMA 102	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CUMA 103	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CUMA 104	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,66
CUMA 106	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,66
CUMA 86	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,83
PIC 17	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,80
PIC 20	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
RRM 150	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,49
CUMA 23	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
PIC06	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	100,00
CX 08	<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Artibeus planirostris</i>	99,49
RRM 103	<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Artibeus obscurus</i>	99,81
RRM 20	<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Artibeus obscurus</i>	99,83
CEC 13	<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Artibeus obscurus</i>	99,66
CEC 169	<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Artibeus obscurus</i>	99,44
CEC 172	<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Artibeus obscurus</i>	99,66
CEC 04	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,66
CEC 127	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	100,00
CEC 139	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,80
CEC 158	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,83
RRM 132	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	100,00
RRM 141	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,66
RRM 162	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,83
RRM 34	<i>Artibeus cinereus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,20
CEC 223	<i>Artibeus gnomus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,66
RRM 166	<i>Artibeus gnomus</i>	<i>Artibeus gnomus</i>	99,66
RRM 79	<i>Artibeus gnomus</i>	<i>Artibeus cinereus</i>	99,80
RRM 89	<i>Artibeus gnomus</i>	<i>Artibeus gnomus</i>	99,49
CEC 140	<i>Carollia brevicauda</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 09	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 11	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 15	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 24	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,83
RRM57	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM58	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,83
RRM 64	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,83
RRM 161	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 36	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 46	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM 50	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
RRM164	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,66
RRM51	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	98,98
CEC 88	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
CEC 92	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,83
CEC 134	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,66
CEC 141	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,61
CEC 145	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
CEC 201	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
CEC 211	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00

CEC 212	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	100,00
PIC 08	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,83
PIC 09	<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Carollia perspicillata</i>	99,83
CEC 18	<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Desmodus rotundus</i>	99,65
CEC 39	<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Desmodus rotundus</i>	99,48
CEC 50	<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Desmodus rotundus</i>	99,29
CEC 182	<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Desmodus rotundus</i>	99,48
CEC 187	<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Desmodus rotundus</i>	99,29
CEC 203	<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Desmodus rotundus</i>	99,65
CEC 01	<i>Diaemus youngii</i>	<i>Diaemus youngii</i>	99,83
PIC 42	<i>Diphylla ecaudata</i>	<i>Diphylla ecaudata</i>	98,49
PIC 43	<i>Diphylla ecaudata</i>	<i>Diphylla ecaudata</i>	98,49
RRM 17	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,83
CEC 104	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	100,00
CEC 131	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,66
CUMA 110	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,31
CUMA 113	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,66
CUMA 55	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,49
MRR 74	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,83
MRR 85	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,83
MRR 43	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,66
MRR 68	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	100,00
PIC 04	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,66
CUMA 98	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,81
CEC 105	<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Glossophaga soricina</i>	99,66
RRM 13	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	99,49
RRM 47	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	99,49
RRM 23	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	99,49
CEC 176	<i>Lophostoma brasiliense</i>	<i>Lophostoma brasiliense</i>	99,66
CEC 178	<i>Lophostoma brasiliense</i>	<i>Lophostoma brasiliense</i>	100,00
CEC 51	<i>Lophostoma silvicola</i>	<i>Lophostoma silvicola</i>	98,98
CEC 103	<i>Lophostoma silvicola</i>	<i>Lophostoma silvicola</i>	98,82
CEC 130	<i>Lophostoma silvicola</i>	<i>Lophostoma silvicola</i>	98,98
CEC 147	<i>Lophostoma silvicola</i>	<i>Lophostoma silvicola</i>	98,98
CEC 161	<i>Lophostoma silvicola</i>	<i>Lophostoma silvicola</i>	98,82
CEC 149	<i>Micronycteris minuta</i>	<i>Micronycteris cf. minuta</i>	98,14
CEC 150	<i>Micronycteris schmidtorum</i>	<i>Micronycteris cf. minuta</i>	97,98
PIC 14	<i>Micronycteris cf. sanborni</i>	<i>Micronycteris sanborni</i>	98,64
PIC 31	<i>Micronycteris cf. sanborni</i>	<i>Micronycteris sanborni</i>	97,79
CEC 218	<i>Gardnerycteris crenulatum</i>	<i>Mimon crenulatum</i>	99,14
CEC 180	<i>Phylloderma stenops</i>	<i>Phylloderma stenops</i>	98,49
CEC 107	<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Phyllostomus discolor</i>	100,00
CEC 109	<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Phyllostomus discolor</i>	100,00
CUMA 87	<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Phyllostomus discolor</i>	99,83
CUMA 99	<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Phyllostomus discolor</i>	99,66
CEC 136	<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Phyllostomus discolor</i>	99,83
CEC 111	<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Phyllostomus hastatus</i>	99,83
CEC 132	<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Phyllostomus hastatus</i>	100,00
RRM 163	<i>Platyrrhinus sp.</i>	<i>Platyrrhinus helleri PS2</i>	98,65
RRM 08	<i>Platyrrhinus sp.</i>	<i>Platyrrhinus helleri</i>	99,49
RRM 56	<i>Platyrrhinus sp.</i>	<i>Platyrrhinus helleri PS3</i>	98,64
CEC 37	<i>Platyrrhinus cf. recifinus</i>	<i>Platyrrhinus helleri</i>	100,00

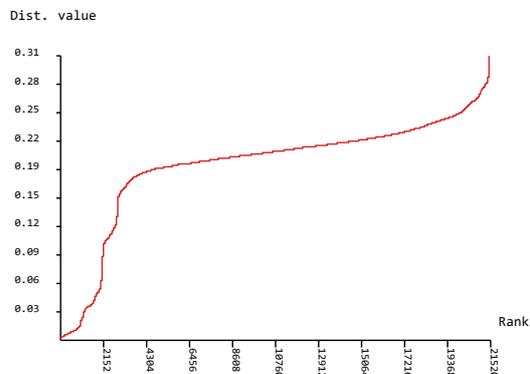
RRM 144	<i>Platyrrhinus recifinus</i>	<i>Platyrrhinus helleri</i>	99,83
CECSC 171	<i>Platyrrhinus cf. fusciventris</i>	<i>Platyrrhinus helleri PS3</i>	100,00
CECSC 43	<i>Rhinophylla fischeriae</i>	<i>Rhinophylla pumilio</i>	99,83
CECSC 206	<i>Rhinophylla fischeriae</i>	<i>Rhinophylla pumilio</i>	99,83
CECSC 135	<i>Rhinophylla pumilio</i>	<i>Rhinophylla pumilio</i>	99,66
CECSC 175	<i>Rhinophylla pumilio</i>	<i>Rhinophylla pumilio</i>	99,49
CECSC186	<i>Rhinophylla pumilio</i>	<i>Rhinophylla pumilio</i>	99,66
CECSC 03	<i>Sturnira lilium</i>	<i>Sturnira lilium</i>	99,66
CECSC 38	<i>Sturnira lilium</i>	<i>Sturnira lilium</i>	99,83
CECSC 52	<i>Sturnira lilium</i>	<i>Sturnira lilium</i>	99,66
CECSC 166	<i>Sturnira lilium</i>	<i>Sturnira lilium</i>	99,83
CECSC 173	<i>Sturnira lilium</i>	<i>Sturnira lilium</i>	100,00
RRM 117	<i>Sturnira tildae</i>	<i>Sturnira tildae</i>	99,07
CECSC 94	<i>Tonatia bidens</i>	<i>Tonatia saurophila</i>	98,86
RRM 22	<i>Tonatia bidens</i>	<i>Tonatia saurophila</i>	98,66
RRM 01	<i>Tonatia maresi</i>	<i>Tonatia saurophila</i>	98,47
CECSC 234	<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trachops cirrhosus</i>	97,81
CECSC237	<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trachops cirrhosus</i>	97,82
CECSC248	<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trachops cirrhosus</i>	97,82
CECSC 23	<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trachops cirrhosus</i>	97,81
RRM 126	<i>Trinycteris nicefori</i>	<i>Trinycteris nicefori</i>	99,33
RRM 07	<i>Trinycteris nicefori</i>	<i>Trinycteris nicefori</i>	99,33
RRM 145	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,66
RRM148	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,83
RRM 99	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,83
RRM 82	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,50
RRM 134	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,83
RRM 86	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,83
RRM 92	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	99,66
RRM 101	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	100,00
RRM 133	<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Uroderma bilobatum</i>	100,00
RRM 98	<i>Uroderma magnirostrum</i>	<i>Uroderma magnirostrum</i>	99,66
RRM 136	<i>Uroderma magnirostrum</i>	<i>Uroderma magnirostrum</i>	99,15
RRM 170	<i>Uroderma magnirostrum</i>	<i>Uroderma magnirostrum</i>	99,49

APÊNDICE C- Delimitação de espécies para todo o banco de dados, Modelo ABGD.

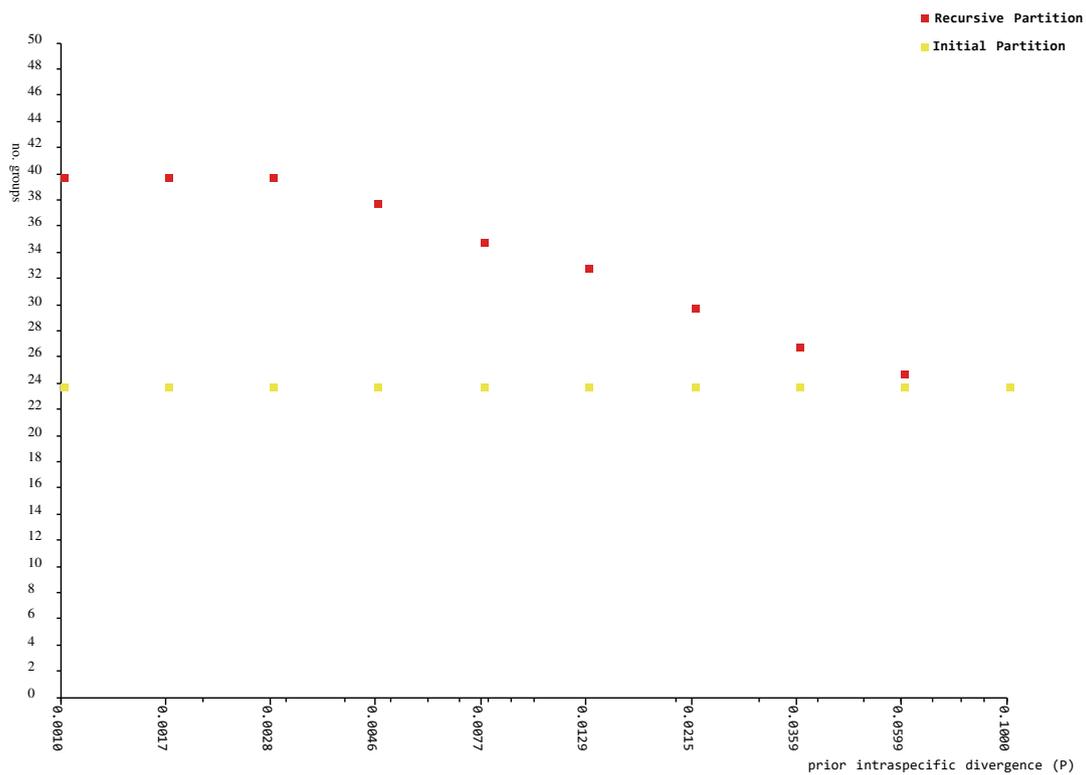
Histogram of distances_



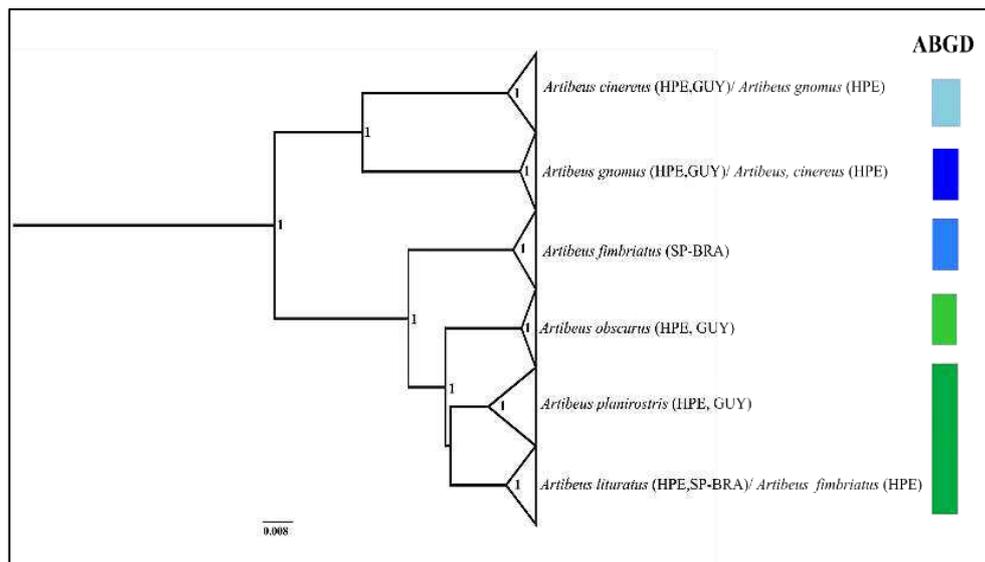
Ranked distances



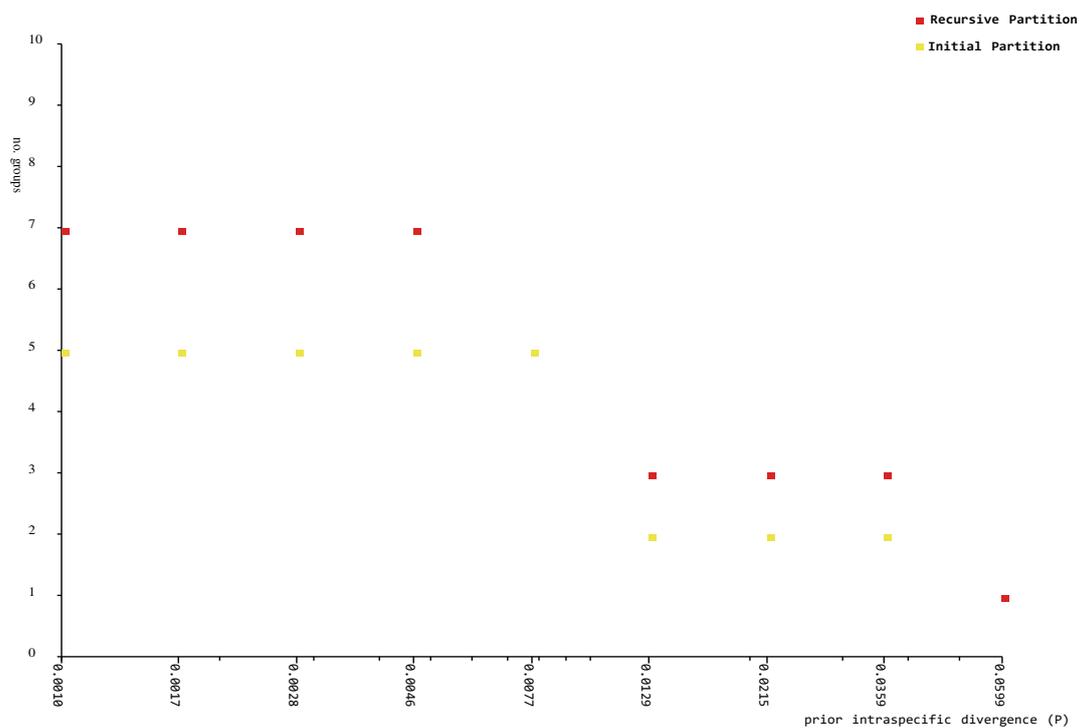
A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



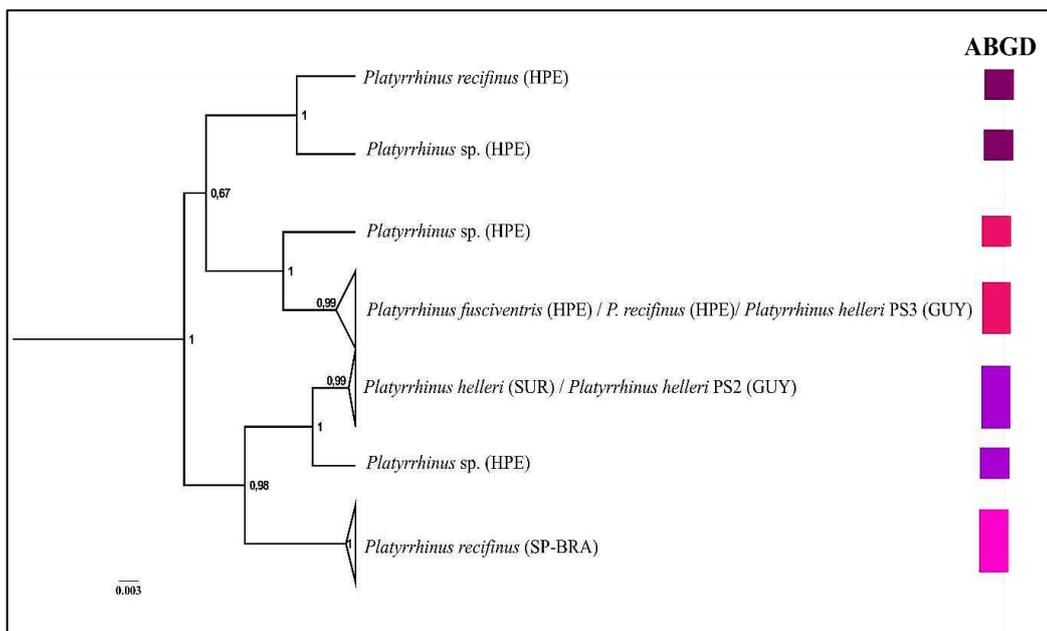
APÊNDICE D- - Delimitação de espécies para o gênero o *Artibeus*, Modelo ABGD.



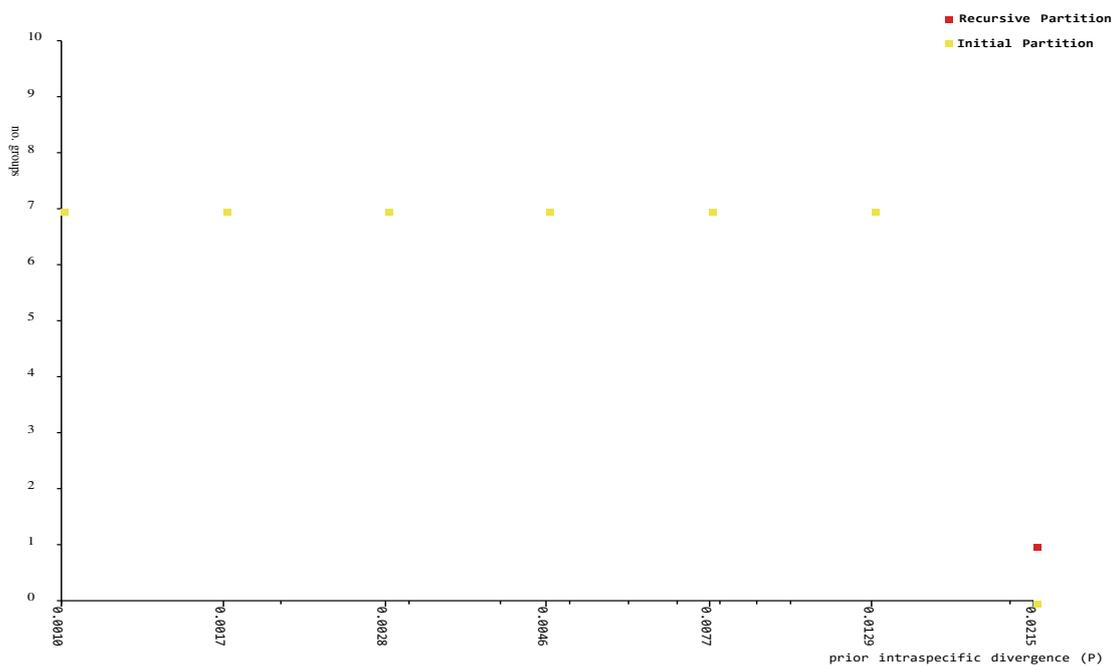
A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



APÊNDICE E- Delimitação de espécies, para o gênero o *Platyrrhinus*, Modelo ABGD.



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela Suplementar 1 (S1):

Link da média de divergência nucleotídica para as espécies da família Phyllostomidae gerada a partir de dados do gene COI utilizando o modelo Tamura-Nei. Na diagonal em negrito é vista a divergência interespecífica dentro de cada espécie. A abreviação **n/c** corresponde as espécies com apenas uma espécie. As espécies com siglas C correspondem as espécies do presente estudo que apresentaram conflitos na identificação morfológica e genética.

Link (S1): <https://drive.google.com/file/d/1MOryUcdWT67DPZ3-nhdKlnzoyCFSd79m/view?usp=sharing>

ANEXOS

ANEXO A – Extração De DNA

O DNA dos espécimes foi obtido através do tecido muscular, utilizando-se o Kit Wizard Genomic DNA Purification da PROMEGA seguindo as instruções do fabricante que consiste nas seguintes etapas:

- Retira-se um fragmento de 20mg tecido;
- Prepara-se solução composta de EDTA (60 µl) e Nuclei Lysis Solution (250 µl), em quantidade proporcional as amostras;
- Mistura-se a solução manualmente;
- Leva-se a solução ao freezer por 5 minutos, tomando-se o cuidado para não congelar;
- Para cada µl de cada amostra, usa-se 300 µl para cada um dos tubos;
- Coloca-se 15 µl de proteinase K e deixa a amostra em banho maria (ou no shak) a 65° C até degradar todo o tecido;
- Adiciona-se 10 µl de RNase e leva-se à estufa a 37° C por 30 minutos;
- Retira-se as amostras da estufa adiciona-se 150 µl do reagente Protein Precipitation;
- Agita-se delicadamente os tubos manualmente;
- Agita-se no vórtex para garantir a homogeneização dos reagentes por mais ou menos 5 segundos;
- Leva-se as amostras ao freezer por cinco minutos, tomando o cuidado para não congelar;
- Centrifuga-se por 10 minutos a 15.000 rpm;
- Adiciona-se 600 µl de Isopropanol (para precipitar o DNA) em um novo tubo.
- Retira-se o tubo da centrífuga e retira-se o sobrenadante; colocando-o junto com Isopropanol;
- Agita-se gentilmente os tubos para homogeneizar;
- Centrifuga-se por 10 minutos a 15.000 rpm;
- Descarta-se o isopropanol e coloca-se o tubo papel absorvente;
- Em seguida adiciona-se 500 µl de álcool 70% nos tubos, agita-se gentilmente e visualiza-se o pellet;
- Centrifuga-se por 10 minutos a 15.000 rpm;
- Descarta-se o álcool;

- Submete-se as amostras a um spin;
- Retira-se o excesso de álcool tomando cuidado para não remover o pellet;
- Coloca-se o tubo aberto na estufa por 10 minutos;
- Coloca-se 50 µl de solução DNA rehydratation ou TE;
- Depois coloca-se em overnight e posteriormente no freezer;
- Visualiza-se o DNA em gel de agarose a 1% em uma proporção de 3 µl do tampão (azul de bromofenol e xilenocianol) para 3 µl de DNA.

ANEXO B – Amplificações via PCR (Reação em Cadeia da Polimerase)

Primers específicos foram usados para isolar e amplificar o gene rRNA16S e Citocromo Oxidase Subunidade 1 (CO1) a partir do DNA total. A PCR foi realizada com um volume final de 25 µl usando os seguintes reagentes:

- ✓ 4µl de DNTPs (1,25M) (nucleotídeos);
- ✓ 2,5 µl de solução tampão (10X);
- ✓ 0,5 µl de solução de MgCl₂;
- ✓ 2 µl de DNA (250ng/µl);
- ✓ 0,2 µl da enzima Taqpolimerase (5u/µl);
- ✓ 0,25 µl de cada primer (200 ng/µl);
- ✓ Água de injeção para completar o volume final da reação.

O processo de amplificação ocorreu em um termociclador e o protocolo para amplificação do gene rRNA 16S consistiu de uma desnaturação inicial a 94°C por cinco minutos, seguido de 30 ciclos com os seguintes parâmetros: 94°C por um minuto (Desnaturação), 50°C por um minuto (Anelamento) e 72°C por dois minutos (Extensão) e extensão final, a 72°C por sete minutos. O protocolo de amplificação para o gene COI (Citocromo Oxidase Subunidade 1) consistiu de 35 ciclos com os seguintes parâmetros: 94°C por 45 segundos (Desnaturação), 50°C por 40 segundos (Anelamento) e 72°C por um minuto (Extensão). Inicialmente ocorreu um ciclo de desnaturação de cinco minutos a 94°C e no final uma extensão de cinco minutos a 72°C. Os produtos das PCRs foram visualizados em minigel de agarose a 1%

ANEXO C - Reação de sequenciamento de DNA

Os produtos de PCR purificados foram submetidos à reação de sequenciamento de DNA segundo o método de Sanger et al. (1977). Para a reação de sequência serão utilizados: 3,9µl de H₂O, 1,05µl de Buffer, 0,35µl de Primer (0,8 pmol/µl), 1µl de DNA e 0,7µl de Big Dye. A reação de sequenciamento foi realizada em uma placa com 96 poços, utilizando-se um termociclador e um programa com os seguintes parâmetros: 35 ciclos de 96°C por 60 segundos, 96°C por 15 segundos, 60°C por quatro minutos. Após a reação de sequência as amostras serão precipitadas para a retirada do excesso de reagentes não incorporados de acordo com o protocolo descrito abaixo:

1. Submeta-se a placa a um spin (centrífuga de placa);
2. Adiciona-se 2,5µl de EDTA (125 mM);
3. Veda-se a placa e submeteu-se a um spin;
4. Adiciona-se 30µl de Etanol 100%;
5. Veda-se a placa e misturou-se invertendo 4-5x;
6. Envolve-se a placa em papel alumínio e deixa-se em repouso à temperatura ambiente por 15 minutos (centrífuga refrigerada 4° C);
7. Centrifuga-se a 4.000 rpm por 30 minutos;
8. Inverta-se bruscamente a placa para descartar o álcool e secar sobre o papel absorvente;
9. Centrifuga-se a placa invertida por 15 segundos a 1.150 rpm;
10. Adiciona-se 30µl de Etanol a 70%;
11. Veda-se a placa
12. Centrifuga-se a 3.440 rpm por 15 segundos (centrífuga refrigerada 4° C);
13. Inverta-se bruscamente para descartar o álcool e secar sobre o papel absorvente;
14. Centrifuga-se a placa invertida por 1 minuto a 1.150 rpm;
15. Deixa-se a placa na estufa a 37° C por aproximadamente 10 minutos para evaporar o excesso de álcool;
16. Adiciona-se Formamida (10µl), leva-se a placa a 94° C por cerca de 3 minutos e coloca-se a mesma no sequenciador automático de DNA (ABI 3500/Life Technologies) onde ocorrerá a eletroforese.

CAPÍTULO 4: Espécies de morcegos da família Phyllostomidae de ocorrência nos biomas Cerrado e Amazônia maranhenses

<https://doi.org/10.22533/at.ed.1872105076>

Capítulo de livro publicado no livro “Morcegos dos biomas Cerrado e Amazônia Maranhense: conhecer para conservar” (2021), Editora Atena

ISBN 978-65-5983-218-7

<https://doi.org/10.22533/at.ed.187210507>

MARIA CLAUDENE BARROS
 ANA PRISCILA MEDEIROS OLÍMPIO
 AMANDA CRISTINY DA SILVA LIMA
 BRUNO AUGUSTO TORRES PARAHYBA CAMPOS
 MARCELO CARDOSO DA SILVA VENTURA
 (ORGANIZADORES)



MORCEGOS DOS BIOMAS CERRADO E AMAZÔNIA
 MARANHENSE: CONHECER PARA CONSERVAR



Atena
 Editora
 Ano 2021



ÁREA DO AUTOR

ÁREA DO AVALIADOR

ÁREA DO ORGANIZADOR



CAPÍTULO 6

ESPÉCIES DE MORCEGOS DA FAMÍLIA PHYLLOSTOMIDAE DE OCORRÊNCIA NOS BIOMAS CERRADO E AMAZÔNIA MARANHENSES

Data de aceite: 05/05/2021

<http://lattes.cnpq.br/9896812155244183>

Amanda Cristiny da Silva Lima

Programa de Pós-graduação em Ciência Animal-
Universidade Estadual do Maranhão-UEMA
São Luís, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/9512713626433611>

Ana Priscila Medeiros Olímpio

Programa de Pós-graduação em Genética e
Biologia Molecular- Universidade Federal do
Pará- UFPA
Belém, Pará
<http://lattes.cnpq.br/3634042719390104>

Bruno Rafael da Silva Teixeira

Universidade Estadual do Maranhão-UEMA
Caxias, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/0242765233333953>

Cleison Luis da Silva Costa

Programa de Pós-graduação em Biodiversidade
Ambiente e Saúde - Universidade Estadual do
Maranhão-UEMA
Caxias, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/5690409913010755>

Fabio Henrique de Sousa Cardoso

Programa de Pós-graduação em Ciência Animal-
Universidade Estadual do Maranhão-UEMA
São Luís, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/6671883213941452>

Marcelo Cardoso da Silva Ventura

Instituto Federal de Educação do Piauí
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/4960807611030690>

Samira Brito Mendes

Programa de Pós-graduação em Biodiversidade
e Biotecnologia da Rede Bionorte Universidade
Estadual do Maranhão-UEMA
São Luís, Maranhão

Tiago de Sousa Reis

Programa de Pós-Graduação em Ciências
Ambientais- Universidade Federal do Maranhão
-UFMA
Chapadinha, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/8552908389288559>

Maria Claudene Barros

Universidade Estadual do Maranhão, Campus
Caxias.
Caxias, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/5604314745118032>

RESUMO: Este estudo tem a finalidade de apresentar a família de morcegos que tem a maior diversidade de nichos ecológicos na região Neotropical, sendo, portanto, a mais representativa nas atividades de coleta passiva no Brasil, a família Phyllostomidae. Esse grupo de morcegos se destaca por apresentar uma membrana lanciolar na porção anterior do rosto, na extremidade do focinho, sobre os lábios, também conhecida como folha nasal, estrutura essa, que serve para caracterizar a etimologia do termo Phyllostomidae (gr. *Phyllon* = folha; *stoma* = boca). Este grupo também é caracterizado pela presença de 11 subfamílias, das quais, a Desmodontinae, abriga as três espécies de morcegos hematófagos que se tem conhecimento, estas apresentam a folha nasal em formato de ferradura.

PALAVRAS-CHAVE: Biodiversidade, Folha nasal, Hematofagia.

BAT SPECIES OF THE PHYLLOSTOMIDAE FAMILY WITH OCCURRENCE IN THE CERRADO AND AMAZON BIOMES OF

MARANHÃO

ABSTRACT: This study aims to present the family Phyllostomidae, which has the greatest diversity of ecological niches in the Neotropical region and is therefore the most representative in passive sampling methods in Brazil. This group of bats is diagnosed by a bladed shape membrane on the rostrum, at anterior portion of the snout over the lips. This structure is known as nose-leaf and it gives the name of the Phyllostomidae family (gr. Phyllon = leaf; stoma = mouth). This group is also characterized by the presence of 11 subfamilies, the Desmodontinae, which includes the three known species of hematophagous bats that have a horseshoe-shaped nose-leaf.

KEYWORDS: Biodiversity, Nose Leaf, Hematophagy.

1 | INTRODUÇÃO

A família Phyllostomidae pertence à subordem Microchiroptera (baseada em dados morfológicos) e Yangochiroptera (baseado em dados moleculares), está amplamente distribuída no globo terrestre (Jones e Teeling, 2006; Reis et al., 2017). É a família mais diversificada na região neotropical, distribuindo-se do sul dos Estados Unidos até o norte da Argentina (Simmons, 2005). A família Phyllostomidae apresenta 11 subfamílias: Micronycterinae, Desmodontinae, Lonchorhininae, Phyllostominae, Glossophaginae, Lonchophyllinae, Carollinae, Glyphonycterinae, Rhinophyllinae e Stenodermatinae. Para o Brasil é a mais diversa com 43 gêneros e 93 espécies (Hurtado et al., 2014; Nogueira, et al., 2014; Moratelli e Dias, 2015; Rocha et al., 2015; Reis et al., 2017; Garbino et al., 2020). Esses pequenos mamíferos voadores apresentam uma característica que os distingue das outras famílias, que é a presença de um apêndice nasal membranoso em forma de folha na extremidade do focinho, denominada folha nasal, exceto na subfamília Desmodontinae, que apresenta a folha nasal em forma de ferradura (Brusco e Tozato, 2009).

Estudos realizados por Reis et al., (2006) na região Neotropical, apresentam as espécies de Phyllostomidae como importantes polinizadores e dispersores de sementes de uma variedade de plantas (ver capítulo 4). Possuem uma grande variedade de hábitos alimentares podendo ser insetívoros, hematófagos, carnívoros, onívoros, frugívoros e nectarívoros e por isso têm fundamental importância nos ecossistemas contribuindo para a regeneração de florestas, além de alimentarem-se de pequenos vertebrados e invertebrados (Barker et al., 2012). As espécies dessa família coletadas no Maranhão estão listadas na tabela 1.

2 | ESPÉCIES COLETADAS

Família	Espécies	Cerrado Maranhense	Amazônia Maranhense
Phyllostomidae	<i>Artibeus lituratus</i>		
	<i>Artibeus obscurus</i>		
	<i>Artibeus planirostris</i>		
	<i>Carollia perspicillata</i>		
	<i>Artibeus cinereus</i>		
	<i>Desmodus rotundus</i>		
	<i>Diaemus youngii</i>		
	<i>Gardnerycteris crenulatum</i>		
	<i>Glossophaga soricina</i>		
	<i>Hsunnycteris tomasi</i>		
	<i>Lophostoma brasiliense</i>		
	<i>Lophostoma silvicola</i>		
	<i>Micronycteris minuta</i>		
	<i>Phylloderma stenops</i>		
	<i>Phyllostomus discolor</i>		
	<i>Phyllostomus hastatus</i>		
	<i>Platyrrhinus fusciventris</i>		
	<i>Rhinophylla pumilio</i>		
	<i>Sturnira lilium</i>		
	<i>Tonatia bidens</i>		
<i>Trachops cirrhosus</i>			
<i>Trinycteris nicefori</i>			
<i>Uroderma bilobatum</i>			
<i>Uroderma magnirostrum</i>			

Tabela 1. Espécies de morcegos da família Phyllostomidae coletadas no Maranhão e os respectivos biomas onde foram coletadas.

