

MINISTÉRIO DA SAÚDE  
FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ  
INSTITUTO OSWALDO CRUZ

Doutorado em Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Saúde

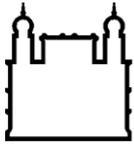
**CITOTAXONOMIA DE QUIRÓPTEROS NA AMAZÔNIA BRASILEIRA  
E FILOGEOGRAFIA DE ESPÉCIES POTENCIAIS  
HOSPEDEIRAS DE ZONÓSES**

MARGARET MARIA DE OLIVEIRA CORRÊA



*Dermanura gnoma* (Foto: André Pol)

Rio de Janeiro  
Junho de 2016



Ministério da Saúde

**FIOCRUZ**  
**Fundação Oswaldo Cruz**

**INSTITUTO OSWALDO CRUZ**  
**Programa de Pós-Graduação em BIODIVERSIDADE E SAÚDE**

*MARGARET MARIA DE OLIVEIRA CORRÊA*

*CITOTAXONOMIA DE QUIRÓPTEROS NA AMAZÔNIA BRASILEIRA E  
FILOGEOGRAFIA DE ESPÉCIES POTENCIAIS HOSPEDEIRAS DE  
ZONÓSES*

Tese apresentada ao Instituto Oswaldo Cruz  
como parte dos requisitos para obtenção do título  
de Doutor em BIODIVERSIDADE E SAÚDE

**Orientador:** Profa. Dra. CIBELE RODRIGUES BONVICINO

**RIO DE JANEIRO**

Junho de 2016

Ficha catalográfica elaborada pela  
Biblioteca de Ciências Biomédicas/ ICICT / FIOCRUZ - RJ

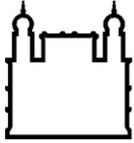
C824 Corrêa, Margaret Maria de Oliveira

Citotaxonomia de quirópteros na Amazônia brasileira e filogeografia de espécies potenciais hospedeiras de zoonoses / Margaret Maria de Oliveira Corrêa. – Rio de Janeiro, 2016.  
xxxvi, 287 f. : il. ; 30 cm.

Tese (Doutorado) – Instituto Oswaldo Cruz, Pós-Graduação em Biodiversidade e Saúde, 2016.  
Bibliografia: f. 248-283

1. Morcegos. 2. Região amazônica. 3. Cariótipos. 4. Citocromo b. 5. Citocromo oxidase c subunidade 1. 6. Evolução cromossômica. I. Título.

CDD 599.4



Ministério da Saúde

FIOCRUZ  
Fundação Oswaldo Cruz

## **INSTITUTO OSWALDO CRUZ**

**Programa de Pós-Graduação em BIODIVERSIDADE E SAÚDE**

***AUTOR: MARGARET MARIA DE OLIVEIRA CORRÊA***

### **CITOTAXONOMIA DE QUIRÓPTEROS NA AMAZÔNIA BRASILEIRA E FILOGEOGRAFIA DE ESPÉCIES POTENCIAIS HOSPEDEIRAS DE ZONÓSES**

**ORIENTADOR: Profa. Dra. CIBELE RODRIGUES BONVICINO**

**Aprovada em: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_**

#### **EXAMINADORES:**

**Prof. Dr. Ricardo Moratelli- Presidente** (Campus Fiocruz Mata Atlântica/Fiocruz)

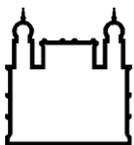
**Prof. Dra. Marta Svartman** (Universidade Federal de Minas Gerais)

**Prof. Dr. Marcelo Weksler** (Museu Nacional/UFRJ)

**Prof. Dr. Paulo Sérgio D'Andrea** (Instituto Oswaldo Cruz/Fiocruz)

**Prof. Dra. Daniela Dias** (Instituto Oswaldo Cruz/Fiocruz)

Rio de Janeiro, 22 de junho de 2016



Ministério da Saúde

**FIOCRUZ**  
**Fundação Oswaldo Cruz**

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Dra. Cibele Rodrigues Bonvicino, minha orientadora, pelos ensinamentos, oportunidade e confiança durante esses quatro anos;

A Coordenação de Pós-Graduação em Biodiversidade e Saúde do Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, por todo o apoio durante o desenvolvimento deste trabalho;

Aos órgãos financiadores, CNPq e FAPERJ, sem os quais a realização deste trabalho não teria sido possível;

Aos membros da banca examinadora pela disponibilidade e atenção;

A Dra. Leila Maria Pessôa, companheira de trabalho, pela amizade, pelo incentivo dado no “pontapé” inicial desta jornada e pela revisão da tese;

Ao Dr. João Alves de Oliveira, pelo empréstimo de parte do material para estudo;

Ao Dr. Alfredo Langguth pelo empréstimo de parte do material para estudo.

Ao Dr. Arnaldo Maldonado, chefe do Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres (LBPMR), por permitir a utilização do laboratório;

Ao Dr. Héctor Seuánez, chefe da Divisão de Genética do INCA, por permitir a utilização do laboratório;

A Dra. Daniela Dias, pela indentificação e confirmação da indentificação dos espécimes aqui analisados e por toda a ajuda;

A Dra. Marta Svartman por permitir o uso de seu laboratório no Departamento de Genética da UFMG para a realização da FISH telomérica;

A Dra. Ana Lazar pela colaboração, ajuda no desenvolvimento do trabalho e principalmente, pela amizade de tantos anos;

Ao Dr. Roberto Vilela pela ajuda na separação de parte dos tecidos utilizados nesse estudo, e a todos os amigos do Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres da Fiocruz (LBPMR);

A Msc. Naiara Araújo por me ensinar a técnica de FISH e pela ajuda nas análises dos resultados;

A todas as pessoas que me ensinaram as técnicas moleculares e ajudaram no decorrer deste trabalho: Ana Lazar, Maria Carolina Viana, Fabiana Caramaschi, Cintia Povill, Diogo Lisboa, Arina Magalhães, Camila Nacif.

Ao Claudio Vieira (“Tio”) pela ajuda e colaboração durante todo o trabalho e pelas boas risadas;

A toda a minha família e em especial aos meus pais, Klinger e Shirley, por estarem sempre presentes e por todo o apoio;

Aos meus grandes amores, Paulo, meu marido, Daniel e Joaquim, meus filhos, pela paciência interminável nos dias que fiquei trabalhando e não pude estar com eles;

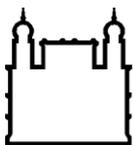
Ao Daniel pelas traduções e correções do inglês e pelo “abstract”;

A Denise, minha secretária particular, por ter cuidado da minha casa e, sobretudo da minha família;

Aos membros e colegas de laboratório que de alguma forma contribuíram para o meu trabalho, em especial a amiga Adriana Castelo Branco;

A Luciana Mara, secretária da Pós-graduação em Biodiversidade e Saúde, por toda a ajuda durante esses anos e a paciência nesses últimos meses;

A todos os meus amigos que há muitos anos me acompanham.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ

Fundação Oswaldo Cruz

## INSTITUTO OSWALDO CRUZ

### CITOTAXONOMIA DE QUIRÓPTEROS NA AMAZÔNIA BRASILEIRA E FILOGEOGRAFIA DE ESPÉCIES POTENCIAIS HOSPEDEIRAS DE ZONOSSES

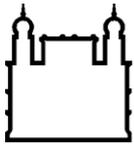
#### RESUMO

#### TESE DE DOUTORADO EM BIODIVERSIDADE E SAÚDE

#### MARGARET MARIA DE OLIVEIRA CORRÊA

Na Amazônia brasileira estão registradas pelo menos 146 espécies de quirópteros, muitas delas importantes hospedeiras de zoonoses. O objetivo deste trabalho foi levantar as principais espécies de quirópteros consideradas hospedeiras de zoonoses no Brasil, e a partir destes dados, realizar análises cariotípicas, filogenéticas e filogeográficas para aumentar o conhecimento sobre os morcegos na região Amazônica. Os espécimes foram coletados na região Amazônica e em outros biomas brasileiros, totalizando 25 localidades. O levantamento bibliográfico mostrou as principais espécies hospedeiras de zoonoses, servindo para direcionar a maior parte das análises para representantes deste grupo. Das nove famílias de Chiroptera encontradas no Brasil, sete apresentaram espécies envolvidas em zoonoses causadas por protozoários, vírus, bactérias e fungos, com Phyllostomidae e Molossidae apresentando relação com várias zoonoses. As espécies com maior número de casos positivos para agentes etiológicos são *Artibeus lituratus*, *Desmodus rotundus* e *Molossus molossus*. Análises citogenéticas com coloração convencional de Giemsa, bandeamentos -GTG, -CBG, Ag-RONs e FISH telomérica foram realizadas em 35 espécies de 12 localidades da Amazônia brasileira, ampliando os estudos cariotípicos de quirópteros nessa região, ainda pouco estudada sob este aspecto. Da família Emballonuridae, apenas uma espécie brasileira havia sido estudada, e da família Mormoopidae foi aqui apresentado pela primeira vez o cariótipo de uma espécie coletada em território brasileiro. Estes estudos permitiram a descrição de três novos cariomorfotipos, um para *Rhinophylla pumilio*, um para *Cormura brevirostris* e um para o gênero *Saccopteryx*. Estas análises corroboraram estudos anteriores mostrando que alguns grupos de quirópteros são bastante conservados cariotipicamente e outros apresentam uma grande variabilidade cromossômica. O sequenciamento dos genes mitocondriais citocromo-*b* (*mt-Cytb*) e citocromo oxidase c subunidade I (*mt-Co1*) permitiu estudar as relações filogenéticas de espécies dos gêneros *Artibeus*, *Carollia*, *Phyllostomus* e *Rhinophylla pumilio* (Phyllostomidae) e da espécie *Cormura brevirostris* (Emballonuridae). As profundas linhagens mitocondriais intraespecíficas encontradas em *C. Brevirostris* entre amostras do Brasil/Equador, Guiana/Suriname e Costa Rica, e a presença de pelo menos três cariomorfotipos ocorrendo no Brasil, Colômbia e Suriname sugerem que este táxon pode ser um complexo de espécies e necessita de estudos taxonômicos adicionais. As análises com *Rhinophylla pumilio* confirmaram a grande variabilidade cariotípica já descrita para a espécie, e as análises filogenéticas, incluindo pela primeira vez amostras do Brasil, sugerem fortemente que os dois marcadores mitocondriais aqui utilizados não são adequados para estas análises no grupo, pois a evolução dos genes mitocondriais parece não acompanhar a rápida evolução cariotípica da espécie. Esta rápida evolução pode estar relacionada a alguns fatores ecológicos desta espécie, tais como, utilização de uma pequena área de vida, realização de pequenos vôos para forrageamento e a formação de pequenos grupos sociais. Os estudos com os gêneros *Artibeus* e *Carollia* confirmaram estudos filogenéticos anteriores e os estudos com o gênero *Phyllostomus* mostraram duas linhagens evolutivas de *P. discolor* em espécimens do nordeste brasileiro.

Palavras-chave: Morcegos, região Amazônica, cariótipo, citocromo b, citocromo oxidase c subunidade 1 e evolução cromossômica.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ

Fundação Oswaldo Cruz

## INSTITUTO OSWALDO CRUZ

### CYTOTAXONOMY OF CHIROPTERANS FROM BRAZILIAN AMAZON AND PHYLOGEOGRAPHY OF POTENTIAL HOSTS SPECIES OF ZONOSSES

#### ABSTRACT

#### MASTER DISSERTATION/PHD THESIS IN BIODIVERSIDADE E SAÚDE

MARGARET MARIA DE OLIVEIRA CORRÊA

In the Brazilian Amazon, at least 146 species of Chiropterans are known, and many of them are important zoonoses hosts. The objective of this study was to survey the main species of Chiropterans that are considered zoonoses hosts in Brazil, and according to this data, to perform karyotypic, phylogenetic and phylogeographic analysis, to increase the knowledge about the bats in the Amazon region. The specimens were collected in the Amazon region and in other Brazilian biomes, numbering 25 localities. The literature surveying showed the main species that host zoonoses directing most of the analysis to representatives of this group. Out of the nine Chiroptera families found in Brazil, seven presented species that were involved in zoonoses caused by Protozoa, viruses, bacteria and fungi, with Phyllostomidae and Molossidae presenting relations with several zoonoses. The species that numbered the most positive cases for etiologic agents are *Artibeus lituratus*, *Desmodus rotundus* and *Molossus molossus*. Cytogenetic analysis with Giemsa conventional staining, GTG-, CBG-bands, Ag-NORs and telomeric FISH were performed in 35 species from 12 different localities in the Brazilian Amazon, extending the karyotypic studies of Chiropterans in a region that lacks studies from this perspective. From the Emballonuridae family, only one Brazilian species had been studied, and the karyotype of a species from the Mormoopidae family collected in Brazilian territory is presented here for the first time. These studies enabled the description of three new karyomorphotypes one for *Rhinophylla pumilio*, one for *Cormura brevirostris* and one for the genus *Saccopteryx*. These analyses corroborate previous studies showing that some Chiropteran groups are highly karyotypic conserved and others present a large chromosomal variability. The sequencing of the mitochondrial genes cytochrome b (*mt-Cytb*) and cytochrome oxidase c subunit I (*mt-Co1*) made possible the studies of the phylogenetic relationships of species from the genus *Artibeus*, *Carollia*, *Phyllostomus* and *Rhinophylla pumilio* (Phyllostomidae) and the species *C. brevirostris* (Emballonuridae). The deep lineages found in *C. brevirostris* among samples from Brasil/Ecuador, Guyana/Suriname and Costa Rica, and the presence of at least three karyomorphotypes occurring in Brasil, Colombia and Suriname, suggests that this taxon can be a species complex and needs additional taxonomic studies. The analysis with *R. pumilio* confirmed the large karyotypic variability already described for the species and the phylogenetic analysis, including Brazilian samples of complete *mt-Cytb* for the first time, highly suggest that both of the mitochondrial markers used herein are not adequate for phylogenetic analysis of this group, considering its evolution does not seem to follow the rapid species karyotypic evolution. This rapid evolution can be related to some ecological factors regarding this species, such as, using a small home range, performing of small flights for foraging and forming small social groups. The studies with the genus *Artibeus* and *Carollia* confirmed previous phylogenetic studies and the studies with the genus *Phyllostomus* showed two evolutionary lineages in *P. discolor* from the Brazilian northeastern specimens.

Keywords: bats, Amazon region, karyotype, cytochrome b, cytochrome oxidase c subunit 1 and karyotypic evolution.

# ÍNDICE

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	ix
1 INTRODUÇÃO	1
1.1 Ordem Chiroptera Blumenbach, 1779.....	2
1.2 Citotaxonomia.....	3
1.3 Filogenia e Filogeografia.....	7
1.4 Justificativa.....	9
2 OBJETIVOS	10
2.1 Objetivo Geral.....	10
2.2 Objetivos Específicos.....	10
3 RESULTADOS	11
3.1 CAPÍTULO I: Quirópteros Hospedeiros de Zoonoses no Brasil.....	11
3.1.1 Introdução.....	11
3.1.2 Material e Métodos.....	14
3.1.3 Resultados.....	14
3.1.4 Discussão.....	35
3.2 CAPÍTULO II: Estudos Cariotípicos e Filogeográficos em <i>Cormura brevisrostris</i> (Chiroptera, Emballonuridae).....	38
3.2.1 Introdução.....	38
3.2.2 Material e Métodos.....	40
3.2.3 Resultados.....	45
3.2.4 Discussão.....	54
3.3 CAPÍTULO III: Novo cariomorfotipo de <i>Rhinophylla pumillio</i> (Rhinophyllinae: Phyllostomidae) na América do Sul.....	59
3.3.1 Introdução.....	59

3.3.2	<i>Material e métodos</i> .....	61
3.3.3	<i>Resultados</i> .....	68
3.3.4	<i>Discussão</i> .....	81
3.4	CAPÍTULO IV: Citotaxonomia de Quirópteros na Amazônia Brasileira e Filogeografia de Espécies Seleccionadas.....	88
3.4.1	<i>Introdução</i> .....	88
3.4.2	<i>Material e Métodos</i> .....	96
3.4.3	<i>Resultados</i> .....	109
3.4.4	<i>Discussão</i> .....	219
4	CONCLUSÕES	246
5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	248
6	APÊNDICE I. Quirópteros Hospedeiros de Zoonoses no Brasil	284
7	APÊNDICE II. Karyotypic and phylogeography studies in <i>Cormura brevirostris</i> (Chiroptera, Emballonuridae)	285
8	APÊNDICE III. Lista Dos Espécimes Utilizados nas Análises Citogenéticas (K), Filogenéticas (P), e Morfológicas (M).	286