3 | FAMÍLIA PHYLLOSTOMIDAE

Artibeus lituratus (Olfers, 1818) (Figura 1)

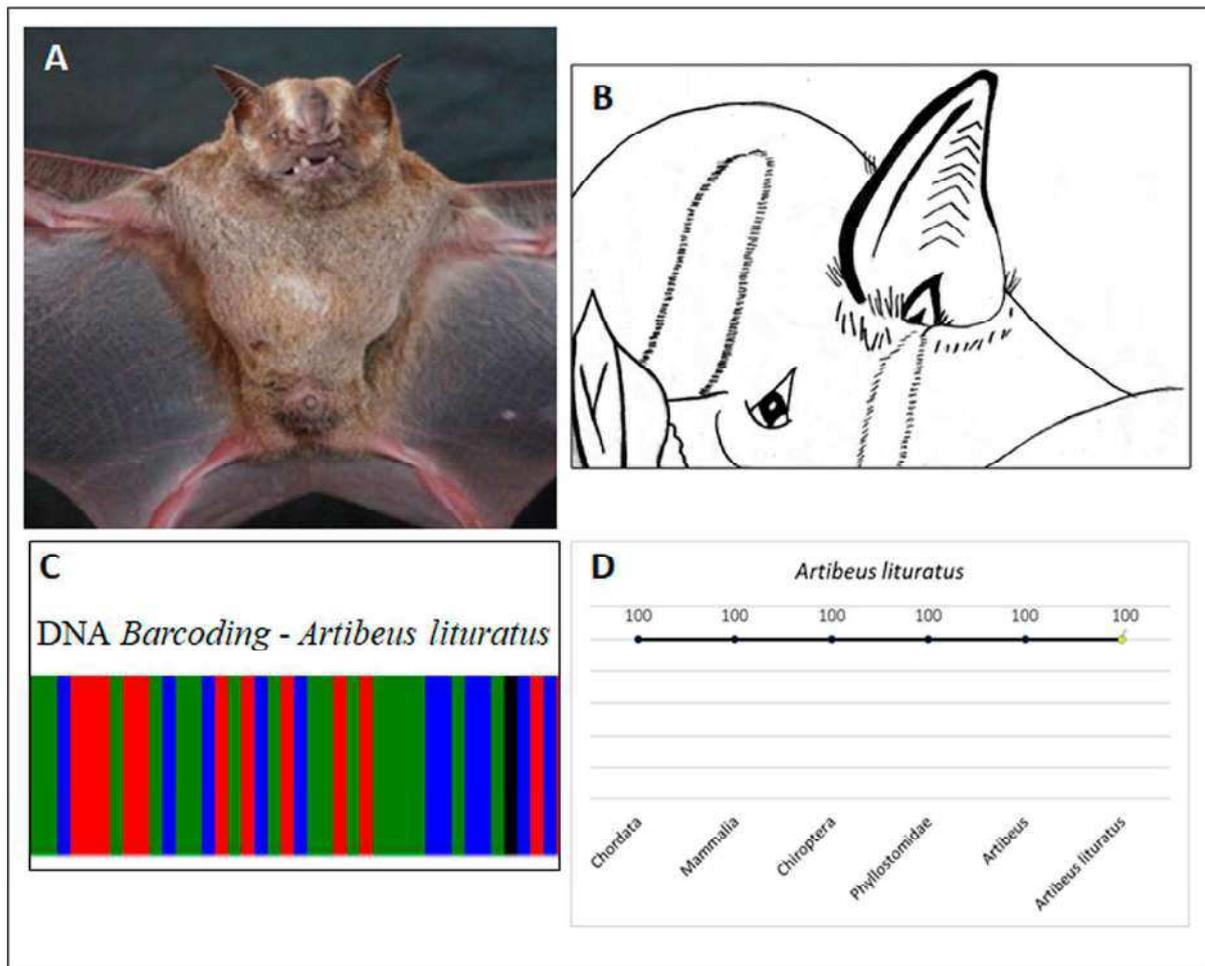


Figura 1. **A)** Espécie *Artibeus lituratus*. **B)** As bordas da orelha e trago escuros representa as porções amareladas, característica dessa espécie. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Esta espécie apresenta coloração parda, com variações de marrom, listras faciais brancas conspícuas, com bordas das orelhas amareladas (Figura 1A e 1B). O focinho é comprido e com uma folha nasal bem desenvolvida. Os animais apresentam grande porte e cauda ausente. Os comprimentos dos antebraços dos espécimes coletados variaram entre 68,26 a 76,00 mm e o peso de 54 a 60 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm 2/2 e m: 2/3 = 30 dentes.

Apesar de apresentar uma variada dieta como recursos florais e insetos, esta espécie é considerada predominantemente frugívora, consumindo frutos do gênero *Ficus*, *Cactaceae* e *Sollanum*, dentre outras (Reis et al., 2013). Vive principalmente em ecossistema da região Neotropical e em ambientes urbanos com refúgio sob as folhagens e edifícios (Brusco e Tozato, 2009). Têm uma grande importância na dispersão de sementes, auxiliando na manutenção e regeneração de áreas desmatadas (ver capítulo 4). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na

categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Para alguns espécimes de *Artibeus* foram observadas divergências entre a identificação morfológica e genéticas. Os espécimes identificados pela morfologia como *A. fimbriatus* revelaram-se como *A. lituratus* na identificação molecular. Este fato já é citado na literatura por Peracchi et al. (2011) que afirma que as divergências na identificação são comuns para o gênero *Artibeus* devido a extensa similaridade observada em suas características morfológicas, cranianas e externas.

Distribuição Geográfica

Localidade- tipo: Assunção, Paraguai.

Ocorre desde Michoacan, Sinaloa e Tamaulipas no México, Brasil, Bolívia até o norte da Argentina, Trinidad e Tobago; sul das Pequenas Antilhas; Ilha Três Marías. No Brasil ocorre em todas as regiões (Peracchi et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiaçu) (Figura 2).

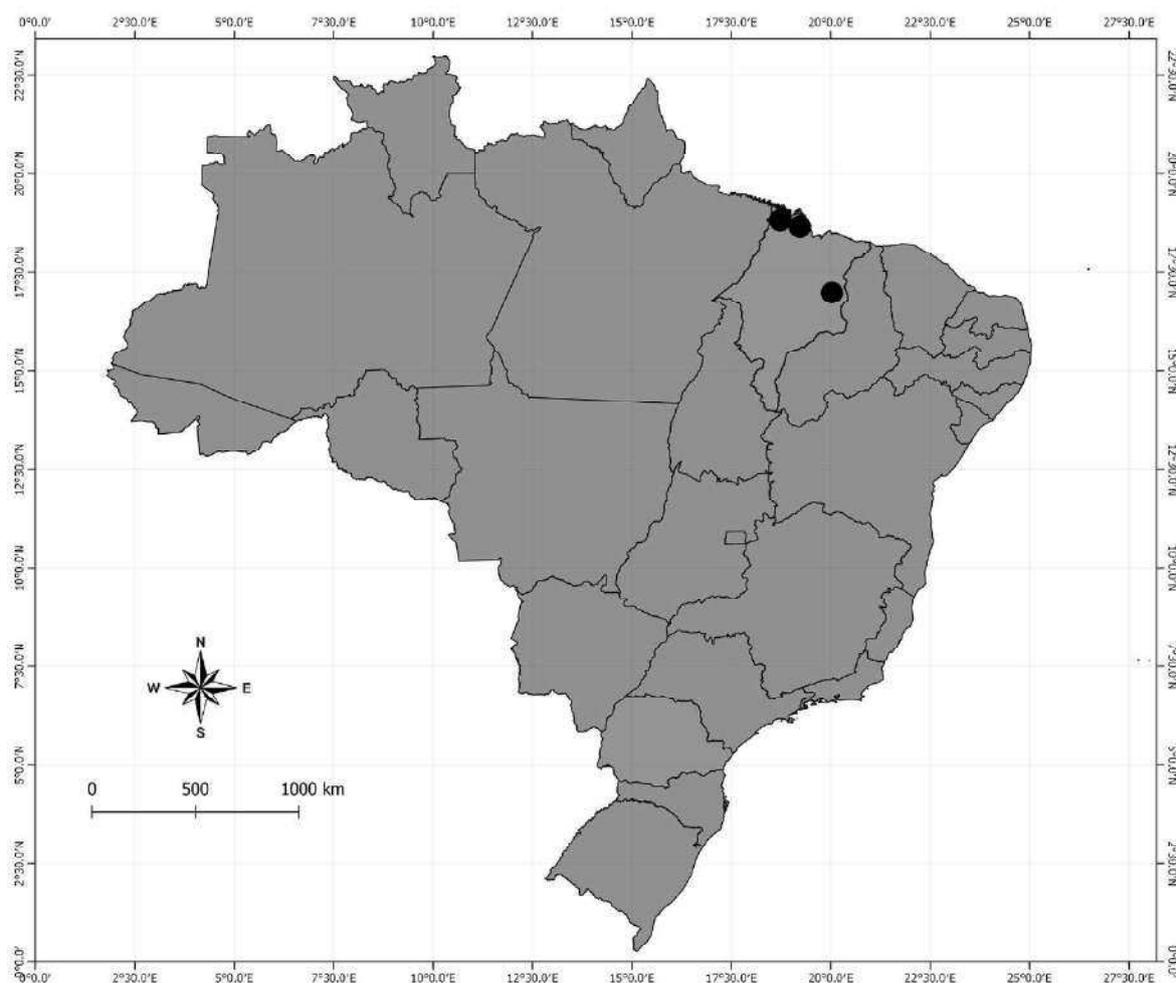


Figura 2. Distribuição geográfica da espécie *Artibeus lituratus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie para o Cerrado maranhense (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiaçu) com base em nossos estudos.

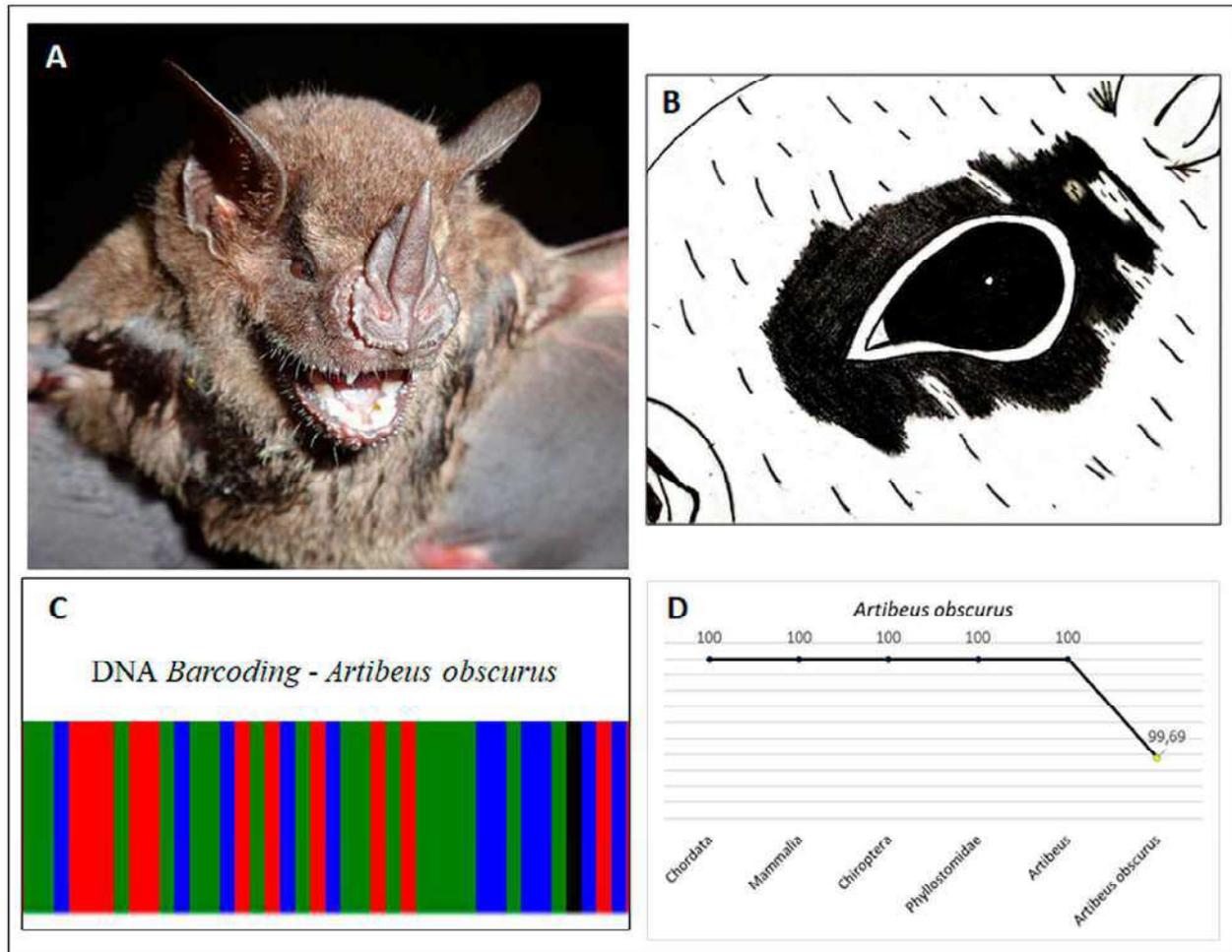


Figura 3. **A)** Espécie *Artibeus obscurus*. **B)** Tonalidade mais escurecida em torno dos olhos. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Artibeus obscurus* apresentam a pelagem com uma coloração uniforme de tom enegrecido com tonalidade mais escurecida em torno dos olhos e sem listras faciais (Figura 3A e 3B), o que os diferenciam dos espécimes de *A. lituratus*. O focinho é comprido, com pequenas verrugas no queixo, a folha nasal é alta e larga. Apresenta porte médio, com a membrana interfemural bem desenvolvida e cauda ausente. Os antebraços têm muitos pelos, cujo comprimento variou de 53,09 a 58,80 mm, e o peso variou de 29 a 34g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Apresenta dieta frugívora consumindo frutos, principalmente do gênero *Ficus*, podendo consumir frutos de outros gêneros, como *Cecropia*, *Solanum* e *Piper*. Os indivíduos desta espécie são solitários ou formam pequenas colônias, sendo associados a ambientes úmidos de floresta primária. Vivem sob folhagens, em ocos de árvores e também em áreas urbanas (Reis et al., 2007; Reis et al., 2013). O hábito frugívora torna a espécie importante na dispersão de sementes (ver capítulo 4). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Rio Peruhype, Villa Viçosa, Bahia, Brasil

É encontrado na Colômbia, Venezuela, Guianas, Equador, Peru, Bolívia e Brasil. No Brasil há registros para todos os estados (Peracchi et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Godofredo Viana, Cândido Mendes) (Figura 4).

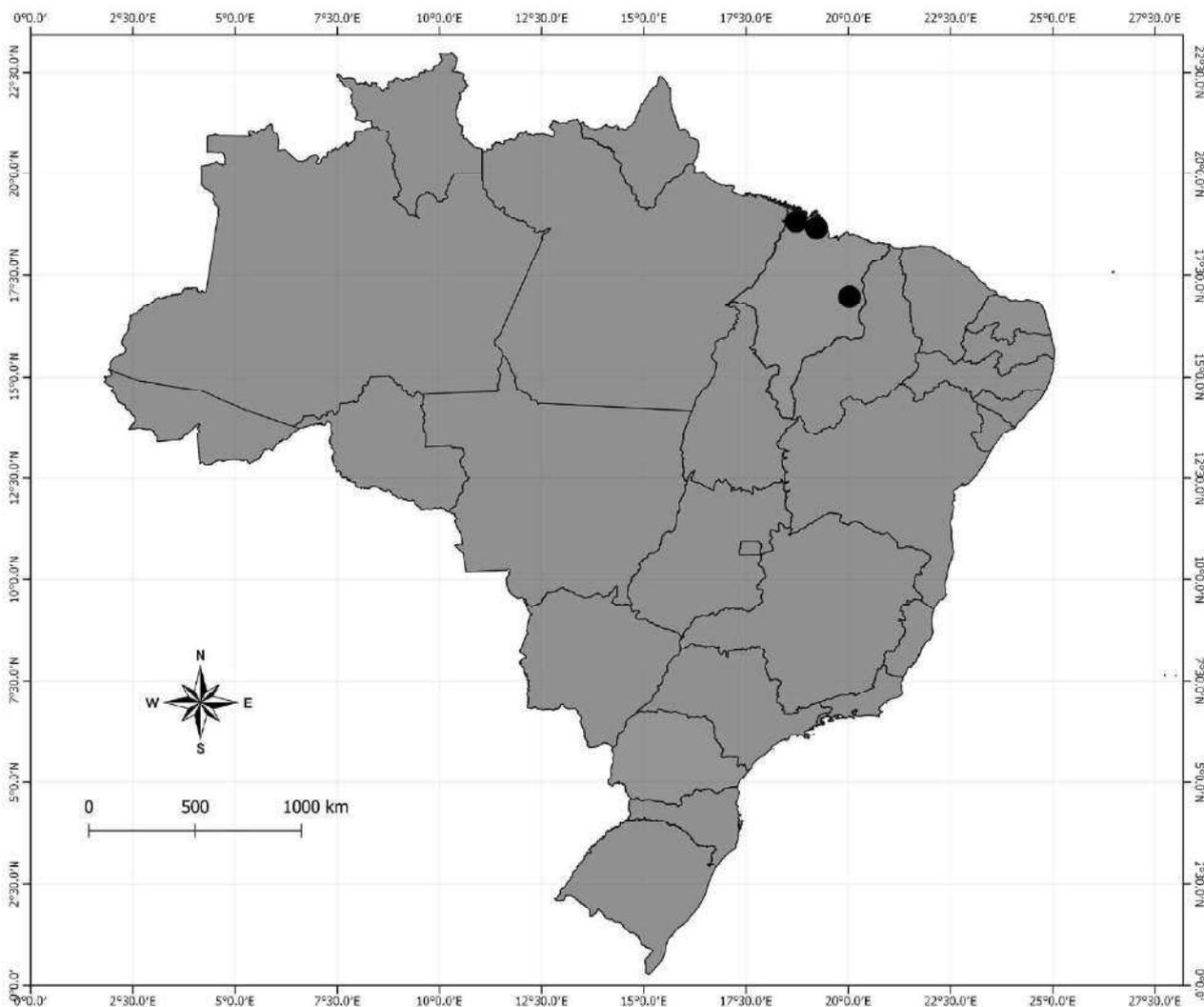


Figura 4. Distribuição geográfica da espécie *Artibeus obscurus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Godofredo Viana, Cândido Mendes) com base em nossos estudos.

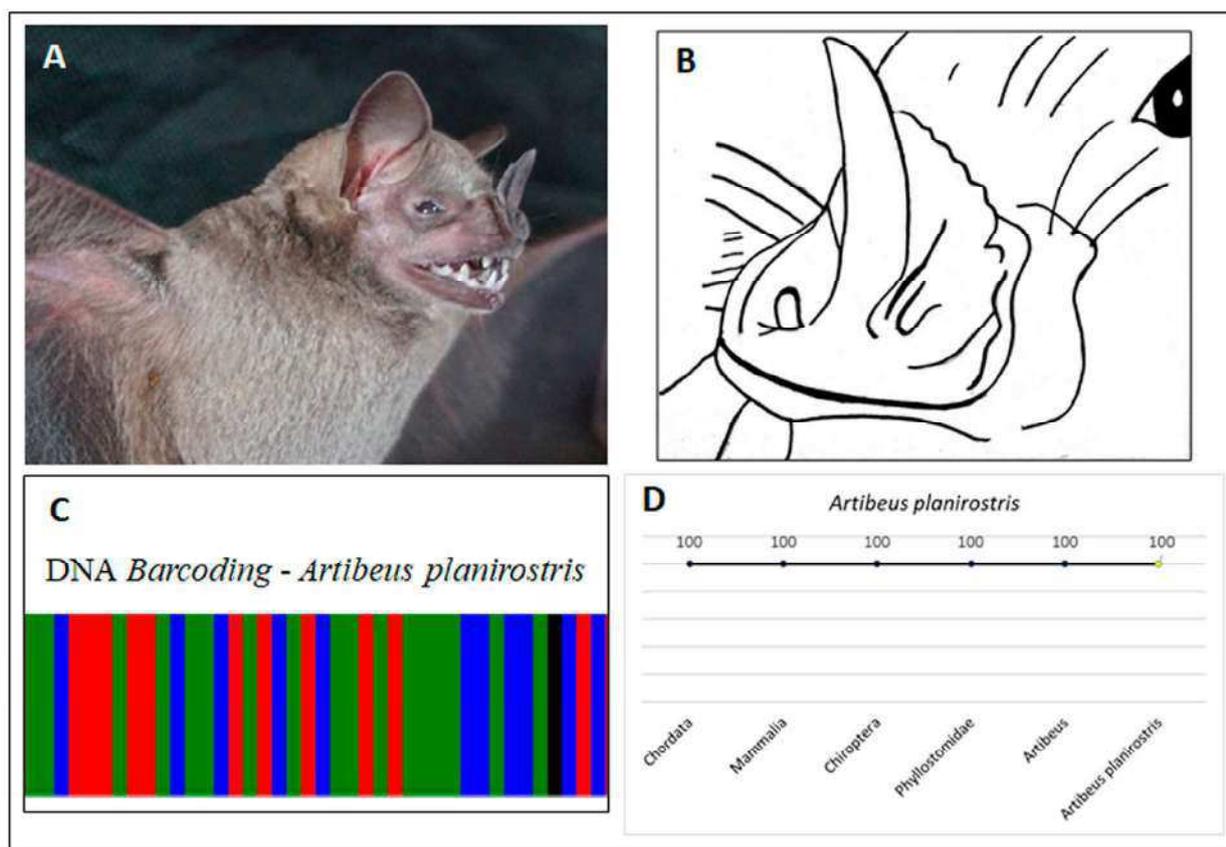


Figura 5. **A)** Espécie *Artibeus planirostris*. **B)** Folha nasal com borda inferior e laterais livres com ondulações. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes mostraram-se com a coloração variando de marrom ao cinza com o ventre mais claro que o dorso, e as listras faciais apresentaram-se pouco evidentes (Figura 5A). A folha nasal apresentou-se com borda inferior e laterais livres com ondulações (Figura 5B). Caracterizaram-se ainda pelo seu tamanho médio com o comprimento do antebraço variando entre 58,32 a 56,46 mm e peso de 35 a 38 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Apresenta dieta frugívora consumindo frutos do gênero *Ficus*, *Piper* e *Cecropia*. Em menor frequência, podem consumir pólen, néctar e insetos (Oliveira e Lemes, 2010; Reis et al., 2013). Habitam áreas florestadas e fragmentos de mata úmida na Amazônia e Cerrado, podendo ser encontradas em áreas urbanas. Buscam refúgio sob folhagem ou em ocos de árvores (Reis et al., 2013). *A. planirostris* é considerada uma espécie muito importante na dispersão de sementes (ver capítulo 4). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Cidade da Bahia, (hoje Salvador), Bahia, Brasil.

Distribui-se desde a porção ao sul do Rio Orinoco (Venezuela) e leste dos Andes até o norte da Argentina e Brasil (Peracchi et al., 2011). No Brasil há registro para todos os estados do Acre, Alagoas, Amapá, Amazonas, Bahia, Ceará, Distrito Federal, Espírito Santo, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará, Paraíba, Paraná, Pernambuco, Piauí, Rio de Janeiro, Roraima, São Paulo, Sergipe e Tocantins (Reis et al., 2013). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Godofredo Viana, Carutapera, Turiaçu, Cândido Mendes) (Figura 6).

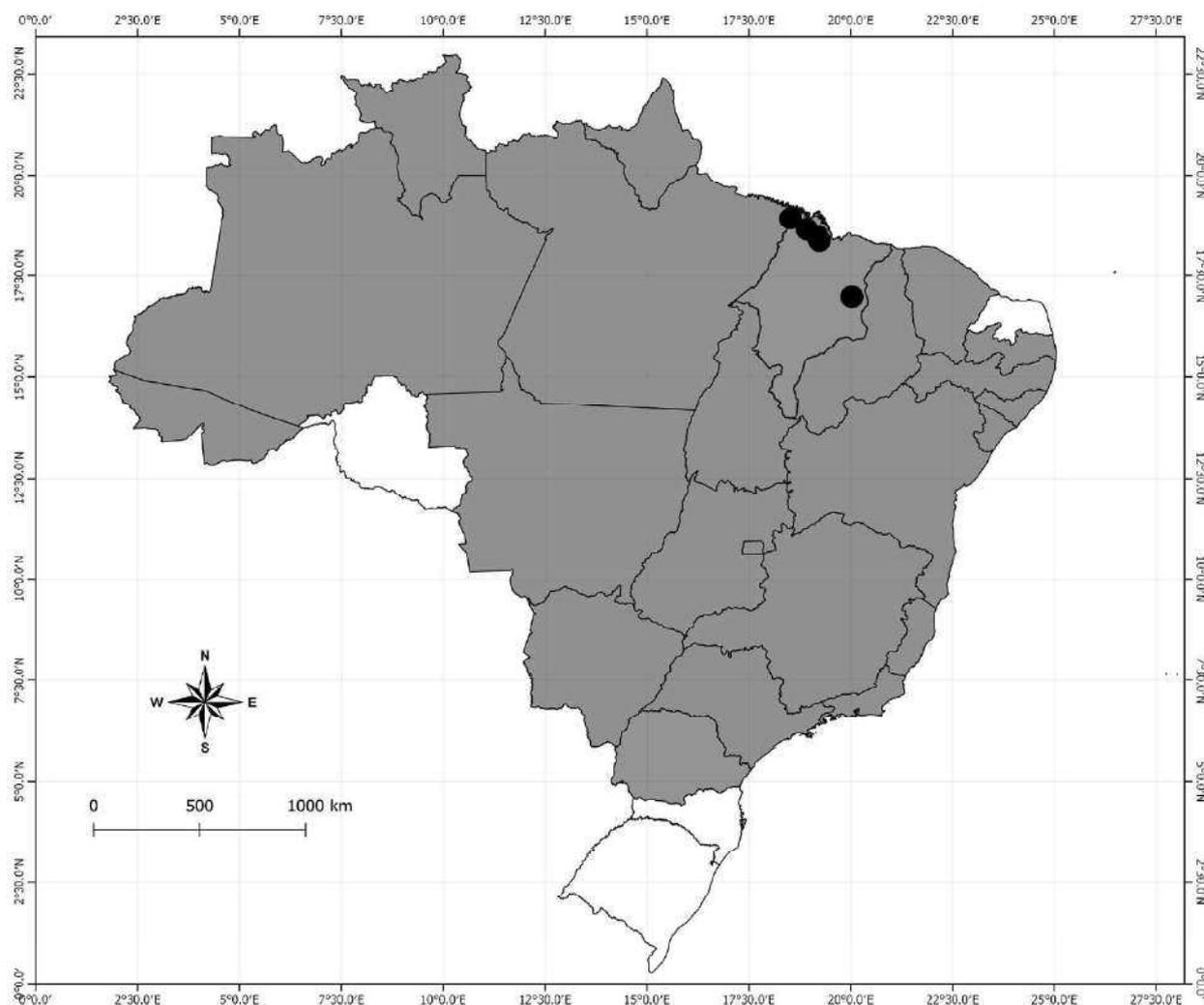


Figura 6. Distribuição geográfica da espécie *Artibeus planirostris*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Godofredo Viana, Carutapera, Turiaçu, Cândido Mendes) com base em nossos estudos.

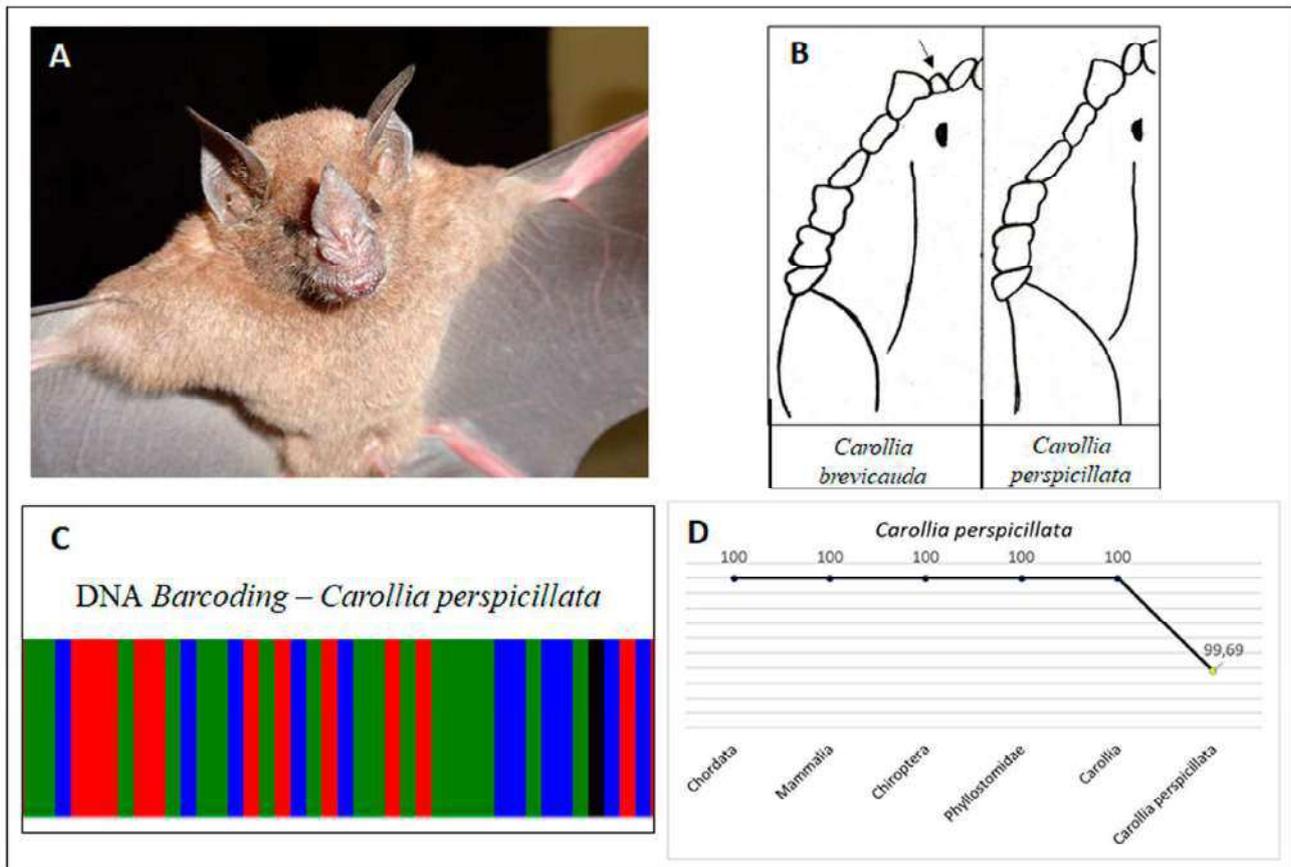


Figura 7. **A)** Espécie *Carollia perspicillata*. **B)** O segundo incisivo superior não visualizado (imagem à direita) diferente de *C. brevicauda* (imagem à esquerda). **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Carollia perspicillata* possuíam uma coloração variando do marrom acinzentado ao marrom escuro. Foram identificados por apresentarem uma folha nasal curta e triangular; o lábio inferior em forma de “V”, com uma verruga centro marginal rodeada por numerosas papilas pequenas (Figura 7A). Difere de outras espécies do gênero por não apresentar o segundo incisivo superior na fileira de dentes (Figura 7B). Apresentavam porte médio e cauda contida na membrana interfemural. O comprimento dos antebraços variou de 42,42 a 42,78 e o peso de 11 a 18 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

A dieta é frugívora, sendo um excelente dispersor de sementes de diversas plantas pioneiras, auxiliando na restauração natural de áreas degradadas (Ricardo et al., 2014) (ver capítulo 4). Podem abrigar-se solitariamente, formar grupos de poucos indivíduos ou ainda em colônias que podem totalizar milhares de espécimes (Nowark, 1994). Ocorrem em áreas florestais e utilizam como abrigos: cavernas, minas, fendas de rocha, ocos de árvores, tubulações, além de edificações urbanas. Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Suriname

Ocorre no México, Peru, Bolívia, Paraguai, Brasil, Guianas, Trinidad e Tobago, provavelmente Jamaica e Antilhas (Peracchi et al., 2011). No Brasil há registros nos seguintes estados: Acre, Alagoas, Amapá, Amazonas, Bahia, Ceará, Distrito Federal, Espírito Santo, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará, Paraíba, Paraná, Pernambuco, Piauí, Rio de Janeiro, Rio Grande do Norte, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo, Sergipe, Tocantins e Rondônia (Reis et al., 2013). De acordo com Reis et al. (2017), no Brasil só não há registros dessa espécie numa área entre Rio Pardo e Santa Maria até a divisa com o Uruguai. Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Carutapera, Godofredo Viana, Turiacu, Cândido Mendes) (Figura 8).