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1– Distribuição e localidades de coleta de espécimes positivos para o protozoário do gênero <i>Trypanossoma</i> de: (a) <i>Phyllostomus hastatus</i> , (b) <i>Carollia perspicillata</i> , (c) <i>Desmodus rotundus</i> , (d) <i>Artibeus planirostris</i> .....	18
Figura 2 – Distribuição e localidades de coleta de espécimes positivos para o vírus do gênero <i>Lyssavirus</i> de: (a) <i>Molossus molossus</i> , (b) <i>Nyctinomops lauticaudatus</i> , (c) <i>Desmodus rotundus</i> , (d) <i>Artibeus lituratus</i> .....	27
Figura 3 – Localidades dos espécimes de <i>Cormura brevirostris</i> usados nas análises cariotípicas (círculos), moleculares (quadrados), ambas as análises (triângulo), e localidade-tipo (estrela). Brasil: estado do Amazonas (1) Barcelos; Colômbia (2) Letícia; Suriname (3) Nickerie, (4) Para, (5) Marowijine, (6) Sipaliwini; Costa Rica (7) Límon; Equador (8) Napo; Guiana (9) Essequibo Island-West Demerara (10) Upper Demerara-Berbice, (11) East Berbice-Corentyne, (12) Potaro-Siparuni, (13) Upper Takutu-Upper Essequibo. Localidade-tipo: Bananeiras, Rio Mamoré, Rondônia.....	44
Figura 4 – Crânio de <i>Cormura brevirostris</i> do (a) Brasil (macho MN69237), (b) Costa Rica e (c) Guiana.....	47
Figura 5 - Cariótipo de <i>Cormura brevirostris</i> macho CRB2511 com $2n=22$ e $NF=40$ , (a) coloração convencional, (b) bandeamento-CBG. XY= par sexual masculino.....	48
Figura 6 - Topologia de Máxima Verossimilhança com <i>mt-Co1</i> . Os números próximos aos nós à esquerda, representam valores de bootstrap $\geq 70$ e à direita, valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ . Para identificação dos haplótipos (H) veja Figura 6.50	
Figura 7 - Topologia de Máxima Verossimilhança com <i>mt-Cytb</i> . Os números à esquerda do traço representam valores de bootstrap $\geq 70$ e os valores à esquerda representam valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ .....	51
Figura 8 - Topologia de Máxima Verossimilhança com <i>Dby</i> . Os números à esquerda do traço representam valores de bootstrap $\geq 70$ e os valores à direita representam os valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ .....	52
Figura 9 - Topologia de Máxima Verossimilhança concatenada com <i>mt-Cytb</i> , <i>mt-Co1</i> e <i>Dby</i> . Os números à esquerda do traço representam valores de bootstrap $\geq 70$ e os valores à direita representam os valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ .....	53
Figura 10 - Rede de haplótipos (Median-Joining) de <i>Cormura brevirostris</i> com <i>mt-Co1</i> . O tamanho dos círculos vermelhos corresponde ao número de indivíduos de	

cada haplótipo. Triângulos pretos indicam vetores médios. Números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas.....	54
Figura 11 – Mapa com as localidades e cariomorfotipos de <i>R. pumilio</i> . COLÔMBIA: (1) Letícia. SURINAME: (2) Para, (3) Brokopondo. BRASIL: Amazonas, Barcelos (4) Rio Paduari, (5) Rio Aracá, (6) km 20 estrada Barcelos-Caurés, (7) Itacoatiara; Pará (8) Juruti (9) Itaituba (10) Itaituba (11) Faro (12) Oriximiná (13) Chaves (14) Marituba (15) Belém e Santa Bárbara (16) Capanema (17) Peixe-Boi; Mato Grosso (18) Potriguaçu; Bahia (19) Ilhéus (20) Itajiba. BOLÍVIA: (21) La Paz. Estrela azul= Localidade-tipo, Bahia, Brasil.....	63
Figura 12 – Cariomorfotipo I de <i>Rhinophylla pumilio</i> macho com 2n=36 e NF=62, (a) CRB2196 com coloração convencional, (b) CRB2121 com bandeamento CBG, (c) cariomorfotipo II de <i>R. pumilio</i> macho CRB2684, com 2n=34 e NF=64, com coloração convencional. XY = par sexual masculino.....	67
Figura 13 - Cariomorfotipo III de <i>Rhinophylla pumilio</i> macho CRB2565 com 2n=30 e NF=56, (a) coloração convencional, (b) bandeamento GTG, (c) bandeamento CBG, (d) marcação de Ag-RONs, (e) FISH de sondas teloméricas. XY = par sexual masculino.....	68
Figura 14 - Topologia de MV de <i>Rhinophylla pumilio</i> com o <i>mt-Cytb</i> . Números próximos aos nós à esquerda representam valores de bootstrap $\geq 70$ e à direita representam os valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ . Brasil, Barcelos (1) Rio Paduari, (2) Rio Aracá; Equador (3) Napo; Guiana, (4) Cuyuni Mazaruni, (5) Barima-Waini, (6) Upper Demerara-Berbice (7) East Berbice-Corentyne, (8) Potaro-Siparuni, (9) Upper Takutu-Upper Essequibo; Suriname (10) Sipaliwini, (11) Brokopondo, (12) Tafelberg; Guiana Francesa (13) Paracou; Peru (14) Loreto. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 9. ....	73
Figura 15 - Rede de haplótipos de <i>Rhinophylla pumilio</i> com o <i>mt-Cytb</i> . Os círculos correspondem aos haplótipos do Brasil (amarelos), Peru (azuis), Guiana Francesa (vermelho). Triângulos pretos indicam vetores médios. Valores próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. 2n= número diploide e NF= número fundamental. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 9.....	74
Figura 16 - Topologia de MV de <i>Rhinophylla pumilio</i> com o <i>mt-Co1</i> . Os números acima dos nós representam valores de bootstrap $\geq 70$ . AM= estado do Amazonas, BR= Brasil, EC= Equador, GY= Guiana e SR= Suriname. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 11.....	78

Figura 17 - Topologia de IB para o gene *mt-Co1* de *Rhinophylla pumilio*. Os números abaixo dos nós representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . AM= estado do Amazonas, BR= Brasil, EC= Equador, GY= Guiana e SR= Suriname. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 11.....79

Figura 18 - Rede de haplótipos de *Rhinophylla pumilio* com o *mt-Co1*. O tamanho dos círculos corresponde ao número de indivíduos de cada haplótipo. Círculos correspondem aos haplótipos do Brasil (amarelos), Suriname e Guiana (azuis), e Equador (vermelho). Triângulos pretos indicam vetores médios. Números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. 2n= número diploide, NF= número fundamental. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 11.....80

Figura 19 – Cariomorfotipos encontrados em *Rhinophylla pumilio*. KI com 2n=32, NF=62 (a) Colômbia, modificado de Baker e Bleier (1971); (b) Brasil, Amazonas; KII com 2n=34, NF=64 (c) Suriname, modificado de Honeycutt *et al.* (1980); (d) Brasil, Amazonas; KIII com 2n=30, NF=56 (e) Brasil Amazonas; KIV com 2n=34. NF=62 (f) Brasil, Bahia, Amazonas, nordeste do Pará e Ilha de Marajó, modificado de Gomes *et al.* (2012); KVI com 2n=26, NF=48 (g) Brasil, Bahia, modificado de Toledo (1973).....83

Figura 20 - Mapa do Brasil indicando as localidades de coleta dos exemplares estudados. Brasil: estado do Amazonas, (1) a (8) Barcelos, (9) a (10) Santa Isabel do Rio Negro, estado de Roraima, (11) Caracaraí, estado do Pará, (12) Abaetetuba, (13) Itupiranga, estado de Tocantins, (14) Axixá, estado da Paraíba (15) Araruna, (16) Areia, (17) João Pessoa, (18) Mataraca; estado de Pernambuco, (19) Brejo Madre de Deus, (20) Bezerros (21) Ipojuca, (22) Aldeia, (23) Goiana; estado da Bahia (24) Cocos, estado de Goiás, (25) Cavalcante, estado do Rio de Janeiro, (26) Petrópolis, estado de São Paulo, (27) Pedreira.....98

Figura 21 – Pontos de coleta nas localidades de Barcelos e Santa Isabel do Rio Negro, estado do Amazonas. Círculos vermelhos= pontos de coleta, linha azul= Rio Negro. Barcelos: (1) Centro da Cidade, (2) km 10 da Estrada Barcelos- Cauarés, Sítio do Francisco, (3) km 20 da Estrada Barcelos- Cauarés, Sítio Nova Vida, (4) margem esquerda do Rio Paduari, Igarapé Japomeri, (5) Rio Curuduri, Igarapé Curudurizinho, (6) Rio Aracá, Igarapé Jauari, Colocação Três Barracas, (7) margem esquerda do Rio Aracá, lago do Igarapé do Paula, (8) margem direita do Rio Aracá, Igarapé Jauari, Colocação Ucuqui e margem direita do Rio Aracá, Igarapé Limão, Igarapé Bigorna; Santa Isabel do Rio Negro: (9) Rio Preto, margem esquerda do