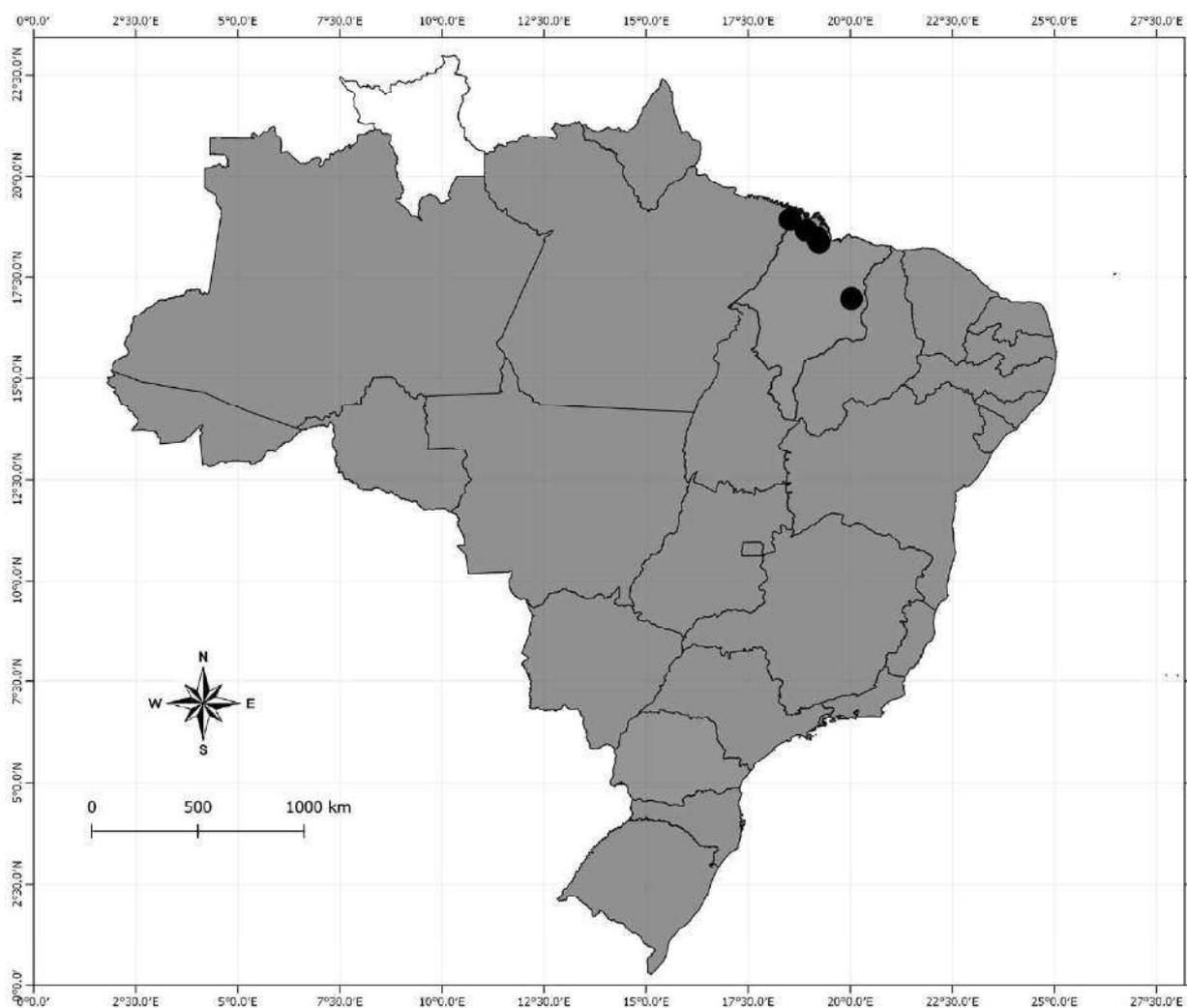


Figura 8. Distribuição geográfica da espécie *Carollia perspicillata*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Godofredo Viana, Turiacu, Cândido Mendes) com base em nossos estudos.

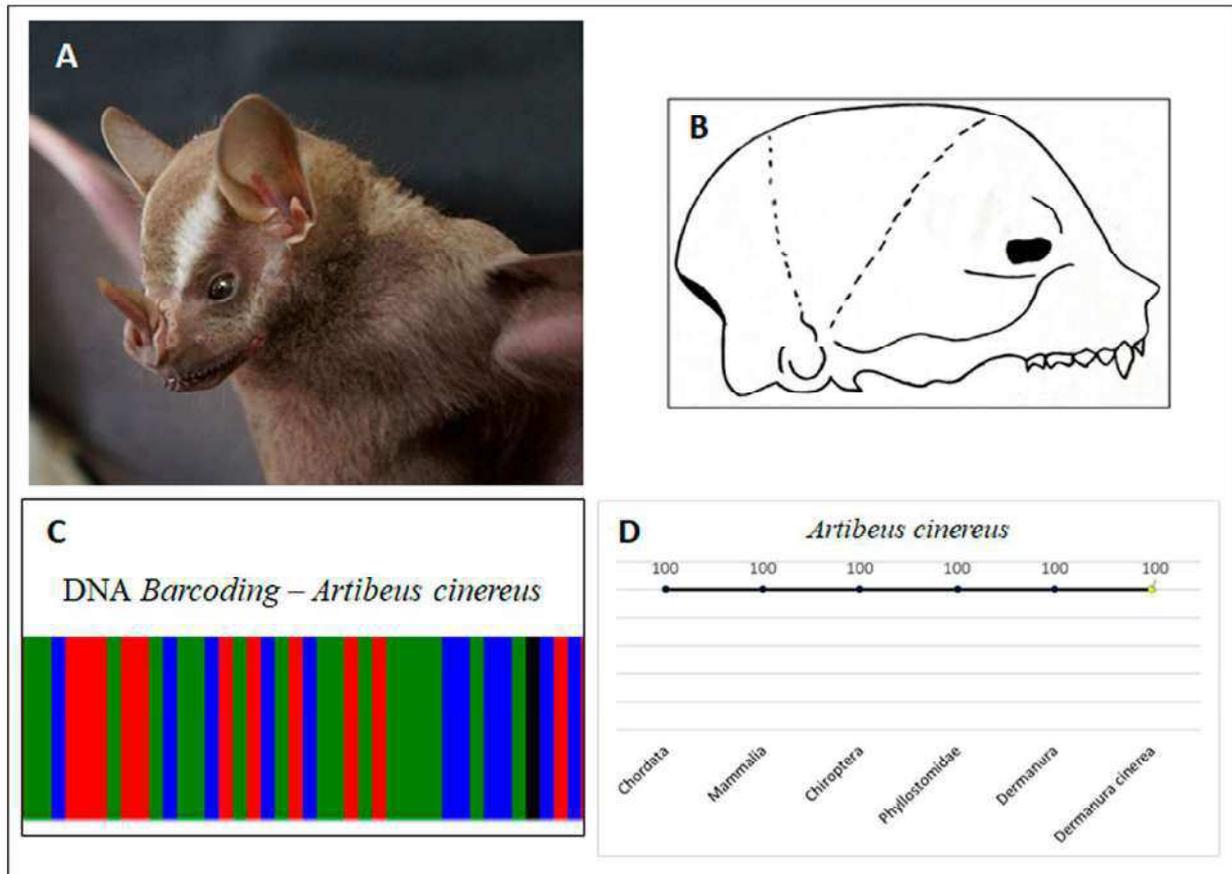


Figura 9. **A)** Espécie *Artibeus cinereus*. **B)** Crânio mais robusto que as demais espécies do gênero. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Artibeus cinereus* caracterizaram-se por apresentar a pelagem com uma coloração que variou do marrom acinzentado a marrom enegrecido na região do dorso, sendo o ventre mais esbranquiçado. Há presença de listas faciais notáveis na cabeça. As orelhas apresentaram-se arredondadas com tonalidade de amarelado pálido (Figura 9A), a membrana interfemural em forma de “V” invertido e ausência de cauda. Essa espécie diferencia-se das demais do gênero por apresentar o crânio mais robusto (Figura 9B). São animais de pequeno porte que apresentaram comprimento do antebraço entre 40,37 a 41,25 mm e peso entre 11,5 a 13 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 2/2 = 28 dentes.

A espécie *Artibeus cinereus* tem hábito alimentar frugívoro, com preferência principalmente por plantas dos gêneros *Ficus*, *Cecropia*, *Piper*, *Solanum* e *Vismia*, com forte preferência por *Ficus* spp. Esses indivíduos formam colônias utilizando a vegetação como refúgios, podendo ser encontrada habitando em áreas de florestas úmidas, matas ripárias, ambientes perturbados (ação do homem), Cerrado, matas ciliares primárias e fragmentos de Mata Atlântica (Simmons e Voss, 1998; Reis et al., 2007). Esta espécie possui fundamental importância, revelando assim ser um excelente dispersor de sementes,

auxiliando na restauração de áreas degradadas (Rogeri, 2011) (ver capítulo 4). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Dados Insuficientes” (DD).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Belém, Pará, Brasil.

Sua distribuição compreende o norte da América do Sul, a qual engloba a Guianas, ilha de Trinidad, Tobago, Venezuela, Peru e Brasil. No Brasil há registros para os seguintes estados: Acre, Alagoas, Amazonas, Amapá, Distrito Federal, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso, Pará, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, São Paulo, Roraima, Rondônia, Tocantins, Maranhão, Piauí, Sergipe, Espírito Santo, Santa Catarina, Bahia e Paraíba (Reis et al., 2013). Apesar da ampla ocorrência desta espécie, tais estados precisam ser revisados (Reis et al. 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiaçu e Godofredo Viana) (Figura 10).

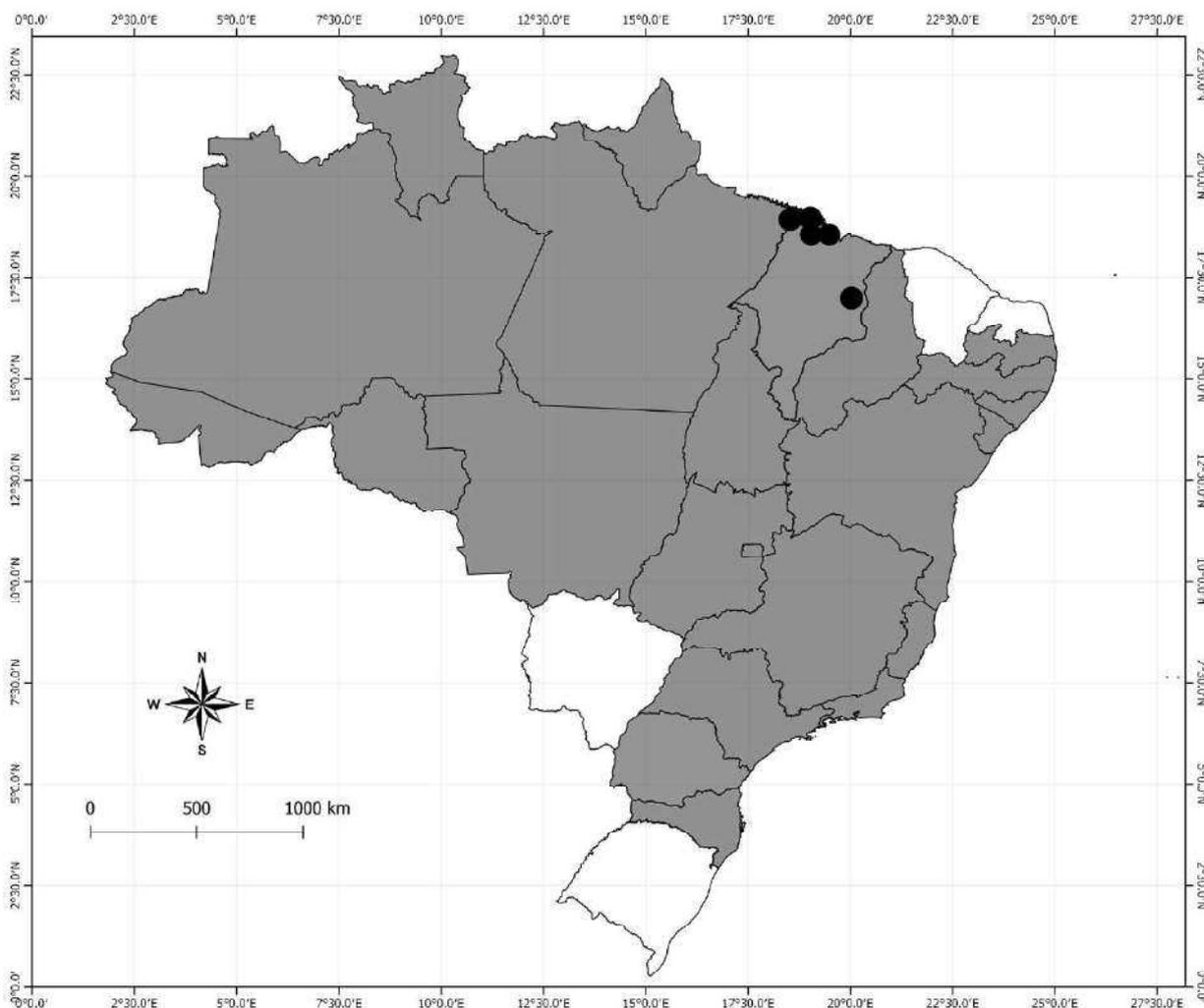


Figura 10. Distribuição geográfica da espécie *Artibeus cinereus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiaçu e Godofredo Viana) com base em nossos estudos.

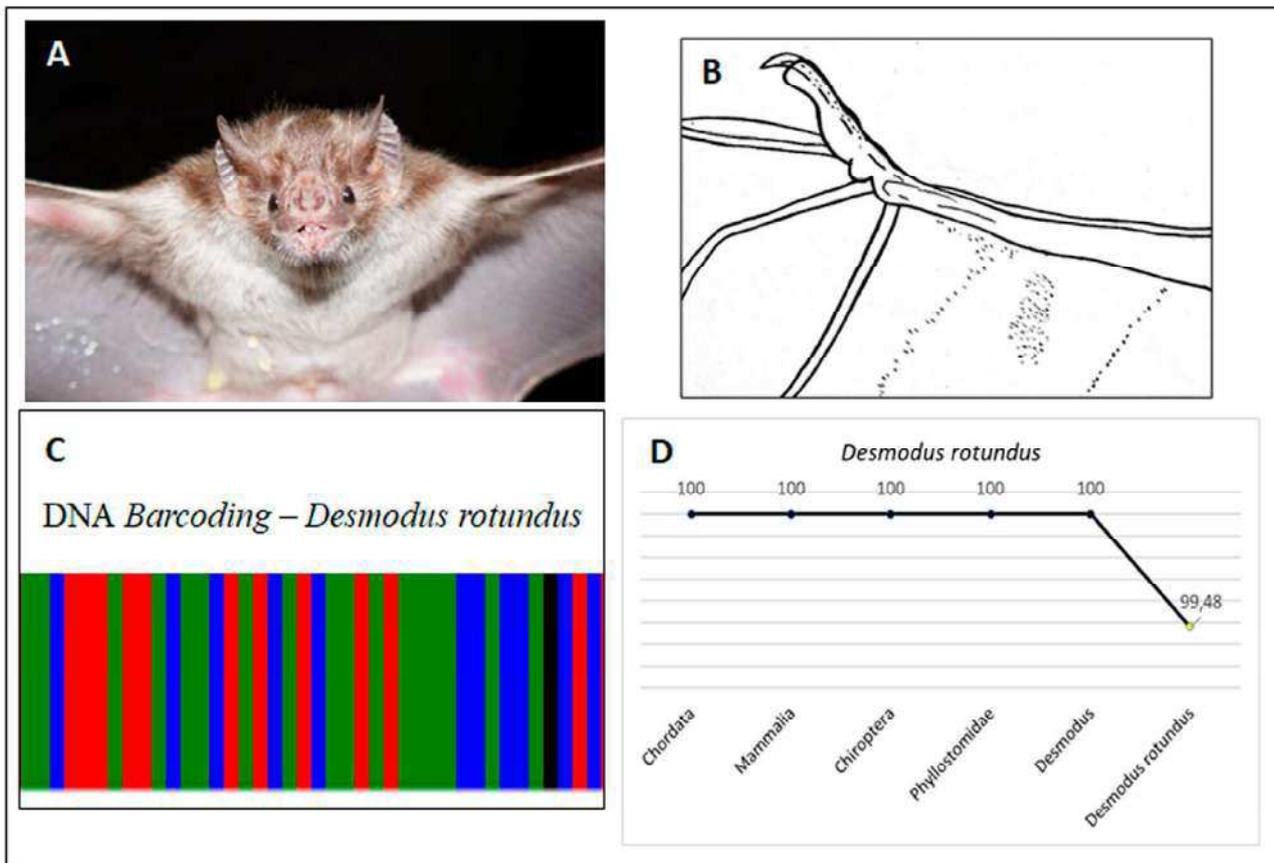


Figura 11. **A)** Espécie *Desmodus rotundus*. **B)** Polegares compridos com três calosidades. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes registrados apresentaram a pelagem bastante macia e brilhante com coloração pardo-dourado na parte dorsal do corpo e na ventral cinza-claro, focinho muito curto com a folha nasal reduzida, ausência de cauda e membrana interfemural bem estreita (Figura 11A). Nessa espécie, os polegares são bem desenvolvidos com três calosidades (Figura 11B). São animais de porte médio, com comprimento do antebraço variando entre 57,89 a 72,85 mm e peso de 27 a 42,5 g. Fórmula dentária, i: 1/2; c: 1/1; pm: 1/2 e m: 1/1 = 20 dentes.

A dieta alimentar de *D. rotundus* constitui-se exclusivamente de sangue de aves e mamíferos de grande porte, fato que o torna um potencial vetor do vírus rábico. Estes morcegos ingerem cerca de 15 a 25 ml de sangue por noite, para tanto, sua saliva possui enzimas que evitam a coagulação do sangue (Gardner, 2008; Reis et al., 2013). Habitualmente as colônias contêm de 20 a 50 indivíduos, no entanto, agrupamentos de 100 ou mais indivíduos podem ocorrer principalmente em regiões onde não é realizado o controle das populações (Uieda e Hayashi, 1996; Reis et al., 2007). São encontrados em áreas com presença de criadouros e buscam refúgios em ocos de árvores, bueiros e também em cavernas (Reis et al., 2013). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Assunção no Paraguai

Ocorre desde Sonora, Nuevo Leó e Tamaulipas no México, ilha de Trinidad, Bolívia, Norte do Chile, Ilha Margarita (Venezuela) Paraguai, Uruguai, Norte da Argentina e Brasil, (Peracchi et al., 2011; Paglia et al., 2012). Segundo Reis et al. (2013), a espécie *D. rotundus* apresenta ampla distribuição geográfica no Brasil, com registro para todos os estados brasileiros. Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiiaçu e Godofredo Viana) (Figura 12).

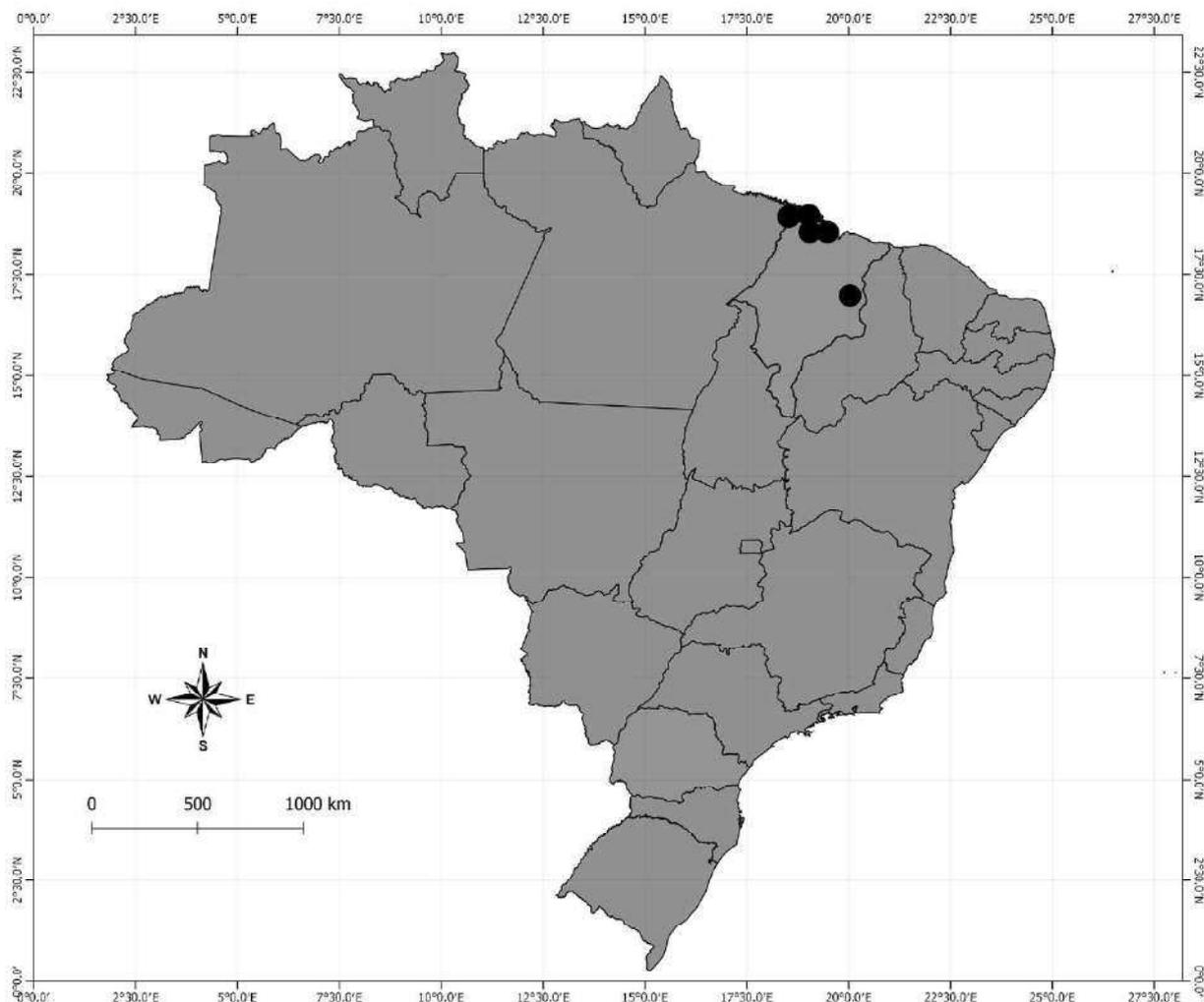


Figura 12. Distribuição geográfica da espécie *Desmodus rotundus* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiiaçu e Godofredo Viana) com base em nossos estudos.

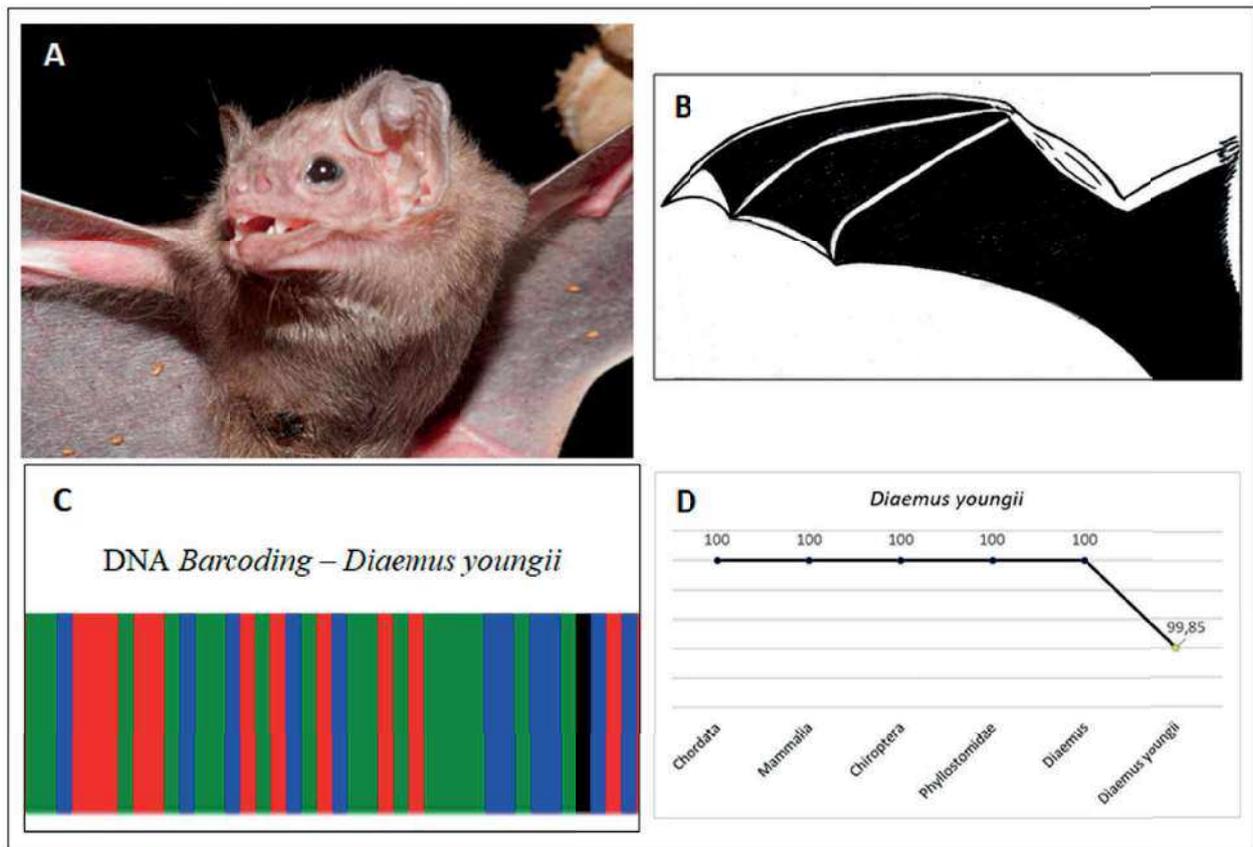


Figura 13. **A)** Espécie *Diaemus youngii*. **B)** Bordas das asas brancas. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Diaemus youngii* apresentaram pelagem em tons de marrom-escuro no dorso e marrom-claro no ventre (Figura 13A). Os olhos são grandes, as orelhas são longas e bem separadas diferente de *D. rotundus*. Os polegares curtos com uma ou duas calosidades. Como característica diagnóstica para o gênero, a espécie apresentou as pontas das asas brancas entre o segundo e terceiro dedo (Figura 13B). São animais com porte médio, e apresentou antebraço com comprimento entre de 50,53 a 52,16 mm e peso entre 38 e 40 g. Fórmula dentária, i: 1/2; c: 1/1; pm 1/2 e m: 2/1 = 22 dentes.

A dieta alimentar desta espécie constitui-se exclusivamente de sangue fresco preferencialmente de aves, e ocasionalmente de bovinos e caprinos. Refugiam-se em ocos de árvores e também cavernas formando colônias de até 30 indivíduos (Greenhall e Schutt, 1996; Reis et al., 2013). Sua importância ecológica está relacionada ao controle das populações de aves silvestres (Uieda et al., 2006). Por ser muito semelhante ao *D. rotundus*, suas populações sofrem declínios pelo combate indiscriminado do homem contra as populações de morcegos hematófagos (Reis et al., 2013). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Córrego Canje no Rio Berbice, Guiana.

Ocorre desde Tamaulipas no nordeste do México, Bolívia, Paraguai, ilha de Trinidad, Ilha Margarita na Venezuela até o norte da Argentina e Brasil (Peracchi et al., 2011). No Brasil, há registro dessa espécie para os estados do Acre, Alagoas, Amazonas, Amapá, Distrito Federal, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Tocantins, Pernambuco, Bahia, Paraná, Rio de Janeiro e São Paulo (Reis et al., 2017) e Maranhão (Olímpio et al. 2016). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Carutapera) (Figura 14).

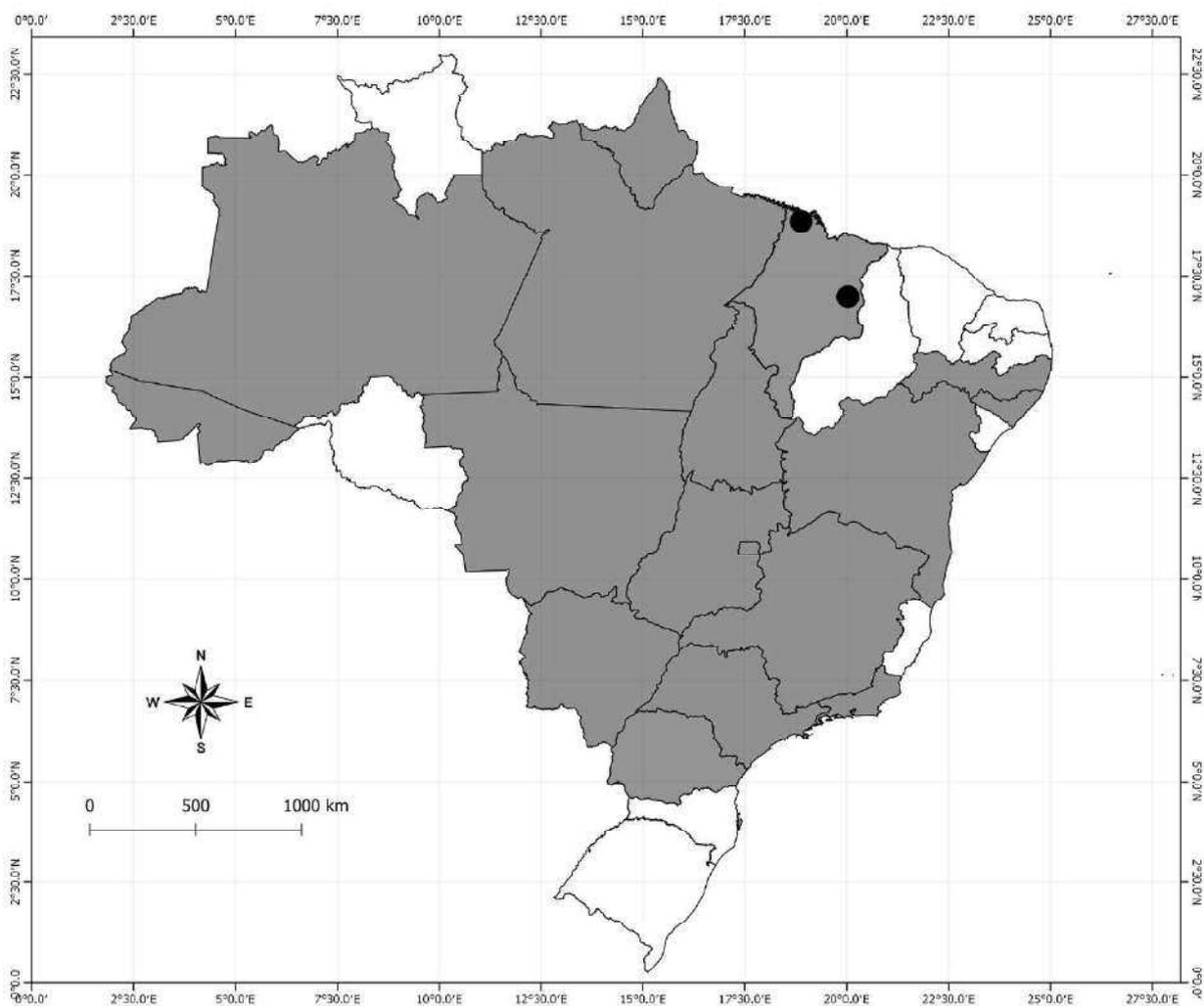


Figura 14. Distribuição geográfica da espécie *Diaemus youngii*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera) com base em nossos estudos.

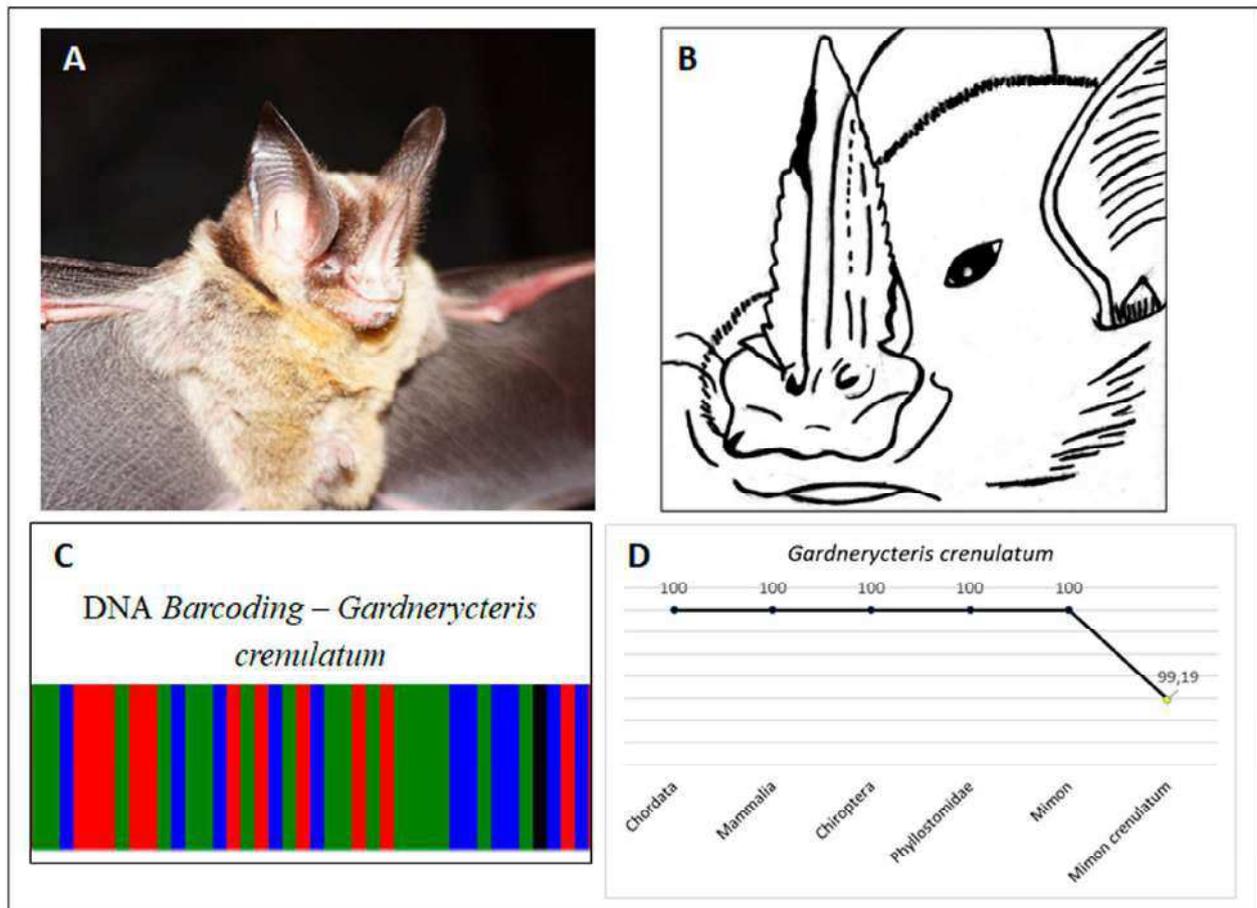


Figura 15. **A)** Espécie *Gardnerycteris crenulatum*. **B)** Folha nasal longa com bordas crenuladas e pilosas. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

O espécime de *Gardnerycteris crenulatum* apresentou a coloração do dorso castanho-enegrecido com uma listra pálida e longitudinal, o ventre é de coloração marrom-amarelado (Figura 15A). As orelhas mostraram-se grandes e pontiagudas, o uropatágio é longo ultrapassando as patas. Os espécimes de *G. crenulatum* diferenciam-se das demais espécies por apresentar uma folha nasal muito longa com bordas crenuladas e pilosas (Figura 15B). As medidas do antebraço variaram de 45,98 a 46,45 mm e o peso de 10 g. Fórmula dentária, i: 2/1; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 30 dentes.