Igarapé Malalaha, Igarapé Coatá, (10) Rio Preto, margem esquerda do Igarapé Malalaha, Igarapé Araújo.....	99
Figura 22 - Cariótipo de <i>Saccopteryx bilineata</i> com 2n=26 e NF=36, fêmea CRB2515, (a) coloração convencional, (c) bandeamento CBG, (d) marcação de Ag-RONs, e macho CRB1784 (b) coloração convencional. A seta indica as constrictões secundárias e as Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.	111
Figura 23 - Cariótipo com coloração convencional de <i>Saccopteryx leptura</i> macho CRB2648 com 2n=28 e NF=38. XY= par sexual masculino.....	111
Figura 24 - Cariótipo do <i>Saccopteryx</i> sp. fêmea CRB2464 com 2n=44, (a) coloração convencional, (b) bandeamento CBG.....	117
Figura 25 - Cariótipo de <i>Rhynchonycteris naso</i> macho CRB2469 com 2n=22 e NF=36, (a) coloração convencional, (b) marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrictões secundárias e as Ag-RONs. XY= par sexual masculino.....	118
Figura 26 - Cariótipos de <i>Desmodus rotundus</i> com 2n=28 e NF=52, da fêmea LBCE6728 (a) coloração convencional e (c) bandeamento CBG, e do macho CRB2106 (b) com coloração convencional. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino. O traço indica o homólogo do 11 <sup>o</sup> par de cromossomos ausente e a seta indica a constrictão secundária.....	119
Figura 27 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos vermelhos), e nesse estudo (ponto verde). Emballonuridae (a) <i>Saccopteryx bilineata</i> com localidade-tipo no Suriname, (b) <i>Saccopteryx leptura</i> com localidade-tipo no Suriname, (c) <i>Rhynchonycteris naso</i> com localidade-tipo no Rio Mucuri, Bahia. Phyllostomidae, Desmodontinae (d) <i>Desmodus rotundus</i> com localidade-tipo no Paraguay, Asunción. Distribuição de (a e b) baseado em Yancey <i>et al.</i> (1998a) e Gardner (2008), (c) baseado em Plumpton e Jones (1992) e Gardner (2008), e (d) baseada em Greenhall <i>et al.</i> (1984) e Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Pará (3) Itupiranga, São Paulo (4) Engenheiro Schmdit, (5) Anhembi, (6) Botucatu, (7) Fernando Prestes (8) Itapua, (9) Jacupiranga, (10) Mirassol, (11) Pirassununga, (12) São José do Rio Preto, (13) Vale da Ribeira, Rio de Janeiro (14) Itaguaí, Pernambuco (15) São Lourenço da Mata, (16) Agua Preta, (17) Toritama; Colômbia, (18) Letícia, (19) Puerto Lopez, (20) Villavicencio; Suriname, (21) Nickerie, (22) Para, (23) Marowijine;	

Trinidad e Tobago, (24) Blanchisseuse, (25) Las Cuevas, (26) Guayaguayare, (27) West Indies; México (28) Vera Cruz, (29) Morelos; Venezuela: (30) Guarico.....	121
Figura 28 - Cariótipo de <i>Chrotopterus auritus</i> macho CRB2657 com 2n=28 e NF=52, (a) coloração convencional, (b) bandeamento CBG, (c) marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias e as Ag-RONs. XY= par sexual masculino.....	122
Figura 29 - Cariótipo de <i>Lophostoma silviculum</i> com 2n=34 e NF=60, (a) coloração convencional da fêmea CRB2536, (b) bandeamento-CBG da fêmea CRB2631. XX= par sexual feminino.....	123
Figura 30 - Cariótipo de <i>Mimon crenulatum</i> fêmea CRB2430 com 2n=32 e NF=60, (a) coloração convencional, (b) marcação de Ag-RONs. A seta indica as Ag-RONs e o detalhe mostra o polimorfismo no quinto par de cromossomos. XX= par sexual feminino.....	124
Figura 31 - Cariótipo de <i>Phylloderma stenops</i> fêmea CRB2607 com 2n=32 e NF=58, (a) coloração convencional, (b) bandeamento CBG. XX= par sexual feminino.....	125
Figura 32 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) <i>Chrotopterus auritus</i> com localidade-tipo no México, (b) <i>Lophostoma silviculum</i> com localidade-tipo em Yungas, Bolívia, (c) <i>Mimon crenulatum</i> com localidade-tipo em Belém, Pará, (d) <i>Phylloderma stenops</i> com localidade-tipo em Caiena, Guiana Francesa. Distribuições baseadas em Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos; (2) Pará; (3) Amazonas; (4) Mato Grosso; (5) Pernambuco; São Paulo (6) São José do Rio Preto, (7) Jacupiranga; Peru (8) Loreto; Colômbia (9) Leticia; (10) Colômbia; Trinidad e Tobago (11) San Rafael, Las Cuevas, Caura Valley, Blachisseuse, Suriname (12) Saramacca, (13) Brokopondo, (14) Nickerie, (15) Bitagron, (16) Commenwijine; (17) Equador; Costa Rica (18) Puntarenas, (19) Rincon de Osa.....	126
Figura 33 - Cariótipo de <i>Trachops cirrhosus</i> fêmea CRB2620 com 2n=30 e NF=56, (a) coloração convencional, (b) bandeamento CBG, (c) marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias, Ag-RONs e a heterocromatina constitutiva no braço curto do cromossomo X. XX= par sexual feminino.....	127
Figura 34 - Cariótipo de <i>Trinycteris nicefori</i> macho CRB2655 2n=28 e NF=52, com coloração convencional. XY = par sexual masculino.....	128

Figura 35 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Trinycteris nicefori* com localidade-tipo em Cucuta, norte de Santander, Colômbia, (b) *Trachops cirrhosus* com localidade-tipo no Pará, Brasil. Distribuições baseadas em (a) Rocha *et al.* (2013) e Gardner (2008), (b) Sousa *et al.* (2013) e Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos; Pernambuco (2) Toritama, (3) Rio Formoso; Suriname (4) Nickerie, (5) Brokopondo, (6) Commenwijnne, (7) Trinidad e Tobago, Trinidad (8) Guaguayare; (9) México.....128

Figura 36 - Cariótipo de *Phyllostomus discolor* macho CRB2475 com  $2n=32$  e  $NF=60$ , com coloração convencional. XY = par sexual masculino.....129

Figura 37 - Cariótipo de *Phyllostomus elongatus* com  $2n=32$  e  $NF=58$ , com coloração convencional, (a) fêmea CRB2173 e (b) macho CRB2560. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.....129

Figura 38 - Cariótipo de *Phyllostomus hastatus* com  $2n=32$  e  $NF=58$ , (a) fêmea JAO1942 com coloração convencional, (b) macho CRB2038 com coloração convencional, fêmea JAO1942 (c) com bandeamento CBG, (d) com marcação de Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY = par sexual masculino. A seta indica as Ag-RONs.....131

Figura 39 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Phyllostomus hastatus* com localidade-tipo no Suriname, (b) *Phyllostomus elongatus* com localidade-tipo no Rio Branco, Mato Grosso, (c) *Phyllostomus discolor* com localidade-tipo no Rio Mucuri, Bahia. Phyllostomidae, Desmodontinae (d) *Desmodus rotundus* com localidade-tipo em Cuiabá, Mato Grosso. Distribuições baseadas em Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Bahia (3) Itagibá, Minas Gerais (4) Frutal, São Paulo (5) São José do Rio Preto, (6) Mirassol, (7) Novo Horizonte; Pará (8) Peixe-Boi, (9) Belém; (10) Pernambuco; Rio de Janeiro (11) Itaguaí, (12) Colômbia; (13) Trinidad e Tobago; (14) México.....132

Figura 40 - Topologia de IB do gênero *Phyllostomus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de bootstrap  $> 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $> 0,70$ . Clado de *P. hastatus* em destaque. Mapa com os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente

trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Localidade-tipo (estrela azul): Suriname. Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Roraima (2) Caracaraí, Pará, (3) Itupiranga, Tocantins (4) Axixá, Venezuela (5) Bolívar. AM= Amazonas, PE= Pernambuco, PB= Paraíba, RR= Roraima, TO= Tocantins, VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18..138

Figura 41 – Topologia de IB com o *mt-Cytb* do gênero *Phyllostomus*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . clado de *P. elongatus* em destaque. Mapa com os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Localidade-tipo (estrela azul): Rio Branco, Mato Grosso, Brasil. Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Venezuela (3) Bolívar. AM= Amazonas, PE= Pernambuco, PB= Paraíba, RR= Roraima, TO= Tocantins, VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.....139

Figura 42 - Topologia de IB com o *mt-Cytb* do gênero *Phyllostomus*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *P. discolor* em destaque. Mapa com a distribuição (cinza claro) e os pontos de coleta das amostras de *P. discolor* estudadas com o *mt-Cytb*. Pontos vermelhos= amostras sequenciadas no presente trabalho, estrela azul= localidade-tipo: Cuiabá, Mato Grosso, Brasil. Paraíba, (1) Araruna, (2) Parque Estadual Mata do Pau Ferro, (3) João Pessoa, Pernambuco, (4) Ipojuca, (5) Aldeia. AM= Amazonas, PE= Pernambuco, PB= Paraíba, RR= Roraima, TO= Tocantins, VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.....140

Figura 43 - Rede de haplótipos de *Phyllostomus discolor* com *mt-Cytb*. Os círculos correspondem aos haplótipos, e os triângulos pretos indicam vetores médios. Números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.....141

Figura 44 - Cariótipo de *Carollia perspicillata*, fêmeas com  $2n=20$  e  $NF=36$ , machos com  $2n=21$  e  $NF=36$ , coloração convencional (a) fêmea JAO1937 e (b) macho CRB2179, bandeamento CBG (c) fêmea CRB2854 e (d) macho CRB2179, (e) macho CRB2868, com marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias e as Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY1Y2 = par sexual masculino (sistema sexual múltiplo).....143

Figura 45 - Cariótipo de *Carollia brevicauda* macho, com  $2n=21$  e  $NF=36$ , (a) CRB2016 com coloração convencional, (b) CRB2474 com bandeamento- CBG, (c) CRB2492 com marcações de Ag-RONs, (d) CRB2474 com FISH de sondas teloméricas. A seta indica as constrições secundárias.  $XY_1Y_2$  = par sexual masculino (sistema sexual múltiplo).....145