A dieta desse morcego inclui insetos como: coleópteros, lepidópteros, dípteros, hemípteros e ortópteros (Rivas-Pava et al. 1996; Reis et al., 2007), ocasionalmente alimenta-se de néctar, pólen e pequenos vertebrados (Reis et al. 2017). Abrigam-se em ocós de árvores e construções humanas formando colônias pequenas (Goodwin e Greenhall, 1961). Desempenham papéis ecológicos importantes no controle das populações de insetos, pragas de lavouras e vetores de zoonoses (Bredt et al., 2012). Consta como "Vulnerável" na lista do estado do Rio de Janeiro (Reis et al., 2017), mas de acordo com o ICMBio (2018), a espécie está classificada na categoria "Pouco Preocupante" (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Belém, Pará, Brasil

Ocorre do México até a Guiana Francesa, Bolívia, Equador, Peru e leste de Trinidad e Brasil (Peracchi et al., 2011). No Brasil, esta espécie é encontrada no Acre, Amazonas, Pará, Rondônia, Roraima, Amapá, Pará, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Bahia, Pernambuco, Paraíba, Ceará e Maranhão (Oliveira et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 16).

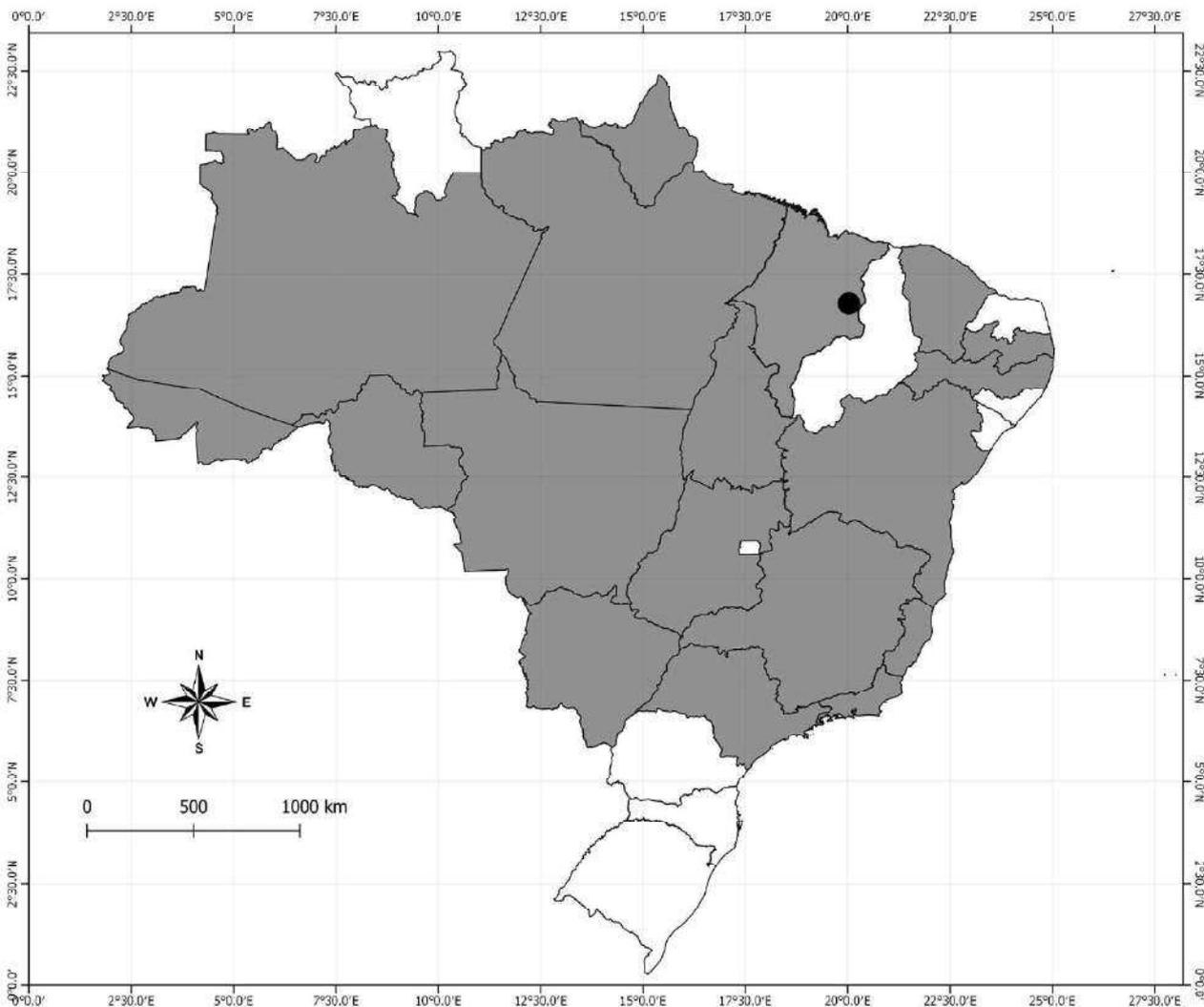


Figura 16. Distribuição geográfica da espécie *Gardnericyteris crenulatum*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

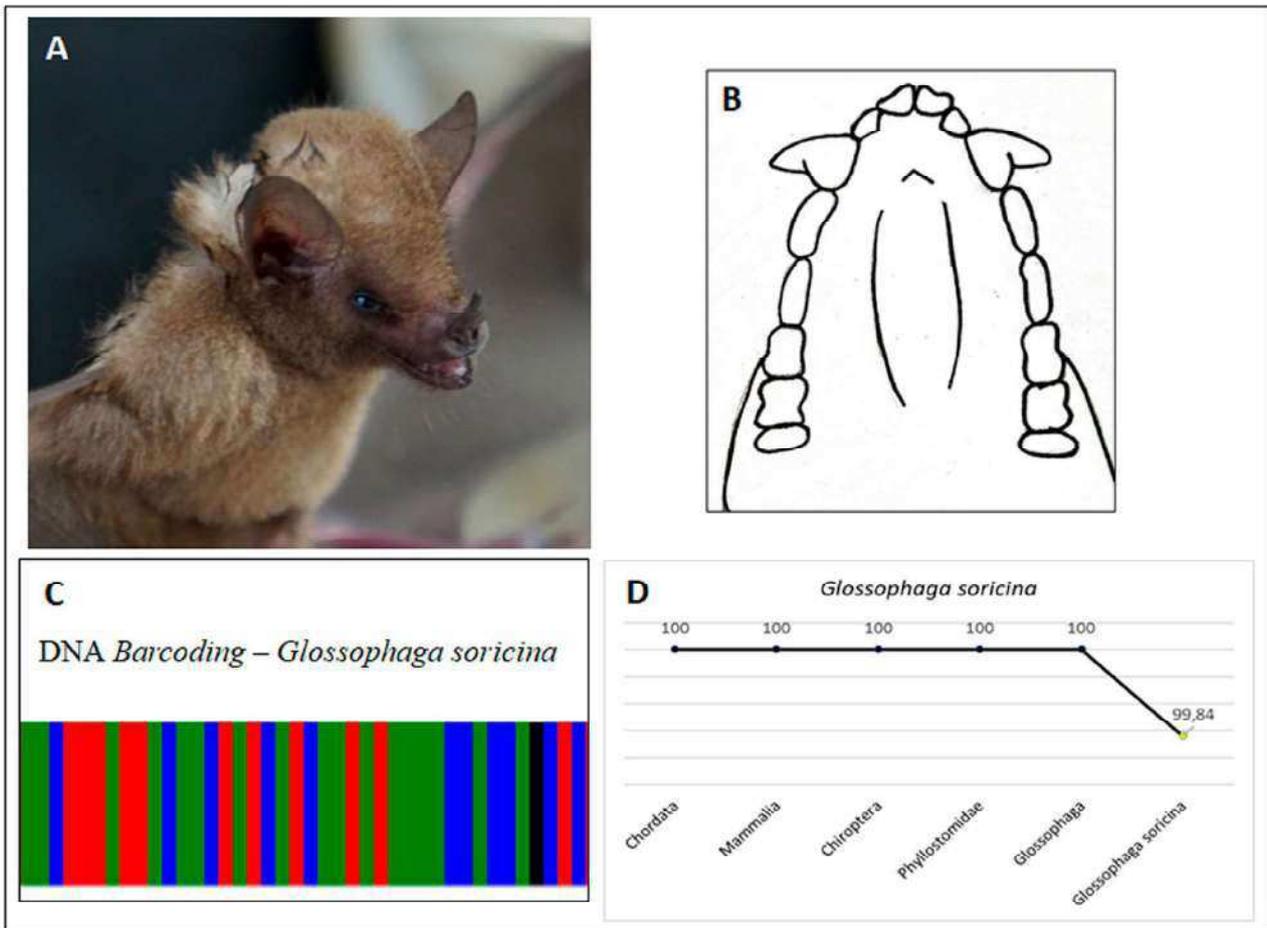


Figura 17. **A)** Espécie *Glossophaga soricina*. **B)** Dois pares de incisivos superiores, sendo o interno maior que o externo. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Glossophaga soricina* apresentaram coloração marrom-escuro, sendo mais claro no ventre. Os pelos dorsais são mais esbranquiçados em sua base com a porção apical mais escura (Figura 17A). O focinho apresenta-se relativamente alongado, a folha nasal curta e fundida ao lábio superior. Esses morcegos apresentaram dois pares de incisivos superiores bem evidentes, sendo que o par interno maior que o externo (Figura 17B). São morcegos de porte intermediário para o gênero, e apresentaram comprimento do antebraço variando entre 30,86 a 34,96 mm e o peso entre 6 a 8 g. Fórmula dentária: i 2/2; c 1/1; pm 2/3; m 3/3 = 34 dentes.

Quanto à dieta essa espécie se alimenta de pólen, néctar de plantas das famílias Bignoniaceae, Leguminosae e Myrataceae, dentre outras (Reis et al., 2013). Segundo Reis et al., (2013), habita em áreas florestadas em fendas de rochas e ocos de árvores, cavernas, túneis abandonados e em edificações urbanas. O morcego beija-flor (*G. soricina*) é uma das espécies nectarívoras mais estudadas e citadas na literatura, devido a sua importância na polinização na região Neotropical (Howell, 1974) (ver capítulo 4). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Suriname

É encontrada no México, Colômbia, Equador, Guianas, Argentina, Paraguai, Bolívia, Peru, Venezuela, Suriname, Guiana Francesa, Argentina, ilhas de Trinidad, Antilhas, Jamaica, nas ilhas Bahamas e Brasil. No Brasil está registrada em todos os estados (Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiuaçu e Godofredo Viana) (Figura 18).

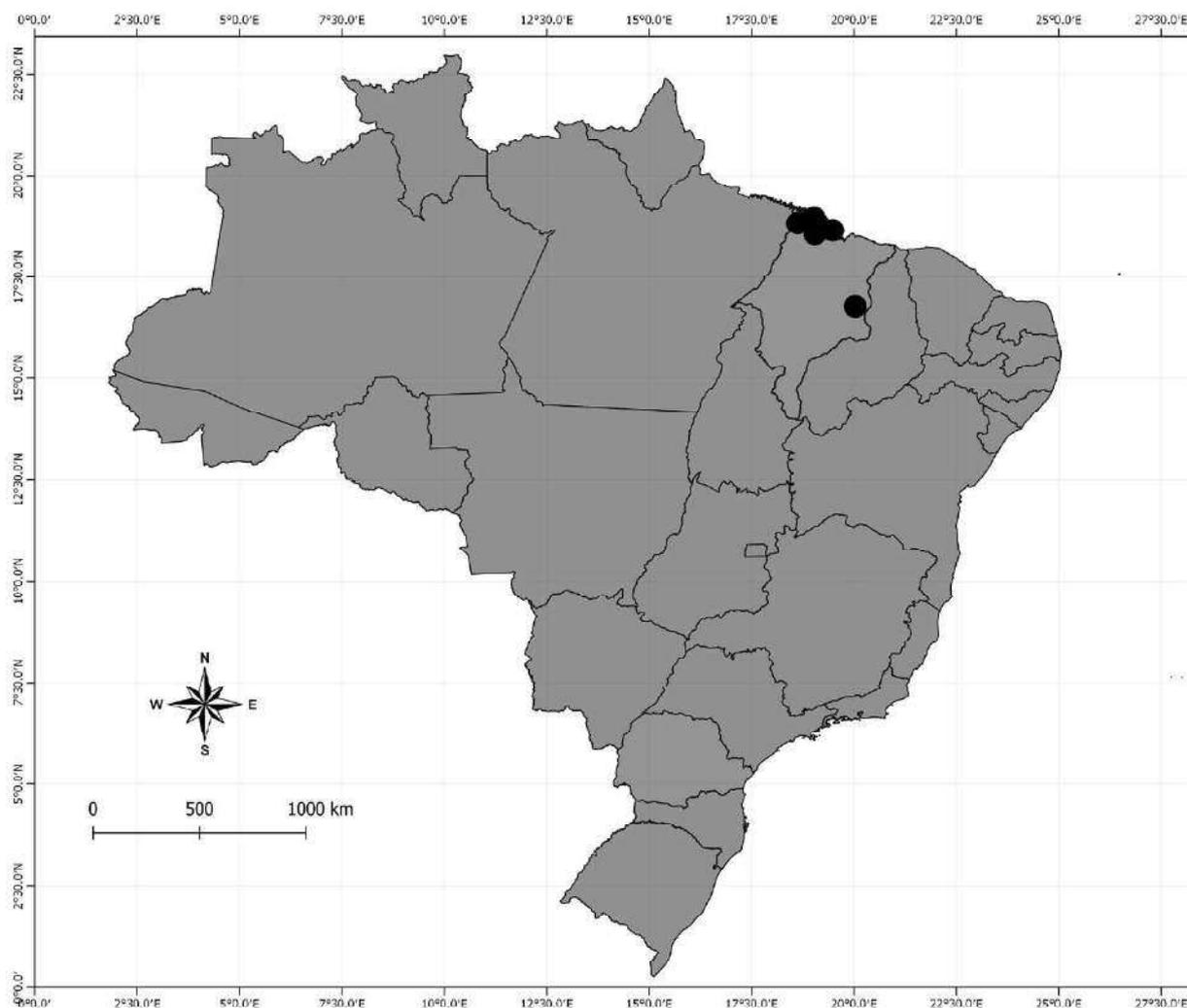


Figura 18. Distribuição geográfica da espécie *Glossophaga soricina*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Cândido Mendes, Turiuaçu e Godofredo Viana) com base em nossos estudos.

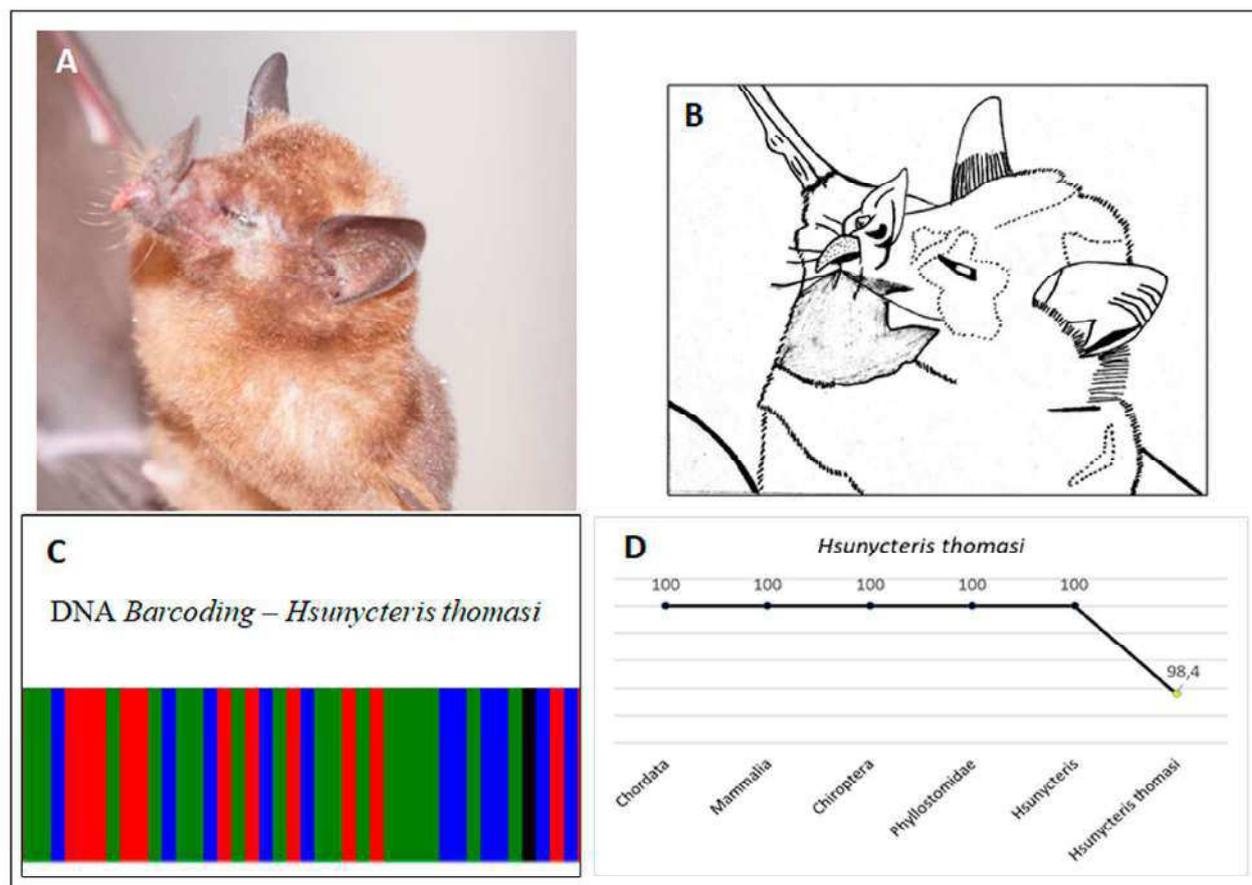


Figura 19. **A)** Espécie *Hsunitycteris thomasi*. **B)** Focinho mais curto que outras espécies do gênero. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Hsunitycteris thomasi* apresentaram coloração dorsal marrom-escura e clara na região ventral (Figura 19A), lábio inferior com sulco profundo rodeado de pequenas papilas e antebraço desprovidos de pelos. O focinho apresentou-se curto diferindo das demais espécies do gênero (Figura 19B). Possuem porte pequeno com o comprimento do antebraço variando entre 33 a 34 mm e o peso entre 6,5 e 7 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/3 e m: 3/3 = 34 dentes.

O gênero *Hsunitycteris* foi descrito recentemente a partir da divisão do gênero *Lonchophylla* (Parlo et al., 2014; Reis et al., 2017). Assim como as demais espécies da subfamília Lonchophyllinae, *H. thomasi* é nectarívora, porém sua dieta pode incluir insetos, frutos e pólen. Pode ser encontrada em florestas primárias da Amazônia, savanas amazônicas, áreas de capoeira na Amazônia, área de Cerrado e áreas de transição savana-pastagem no Cerrado (Bernard e Fenton, 2002; Louzada et al., 2015). Devido ao hábito alimentar da espécie *H. thomasi* a interação é facilmente observada entre planta com flores e morcegos nectarívoros resultando na polinização que é essencial para a manutenção da biodiversidade (Reis et al., 2017). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Bolívar, Venezuela.

Esta espécie é a única do gênero *Hsunitycteris* que ocorre no Brasil, distribuiu-se desde o Leste do Panamá, Colômbia, Venezuela, Guiana, Amazônia, Equador, Peru e Bolívia. No Brasil essa espécie já foi descrita no Acre, Amazonas, Amapá, Pará, Mato Grosso, Rondônia, Tocantins e Maranhão (Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie na Amazônia maranhense (Carutapera) (Figura 20).

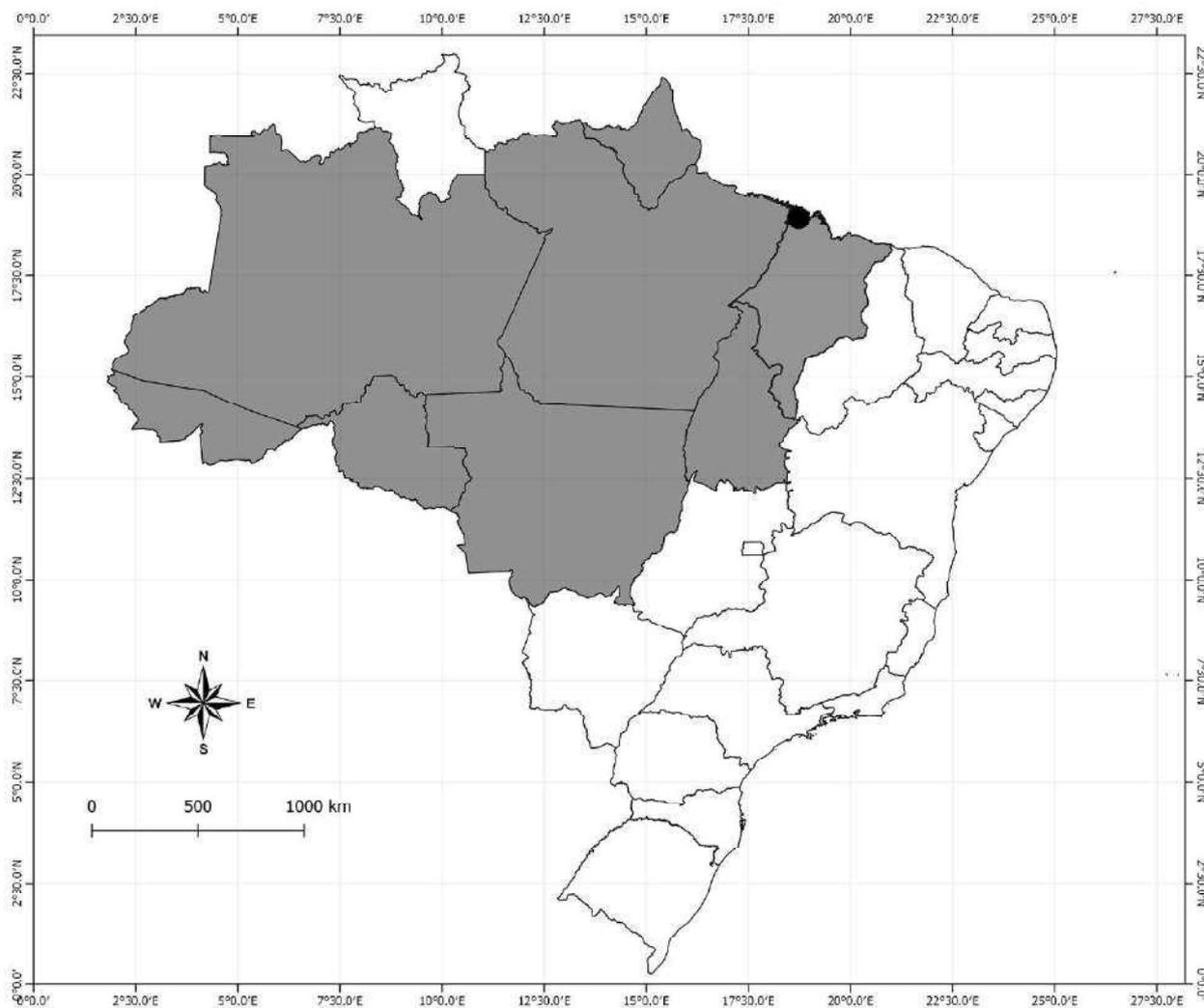


Figura 20. Distribuição geográfica da espécie *Hsunitycteris thomasi*. O círculo preto representa o registro dessa espécie na Amazônia maranhense (Carutapera) com base em nossos estudos.

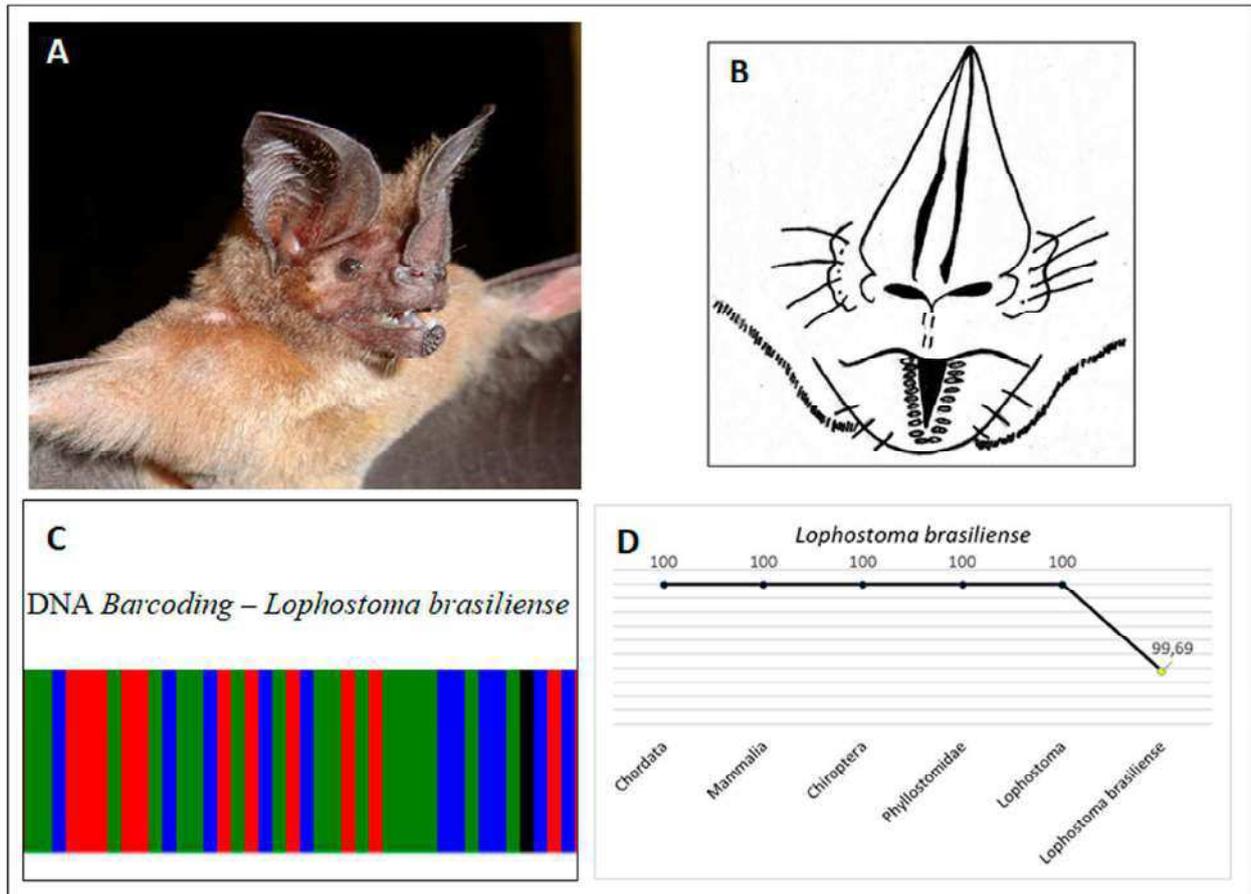


Figura 21. **A)** Espécie *Lophostoma brasiliense*. **B)** Lábio interno com fileira de pequenas papilas dispostas em “U”. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Lophostoma brasiliense* mostraram-se com a pelagem dorsal em tons que variaram de cinza a marrom-acinzentado, sendo o ventre mais claro (Figura 21A). Apresentou no lábio interno uma fileira de pequenas papilas dispostas em “U” (Figura 21B). É facilmente separada das demais espécies do gênero por seu pequeno tamanho. O comprimento do antebraço variou de 36,5 a 39,12 mm e o peso de 10 a 14g. Fórmula dentária: i 2/1; c 1/1; pm 2/3; m 3/3 = 32 dentes.

Apresenta uma dieta insetívora consumindo insetos lepidópteros, coleópteros, ortópteros, himenópteros, mas podem se alimentar de frutos. Esses morcegos vivem em florestas primárias e secundárias do Cerrado, em serrotes e brejos de altitude em áreas de Caatinga e na Mata Atlântica (Reis et al., 2013; Heer et al., 2015). Utiliza como refúgio árvores ocas e cavidades em cupinzeiros arbóreos (Peracchi e Albuquerque, 1993). Os morcegos insetívoros possuem a capacidade de se alimentar de até 200 artrópodes por forrageio, apresentando assim, um papel essencial ao controle de populações de insetos transmissores de doenças humanas, bem como de insetos pragas (Reis et al., 2017). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Bahia, Brasil

É encontrada do México ao Peru, Bolívia, Trinidad e Brasil (Reis et al., 2007; Peracchi et al., 2011). No Brasil, há registros da espécie para os seguintes estados: Amapá, Amazonas, Bahia, Distrito Federal, Espírito Santo, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará, Paraná, Pernambuco, Rio de Janeiro, Sergipe e Tocantins e Maranhão (Oliveira et al., 2011, Reis et al., 2013). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 22).

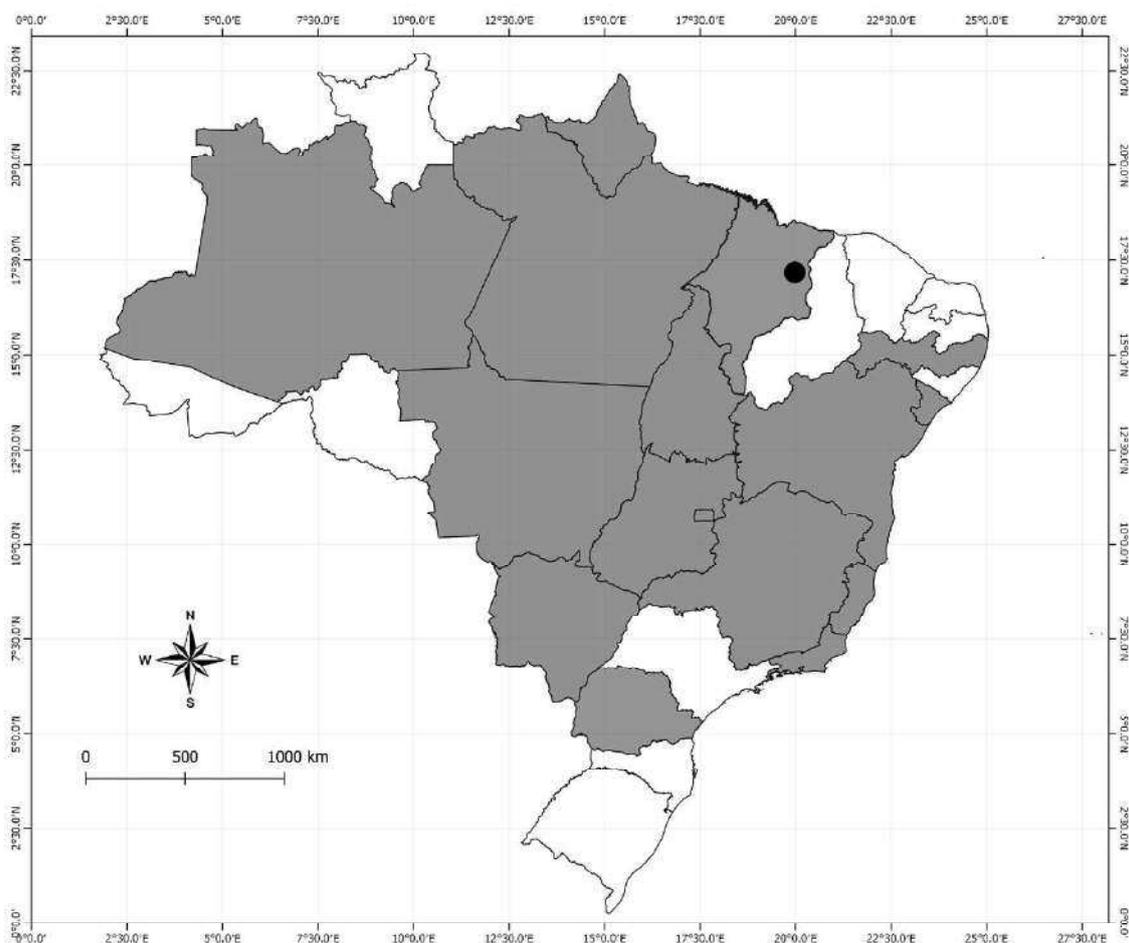


Figura 22. Distribuição geográfica da espécie *Lophostoma brasiliense*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

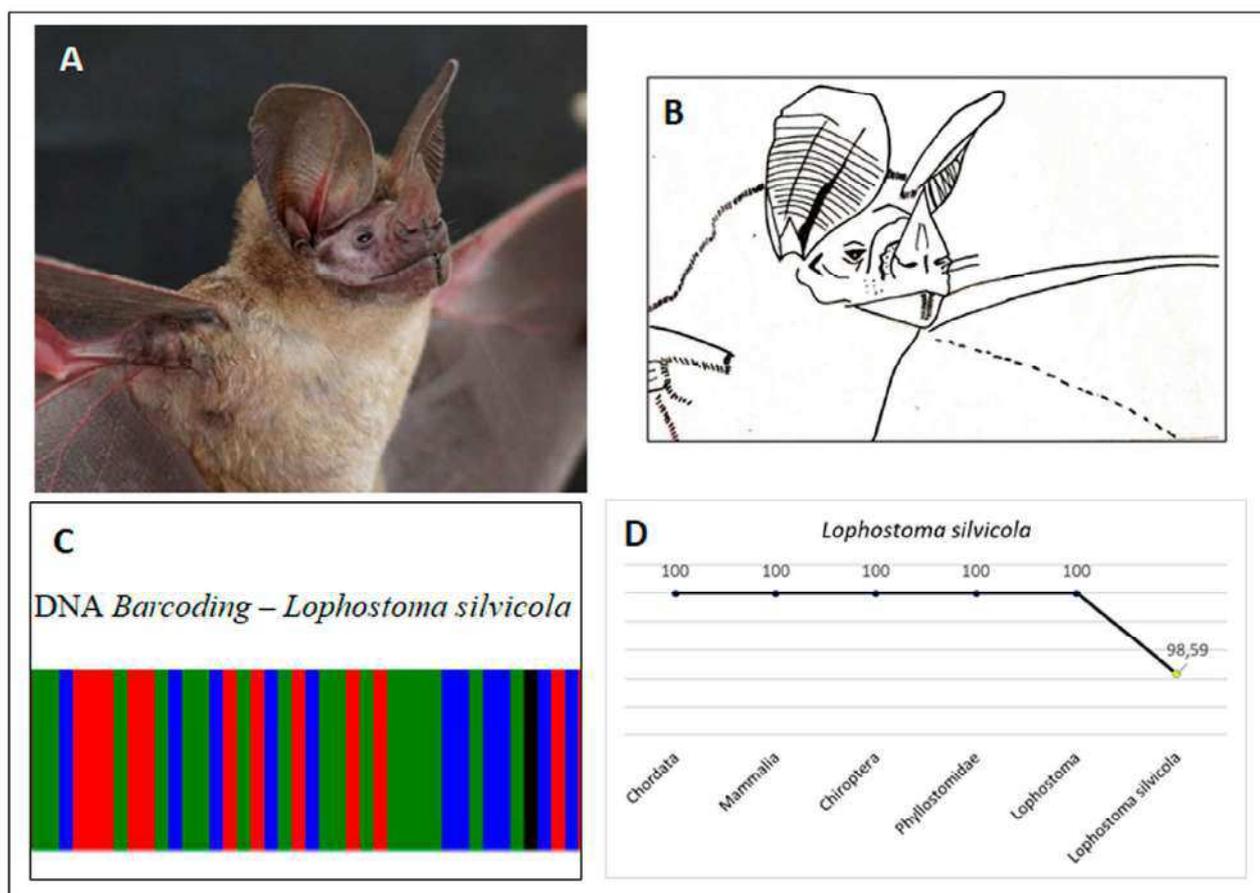


Figura 23. **A)** Espécie *Lophostoma silvicola*. **B)** Orelhas bastante desenvolvidas e arredondas. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

O espécime de *Lophostoma silvicola* apresentou coloração marrom escura no dorso e ventre mais claro; os pelos são pálidos na região da garganta e na base das orelhas (Figura 23A). O focinho é comprido com pelos escassos; o lábio inferior apresentou uma fileira de papilas disposta em forma de “U”; a folha nasal é curta, mas com a base bem desenvolvida. Apresentou como característica diagnóstica as orelhas bastante desenvolvidas e arredondadas (Figura 23B). São animais de grande porte, com o comprimento do antebraço medindo entre 54,26 a 55,53 mm e peso variando de 25 a 26g. Fórmula dentária, i: 2/1; c: 1/1; pm: 2/3 e m: 3/3 = 32 dentes.

A espécie se alimenta principalmente de insetos das ordens coleóptera, lepidóptera, além de aracnídeos. Também podem consumir frutos. Estudos relatam a presença de ossos e carne no estômago sugerindo que a espécie pode ser carnívora. Habita regiões de florestas primárias e secundárias, capoeiras, pastos e pomares; essa espécie tem a capacidade de construir seu próprio abrigo (Bernard e Fenton, 2002; Giannini e Kalko, 2004). A espécie *L. silvicola* devido seu hábito alimentar insetívoros apresenta um papel essencial ao controle de populações de insetos transmissores de doenças humanas, bem como de insetos pragas, mas pelo fato desta espécie completar a sua dieta alimentar com frutos também apresenta um papel na dispersão de semente, ajudando a manutenção da

cobertura vegetal (Reis et al., 2017). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Yungas, entre os rios Secure e Isiboro

Ocorre desde Honduras até a Bolívia, nordeste da Argentina, Guianas e leste do Brasil (Peracchi et al., 2011). No território brasileiro há registros para os estados do Acre, Alagoas, Amapá, Amazonas, Bahia, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Pará, Paraíba, Pernambuco, Rio de Janeiro, Rondônia, Tocantins e Maranhão (Oliveira et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 24).

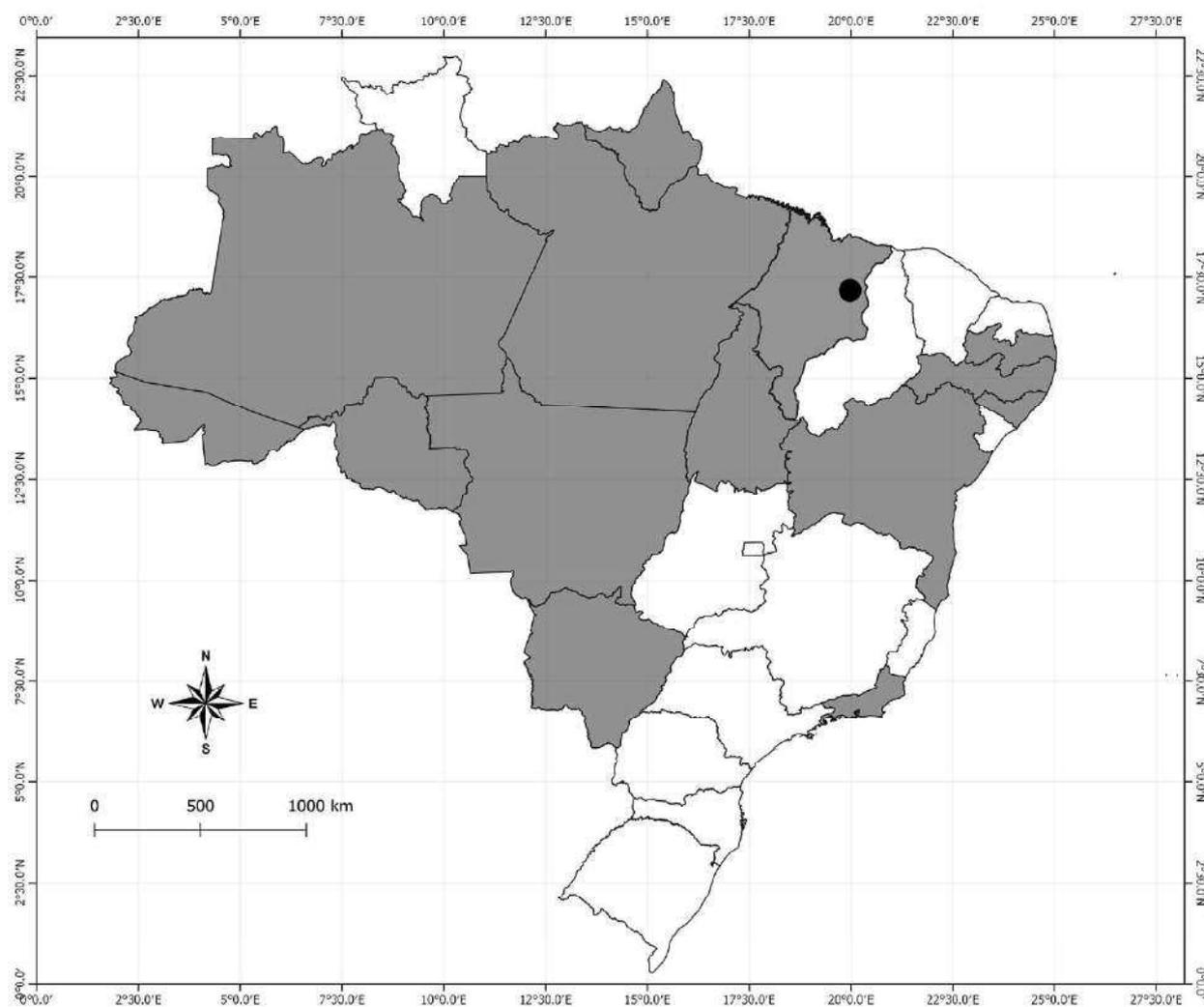


Figura 24. Distribuição geográfica da espécie *Lophostoma silvicola*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

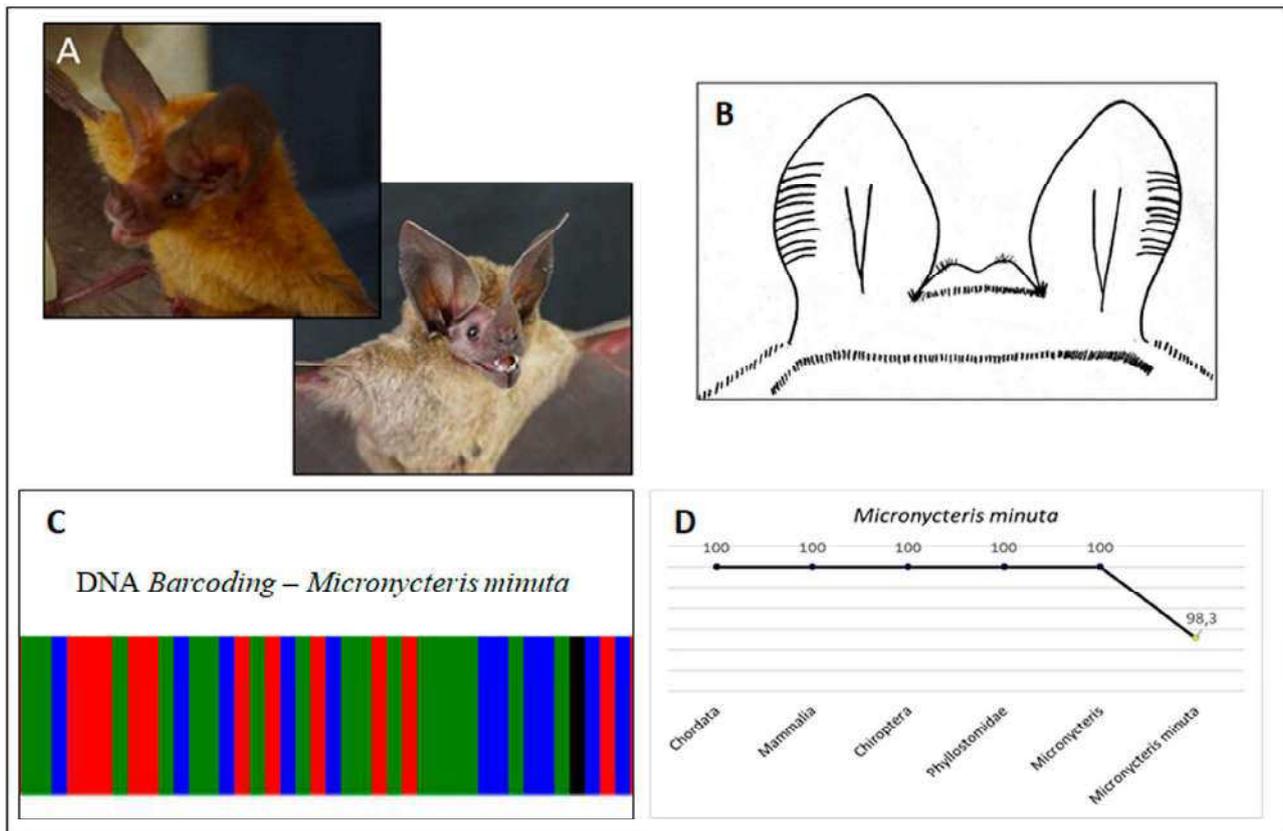


Figura 25. **A)** Espécie *Micronycteris minuta*. **B)** Orelhas ligadas por uma faixa de pele alta com entalhe pouco profundo. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Micronycteris minuta* apresentaram coloração da pelagem marrom acinzentado a marrom-alaranjado no dorso e o ventre mais claro (Figura 25A). A folha nasal é bem demarcada, destacada do lábio superior. O queixo apresenta um par de almofadas dermais arranjadas em “V”. Apresentou como características diagnósticas, orelhas longas, conectando-se ao topo da cabeça por uma faixa de pele alta com entalhe pouco profundo (Figura 25B) e o calcâneo mais curto que o pé. Apresentaram porte pequeno, com o comprimento dos antebraços variando de 32,78 a 35,24 mm e o peso de 6g. Fórmula dentária i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/3 e m 3/3 = 34 dentes.

A dieta dessa espécie constitui-se de insetos, alimentando-se de coleópteros, lepidópteros e hemípteros; ocasionalmente consome frutos (Reis et al., 2017). Ocorre nos mais variados tipos de habitat, incluindo florestas úmidas e secas, áreas com vegetação secundária, clareiras, pomares e pastos (Bernard e Fenton, 2002; Reis et al., 2011). Formam pequenos grupos, abrigando-se em cavernas e ocos de árvores. Divide seu abrigo com outras espécies como *M. megalontis* e *Chiroderma trinitatum* (Reis et al., 2013). É importante ressaltar, que essa espécie é pouco registrada em estudos de abundância e diversidade de morcegos no Brasil (Nobre et al., 2009, Reis et al., 2017). Devido ao hábito alimentar de *M. minuta*, esta espécie apresenta um papel importante ao controle de populações de insetos transmissores de doenças humanas, bem como de insetos pragas

(Reis et al., 2017). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria de “Pouco Preocupante” (LC).

Divergências na identificação morfológicas e molecular (DNA *barcode*) foram observadas para alguns espécimes, pois acreditavam-se que pertenciam a espécie *M. schmidtorum*. No entanto, por meio da caracterização e identificação molecular, os mesmos mostraram maior similaridade genética com *M. minuta*. Estas discordâncias evidenciam que estudos aprofundados devem ser realizados para o gênero a fim de resolver problemas taxonômicos, como apontado por Reis et al. (2007).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Capela Nova, Bahia, Brasil.

Tem ampla distribuição, ocorrendo de Honduras, Peru, Bolívia, Trinidad, Guiana, Guiana Francesa e sul do Brasil. Há registros de *M. minuta* em território brasileiro para os Estados do Acre, Amazônia, Amapá, Maranhão, Ceará, Pernambuco, Paraíba, Bahia, Minas Gerais, Espírito Santo, Rio de Janeiro, Goiás, Distrito Federal, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará e Tocantins (Reis et al., 2013, Olímpio et al. 2016). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 26).

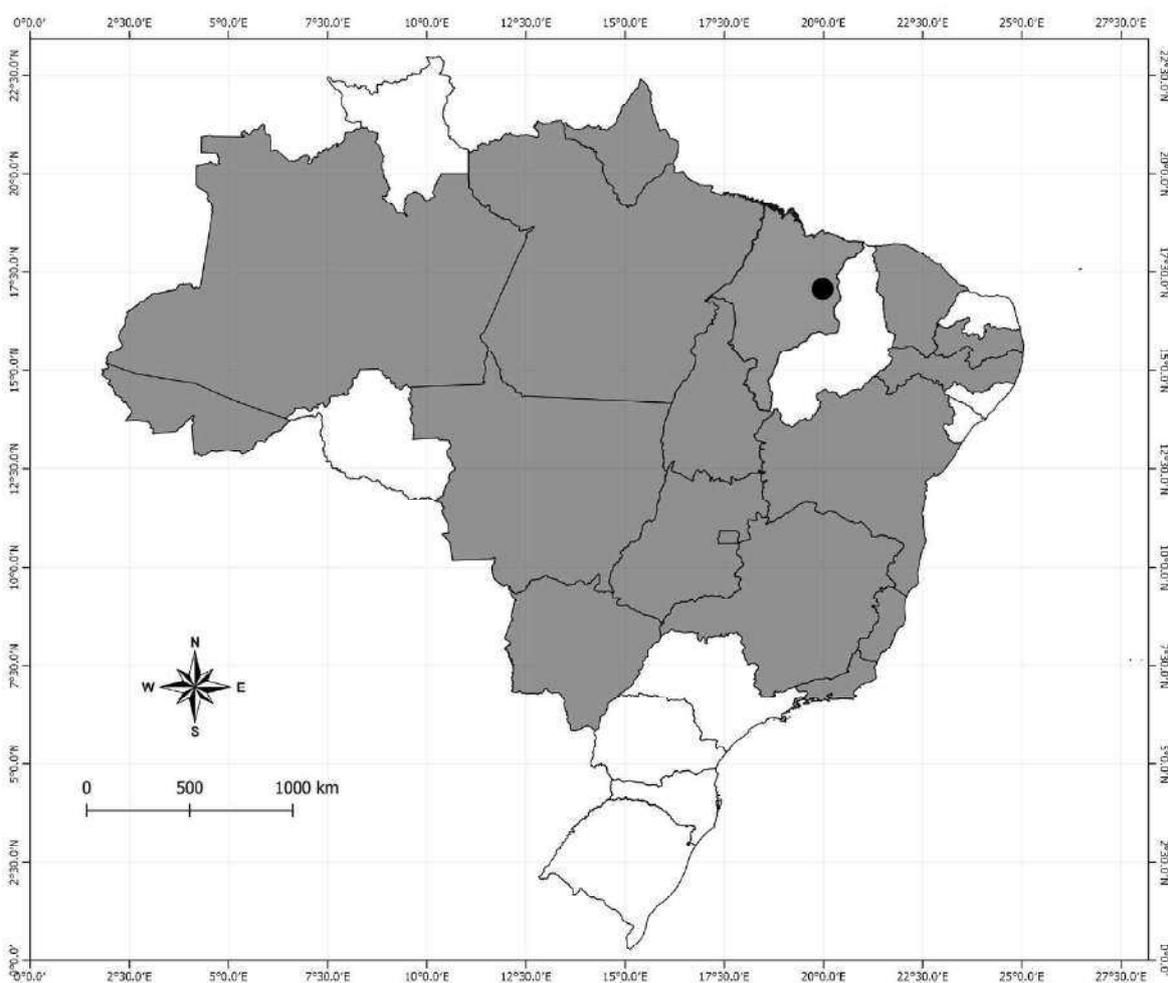


Figura 26. Distribuição geográfica da espécie *Micronycteris minuta*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

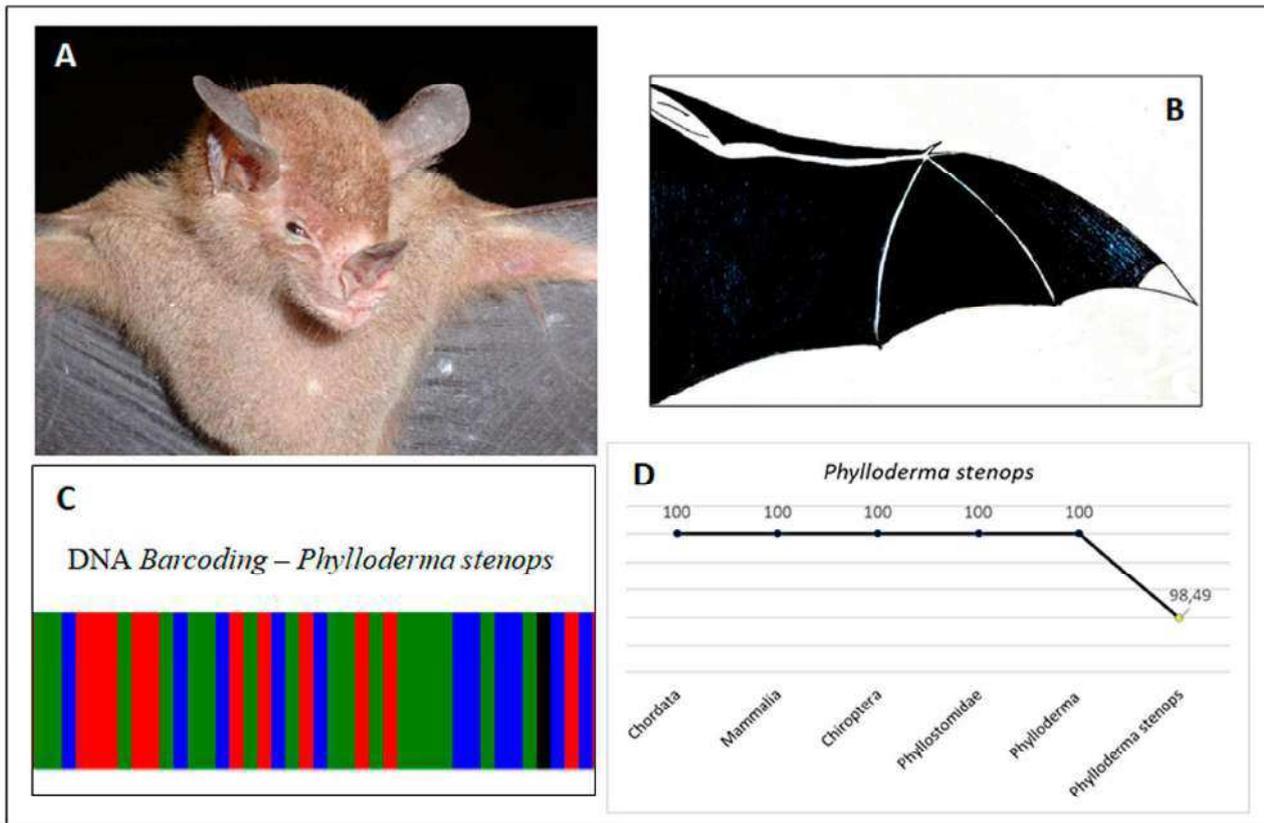


Figura 27. A) Espécie *Phylloderma stenops*. **B)** Ponta das asas despigmentadas. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Phylloderma stenops* apresentaram coloração do dorso castanho e o ventre marrom-acinzentada. O focinho tem a tonalidade mais clara, com a base da folha nasal fundida ao lábio superior; as orelhas são medianas em tamanho (Figura 27A). Como característica marcante, a espécie apresenta a ponta das asas despigmentadas (Figura 27B). Os animais têm grande porte, e os espécimes apresentaram comprimento dos antebraços variando entre 69,1 a 70,19 mm e peso de 40,4 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/3 e m: 3/3 = 34.

Grande parte dos autores classifica esta espécie como onívora (Simmons e Voss, 1998). Esses animais alimentam-se de frutos, como os da família Cucurbitaceae e de *Passiflora* spp., além de insetos (coleópteros), larvas e pupas (hemípteros), pequenos répteis e roedores (Reis et al., 2013). Estes morcegos são habitantes de áreas florestadas, mas também ocorrem em áreas abertas (Peracchi et al., 2011). Parecem estar associados a ambientes perto de cursos de água (Esbérard e Farias, 2006). Eles abrigam-se em cavernas e bueiros de forma solitária ou em pequenas colônias (Reis et al., 2013). A espécie *P. stenops* proporciona grande contribuição na dispersão de sementes, ajudando a manutenção da cobertura vegetal (Reis et al., 2017). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Cayenne, Guiana Francesa

Essa espécie é encontrada do sul do México ao sudeste do Brasil, e ainda Bolívia, Peru e América Central (Peracchi et al., 2011; Reis et al., 2017). No território brasileiro, a espécie está distribuída pelos seguintes estados: Amazonas, Amapá, Distrito Federal, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Pernambuco, Rio de Janeiro, São Paulo, Rondônia, Tocantins, Piauí, Bahia e Maranhão (Oliveira et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 28).

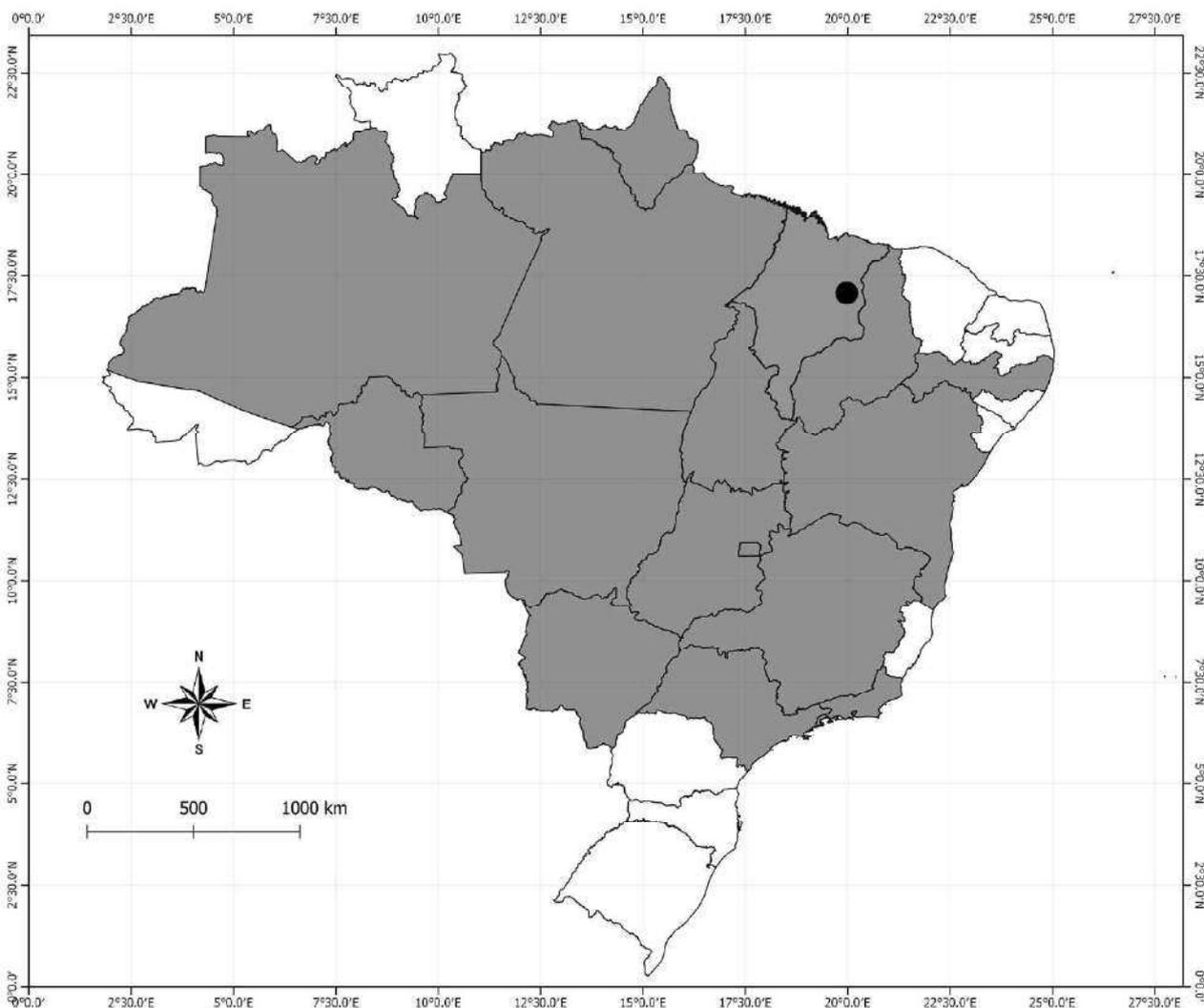


Figura 28. Distribuição geográfica da espécie *Phylloderma stenops*. A estrela representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

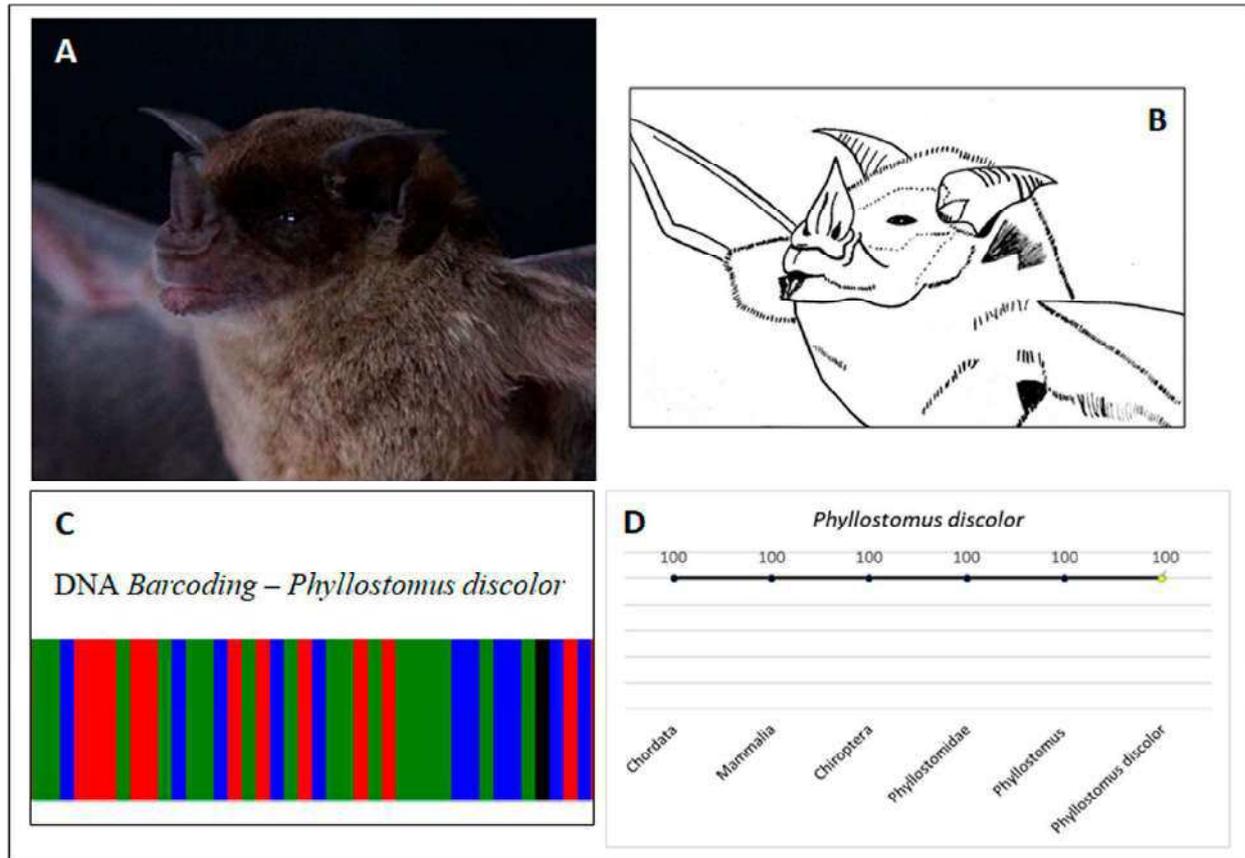


Figura 29. **A)** Espécie *Phyllostomus discolor*. **B)** Focinho comprido e estreito com almofadas na base da folha nasal. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes coletados de *Phyllostomus discolor* mostraram-se com a pelagem bastante densa e macia, com dorso marrom-escuro e ventre mais claro (Figura 29A). As orelhas apresentaram-se curtas e largas. A folha nasal mostrou-se larga com lábio inferior com pequenas papilas alongadas em forma de “V”, focinho comprido e estreito com almofadas na base da folha nasal (Figura 29B). A membrana interfemural dessa espécie é longa, estendendo-se até o tornozelo. Esses morcegos apresentaram grande porte e as medidas dos antebraços variaram de 54,6 a 76,46 mm e peso entre 24 a 63g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Assim como as demais espécies do gênero, *P. discolor* tem sido classificado como onívoro, alimentam-se de: lepidópteros e ortópteros; consomem ainda, néctar de espécies das famílias Anacardiaceae, Bignoniaceae, Bombacaceae, Cactaceae, Caesalpiniaceae, Lythraceae, Moraceae, Musaceae e Piperaceae; e ocasionalmente comem frutos, desta forma atuando como um excelente dispersor de sementes de longa distância (Reis et al., 2013). Esta espécie é encontrada em florestas primárias, secundárias, além de ambientes bastantes alterados, como plantações de bananeiras e áreas urbanas (Reis et al., 2007). Formam pequenas colônias de até 25 indivíduos (Goodwin e Greenhall, 1961) ou podem viver solitariamente, refugiando-se em cavernas e bueiros (Reis et al. 2013). Sua

importância ecológica deve-se ao fato dessa espécie agir como controlador de populações de insetos e pequenos vertebrados, além de agir como dispersor de sementes (Peracchi et al., 2011). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Cuiabá, Mato Grosso, Brasil

É encontrado do México às Guianas, Trinidad, Ilha Margarita (Venezuela), Brasil, Peru, Bolívia, Paraguai e norte da Argentina (Reis et al., 2007; Peracchi et al., 2011). No Brasil, considerando Reis et al. (2013 e 2017) há registro desta espécie para os Estados do Acre, Amazônia, Amapá, Distrito Federal, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, São Paulo, Roraima, Maranhão, Piauí, Ceará, Sergipe, Espírito Santo, Bahia, Paraíba. No Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 30).