Figura 46 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Carollia brevicauda* com localidade-tipo no Rio Jucu, Fazenda Coroaba, Rio de Janeiro, Brasil, (b) *Carollia perspicillata* com localidade-tipo no Suriname, Distribuição baseada em (a) Gardner (2008), (b) Clutier e Thomas (1992) e Gardner (2008), Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Pará (3) Itupiranga, (4) Belém, Pernambuco (5) Igarauçu; (6) Bahia, (7) Rio de Janeiro; São Paulo (8) São Sebastião, (9) Botucatu; (10) Venezuela; Costa Rica (11) Guanacaste, (12) Heredia, (13) Trinidad e Tobago; Colômbia (14) Restrepo, (15) Letícia; México (16) Tuxtla, (17) Vera Cruz.....147

Figura 47 - Topologia de MV com o *mt-Cytb* de *Carollia*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de  $aLRT \geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *C. brevicauda* em destaque, com os haplótipos de amostras obtidas no presente trabalho em letra vermelha. Mapa com os pontos de coleta das amostras de sequências utilizadas no presente trabalho. Brasil, Barcelos (1) Rio Paduari (Igarapé Japomeri) e Rio Aracá (Igarapé Bigorna), Santa Isabel do Rio Negro (2) Rio Preto (Igarapé Coatá), Mato Grosso (3) Aripuanã; Bolívia (4) Santa Cruz; Peru (5) San Martín, (6) Madre de Dios, (7) Cusco, (8) Loreto; Equador (9) Napo, (10) Esmeraldas, (11) Orellana; Panamá (12) P.N. Altos de Campana, (13) Darien Venezuela (14) Barinas, (15) Bolívar; Guiana (16) Barima-Waini, (17) Upper Takutu-Upper Essequibo, (18) Upper Demerara-Berbice, (19) Potaro-Siparuni, (20) Demerara-Mahaica; Suriname (21) Saramacca, (22) Sipaliwini, (23) Nickerie, (24) Brokopondo. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabelas 21 e 22.....155

Figura 48 - Rede de haplótipos de *Carollia brevicauda* com *mt-Cytb*. Os círculos correspondem aos haplótipos, e os triângulos pretos indicam vetores médios. Números dentro dos círculos correspondem aos números dos haplótipos e os

números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 22.....	156
Figura 49 – Topologia de MV com o <i>mt-Cytb</i> de <i>Carollia</i> . Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT $\geq 0,70$ e à direita representam valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ . Clado 1 de <i>C. perspicillata</i> em destaque, com os haplótipos de amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com os pontos de coleta das amostras de sequências utilizadas no presente trabalho. Brasil, Rio de Janeiro (1) Petrópolis, (2) Mangaratiba; São Paulo (3) Pedreira, (4) Salesópolis, (5) Mogi das Cruzes, (6) Embuguaçu, (7) Ribeirão Grande, (8) Ilha Bela; Espírito Santo (9) Cariacica, (10) Aracruz, (11) Águia Branca, (12) Linhares; Minas Gerais (13) Unaí, (14) Marliéria, (15) Santa Bárbara, (16) Caratinga. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.....	157
Figura 50 - Topologia de MV com o <i>mt-Cytb</i> de <i>Carollia</i> . Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT $\geq 0,70$ e à direita representam valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ . Clado 2A de <i>C. perspicillata</i> em destaque, com os haplótipos de amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com os pontos de coleta das amostras de sequências utilizadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos Km 10 da Estrada Barcelos- Caurés, (2) Barcelos Rio Aracá, (3) Santa Isabel do Rio Negro; Pará (4) Itupiranga, Bahia (5) Cocos; São Paulo (6) Pedreira; Suriname (7) Nickerie; Equador (8) Esmeraldas; México (9) Campeche, (10) Quintana Roo, (11) Tulum, (12) Chiapas; Guatemala (13) El Peten. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.....	158
Figura 51 - Topologia de MV com o <i>mt-Cytb</i> de <i>Carollia</i> . Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT $\geq 0,70$ e à direita representam valores de probabilidade posterior $\geq 0,70$ . Clado 2B de <i>C. perspicillata</i> em destaque, com os haplótipos de amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com os pontos de coleta das amostras de sequências utilizadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos, km 10 da Estrada Barcelos-Caurés, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Goiás (3) Cavalcanti; Maranhão (4) Cândido Mendes, Mato Grosso(5) Aripuanã; Pernambuco (6) Brejo Madre de Deus; São Paulo (7) Jundiá; Minas Gerais (8) Itacarambí; Guiana (9) Berbice District, (10) Northwest District; Peru (11) Moyobamba; Equador (12) Napo. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.....	159

Figura 52 - Topologia de MV com o *mt-Cytb* de *Carollia*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado 2C de *C. perspicillata* em destaque, com as amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Maranhão (3) São Luis, (4) Cândido Mendes; Pará (5) Abaetetuba, (6) Itupiranga; Pernambuco (7) Bezerros, (8) Olinda, (9) Tamandaré; Amapá, (10) Anacuí; Paraíba (11) Areia; Mato Grosso (12) Aripuanã; Minas Gerais (13) Itacarambí; Bahia (14) Cocos; Goiás (15) Cavalcanti; Rio Grande do Norte (16) Baía Formosa; Sergipe (17) Santo Amaro das Brotas; Rio de Janeiro (18) Petrópolis, (19) Mangaratiba; Espírito Santo (20) Águia Branca; Peru (21) San Martín, (22) Cuzco; Venezuela (23) Barinas; Guiana (25) Berbice; Equador (26) Napo. Clado 2C de *C. perspicillata* com os haplótipos de amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.....160

Figura 53 - Topologia de MV com o *mt-Co1* de *Carollia*. Os números próximos aos nós representam valores de bootstrap  $\geq 70$ . AM= estado do Amazonas, BA= Bahia, GO= Goiás, SP= São Paulo, BR= Brasil, BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GY= Guiana, MX= México, NI= Nicarágua, PA= Panamá, SR= Suriname, VE= Venezuela.....165

Figura 54 - Topologia de IB com o *mt-Co1* de *Carollia*. Os números próximos aos nós representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . AM= estado do Amazonas, BA= Bahia, GO= Goiás, SP= São Paulo, BR= Brasil, BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GY= Guiana, MX= México, NI= Nicarágua, PA= Panamá, SR= Suriname, VE= Venezuela.....166

Figura 55 - Cariótipo de *Ametrida centurio* macho CRB2145 com  $2n=31$  e  $NF=56$ , com coloração convencional. XX= par sexual feminino,  $XY_1Y_2$ = par sexual masculino.....167

Figura 56 - Cariótipo de *Chiroderma trinitatum* fêmea CRB2427 (a) com coloração convencional, (b) com bandeamento CBG, com  $2n=26$  e  $NF=48$ . X= cromossomo sexual X.....168

Figura 57 - Cariótipo de *Dermanura cinerea* com  $2n=30$  e  $NF=56$ , com coloração convencional, (a) fêmea CRB2107 e (b) macho CRB2128. XX= par sexual feminino, XY = par sexual masculino.....168

Figura 58 - Cariótipo de <i>Dermanura gnoma</i> macho CRB2060 com 2n=30, NF=56, coloração convencional. XY = par sexual masculino.....	169
Figura 59 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Stenodermatinae (a) <i>Ametrida centurio</i> com localidade-tipo em Belém, Pará, (b) <i>Chiroderma trinitatum</i> com localidade-tipo em Cumaca, Trinidad, Trinidad e Tobago, (c) <i>Dermanura cinerea</i> com localidade-tipo em Belém, Pará, (d) <i>Dermanura gnoma</i> com localidade-tipo em El Manaco, Bolivar, Venezuela. Distribuições baseadas em Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; (3) Pernambuco; (4) Trinidad e Tobago.....	170
Figura 60 - Cariótipo de <i>Uroderma bilobatum</i> fêmea CRB2640 com 2n=42 e NF=50, (a) coloração convencional, (b) bandeamento-CBG. XX = par sexual feminina.....	169
Figura 61 - Cariótipo de <i>Vampyriscus bidens</i> fêmea JAO1988 com 2n=26 e NF=48, (a) coloração convencional, (b) bandeamento-CBG. XX = par sexual feminino.....	172
Figura 62 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Stenodermatinae (a) <i>Uroderma bilobatum</i> com localidade-tipo em São Paulo, Brasil, (b) <i>Vampyriscus bidens</i> com localidade-tipo em Santa Cruz, Loreto, Peru. Distribuição baseada em (a) Baker e Clark (1987) e Gardner (2008), (b) Lee <i>et al.</i> (2001). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Roraima (2) Caracará; Pará (3) Belém; Peru (4) Loreto; Suriname (5) Brokopondo; (6) e (7) Guatemala; (8) e (9) Honduras; (10) El Salvador; (11) e (12) Nicarágua; (13) e (14) Costa Rica; (15) Panamá, (16) Colômbia; (17) Equador; (18) Trinidad e Tobago.....	172
Figura 63 - Cariótipo de <i>Artibeus lituratus</i> fêmeas com 2n=30 e NF=56, machos com 2n=31 e NF=56, com coloração convencional (a) fêmea CRB2650 e (b) macho CRB2606, macho JAO1932 (c) bandeamento CBG, (d) marcações de Ag-RONs. As setas indicam as Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY <sub>1</sub> Y <sub>2</sub> = par sexual masculino.....	175
Figura 64 - Metáfases de <i>Artibeus lituratus</i> macho JAO1932 com coloração de nitrato de prata, (a) três marcações e (b) cinco marcações de Ag-RONs.....	175
Figura 65 - Cariótipo de <i>Artibeus obscurus</i> , fêmeas com 2n=30 e NF=56, machos com 2n=31 e NF=56, com coloração convencional (a) fêmea CRB2659 e (b) macho	