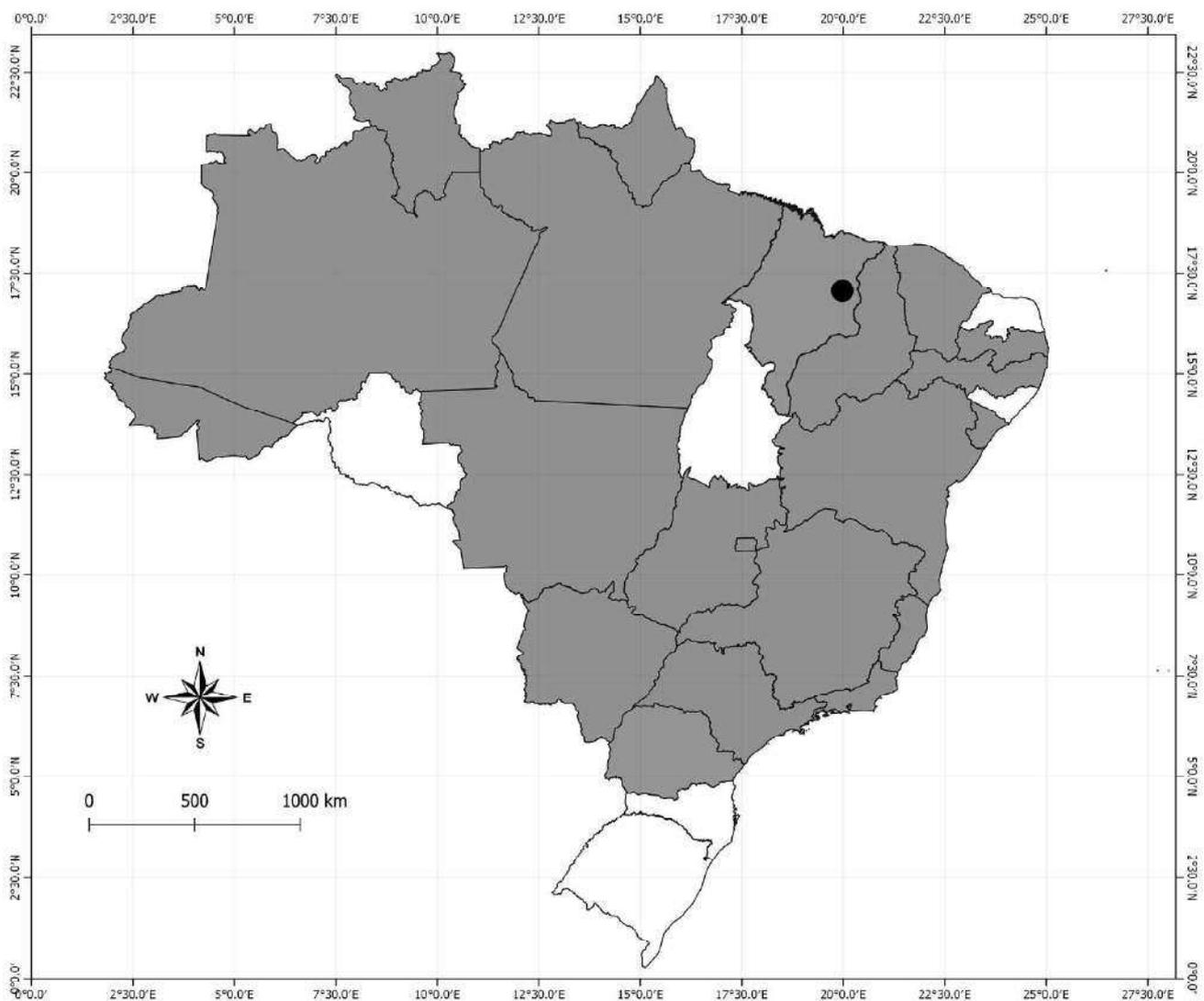


Figura 30. Distribuição geográfica da espécie *Phyllostomus discolor*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

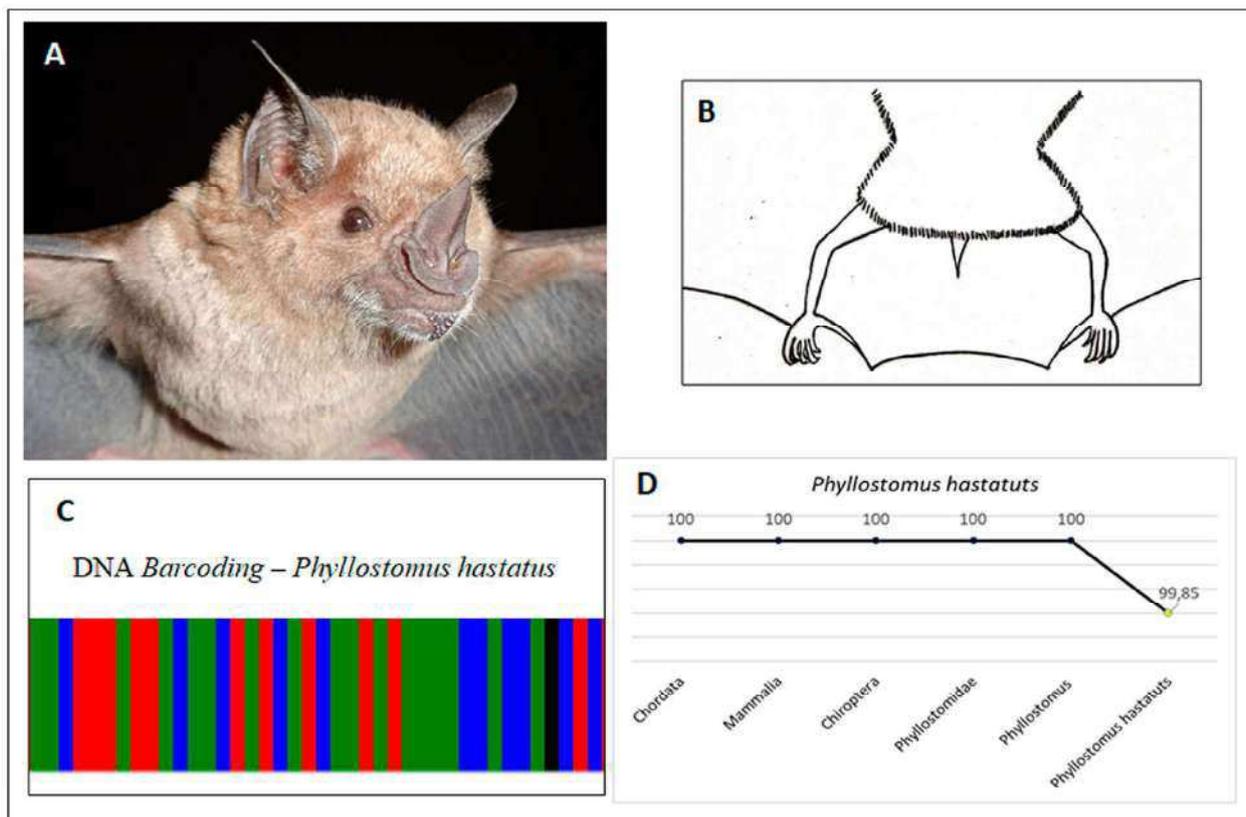


Figura 31. **A)** Espécie *Phyllostomus hastatus*. **B)** O calcâneo é mais longo que o comprimento do pé, com garras longas e fortes. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

A coloração dos espécimes de *Phyllostomus hastatus* mostrou-se mais clara no ventre e no dorso uma coloração em tons de marrom escuro (Figura 31A). A pelagem é curta e aveludada. A folha nasal é bem desenvolvida com a base larga e livre. As orelhas apresentaram-se longas e pontiagudas e o lábio inferior em forma de “V” circundado de papilas alongadas. O calcâneo apresentou-se mais longo que o comprimento do pé, com garras longas e fortes (Figura 31B). Esta espécie é distintamente maior que as outras do gênero, apresentando um grande porte com medidas do antebraço que variou de 79,84 a 83,09 mm e peso entre de 76 a 78 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Essa espécie tem hábito alimentar onívoro, consomem insetos das ordens coleóptera, hemíptera, lepidóptera, himenóptera, ortóptera e isóptera, além de néctar, pólen e frutos do gênero *Cecropia*, *Gurania* e *Lecythis*, completando sua dieta com pequenos vertebrados, como morcegos, roedores e aves (Reis et al., 2007; Reis et al., 2013). Esta espécie geralmente utiliza como refúgio: cavernas, bueiros, árvores ocas e construções humanas, sendo encontrados desde florestas primárias a áreas urbanas e devido ao seu hábito alimentar variado, *P. hastatus* atua como um excelente controlador de populações de insetos, pequenos vertebrados e age como dispersor de sementes de longa distância (Peracchi et al., 2011). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Suriname

É encontrada da Guatemala e Belize às Guianas, Ilha Margarita (Venezuela), Paraguai, Brasil, Bolívia, Peru, Trinidad, Tobago e norte da Argentina (Peracchi et al., 2011). No Brasil, há registro desta espécie para os estados do Acre, Amazônia, Amapá, Distrito Federal, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, São Paulo, Roraima, Rondônia, Tocantins, Maranhão, Piauí, Ceará, Sergipe, Espírito Santo, Bahia, Paraíba (Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 32).

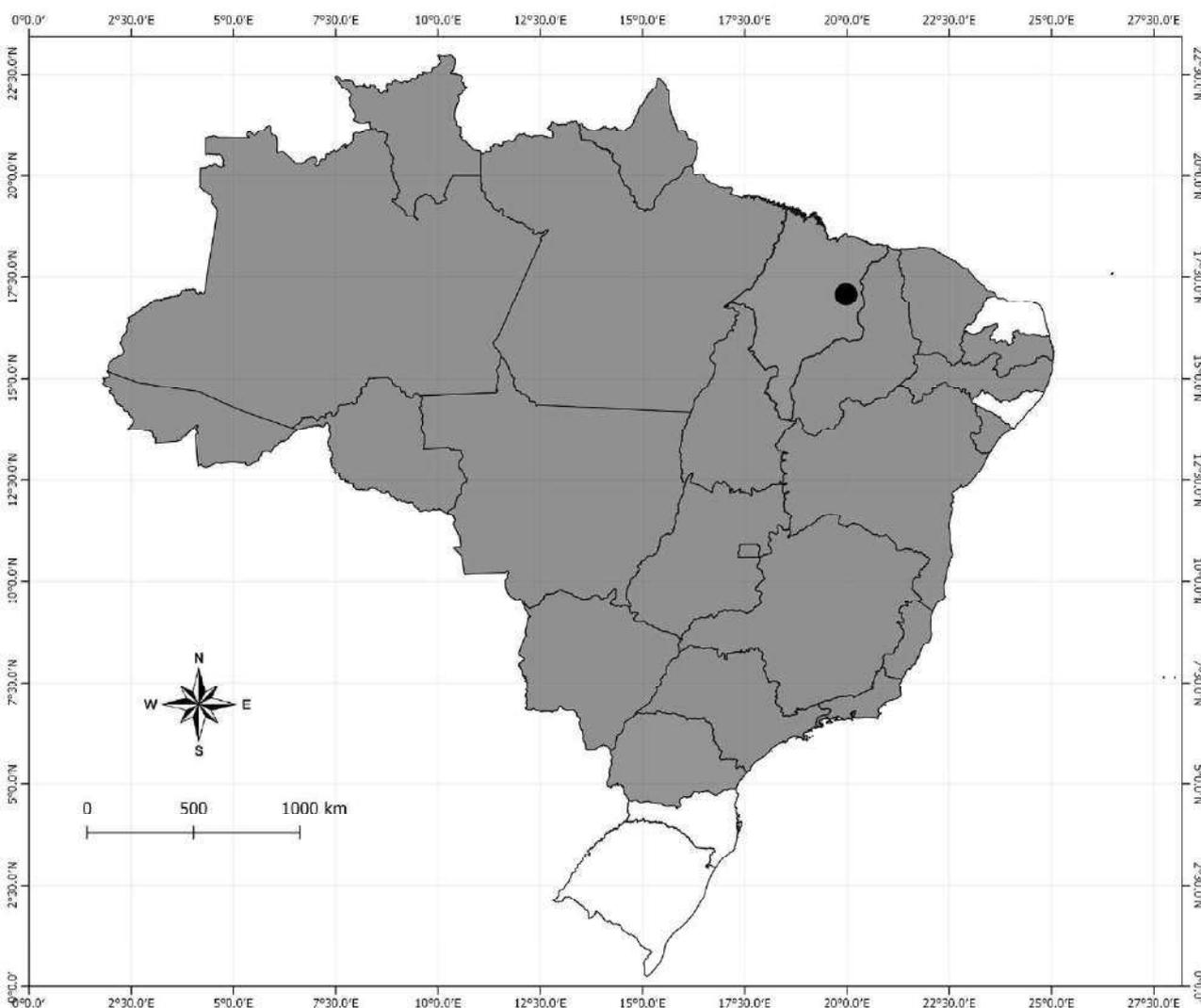


Figura 32. Distribuição geográfica da espécie *Phyllostomus hastatus*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

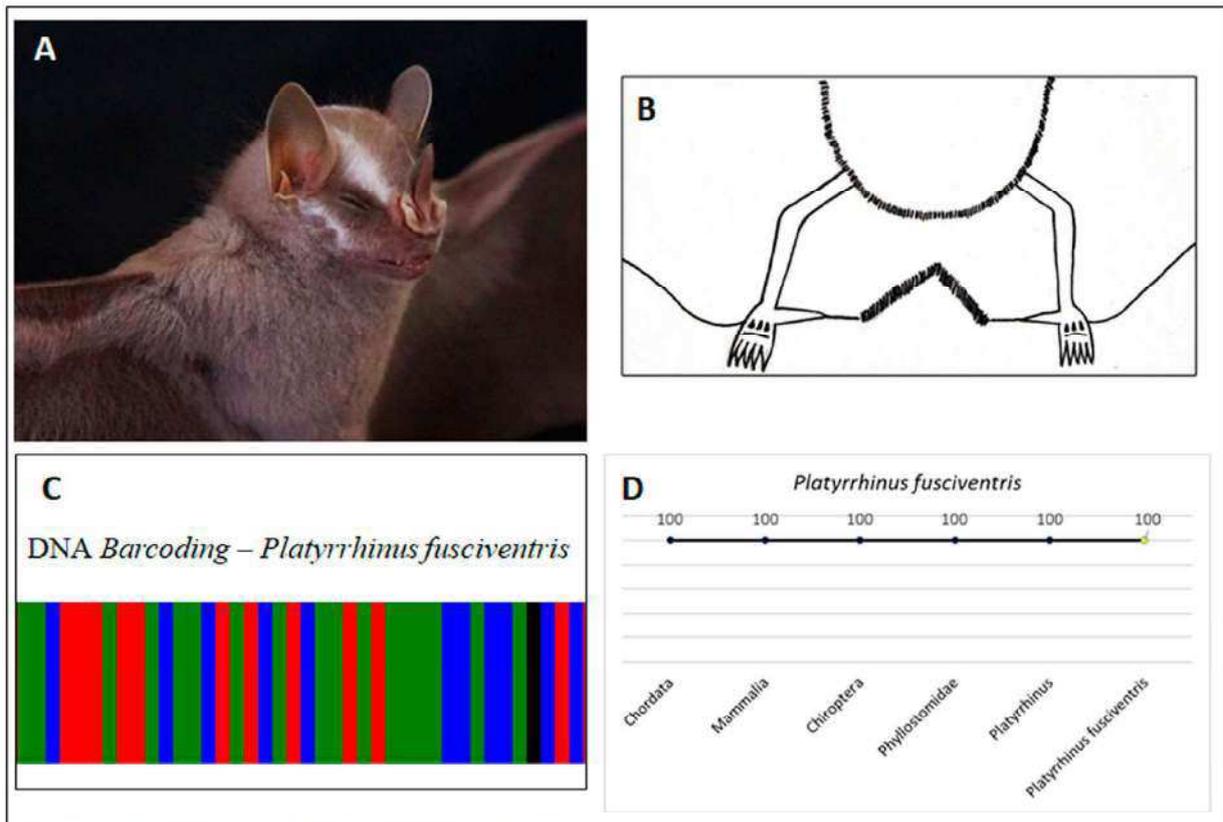


Figura 33. **A)** Espécie *Platyrrhinus fusciventris*. **B)** Membrana interfemural em forma de “V” invertido. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Platyrrhinus fusciventris* apresentaram a coloração da pelagem em tons de marrom, sendo mais escuro no dorso e ventre marrom-acinzentado (Figura 33A). Apresentam listras faciais claras e conspícuas, com uma lista dorsal estreita e bem definida que se inicia no topo da cabeça, entre as orelhas. Apresentou ainda, calcâneo de tamanho médio, cauda ausente e uma membrana interfemural em forma de “V” invertido” com um entalho muito profundo e notáveis franjas de pelos longos (Figura 33B). As medidas dos antebraços variaram de 37,36 a 39,49 mm e peso de 11 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Os dados disponíveis na literatura para essa espécie são escassos, porém sabe-se que é frugívora e reconhecida quanto ao seu importante papel ecológico uma vez que atua na dispersão de sementes de diferentes espécies ajudando no reflorestamentos de áreas degradadas e pode ser encontrada em abrigos no alto das árvores e em cavernas (Peracchi et al., 2011). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

É importante ressaltar que o táxon *Platyrrhinus* compreende um complexo. Todos as sequências do presente trabalho foram plotadas na plataforma *Bold Systems* e mostraram maior similaridade com *P. helleri*. De acordo com Velazco et al. (2010), esta espécie não ocorre para o Brasil, mas por meio de análises morfológicas, morfométricas

e moleculares realizadas por Peracchi et al. (2011), *P. helleri* foram separados em duas espécies diferentes para o Brasil: *P. fusciventris* e *P. incarum*. Segundo Reis et al., (2017), esse morcego possui medidas morfológicas que se sobrepõem às de outras espécies do gênero além de *P. helleri*, como: *P. incarum* e *P. angustirostres*. Assim, por meio da identificação morfológica e craniométrica, a identificação mais precisa para os espécimes deste estudo seria para a espécie *P. fusciventris*.

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Cerro Neblina na Amazônia Venezuelana.

Sendo tratado como *P. fusciventris* sua ocorrência restringe-se apenas para a América do Sul, abrangendo desde o sul da Venezuela, Guianas, Suriname, Trinidad e Tobago, Brasil e Equador (Reis et al., 2017). No Brasil, há registros para os estados do Pará, Amazonas, Amapá, Roraima e Maranhão (Oliveira et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie tanto no Cerrado (APA do Inhamum) quanto na Amazônia maranhense (Carutapera, Godofredo Viana, Cândido Mendes e Turiaçu) (Figura 34).

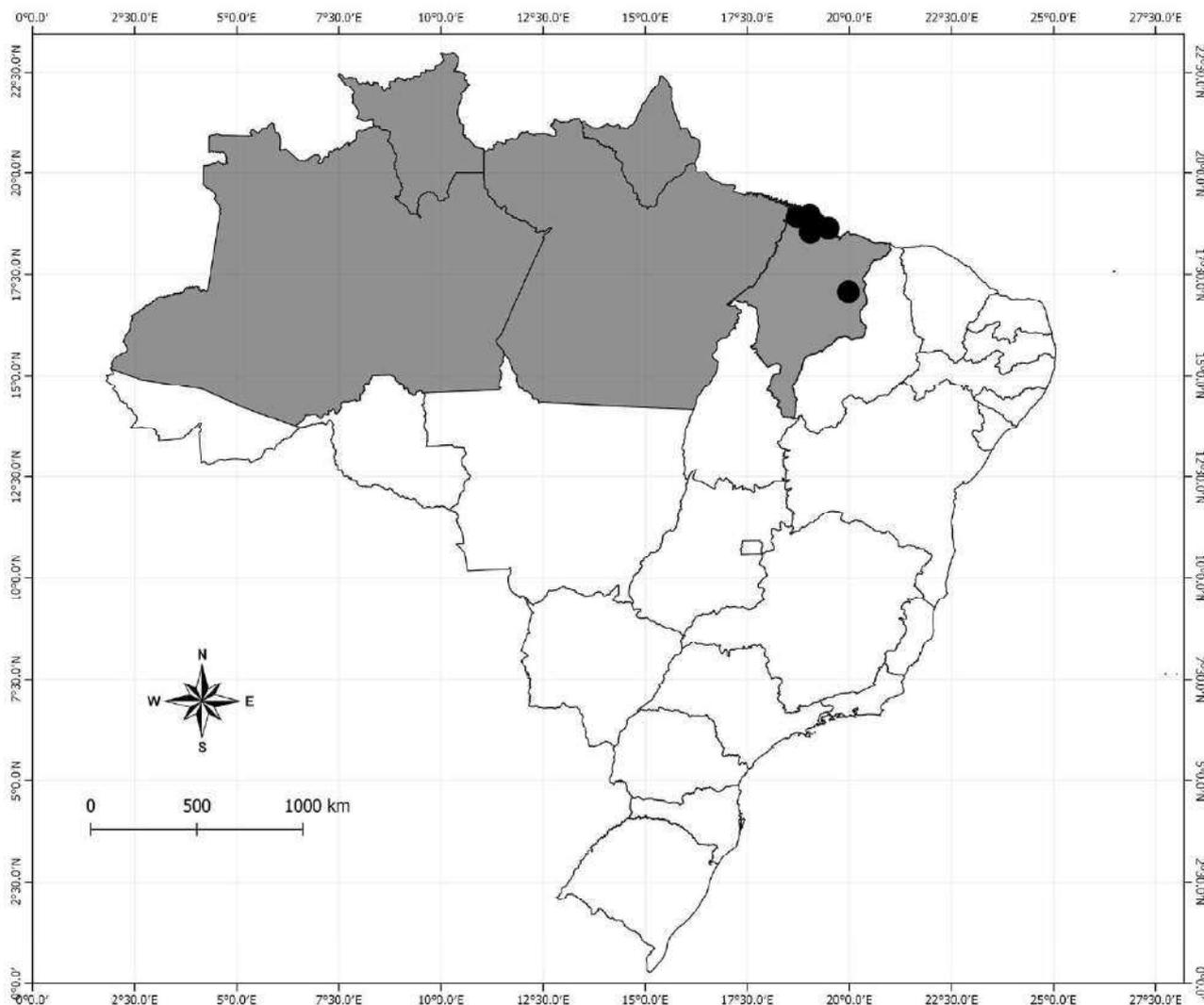


Figura 34. Distribuição geográfica da espécie *Platyrrhinus fusciventris*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Carutapera, Godofredo Viana, Cândido Mendes e Turiaçu) com base em nossos estudos.

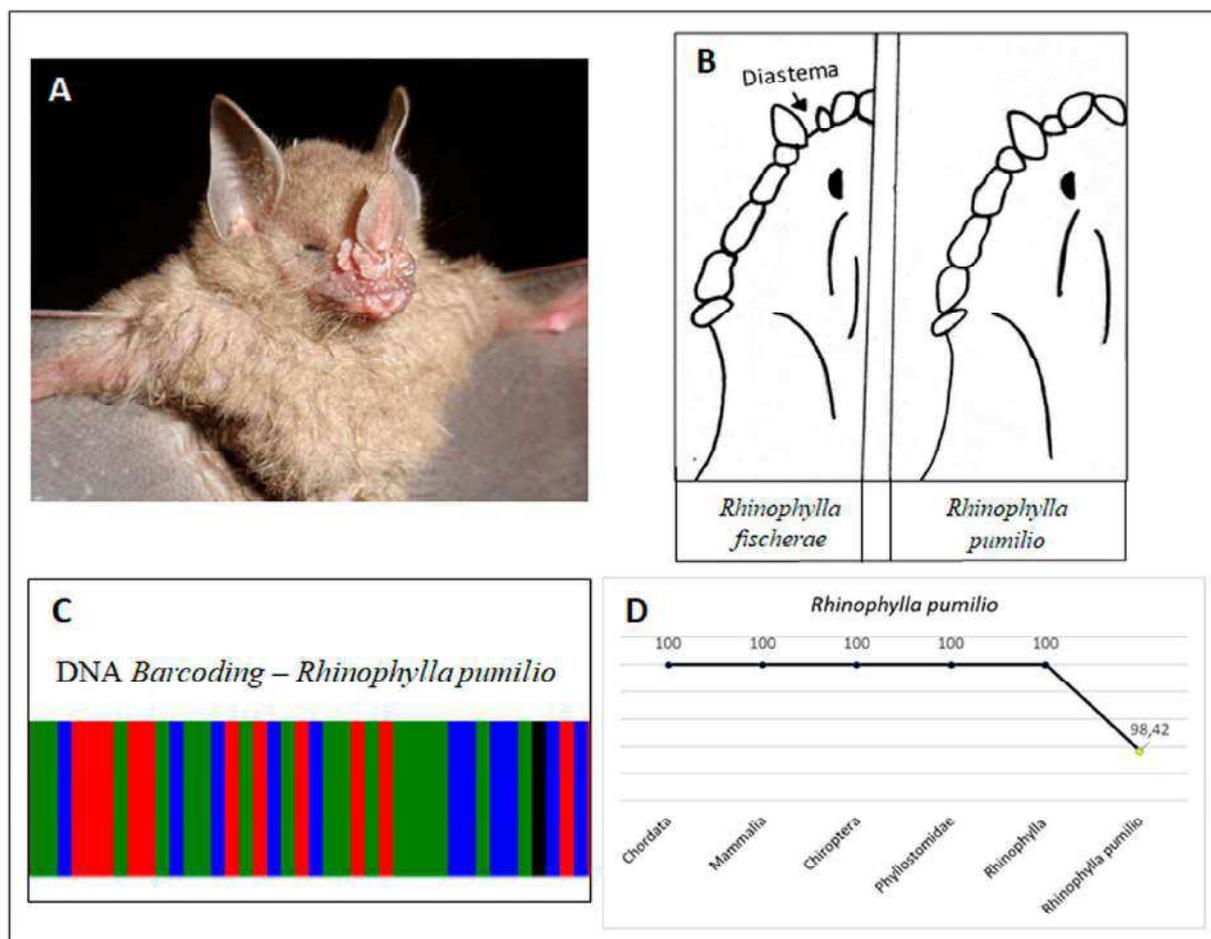


Figura 35. **A)** Espécie *Rhinophylla pumilio*. **B)** Ausência de diastema entre o segundo incisivo e o canino superiores (imagem à direita) diferente de *Rhinophylla fischeriae* (imagem à esquerda). **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes da espécie *Rhinophylla pumilio* apresentaram coloração marrom no dorso e mais claro que o ventre, a folha nasal mostrou-se bem desenvolvida e lanceolada (Figura 35A), com lábio inferior com sulco e almofadas lisas alongadas. Diferente de *R. fischeriae*, a espécie *R. pumilio* não apresenta um diastema entre o segundo incisivo e o canino superiores (Figura 35B). A membrana interfemural estendeu-se até o meio da tíbia, com ausência de cauda. As medidas dos antebraços variaram entre 33,18 a 38,51 mm e o peso variou de 7 a 10 g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Essa espécie é frugívora, na qual inclui em sua dieta vegetais do gênero *Piper*, *Vismia*, *Solanum*, *Syzygium*, *Cecropia* e *Miconia* (Reis et al., 2017). Refugiam-se em folhas modificadas as quais formam uma espécie de “tenda”, exemplo, plantas do gênero *Musa* e *Heliconia* (Reis et al., 2017). Por ser um consumidor de uma vasta quantidade de frutas *R. pumilio* torna-se importante no que diz respeito à dispersão de sementes e na participação da manutenção de áreas onde a vegetação encontra-se degradada. Gardner (1977) aponta que além da dieta frugívora a espécie também pode consumir insetos. Quanto ao *status* de

conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Bahia, Brasil.

Ocorre na Guiana Francesa, Guiana, Suriname, Venezuela, Colômbia, Equador, Peru, Bolívia e Brasil (Reis et al., 2017). Há registros para os seguintes estados brasileiros: Acre, Rondônia, Pará, Amapá, Amazonas, Bahia, Maranhão, Mato Grosso, Minas Gerais, Pernambuco, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Roraima, São Paulo e Tocantins (Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para o Cerrado (APA do Inhamum) (Figura 36).

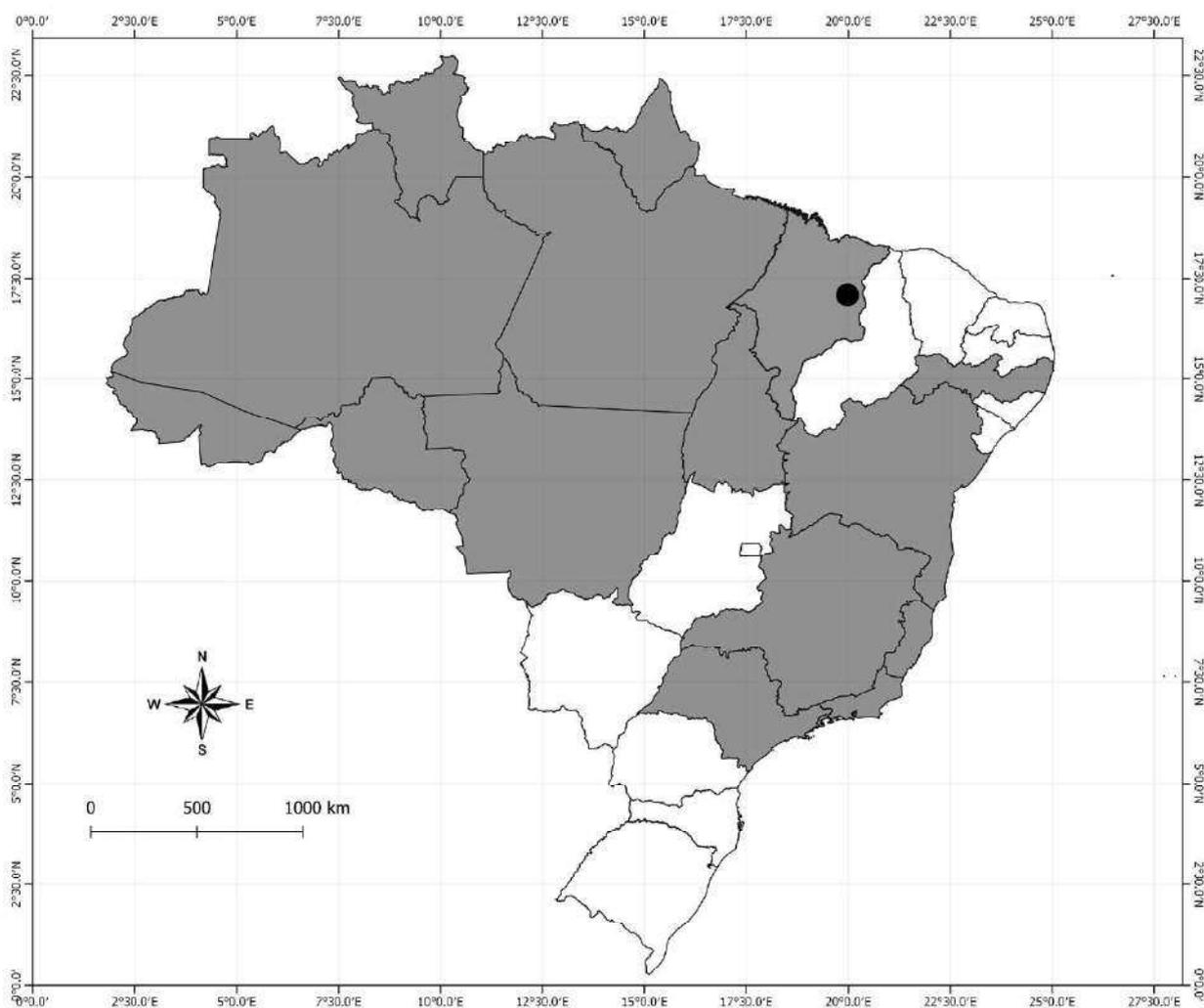


Figura 36. Distribuição geográfica da espécie *Rhinophylla pumilio*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias).

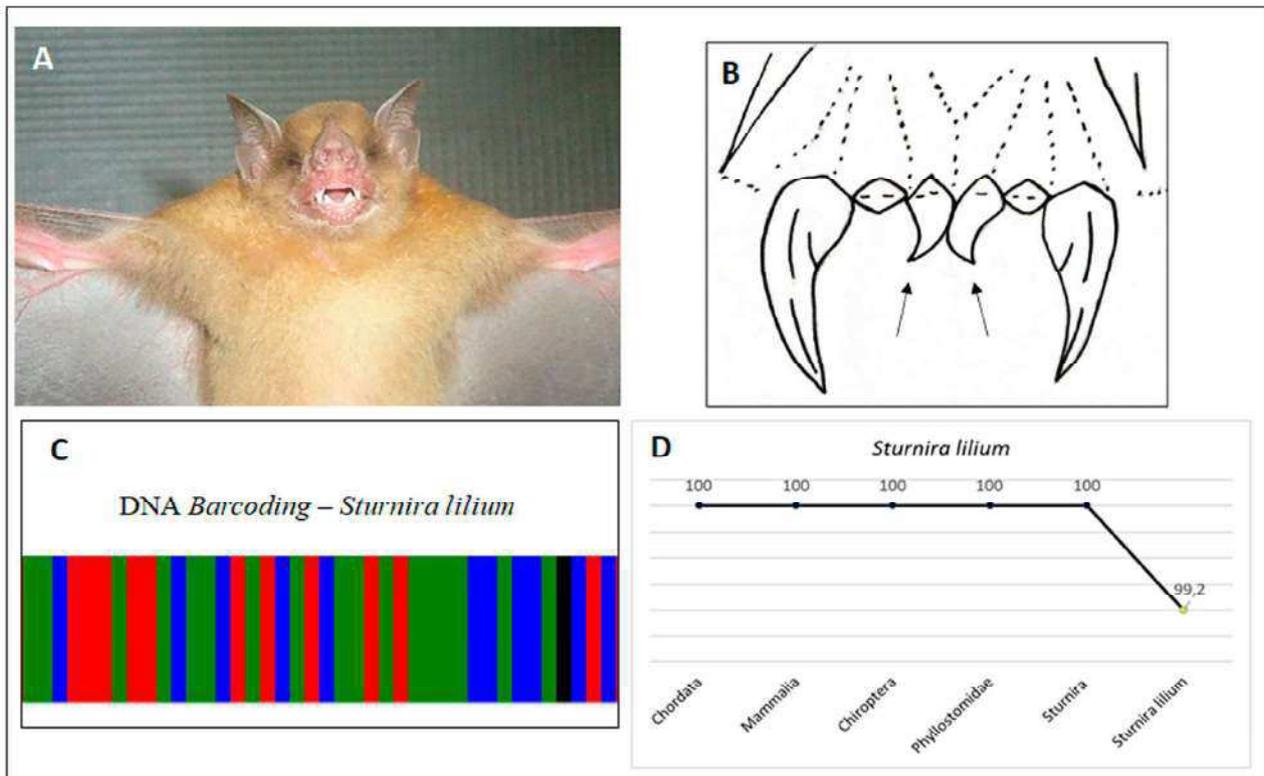


Figura 37. **A)** Espécie *Sturnira lilium*. **B)** Incisivos superiores internos falciformes (forma de foice). **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes coletados de *Sturnira lilium* apresentaram a coloração variando do pardo ao alaranjado (Figura 37A). A folha nasal apresentou-se de tamanho mediano, com olhos grandes e verrugas no lábio inferior em forma de meia lua. Como característica diagnóstica, todos os espécimes apresentaram incisivos superiores internos falciformes diferindo de outras espécies do gênero (Figura 37B). Apresentou ainda, cauda ausente, com calcâneo muito curto e pernas pilosas com a membrana interfemural muito reduzida, praticamente inexistente. Estes animais têm tamanho médio e apresentou antebraço medindo entre 40,93 a 44,09 mm e peso entre 15 a 19g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m: 3/3 = 32 dentes.