CRB2526, (c) macho CRB2865 com bandeamento-GTG, (d) macho CRB2652 com bandeamento CBG, (e) fêmea CRB2020 com coloração DA/DAPI. XX= par sexual feminino, XY <sub>1</sub> Y <sub>2</sub> = par sexual masculino. As setas indicam as bandas heterocromáticas adicionais.....	176
Figura 66 - Cariótipo de <i>Artibeus planirostris</i> com 2n=30 e NF=56, fêmeas (a) CRB1468 com coloração convencional, CRB1469 (b) com bandeamento-CBG (c) com marcação de Ag-RONs. XX= par sexual feminino.....	177
Figura 67 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Stenodermatinae (a) <i>Artibeus lituratus</i> com localidade-tipo em Asunción, Paraguai, (b) <i>Artibeus planirostris</i> com localidade-tipo em Salvador, Bahia, (c) <i>Artibeus obscurus</i> com localidade-tipo no Rio Peruhype, Villa Viçosa, Brasil. Distribuição baseada em (a) Gardner (2008) e Reis <i>et al.</i> (2013), (b) Hollis (2005, (c) ) Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Roraima (2) Caracaraí; Pará (3) Belém; Pernambuco (4) Caruaru, (5) São Lourenço da Mata, (6) Pernambuco, (7) Igarapu; São Paulo (8) São José do Rio Preto, (9) Botucatu, (11) Campinas, (12) Neves Paulista, (13) Guapiaçu, (14) Araraquara; (15) Rio Grande do Sul; (16) Colômbia; México (17) Morelos; (18) Vera Cruz; (19) Chiapas; (20) Trinidad e Tobago.....	181
Figura 68 - Topologia de MV de <i>Artibeus</i> com o <i>mt-Cytb</i> . Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT ≥ 0,70 e à direita representam valores de probabilidade posterior ≥ 0,70. Clado de <i>A. planirostris</i> em destaque. Estados brasileiros (BR): Acre (AC), Amazonas (AM), Bahia, (BA), Minas Gerais (MG), Maranhão (MA), Pará (PA), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Piauí (PI). BO= Bolóvia, GY= Guiana, GF= Guiana Francesa, PE= Peru, PY= Paraguai, SR= Suriname e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 26.....	188
Figura 69 - Topologia de MV de <i>Artibeus</i> com o <i>mt-Cytb</i> . Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT ≥ 0,70 e à direita representam valores de probabilidade posterior ≥ 0,70. Clado de <i>A. obscurus</i> em destaque. Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 26.....	189

Figura 70 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *A. lituratus* em destaque. Estados brasileiros (BR): Acre, (AC), Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Maranhão (MA), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Piauí (PI), Rio de Janeiro (RJ), Santa Catarina (SC), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, HN= Honduras, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname, TT= Trinidad e Tobago, VC= Saint Vincent e Granadinas e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 26.....190

Figura 71 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *A. fimbriatus* em destaque. Estados brasileiros (BR): Acre, (AC), Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Maranhão (MA), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Piauí (PI), Rio de Janeiro (RJ), Santa Catarina (SC), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, HN= Honduras, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname, TT= Trinidad e Tobago, VC= Saint Vincent e Granadinas e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 26.....191

Figura 72 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Co1*. Os números acima dos nós representam valores de bootstrap  $\geq 70$ . Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27....196

Figura 73 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Co1*. Os números acima dos nós representam valores de bootstrap  $\geq 70$ . Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27.....198

Figura 74 - Cariótipo de <i>Pteronotus parnelli</i> macho CRB2172 com 2n=38 e NF=60, (a) coloração convencional, (b) coloração de nitrato de prata (Ag-RONs). XY= par sexual masculino.....	200
Figura 75 - Cariótipo de <i>Noctilio albiventris</i> com 2n=34 e NF=62 com coloração convencional (a) fêmea JAO1946 e (b) macho CRB2618, (c) macho JAO2299 com bandeamento CBG, fêmeas (d) JAO 1931 com coloração de nitrato de prata (Ag-RONs) e (e) CRB2610 com FISH de sondas teloméricas, (f) macho CRB2621 com FISH de sondas teloméricas. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.....	204
Figura 76 - Cariótipo de <i>Noctilio leporinus</i> 2n=34 e NF=62 com coloração convencional (a) fêmea CRB2595 e (b) macho CRB2605, fêmea CRB2601 (c) com bandeamento CBG e (d) com marcação de Ag-RONs, (e) fêmea CRB2613 com FISH de sondas teloméricas. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.....	205
Figura 77 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Noctilionidae (a) <i>Noctilio albiventris</i> com localidade-tipo no Rio São Francisco, Bahia, (b) <i>Noctilio leporinus</i> com localidade-tipo no Suriname, (c) <i>Pteronotus parnelli</i> com localidade-tipo na Jamaica. Distribuição baseada em (a) Hood e Pitochelli (1983) e Gardner (2008), (b) Hood e Jones (1984) e Gardner (2017), (c) Herd (1983) e Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Roraima (3) Caracaraí, Mato Grosso (4) Barão de Melgaço, São Paulo (5), (6) Anhembi, (7) São José do Rio Preto, (8) Pernambuco, Trinidad e Tobago (9); (10) Suriname; (11) Porto Rico; Honduras (12) Nacaome; México (13) Chiapas, (14) Guerrero, (15) Sinaloa, (16) Sonora. ....	206
Figura 78 - Cariótipo de <i>Cynomops planirostris</i> com 2n=34 e NF=60, (a) fêmea JAO1948 com coloração convencional, macho JAO1947(b) coloração convencional, (c) bandeamento CBG, (d) FISH de sonda telomérica. XX= par sexual feminino, XY = par sexual masculino.....	209
Figura 79 - Cariótipo de <i>Eumops hansae</i> macho CRB2410 com 2n=48 e NF=58, (a) coloração convencional, (b) FISH de sonda telomérica. XY= par sexual masculino.....	210

Figura 80 - Cariótipo de <i>Eumops perotis</i> fêmea CRB2411 com 2n=48 e NF=58, com coloração convencional. XX= par sexual feminino.....	211
Figura 81 - Cariótipo de <i>Molossus molossus</i> com 2n=48 e NF=64 com coloração convencional, (a) fêmea CRB2028 e (b) macho CRB2030, macho JAO1949 (c) bandeamento CBG, (d) marcação de Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.....	212
Figura 82 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Molossidae (a) <i>Cynomops planirostris</i> em Caiene, Guiana Francesa, (b) <i>Eumops hansae</i> com localidade-tipo na Colônia Hansa (Corupá), Santa Catarina, Brasil, (c) <i>Eumops perotis</i> com localidade-tipo em Campos dos Goitacazes, Rio de Janeiro, Brasil, (d) <i>Molossus molossus</i> com localidade-tipo em France, Martinica, Pequenas Antilhas. Distribuição baseada em (a) Gardner (2008), (b) Best <i>et al.</i> (2001), (c) Best <i>et al.</i> (1996), (d) Gardner (2008) e Reis <i>et al.</i> (2013). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos; Roraima (2) Caracaraí; Pernambuco (3) Rio Formoso, (4) Água Preta, (5) Camaragibe, (6) Itamaracá; Rio de Janeiro (7) Itaguaí; São Paulo (8) Itating, (9) São Paulo; (10) Rio Grande do Sul; (11) Trinidad e Tobago; Colômbia (12) Tolima, (13) Restrepo, (14) Puerto Lopez; (15) Porto Rico; Peru (16) Huánaco, (17) Loreto, (18) Ayacucho; Nicarágua (19) Rivas.....	215
Figura 83 – Cariótipo de <i>Myotis albescens</i> fêmea CRB2116 com 2n=44, NF=52, com coloração convencional. XX= par sexual feminino.....	216
Figura 84 - Cariótipo de <i>Myotis riparius</i> fêmea CRB2151 com 2n=44 e NF=52, com coloração convencional. XX= cromossomo sexual X.....	216
Figura 85 - Cariótipo de <i>Myotis</i> sp. com 2n=44 e NF=52, macho CRB2118, com coloração convencional. XY= par sexual masculino.....	217
Figura 86 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos vermelhos), e nesse estudo (pontos verdes). Vespertilionidae (a) <i>Myotis albescens</i> com localidade-tipo em Paraguai, Paraguari, Yaguarón, baseado em Braun <i>et al.</i> ,2008, (b) <i>Myotis riparius</i> com localidade-tipo no Rio Pueru, Villa Tacarcuna, Darien, Panamá, Baseado em Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Colômbia (2) Letícia, Peru (3) Huánaco.....	218

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das tripanossomíases, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e a referência bibliográfica. Refs: 1= Barnabe *et al.*(2003), 2= Barros (2009), 3= Cavazzana *et al.*(2010), 4= Dias *et al.*(1942), 5= Fabian (1991), 6= Funayama e Barreto (1970), 7= Grisard *et al.*(2003), 8= Hamanaka e Pinto (1993), 9= Herrera *et al.* (2004), 10= Lisboa *et al.*(2008), 11= Maia da Silva *et al.* (2009), 12= Marcilli *et al.* (2009), 13= Nishimura e Ortêncio Filho (2012), 14= Pinto e Bento (1986), 15= Roque *et al.* (2008), 16= Roque *et al.* (2013), 17= Siqueira-Batista apud Herrera (2010), 18= Steindel *et al.* (1998), 19= Teixeira *et al.* (1993). Os estados brasileiros são AM= Amazonas, BA= Bahia, CE= Ceará, GO= Goiás, MG= Minas Gerais, MS= Mato Grosso do Sul, PA= Pará, PI= Piauí, PR= Paraná, RJ= Rio de Janeiro, RO= Roraima, SC= Santa Catarina, SP= São Paulo, TO= Tocantins. ....19

Tabela 2 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas por vírus, discriminando o agente etiológico da doença, localidade do registro e referências bibliográficas. Estados brasileiros: DF= Distrito Federal, ES= Espírito Santo, GO= Goiás, MG= Minas Gerias, MS= Mato Grosso do Sul, PA= Pará, PB= Paraíba, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, RS= Rio Grande do Sul, SC= Santa Catarina, SP= São Paulo. 1=Albas *et al.*(2009), 2= Albas *et al.*(2011), 3= Albuquerque *et al.*(2012), 4= Allendorf *et al.*( 2011), 5= Almeida *et al.*(2011), 6= Almeida *et al.*(2011), 7= Amorim (1970), 8= Araújo *et al.*(2012), 9= Barbosa *et al.*(2007), 10= Bordignon e Bueno (2005), 11=Brandão *et al.*(2008), 12= Cabral *et al.*(2012), 13= Carneiro *et al.*(2009), 14= Carvalho *et al.*(2011), 15= Castilho *et al.* (2008), 16= Castilho *et al.*(2010), 17= Corman *et al.*(2013), 18= Cunha *et al.*(1998 apud Sodr  *et al.*(2010), 19=Cunha *et al.*(2005), 20= Cunha *et al.*(2006), 21= Dantas-Torres *et al.*(2005), 22= Deus *et al.*(2003), 23= Ferraz *et al.*(2007), 24= Henderson *et al.*(1995), 25= Kobayashi *et al.*(2007), 26= Langoni *et al.*(2005), 27= Lima *et al.*(2013), 28= Lino *et al.*(2008), 29= Massunaga *et al.*(2003) apud Sodr  *et al.* (2010), 30= Martorelli *et al.*(1995), 31= Martorelli *et al.*(1996), 32= Oliveira *et al.* (2010), 33= Pacheco *et al.*(2010), 34= Passos *et al.* (1998), 35= Queiroz *et al.*(2009), 36= Rosa *et al.*(2011), 37= Sato *et al.*(2006), 38= Schaefer *et al.*(2005), 39= Silva *et al.*(1999), 40= Silva *et al.*(2007), 41= Silva *et al.*(2008), 42= Silva *et al.*(2011), 43= Sodr  *et al.*(2007), 44= Sodr  *et al.*(2010), 45= Souza *et al.* (1998 apud Sodr  *et al.*

(2010), 46= Souza <i>et al.</i> (2008), 47= Tomaz <i>et al.</i> (2007), 48= Uieda <i>et al.</i> (1995), 49= Uieda (1998), 50= Vieira <i>et al.</i> (2010), 51= Vieira <i>et al.</i> (2012).....	28
Tabela 3 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas pelas bactérias, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e a referência bibliográfica. O estado brasileiro é SP= São Paulo. 1= Bessa <i>et al.</i> (2010), 2= D'Auria <i>et al.</i> (2010), 3= Zetun <i>et al.</i> (2009).....	34
Tabela 4 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos de zoonoses causadas por fungos, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e a referência bibliográfica. Os estados brasileiros são CE= Ceará, SP= São Paulo, e DF= Distrito Federal. 1=Cordeiro <i>et al.</i> (2012), 2= Dias <i>et al.</i> (2011), 3= Matos <i>et al.</i> (1998), 4= Schmidt <i>et al.</i> (1973), 5= Tencate <i>et al.</i> (2010).....	35
Tabela 5 – Medidas selecionadas de <i>Cormura brevirostris</i> do Brasil (estado do Amazonas, Barcelos), Guiana Francesa, Suriname, e localidades das Américas Central e do Sul (CSA). 1= presente estudo, um macho, 2= Simmons e Voss (1998), 16 machos e 16 fêmeas (medidas externas), 6 machos e 6 fêmeas (medidas cranianas), 3= Brosset e Charles-Dominique (1990), 2 machos e 4 fêmeas, 4= Husson (1978), 10 machos e fêmeas combinados, incluindo o holótipo <i>Myropteryx pullus</i> Miller, 1906, 5= Sanborn (1937), 32 machos e fêmeas combinados.....	46
Tabela 6 - Lista de indivíduos de <i>C. brevirostris</i> analisados com <i>mt-Co1</i> . Números dos haplótipos (H), de campo ou de acesso ao GenBank, localidades de coleta e referências (Refs). BR=Brasil, CR= Costa Rica, EC= Equador, GY=Guiana, SR= Suriname. 1= presente estudo, 2= Clare <i>et al.</i> (2011).....	49
Tabela 7 - Espécimes brasileiros de <i>Rhinophylla pumilio</i> capturados em Barcelos, Amazonas, e aqui cariotipados, com número de campo e/ou de museu (Identificação), sexo (S), números diploide (2n) e fundamental (NF), e localidades de coleta. Macho (M), fêmea (F), margem direita (m.d.), margem esquerda (m.e.), Igarapé (Ig). As abreviações referem-se aos nos do Museu Nacional (MN), e de campo de Cibele Rodrigues Bonvicino (CRB).....	63
Tabela 8 - Cariomorfotipos de <i>Rhinophylla pumilio</i> . Discriminando os números diploide (2n) e fundamental (NF), a morfologia dos cromossomos X e Y, localidades de coleta e referências bibliográficas (Refs), 1= Baker e Bleier (1971); 2= Toledo (1973); 3= Baker e Bickham (1980); 4= Honeycutt <i>et al.</i> (1980); 5= Noronha <i>et al.</i> (2004); 6= Gomes <i>et al.</i> (2012); 7- presente estudo. Estados brasileiros são Amazonas (AM), Bahia (BA), Mato Grosso (MT), Pará (PA).....	69

Tabela 9 - Lista das amostras de <i>Rhinophylla pumilio</i> utilizadas nas análises com <i>mt-Cytb</i> , especificando o haplótipo (H), no de campo ou de acesso do GenBank (Identificação), localidades de coleta e no de pares de base (pb) sequenciados, e Referências (Refs). Ig= Igarapé, m.e.= margem esquerda. As abreviações referem-se ao no de campo de CRB=Cibele Rodrigues Bonvicino. GF= Guiana Francesa, PE= Peru. Estado brasileiro (BR): Amazonas (AM). 1= Wright <i>et al.</i> (1999), 2= presente estudo.....	70
Tabela 10 – Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de <i>Rhinophylla</i> com <i>mt-Cytb</i> .....	71
Tabela 11 - Lista das amostras de <i>Rhinophylla pumilio</i> utilizadas nas análises com <i>mt-Co1</i> , haplótipo (H), número de campo ou de acesso do GenBank (Identificação), localidades associadas, número de pares de base (pb) sequenciados, e referência (Refs). As abreviações referem-se ao no de campo de CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino. EC= Equador, GY= Guiana, SR= Suriname. Estado brasileiro (BR): AM= Amazonas. 1= Clare <i>et al.</i> (2011); 2= presente estudo.....	76
Tabela 12 - Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de <i>Rhinophylla</i> com <i>mt-Co1</i> .....	77
Tabela 13 – Relação dos iniciadores utilizados para amplificação e sequenciamento dos genes analisados, discriminando suas sequências, táxon em que foi utilizado e as referências. 1= Bonvicino <i>et al.</i> (2001), 2= Cassens <i>et al.</i> (2000), 3= Silva e Patton (1993), 4= Ward <i>et al.</i> (2005), 5= presente estudo.....	106
Tabela 14 - Espécimes cariotipados no presente estudo, com número de identificação (no de campo e/ou de museu), sexo (S) e localidades de coleta, número diploide (2n) e número fundamental (NF), macho (M), fêmea (F), margem direita (m.d.), margem esquerda (m.e.), Igarapé (Ig). As abreviações referem-se ao no de campo de CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino, LBCE= Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Silvestres Reservatórios, JAO= João Alves de Oliveira. Estados brasileiros: Amazonas (AM), Pará (PA), Roraima (RR). Os números das localidades correspondem aqueles dos mapas das Figuras 19 e 20.....	112
Tabela 15 - Cariótipos de Emballonuridae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X= cromossomo X, Y= cromossomo Y, Refs.=referências bibliográficas, 1= Baker (1970), 2= Baker e Jones (1975), 3= Baker e Jordan (1970), 4= Baker <i>et al.</i> (1981), 5= Baker <i>et al.</i> (1982), 6= Greenbaum e Jones (1978), 7= Hood e Baker (1986), 8= Geise <i>et al.</i> (2015), 9= presente estudo. CO= Colômbia,	