Segundo Reis et al., (2013) essa espécie se alimenta principalmente de frutos pertencentes aos gêneros *Piper*, *Ficus* e *Solanum*, no entanto, pode consumir néctar, pólen e insetos. Utilizam como refúgio: grutas, edificações, ocos e folhagem de árvores. A espécie pode ter papel como polinizador de espécies de plantas e dispersor de sementes participando da manutenção de áreas onde a vegetação encontra-se degradada. Quanto ao *status* de conservação de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Assunção, Paraguai

A distribuição geográfica de *S. lilium* (E. Geoffroy, 1810) foi revisada por Velazco e Patterson (2013, 2014), os quais restringiram sua ocorrência em partes do estado brasileiro, da Bolívia, do Paraguai e da Argentina. Estendendo-se para as Antilhas Menores; Sonora e Tamaulipas no México, sul da Bolívia, Uruguai, Trinidad e Tobago; Granada (Peracchi et al., 2011). No Brasil a distribuição de *S. lilium* inclui todos os estados com exceção do Rio Grande do Norte (Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência tanto no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) quanto na Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiáçu) (Figura 38).

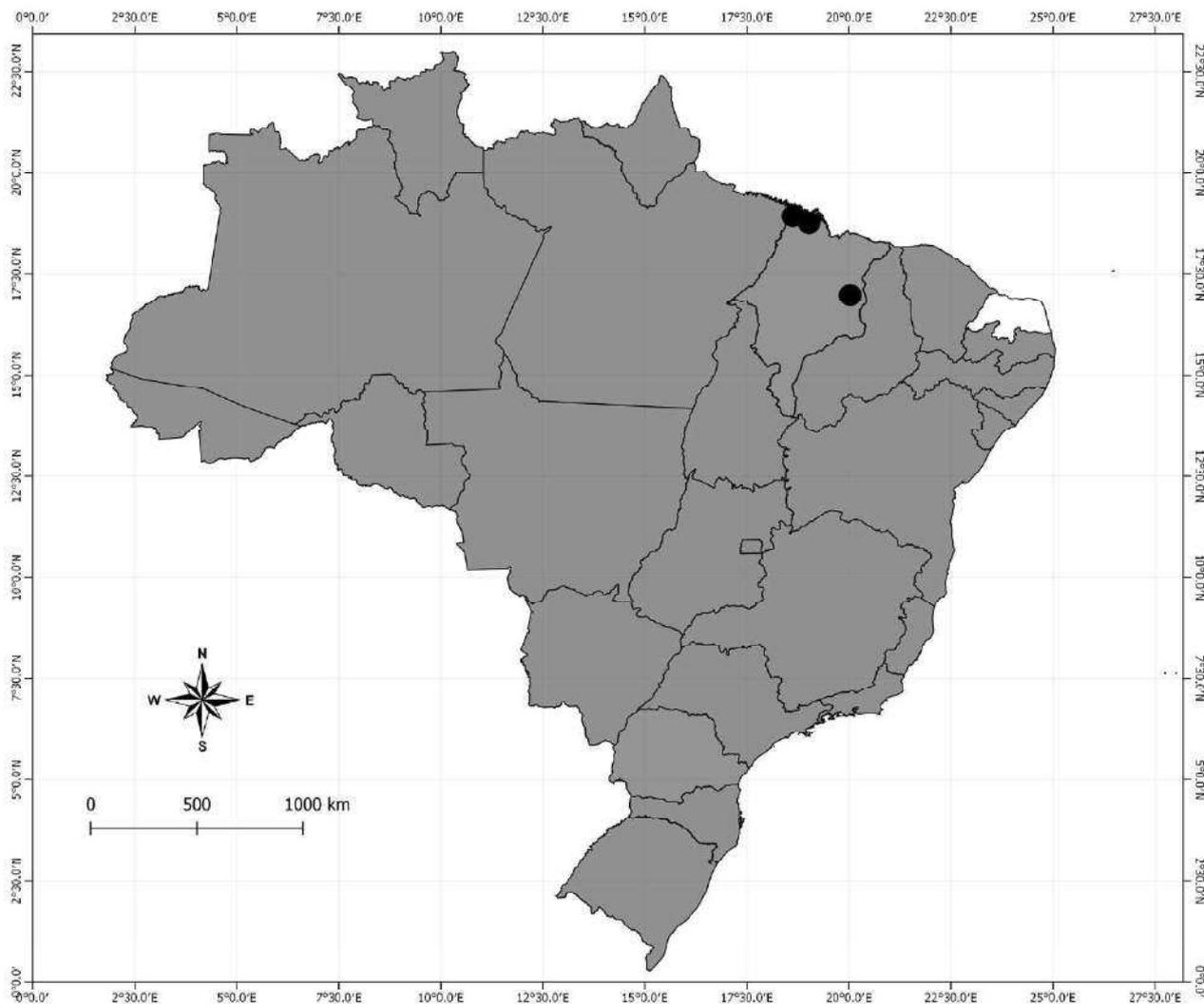


Figura 38. Distribuição geográfica da espécie *Sturnira lilium*. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e na Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiáçu) com base em nossos estudos.

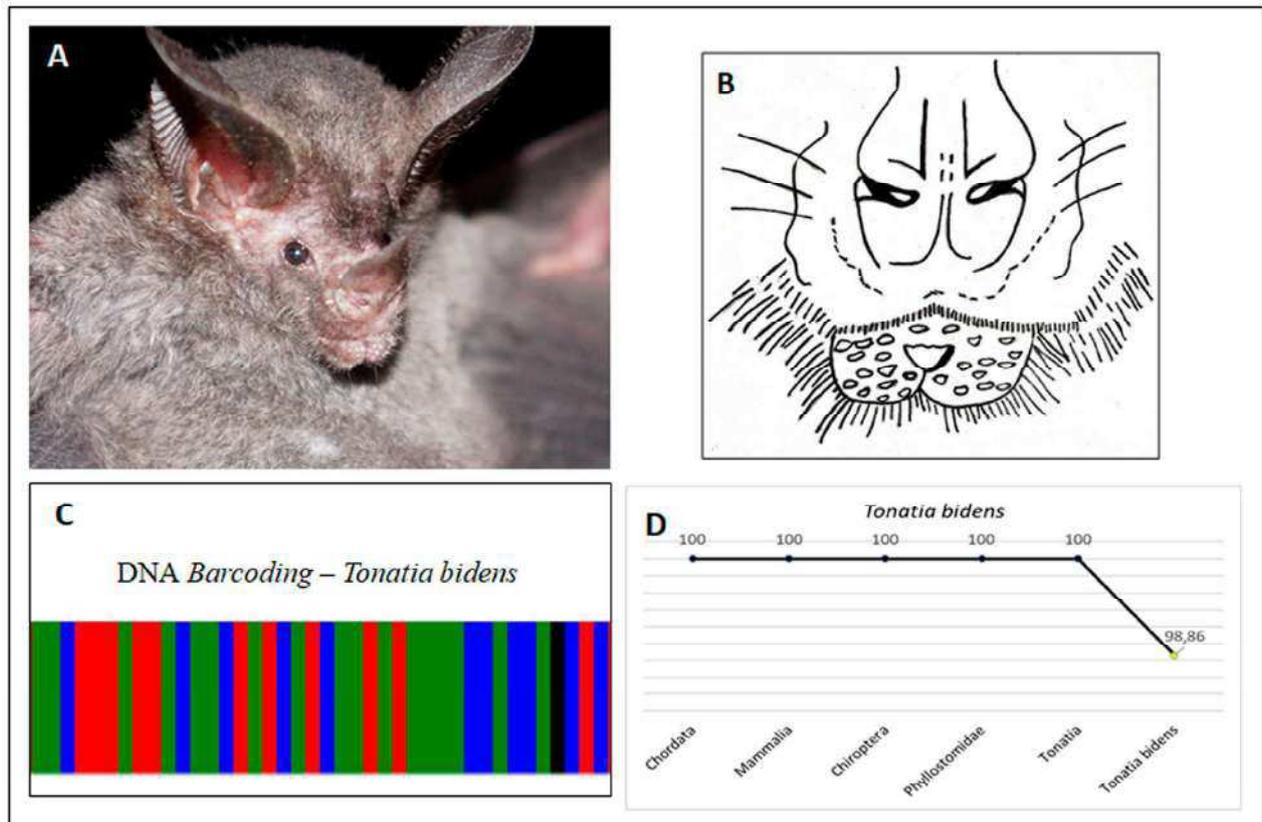


Figura 39. **A)** Espécie *Tonatia bidens*. **B)** Lábio inferior com uma verruga central rodeadas de diversas papilas pequenas. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

A espécie *Tonatia bidens* apresentou coloração da pelagem dorsal marrom-escuro com o ventre mais claro, os pelos da região do pescoço e atrás das orelhas esbranquiçados. O lábio inferior com uma verruga central rodeadas de diversas papilas pequenas (Figura 39A e B) orelhas arredondadas e longas, uma folha nasal larga na base estreitando bruscamente na extremidade (Figura 39A). As medidas dos antebraços variaram de 56,02 a 58,15 mm, com peso variando de 25 a 30 gramas. Fórmula dentária, i: 2/1; c: 1/1; pm: 2/3 e m 3/3 = 32 dentes.

Possui uma alimentação baseada em insetos como coleópteros, lepidópteros, ortópteros, hemípteros, odonatas e tisanópteros, se alimentam também de frutos e pequenos vertebrados como anfíbios, aves, reptéis e morcegos (Reis et al., 2013). Utilizam ocos de árvores e cavernas para refúgio, formando grupos pouco numerosos (Tuttle, 1976; Myers e Wetzel 1983). É encontrada habitando floretas primárias e secundárias, plantações de bananas e áreas abertas (Sekizawa, et al 2001; Esbérard e Bergallo, 2005). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC)

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Rio São Francisco, Bahia, Brasil.

Distribui-se do nordeste do Brasil até a Bolívia, Paraguai, Equador e norte da Argentina. No Brasil ocorre na Bahia, Tocantins, Goiás, Paraíba, Ceará, Espírito Santo, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, Santa Catarina, Paraná, São Paulo e Maranhão (Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 40).

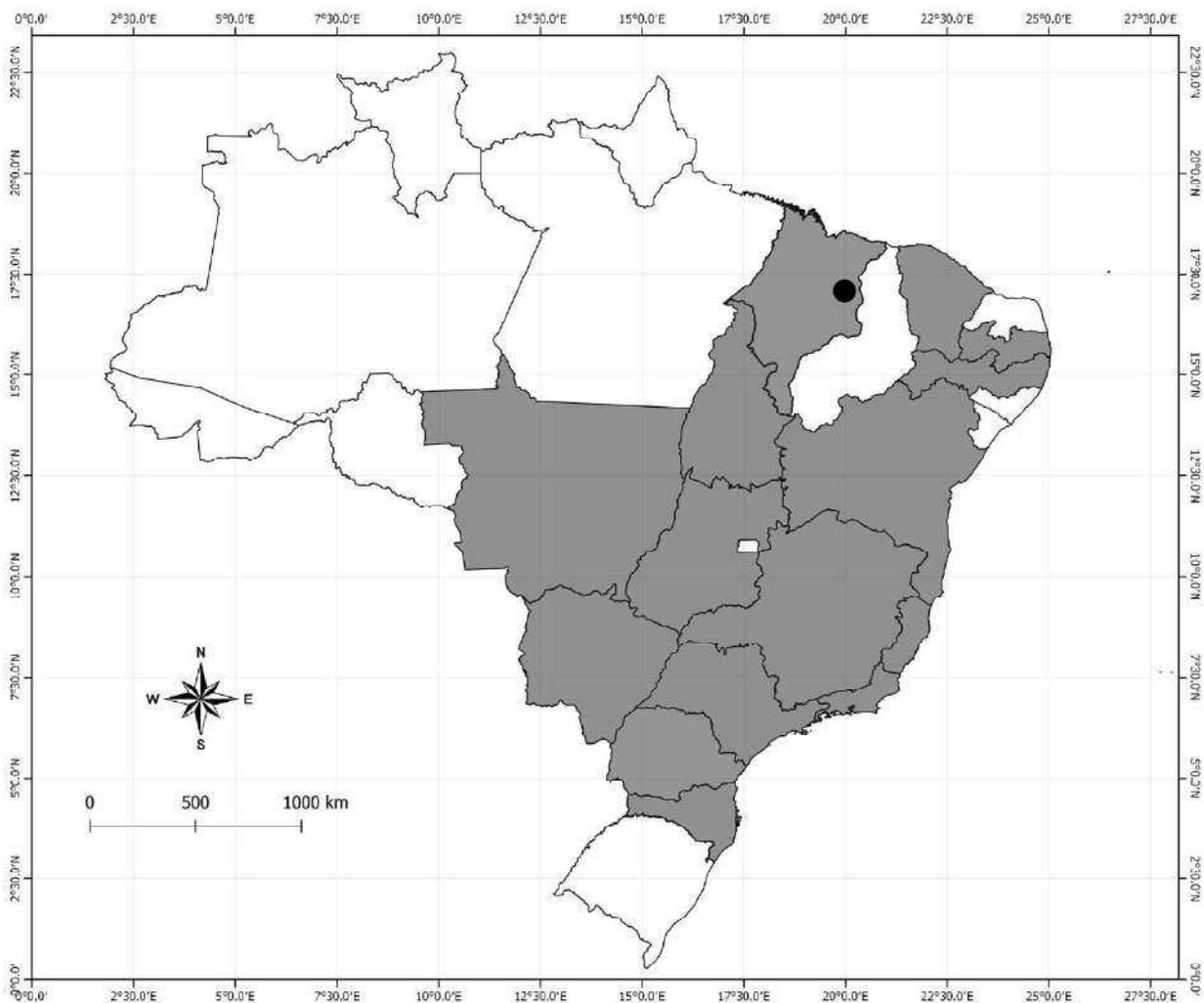


Figura 40. Distribuição geográfica da espécie *Tonatia bidens* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) com base em nossos estudos.

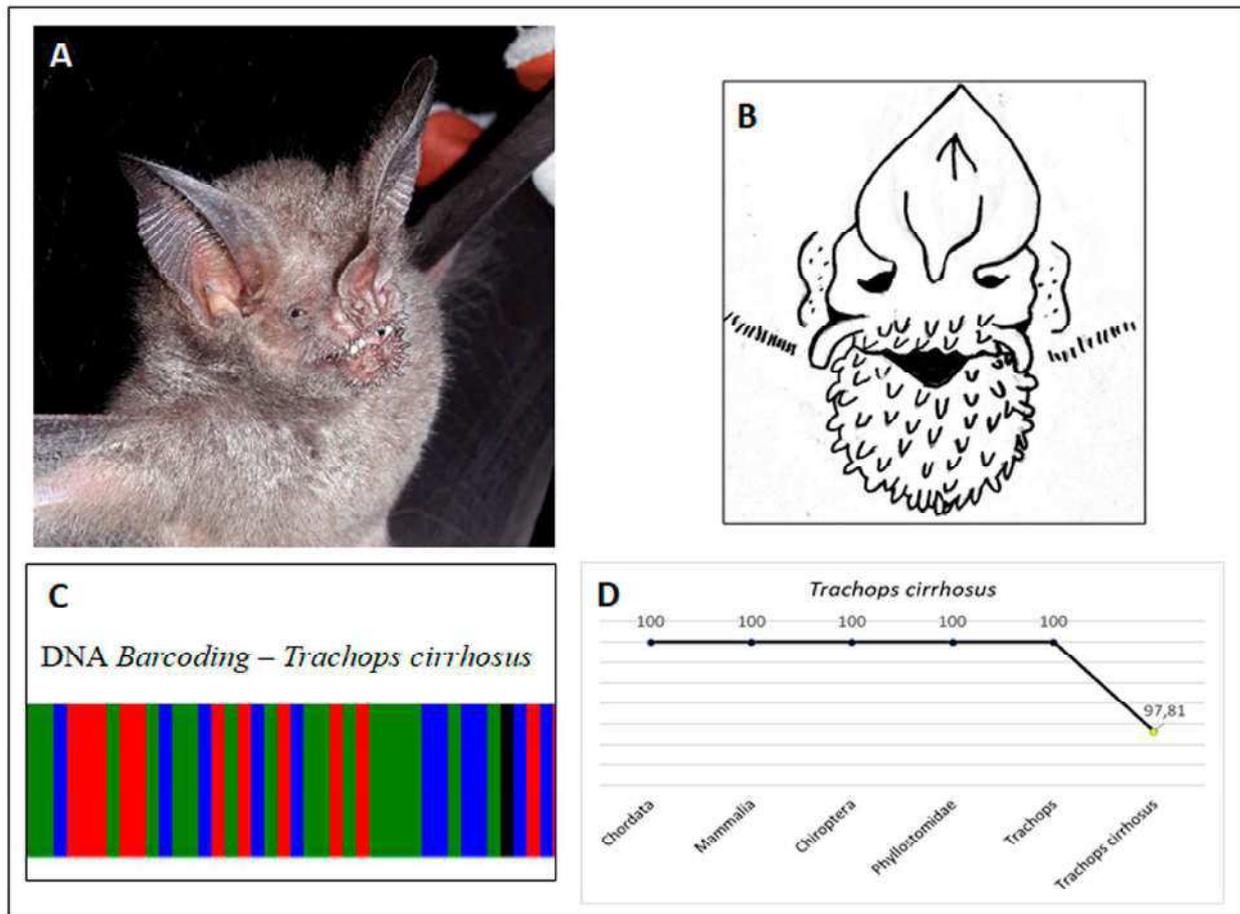


Figura 41. **A)** Espécie *Trachops cirrhosus*. **B)** Numerosas papilas cilíndricas no lábio e folha nasal com bordas serrilhadas. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

A espécie *Trachops cirrhosus* apresentou uma pelagem longa e felpuda de coloração parda-ferrugem, trago pontiagudo, orelhas grandes, eretas e arredondadas, maiores que a cabeça (Figura 41A). Numerosas papilas cilíndricas no lábio e mento, folha nasal com bordas serrilhadas são as características marcantes da espécie (Figura 41B). As medidas dos antebraços variaram de 53,71 a 63,22 mm com peso de 29g a 35g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/3 e m 3/3 = 34.

Alimenta-se principalmente de pequenos anfíbios e répteis, mas pode ingerir frutos e preda uma variedade de insetos das ordens coleóptera, homóptera, díptera e entre outros (Cramer et al., 2001). Os membros da espécie costumam procurar abrigo em oco de árvores, cavernas, fendas, rochas, bueiros e edificações humanas abandonadas. Formam colônias com pequenos e grandes grupos de indivíduos (Reis et al., 2013). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Belém, Pará.

É encontrado do México às Guianas, Trinidad, Bolívia, Equador e Brasil (Peracchi et al., 2011). No Brasil, apresentam ampla distribuição, com registro para os seguintes estados: Acre, Alagoas, Amapá, Amazonas, Bahia, Ceará, Sergipe, Espírito Santo, Minas Gerais, Pará, Paraíba, Pernambuco, Piauí, Rio de Janeiro, Rondônia, Roraima, São Paulo, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, Distrito Federal, Paraná e Maranhão (Olimpio et al., 2016; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência para o Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) (Figura 42).

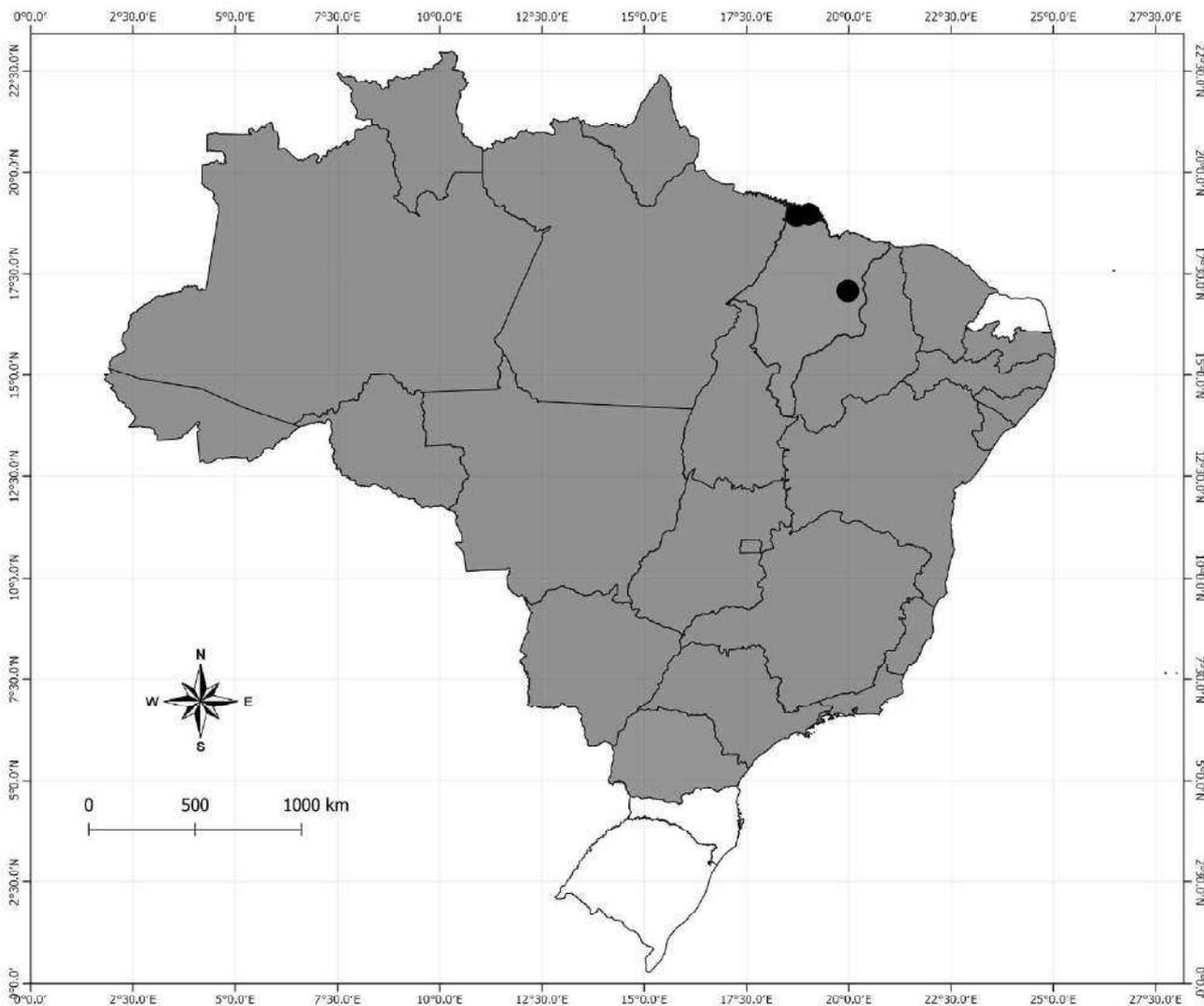


Figura 42. Distribuição geográfica da espécie *Trachops cirrhosus* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie no Cerrado (APA do Inhamum, Caxias) e Amazônia maranhense (Godofredo Viana e Carutapera) com base em nossos estudos.

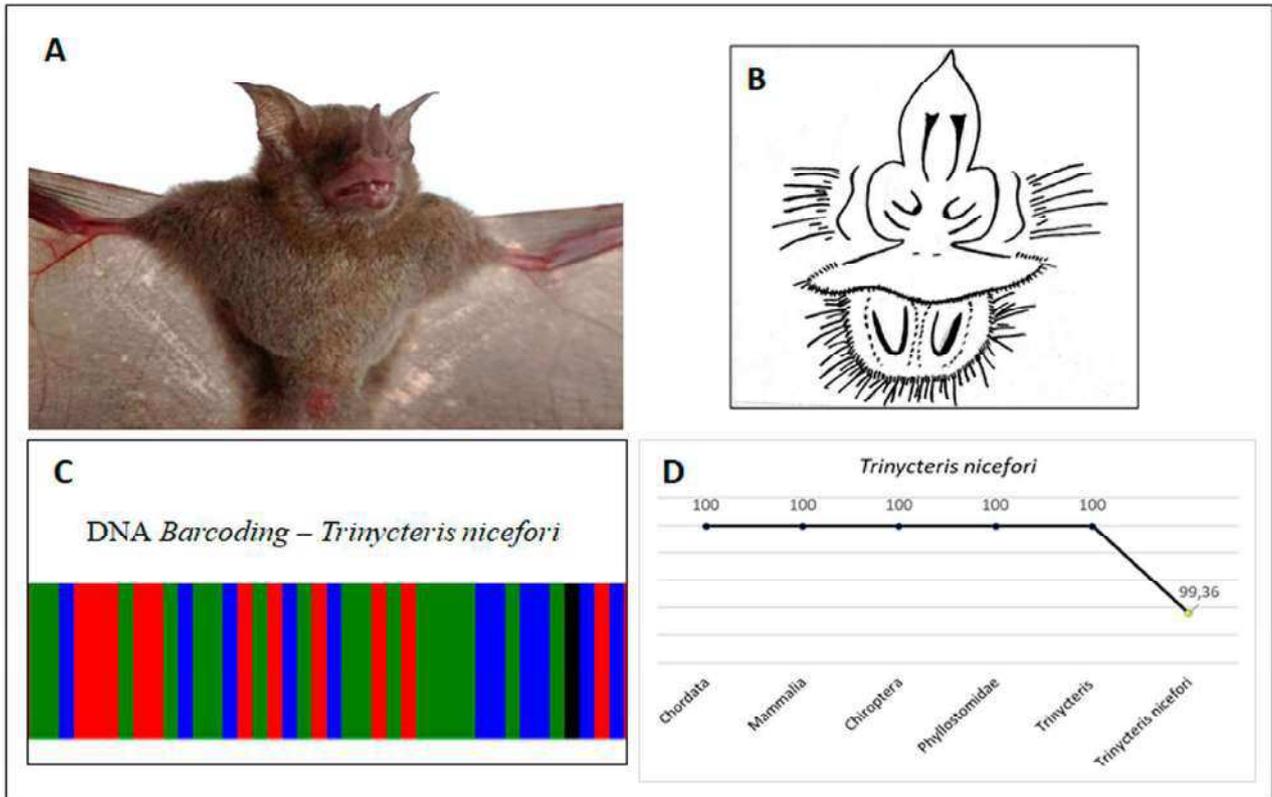


Figura 43. **A)** Espécie *Trinycteris nicefori*. **B)** Lábio inferior com um par de almofadas lisas divididas por um sulco raso. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Trinycteris nicefori* apresentaram coloração da pelagem variando do tom avermelhado ao acinzentado, com presença de uma lista dorsal acinzentada pouco evidente (Figura 43A). Os pelos dorsais apresentaram-se tricolores, com comprimento mais curtos nas extremidades. Como características diagnósticas os espécimes apresentaram as regiões das orelhas pontiagudas e côncavas, com a base da folha nasal fundida com o lábio superior e inferior com um par de almofadas lisas divididas por um sulco raso (Figura 43B). Calcâneo apresentou-se mais curto que o comprimento do pé. As medidas dos antebraços variaram de 39,68 a 39,45 mm com peso entre 8 a 6g. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m:3/3= 34.

Esta espécie é classificada na guilda dos insetívora, mas além de insetos também se alimenta de pólen, sementes e frutos, do gênero *Piper* (Reis et al., 2017). Habita florestas primárias, secundárias, pomares e plantações de cacau. Abriga-se em ocos de árvores, minas e edificações humanas (Reis et al., 2013). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Colômbia, norte de Santander

Distribui-se do sul do México, América Central, Trinidad, Colômbia, Venezuela, Guiana, Suriname, Peru, Equador, Bolívia e Brasil (Peracchi et al. 2011, Rocha et al., 2013). No Brasil, há registros nos estados do Acre, Amazônia, Amapá, Bahia, Espírito Santo, Mato Grosso, Pará, Roraima, Santa Catarina, Tocantins, Rio de Janeiro (Tavares et al., 2008, Peracchi et al., 2011, Reis et al. 2013) e Maranhão (Lima et al., 2018). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para a Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Godofredo Viana) (Figura 44).

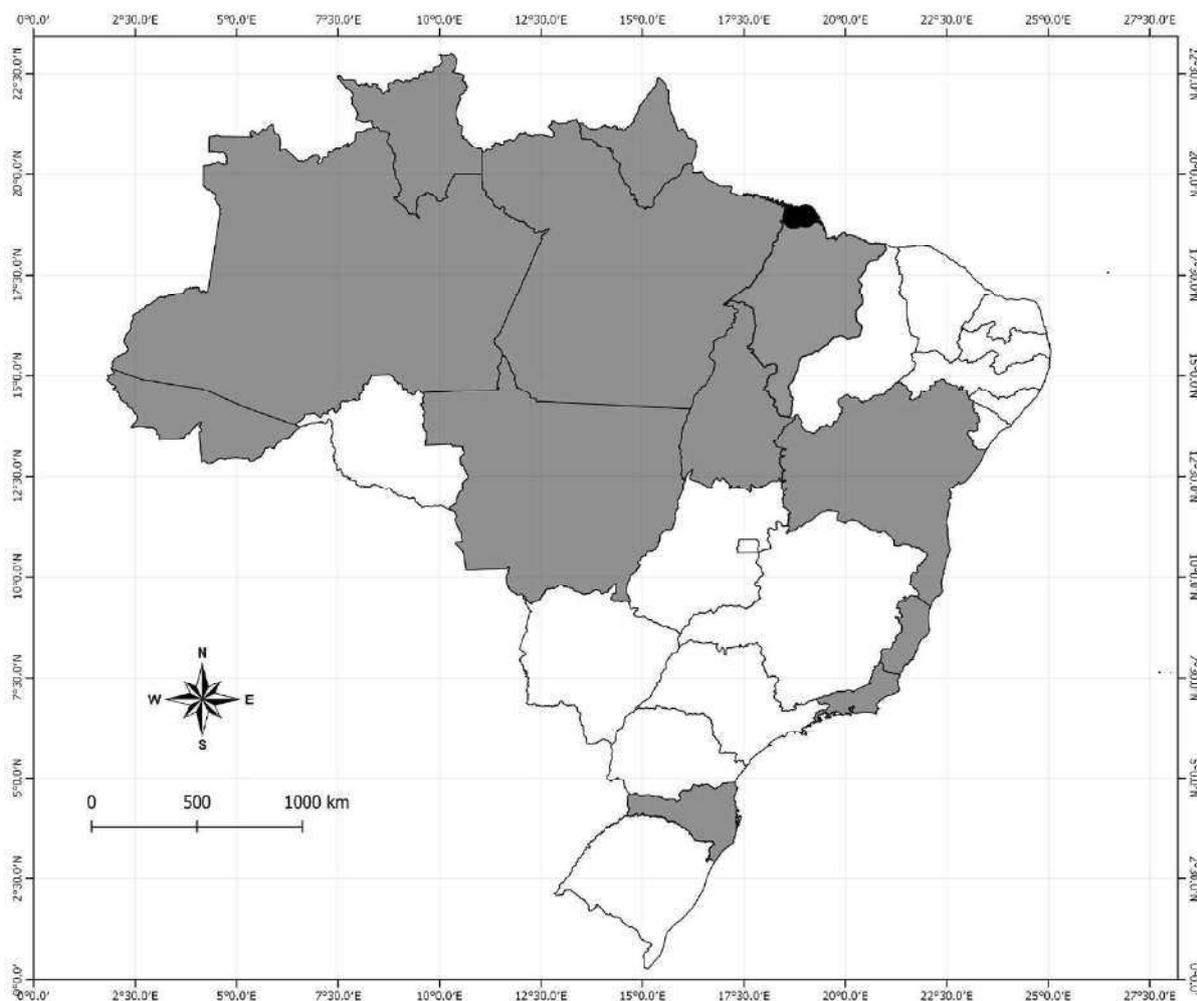


Figura 44. Distribuição geográfica da espécie *Trinycteris nicefori* no Brasil. Os círculos preto representa o primeiro registro dessa espécie para Amazônia (Cândido Mendes e Godofredo Viana) com base em nossos estudos. **Fonte:** Lima et al., 2018.

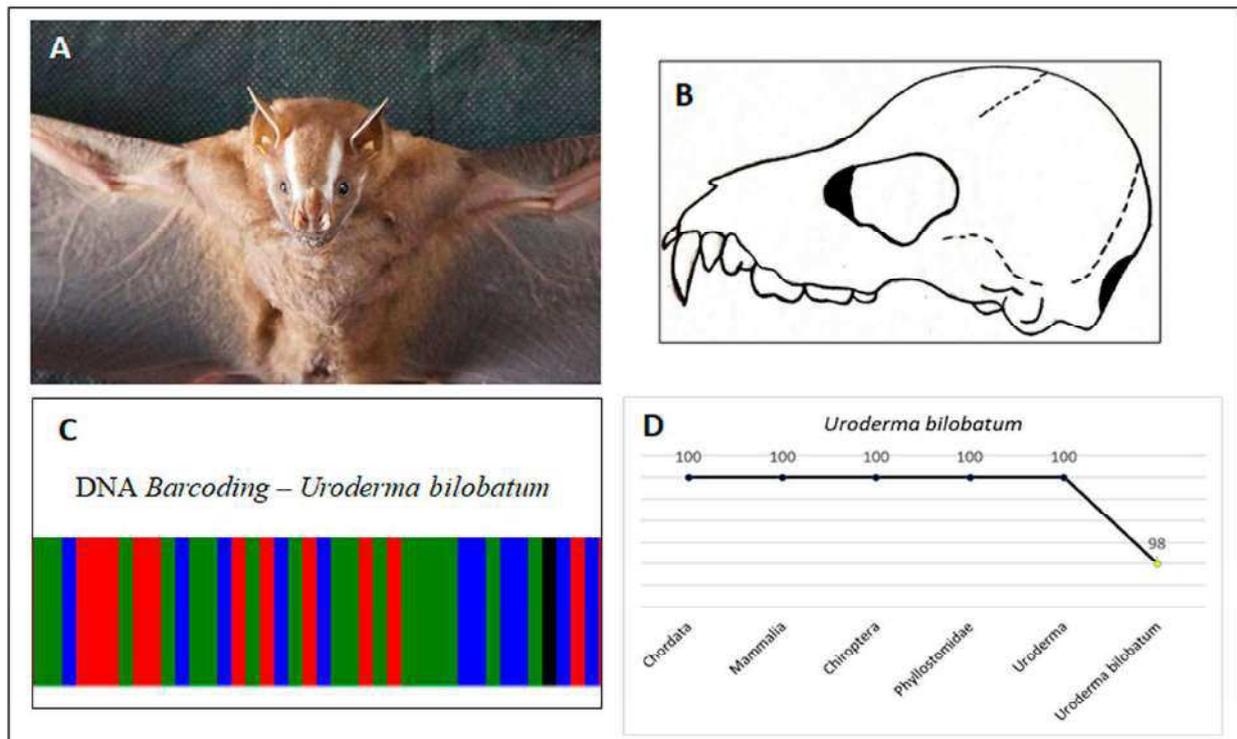


Figura 45. **A)** Espécie *Uroderma bilobatum*. **B)** Inclinação na região frontal do crânio. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Uroderma bilobatum* apresentaram coloração dorsal marrom escura, com o ventre mais claro (Figura 45A). Listras faciais iniciando na altura da região intraescapular, olhos grandes, folha nasal grande, margens das orelhas amareladas. As membranas das asas apresentaram-se enegrecidas e uropatágio em forma de “V” próximo a região dos pés, com poucos pelos e ausência de cauda. Difere de *U. magnirostrum* por apresentar uma inclinação na região frontal do crânio (Figura 45B). As medidas dos antebraços variaram de 39,5 a 43,3 mm com peso de 15 a 22 gramas. Fórmula dentária, i: 2/2; c: 1/1; pm: 2/2 e m:3/3= 32 dentes.

É uma espécie frugívora, geralmente prefere frutos de *Ficus* ssp. se alimentam também frutos de *Cecropia* ssp, *Piper* ssp e *Solanum* ssp. Usam pólen, néctar e insetos para suplementar a sua dieta (Reis et al., 2013). Estes morcegos vivem solitários ou formam colônias de até 60 indivíduos. Usam grandes folhas como abrigo e permanecem cerca de dois meses utilizando essas folhas como tendas até que a porção distal desta folha seque e caia, então uma nova folha será utilizada (Nowak, 1994; Hunt et al., 2003). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: São Paulo, Brasil

Ocorre do México até o Peru, Bolívia, Guianas, Trinidad e Tobago e Brasil (Peracchi et al., 2011). No Brasil é registrada em todos os estados (Oliveira et al., 2011; Reis et al., 2017) (Figura 46). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para a Amazônia maranhense (Cândido Mendes, Turiaçu) (Figura 46).

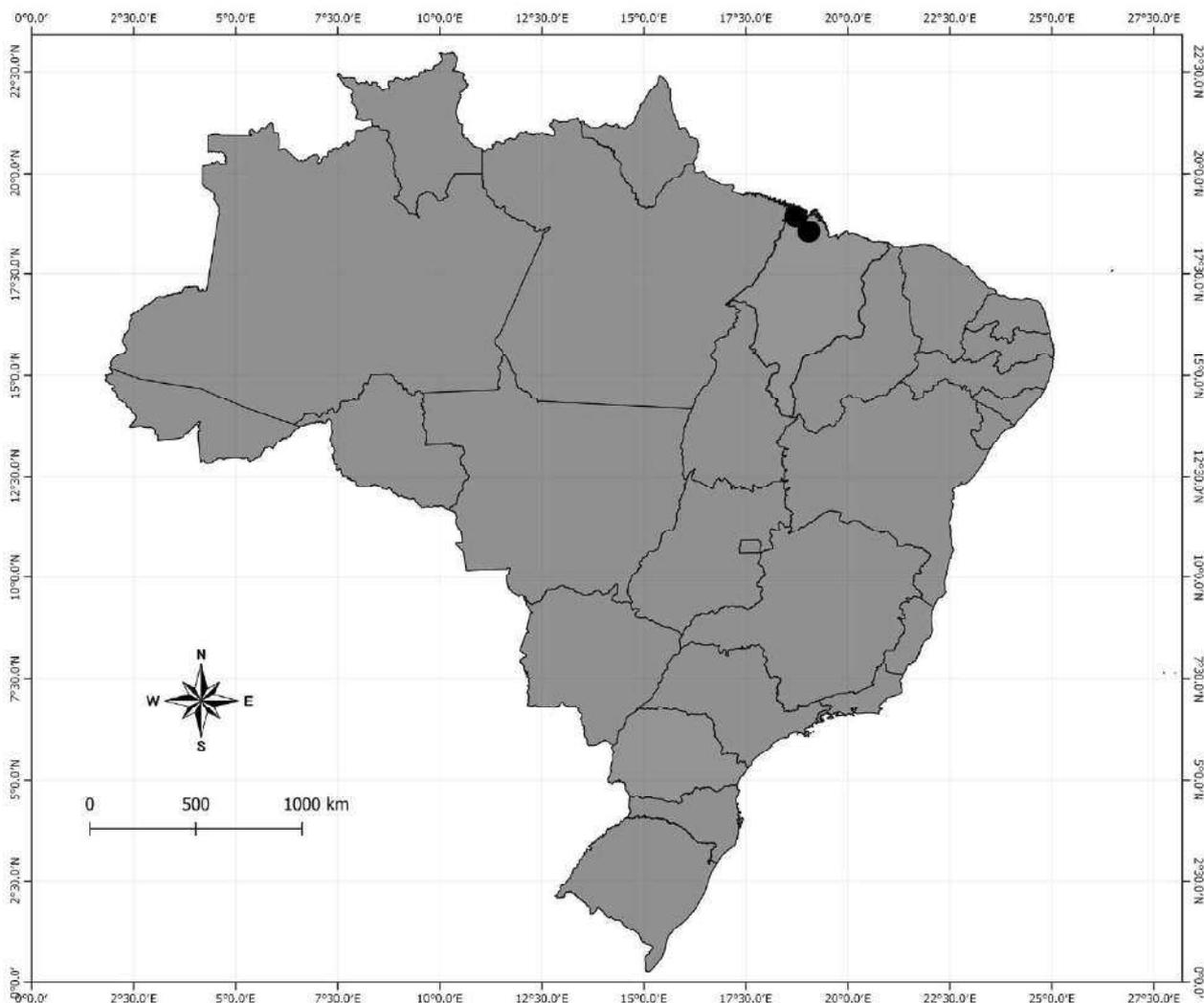


Figura 46. Distribuição geográfica da espécie *Uroderma bilobatum* no Brasil. O círculo preto representa o registro dessa espécie na Amazônia (Cândido Mendes e Turiaçu) com base em nossos estudos.

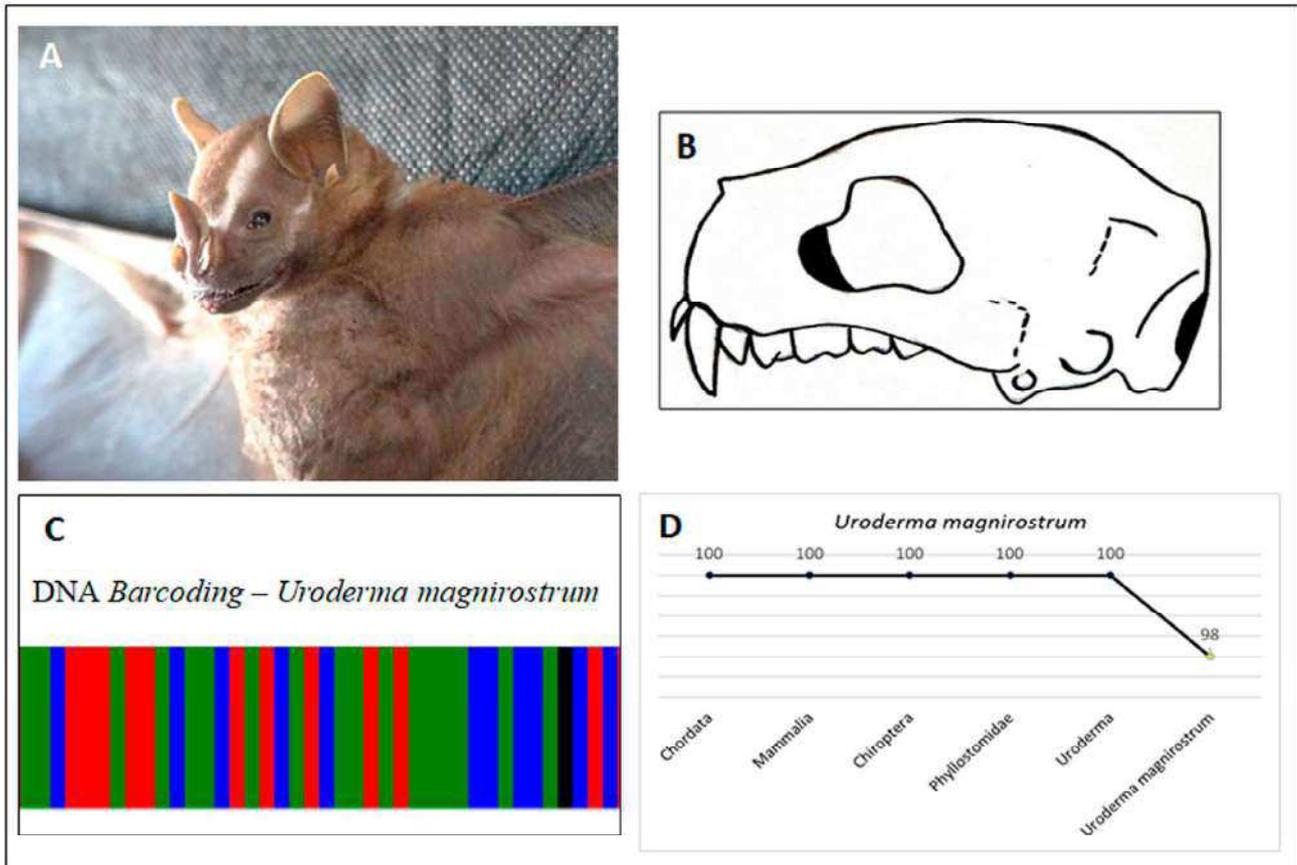


Figura 47. **A)** Espécie *Uroderma magnirostrum*. **B)** Perfil dorsal quase reto na região frontal do crânio. **C)** Código de barras de DNA usado na identificação molecular da espécie. **D)** Similaridade genética da espécie obtida na base de dados *Bold Systems*.

Características Morfológicas e Ecológicas

Os espécimes de *Uroderma magnirostrum* apresentaram coloração marrom, quatro listras faciais, sendo que uma listra branca se projeta da espinha dorsal à base do uropatágio (Figura 47A). As margens das orelhas mostraram-se marrom, com a região do pescoço e ombros mais claros do que o dorso, folha nasal bem desenvolvida. Difere de *U. bilobatum* por apresentar um perfil dorsal quase reto na região frontal do crânio (Figura 47B). Ainda como característica, o uropatágio apresenta-se em forma de “V” com entalhe pouco profundo e quase sem pelos. As medidas dos antebraços variaram de 43 a 43,9 mm com peso de 15 a 20g. Fórmula dentária, i:2/2; c:1/1; pm:2/2 e m:3/3 = 32 dentes.

Esta espécie alimenta-se de frutos, principalmente de *Ficus*, também consomem insetos encontrados nas flores e frutos, bem como néctar e pólen. Habita principalmente ecossistemas secos sendo encontrada com frequência em ambientes xeromórficos da Caatinga e do Cerrado. Constroem tendas nas folhas de bananeiras e palmeiras (Gardner, 1977; Nowak, 1994; Hunt et al., 2003). Quanto ao *status* de conservação, de acordo com o ICMBio (2018), essa espécie está classificada na categoria “Pouco Preocupante” (LC).

Distribuição Geográfica

Localidade-tipo: Leste de San Lorenzo, Valle, Honduras

Ocorre no México, Venezuela, Colômbia, Guianas, Peru, Bolívia, Equador e Brasil. No Brasil é encontrado em todas as regiões, com exceção da região sul (Oliveira et al., 2011; Reis et al., 2017). Para o Maranhão nossos estudos apontam a ocorrência dessa espécie para a Amazônia maranhense (Cândido Mendes e Turiaçu) (Figura 48).

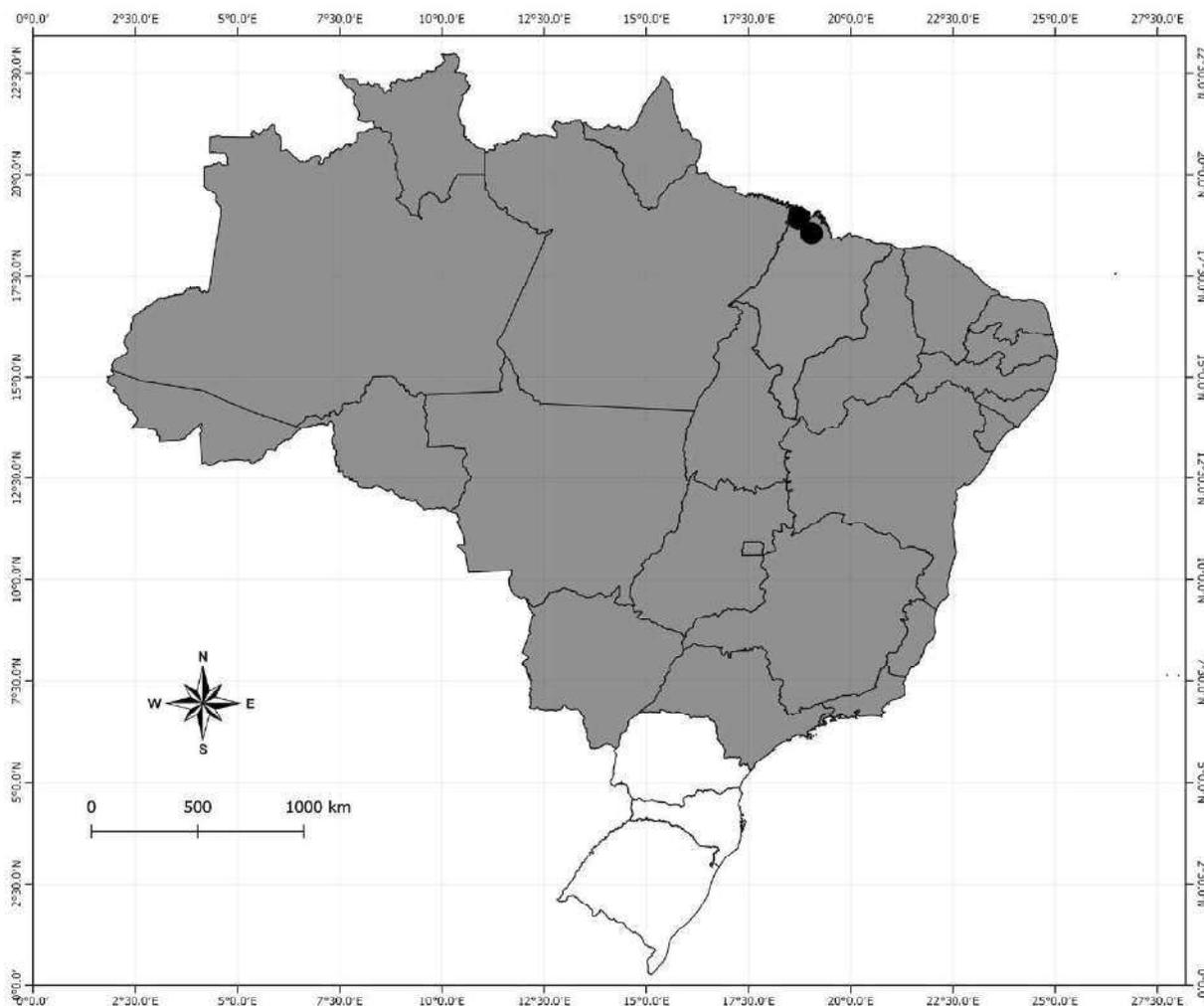


Figura 48. Distribuição geográfica da espécie *Uroderma magirostrum* no Brasil. O círculo preto o registro dessa espécie na Amazônia maranhense (Cândido Mendes e Turiaçu) com base em nossos estudos.

REFERÊNCIAS

BAKER, R.J.; OLAF, R.P, BININDA-EMONDS, MANTILLA-MELUK, PORTER C.A; VAN DEN BUSSCHE. R.; 2012. Molecular time scale of diversification of feeding strategy and morphology in New World Leaf-Nosed Bats (Phyllostomidae): a phylogenetic perspective. **Museum of Texas tech university**. Occasional papers.

BERNARD, E.; FENTON, M.B.; 2002. Species diversity of bats (Mammalia: Chiroptera) in forest fragments, primary Forest, and savannas in central Amazonia, Brasil. **Canadian Journal of Zoology**, vol. 80, pp. 1124-1140.

- BREDT, A.; UIEDA, W.; PEDRO, W.A.; 2012. Plantas e morcegos na recuperação de áreas degradadas e na paisagem urbana. Brasília: **Rede de Sementes do Cerrado**. 273p.
- BRUSCO, A.R. e TOZATO, H.C.; 2009. Frugivoria e dieta de *Artibeus lituratus* Olfers 1819 (Chiroptera, Phyllostomidae) no parque do Ingá, Maringá/PR. **Revista F@pciência**, Apucarana. vol.3, no. 2, pp. 19-29.
- CRAMER, M.J.; WILLIG and M.R. JONES, C.; 2001. *Trachops cirrhosus*. **Mammalian species**. Washington, no. 656, pp.1-6.
- ESBÉRARD C.E.L.; E H.G. BERGALLO. 2005. Research on bats in the state of Rio de Janeiro, Southeastern Brazil. **Mastozoologia Neotropical** 12 (2): 237-243.
- ESBÉRARD, C.E.L.; FARIA, D.; 2006. Novos registros de *Phylloderma stenops* Peters na Mata Atlântica, Brasil (Chiroptera, Phyllostomidae). **Biota Neotropica**, vol. 6, no. 2, pp. 1-5.
- GARDNER, A.L.; 1977. Feeding habits. In: R.J. BAKER, J.K. JONES-JR.; D.C. CARTER. Lubbock: **Texas Tech University**, vol. 13, pp. 239-350.
- GARDNER, A.L.; 2008. Mammals of South America. Marsupials, xenarthrans, shrews and bats. Chicago: **The University of Chicago Press**, 690 p. vol. 1.
- GIANNINI, N.P.; KALKO, E.K.V.; 2004. Trophic structure in a large assemblage of phyllostomid bats in Panama. *Oikos*. vol. 105, pp. 209-220.
- GOODWIN, G.; GRENHALL, A.M.; 1961. A review of the bats of Trinidad and Tobago: descriptions, rabies infection and ecology. **Bulletin of the American Museum of Natural History**, vol. 122, no. 3, pp.187- 302.
- GREENHALL, A.M.; SCHUTT JR, W.A.; 1996. *Diaemus youngi*. **Mammalian Species**, vol. 533, pp. 1-7.
- HEER, K. M.; BONITZ, H.M.; RENATO, B. H.; FERNANDES, G. R.; MELO, A.R.M.; KALKO, V.K.E.; 2015. Effects of land use on bat diversity in a complex plantation-forest landscape in northeastern Brasil. **Journal of mammalogy**, vol. 96, no. 4, pp. 720-731.
- HOWELL, D.J.; 1974. Acoustic behavior and feeding in Glossophaine bats. **Journal of Mammalogy**, vol. 55, no. 2.
- HUNT, J.L.; MCWILLIAMS, L.A.; BEST, T.L.; 2003. *Eumops bonariense*. **Mammalian Species**. no. 733, pp.1-5.
- HURTADO, I.N.; ARIAS, E.; PACHECO, V.; 2014. Redescription of *Mimon koepckeae* (Chiroptera: Phyllostomidae). **Zoologia**, vol. 31, no. 4, pp. 377-388.
- ICMBio/MMA, 2018. [Visualizado em 29 de Novembro de 2018]. Espécies avaliadas. **Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção**, Brasília, DF. vol 1. Disponível em: http://www.icmbio.gov.br/portal/images/stories/comunicacao/publicacoes/publicacoes-diversas/livro_vermelho_2018_vol1.pdf
- JONES, G. AND TEELING, E.C.; 2006. The evolution of echolocation in bats. **Trends Ecol Evol**, no. 21, pp. 149-156.
- LIMA, A.C.S.; CARDOSO, F.H.S.; MENDES, S.B.; FRAGA, E.C. e BARROS, M.C.; 2018. New records of Niceforo's big-eared bat, *Trinycteris nicefori* (Sanborn, 1949) (Chiroptera, Phyllostomidae), from the state of Maranhão, Brazil. **Zookeys**, vol. 787, pp. 127-134.

- LOUZADA, N.S.V.; MONTE, N.; LIMA, A.; PESSÔA, M.; LUIS, L.; CORDEIRO, J. P.; FLAMARION, J.L.; BARBOSA, O. L.; 2015. New records of phyllostomid bats for the state of Mato Grosso and for the Cerrado of Midwestern Brasil (Mammalia: Chiroptera). **Check list**, vol. 11, no. 4, pp. 1-10.
- MORATELLI, R.; DIAS D.; 2015. A new species of nectar-feeding bat, genus *Lonchophylla*, from the Caatinga of Brazil (Chiroptera, Phyllostomidae). **ZooKeys**, no. 514, pp. 73-91.
- MYERS, P.; WETZEL, R.M.; 1983. Systematics and zoogeography of the bats of Chaco Boreal. **Miscellaneous Publications of The Museum of Zoology**, no.165, pp.1-59.
- NOBRE, P.H.; RODRIGUES, A.S.; COSTA, I.A.; 2009. Similaridade da fauna de Chiroptera (Mammalia), da Serra Negra, municípios de Rio Preto e Santa Bárbara do Monte Verde, Minas Gerais, com outras localidades da Mata Atlântica. **Biota Neotropica**, vol. 9, no. 3.
- NOGUEIRA, M.R.; DE LIMA I.P.; MORATELLI, R.; TAVARES, V.D.C.; GREGORIN R.; PERACCHI A.L.; 2014. Checklist of Brazilian bats, with comments on original records. **Check List**, vol. 10, pp. 808-821.
- NOWAK, R.M.; 1994. *Walker's Bats of the World*. Introducion por KUNZ, T.H.; PIERSON, E.D, ed. **Johns Hopkins University Press**, Baltimore, pp.296.
- OLÍMPIO, P. M.; VENTURA, M. C. S.; MASCARENHAS, M. J. O.; NASCIMENTO, D.C. N.; ANDRADE, F. A. G.; FRAGA, E.C. ;BARROS, M.C.; 2016. Bat fauna of the Cerrado savanna of eastern Maranhão, Brazil, with new species occurrences. **Biota Neotropica**, vol. 16, no. 3, pp. 1-6.
- OLIVEIRA, A.K.M.; LEMES, F.T.F.; 2010. *Artibeus planirostris* como dispersor e indutor de germinação em uma área do Pantanal do Negro, Mato Grosso do Sul, Brasil. **Revista Brasileira de Biociências**, vol. 8, no. 1, pp. 49-52.
- OLIVEIRA, T.G.; SILVA JÚNIOR, J.S.; DIAS, P.A.; QUIXABA-VIEIRA, O.; GERUDE, R.G. GIUSTI, M. e PEREIRA, A.P.; 2011. Mamíferos da Amazônia maranhense. In: M.B. Martins e T.G. Oliveira, **Amazônia Maranhense: biodiversidade e conservação**, ed. Livros. Belém - MPEG, pp. 250-267.
- PAGLIA, A.P.; FONSECA, G.; RYLANDS, A.; HERRMANN, G.; AGUIAR, L.M.S.; CHIARELLO, A. G.; LEITE, Y.L.R.; COSTA, L.P.; SICILIANO, S.; KIERULFF, M.C.M.; MENDES, S.L. e TAVARES, V.D.A.C.; 2012. Annotated Checklist of Brazilian Mammals. 2ª Edição/2nd Edition. Occasional Papers in Conservation Biology, no. 6. **Conservation International, Arlington**, pp. 76.
- PARLOS JA, TIMM RM, SWIER VJ, ZEBALLOS H, BAKER R. 2014. Evaluation of paraphyletic assemblages within Lonchophyllinae, with description of a new tribe and genus. **Occasional Papers**, Museum of Texas Tech University 320: 1–23
- PERACCHI, A.L.; LIMA, I.P.; REIS, N.R.; 2011. Ordem Chiroptera. In: N.R. REIS, A.L. PERACCHI, W.A. PEDRO e I.P, LIMA. **Mamíferos do Brasil**, Londrina, pp.155-234.
- PERACCHI, A.L.; ALBUQUERQUE, S.T.; 1993. Quirópteros do município de Linhares, Estado do Espírito Santo, Brasil (Mammalia, Chiroptera). **Revista Brasileira de Biologia**, vol. 53, no. 4, pp.575-581.
- REIS, N.R.; PERACCHI, A.L.; BATISTA, C.B.; LIMA, I.P.; PEREIRA, A.D.; 2017. **História Natural dos Morcegos Brasileiros: chave de identificação de espécies**. 1ª edição. Rio de Janeiro: Technical Books. 416p.
- REIS, N.R., PERACCHI, A.L., PEDRO, W.A. & LIMA, I.P. 2006. Mamíferos do Brasil. Imprensa da UEL, Londrina. 437p.

- REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; FREGONEZI, M.N.; SHIBATTA, O. A.; 2013. **Morcegos do Brasil: Guia de Campo**. 1 st ed. Rio de Janeiro, *Technical Books*, pp.177–200.
- REIS, N.R, PERACCHI A.L.;PEDRO W.A.; 2007. **Morcegos do Brasil**. 1 ed. Londrina.
- REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. 2011. Mamíferos do Brasil. 2 ed., Londrina: N. R. Reis, 439 p.
- RICARDO, M.C.C.; UIEDA, W.; FONSECA, R.C.B.; 2014. Frugivory and the effects of ingestion by bats on the seed germination of tree pioneering plants. **Acta Oecologica**, nº. 55, pp. 51-57.
- RIVAS-PAVA, P.; SANCHEZ-PALOMINO, P.; CADENA, A.; 1996. Estrutura trófica de La comunidad de quirópteros em bosques de galeria de La serrania e La macarena (Meta-Colombia). In: *Contributins in Mammalogy: A memorial volume Honoring Dr. J. Knox Lones, Jr. Austin. Museum of Texas tech University*. pp. 237-248.
- ROCHA, P.A.; GARBINO, G.S.T.; AIRES, C.C.; 2013. Update on the distribution of *Trinycteris nicefori* Sanborn, 1949 (Chiroptera: Phyllostomidae): New record for the Amazonia of Brazil. **Check List**, vol. 9, no. 4, pp: 785-789.
- ROCHA, P.A.; BRANDÃO, M.V.; GARBINO, G.S.T.; CUNHA, I.N. e AIRES, C.C.; 2015. First record of Salvin's big-eyed bat *Chiroderma salvini* Dobson, 1878 for Brazil. **Mammalia**, vol. 80, no. 5, pp.1-6.
- ROGERI, P.K. 2011. **Especialização individual no uso do espaço em morcegos frugívoros**. M.Sc. dissertation. Campinas: Universidade Estadual de Campinas. 43 pp.
- SEKIAMA, M.L., REIS, N.R., PERACCHI, A.L. & ROCHA, V.J. 2001. Morcegos do Parque Nacional do Iguaçu, Paraná (Chiroptera, Mammalia). **Revista Brasileira de Zoologia** 18(3):749-754.
- SIMMONS, N.B.; VOSS, R.S.; 1998. The Mammals of Paracou, French Guiana a Neotropical lowland rainforest fauna. Part 1. Bats. **Bulletin of the American Museum of Natural History**, no. 237, pp. 1-219.
- SIMMONS, N.B.; 2005. Order Chiroptera. In: D. E. WILSON.; D. M. REEDER. **Mammals species of the world: a taxonomic a geographic reference**. Johns Hopkins University Press. Baltimore, pp. 312-529.
- TAVARES, V.C.; GREGORIN, R.; PERACCHI, A.L.; 2008. Diversidade de morcegos no Brasil: lista atualizada com comentários sobre a distribuição e taxonomia. In: S. M. PACHECO, R. V. MARQUES, C. E. L. ESBERARD, ed. USEB. Porto Alegre, **Morcegos no Brasil: Biologia, Sistemática, Ecologia e Conservação** pp. 25-58.
- TUTLE, M.D.; 1976. Collecting techniques, In: R.J. BAKER, J.K. JONES e D.C. CARTER, ed. **Special Publications Museum Texas Tech University**, vol. 10, no. 324, pp. 71-88.
- UIEDA, W.; HAYASHI, M.M.; 1996. Unusual food item of the Lesser Spear-nosed bat. *Phyllotomus discolor*. **Bat Research News. Boomington**, vol. 37, no. 2/3, pp. 37-38.
- UIEDA, W.; ESTER, M. e SANTOS, C.F.; 2006. **Chave de Campo para Identificação de Morcegos Brasileiros**, vol. 100, no. 4. pp. 1-3.
- VELAZCO, P.M.; PATTERSON, B.D.; 2013. Diversification of the yellow-shouldered bats, genus *Sturnira* (Chiroptera, Phyllostomidae), in the New World tropics. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, vol. 68, pp. 683-698.

VELAZCO, P.M.; PATTERSON, B.D.; 2014. Two new species of yellow-shouldered bats, genus *Sturnira* Gray, 1842 (Chiroptera, Phyllostomidae) from Costa Rica, Panama and western Ecuador. **ZooKeys**, no. 402, pp. 43-66.

VELAZCO, P.M., A.L. GARDNER AND B.D. PATTERSON. Systematics of the *Platyrrhinus helleri* species complex (Chiroptera: Phyllostomidae), with descriptions of two new species. **Zoological Journal of the Linnean Society**. 159: 785-812. 2010.

CONCLUSÃO INTEGRADORA

Neste estudo foi apresentado a diversidade e riqueza de espécies da família Phyllostomidae registradas em fragmentos de três biomas distintos do Brasil, sendo eles: Amazônia, Cerrado (Maranhão) e Caatinga (Piauí).

Apresentou-se o registro da ocorrência de *S. tildae* para o estado do Maranhão com base na análise de dados morfológicos e moleculares com ampliação da distribuição geográfica desta espécie, pois é o primeiro registro da espécie para o estado e o quinto para a região Nordeste, o qual foi encontrada no domínio amazônico. Este registro estende a distribuição da espécie a 280,5 km até Cândido Mendes/MA, extremo leste do bioma amazônico.

A riqueza de morcegos para a família Phyllostomidae encontrada nos três biomas mencionados acima, apontou 34 espécies nominais, porém por meio do gene COI foi possível caracterizar e identificar 28 espécies, com algumas revelando problemáticas taxonômicas, sendo elas: *A. fimbriatus*, *C. brevicauda*, *M. schmidtorum*, *P. recifinus*, *P. fusciventris*, *R. fischeriae* e *T. bidens*.

Algumas espécies como: *C. perspicillata*; *C. brevicauda*, *S. liliium*, *T. maresi*, *P. fusciventris*, *P. helleri*, *A. planirostris*, *A. lituratus* e *A. fimbriatus* tem sido estudadas como complexo de espécies, porém as espécies *M. schmidtorum*, *M. minuta*, *R. fischeriae* e *R. pumilio* necessitam de estudos mais aprofundados nesse contexto.

Entre as espécies do presente estudo os testes de delimitação de espécies mostraram que pelo menos 12 espécies nominais são compostas de mais de uma espécie putativa, para pelo menos um dos testes analisados (ASAP, bPTP, sGMYC e mGMYC), sendo elas: *D. rotundus*, *D. ecaudata*, *G. crenulatum*, *P. stenops*, *M. minuta*, *H. thomasi*, *S. liliium*, *T. cirrhosus*, *T. nicefori*, *S. tildae*, *A. planirostris* e *M. sanborni*. O modelo ABGD não distinguiu várias espécies nominais na repartição inicial e na repartição recursiva. As espécies do gênero *Platyrrhinus* (*P. recifinus*, *P. fusciventris*, *P. helleri*) do presente estudo, apontaram serem *P. helleri*, com presença de até quatro OTUs por táxon na árvore de IB, necessitando de uma abordagem taxonômica mais profunda.

Este estudo revelou ainda que as espécies *C. perspicillata*, *A. lituratus*, *A. planirostris* e *G. soricina* foram registradas nos três biomas estudados e denotam serem espécies tolerantes a áreas perturbadas. *S. liliium* e *D. rotundus* são descritos para áreas perturbadas e foram registradas nas áreas do Cerrado e Amazônia. As espécies *L. silvicola*, *L. brasiliense* foram registradas no bioma e *D. ecaudata* na Caatinga, tais espécies apresentam maior sensibilidade às alterações do ambiente, sendo encontradas em áreas preservadas. As espécies *C. brevicauda*, *A. fimbriatus*, *A. obscurus*, *P. discolor* também tem sido descritas para áreas antropizadas ou áreas perturbadas, demonstrando que os morcegos são organismos que respondem rapidamente ao processo de fragmentação e estão se adaptando às alterações dos ambientes.

Assim, este estudo nos permite inferir que a diversidade de morcegos da família Phyllostomidae e é apenas uma parcela da provável grande diversidade dessas espécies para os biomas do Maranhão e Piauí. Devido o papel ecológico que esses morcegos propiciam a natureza e ao homem, sua preservação é de suma importância. Estudos como este abordam informações para tomada de decisões junto aos órgãos competentes na preservação não apenas dos morcegos, mas dos biomas a qual pertencem.