MX= México, NI= Nicarágua, SR= Suriname, TT= Trinidad e Tobago, VE= Venezuela. Estados brasileiros (BR): AM= Amazonas, BA= Bahia.....118

Tabela 16 – Cariótipos de Phyllostomidae, subfamília Desmodontinae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X=cromossomos X, Y=cromossomo Y. referências bibliográficas (Refs). 1= Yonenaga *et al.*(1969); 2= Toledo (1973); 3= Cadena e Baker (1976); 4= Baker (1979); 5= Souza (1985); 6= Morielle *et al.* (1986); 7= Morielle (1987); 8= Morielle e Varella-Garcia (1988); 9= Finato *et al.* (2000); 10= Santos *et al.*(2001); 11 -Caio *et al.* (2010); 12= presente estudo. MX= México, NI= Nicarágua. Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Bahia (BA), Rio de Janeiro (RJ), Pará (PA), Pernambuco (PE), São Paulo (SP).....120

Tabela 17 – Cariótipos de Phyllostominae, subfamília Phyllostominae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X=cromossomos X, Y=cromossomo Y, referências bibliográficas (Refs), 1= Yonenaga (1969), 2= Baker (1970); 3= Baker e Hsu (1970), 4= Baker *et al.* (1973), 5= Toledo (1973), 6= Gardner (1977), 7= Patton e Baker (1978); 8= Baker (1979), 9= Baker *et al.* (1980), 10= Honeycutt *et al.* (1980), 11= Baker *et al.* (1981), 12= Trucker e Bickham (1986), 13= Morielle e Varella-Garcia, (1988), 14= Rodrigues *et al.* (2000), 15= Santos *et al.* (2002), 16= presente estudo. CO= Colômbia, CR= Costa Rica, EC= Equador, MX= México, PE= Peru, SR= Suriname, SV= El Salvador; TT= Trinidad e Tobago; estados brasileiros (BR): AM= Amazonas, BA= Bahia, GO= Goiás, MG= Minas Gerais, PA= Pará, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, SP= São Paulo.....133

Tabela 18 - Lista das amostras de *Phyllostomus* utilizadas nas análises com mt-Cytb, com o haplótipo (H), no de campo ou do GenBank (Identificação), localidades de coleta e no de pares de base (pb) sequenciados. Ig=Igarapé, m.d.=margem direita, m.e.= margem esquerda. As abreviações referem-se ao no de campo de CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino, LBCE= Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Silvestres Reservatórios, JAO= João Alves de Oliveira, KS, TL e AL= Alfredo Langguth. VE= Venezuela. Estado brasileiro (BR): Amazonas (AM), Pará (PA), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Tocantins (TO), Roraima (RR). 1= Hoffman *et al.* (2008); 2= Dumont *et al.* (2014); 3= presente estudo.....136

Tabela 19 - Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb*.....137

Tabela 20 - Cariótipos de *Carollia* discriminando os números diploide (2n) e fundamental (NF), cromossomos sexuais feminino (X) e masculino (Y), Y original

(Y1), Y novo (Y2), regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs), heterocromatina constitutiva (HC), braço curto (p), braço longo (q), referências bibliográficas (Refs). 1= Baker (1967); 2= Baker e Bleier (1971); 3= Patton e Gardner (1971); 4= Toledo (1973); 5= Stock (1975); 6= Morielle e Varella-Garcia (1988); 7= Tucker e Bickham (1989); 8= Santos e Souza (1998); 9= Baker *et al.* (2002); 10= Noronha *et al.*(2004); 11= Pieckarza (2005); 12= Solari e Baker (2006); 13= Garcia *et al.* (2010); 14= presente estudo. CO= Colômbia, CR= Costa Rica, HN= Honduras, MX= México, PE= Peru, TT= Trinidad e Tobago; estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Pará (PA) e Pernambuco (PE).....146

Tabela 21 - Amostras de *Carollia perspicillata* analisadas com *mt-Cytb*, especificando o haplótipo (H), no de campo ou de acesso do GenBank (Identificação), localidades de coleta e no de pares de base (pb) sequenciados. VE= Venezuela. Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Amapá (AP), Bahia (BA), Espírito Santo (ES), Goiás (GO), Maranhão (MA), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), Rio Grande do Norte (RN), Sergipe (SE), São Paulo (SP). 1= Wright *et al.* (1999); 2= Hoffmann e Baker (2003); 3= Pavan *et al.* (2011); 4= Velazco (2013); 5= presente estudo.....150

Tabela 22 - Amostras de *Carollia brevicauda* analisadas com *mt-Cytb*, especificando o haplótipo (H), no de campo ou de acesso do GenBank, localidades de coleta e no de pares de base (pb) sequenciados. BO= Bolívia, EC= Equador, GT= Guatemala, GY= Guiana, PE= Peru, SR= Suriname, VE= Venezuela. Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Amapá (AP), Bahia (BA), Espírito Santo (ES), Goiás (GO), Maranhão (MA), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), Rio Grande do Norte (RN), Sergipe (SE), São Paulo (SP). 1= Wright *et al.*(1999); 2= Hoffmann e Baker (2003); 3= Pavan *et al.* (2011); 4= Velazco (2013); 5= presente estudo.....154

Tabela 23 - Amostras de *Carollia* analisadas com *mt-Co1*, com o haplótipo (H), no de campo ou do GenBank (Identificação), localidades de coleta e no de pares de base (pb) sequenciados. BZ=Belize, CR=Costa Rica, EC=Equador, GY=Guiana, MX=México, PA=Panamá, SU=Suriname, VE=Venezuela. Estados brasileiros (BR):Amazonas (AM), Bahia (BA), Goiás (GO), São Paulo (SP). 1= Clare *et al.* (2011); 2= presente estudo.....162

Tabela 24 – Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Carollia* com o *mt-Co1*.....163

Tabela 25 - Cariótipos de *Artibeus* com regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs), heterocromatina constitutiva (Bandas-C), braço curto (p), braço longo (q), cromossomos sexuais X, Y1 e Y2, referências bibliográficas (Refs). 1= Pinto *et al.* (2012), 2= Garcia *et al.* (2010); 3= presente estudo. Estados brasileiros Amazonas (AM) e Pernambuco (PE).....178

Tabela 26 - Cariótipos de Phyllostomidae, subfamília Stenodermatinae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X=cromossomos X, Y=cromossomo Y, referências bibliográficas (Refs), 1= Baker (1967); 2= Yonenaga (1969), 3= Baker e Lopez (1970); 5= Baker e Hsu (1970), 6= Baker *et al.* (1972), 7= Baker e McDaniell (1972); 8= Toledo (1973); 9= Baker *et al.* (1975); 10= Gardner (1977); 11= Baker (1979); 12= Baker *et al.* (1980), 13= Honeycutt *et al.* (1980); 14= Baker *et al.* (1981), 15= Baker *et al.* (1982); 16= Morielle *et al.* (1985); 17= Tucker e Bickham (1986); 18= Morielle *et al.* (1987); 19= Morielle e Varella-Garcia (1988); 20= Souza e Araújo (1990); 21= Althoff e Sbalqueiro (1998); 22= Noronha *et al.* (2001); 23= Rodrigues *et al.* (2003); 24= Silva *et al.* (2005); 25= Garcia *et al.* (2010); 26= presente estudo. CO= Colômbia, HN= Honduras, MX= México, NI= Nicarágua, PR= Porto Rico, SR= Suriname, SV= El Salvador, TT= Trinidad e Tobago; estados brasileiros (BR): BA= Bahia, GO= Goiás, MG= Minas Gerais, PA= Pará, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, RS= Rio Grande do Sul, SP= São Paulo.....179

Tabela 27 - Lista das amostras de *Artibeus* utilizadas nas análises do *mt-Cytb*, haplótipo (H), número de campo ou de acesso do GenBank, localidades de coleta e número de pares de base (pb) sequenciados. BO=Bolívia, EC=Equador, GY=Guiana, GF=Guiana Francesa, HN=Honduras, PE=Peru, PY=Paraguai, SR=Suriname, VC=Saint Vincent e Granadinas; VE=Venezuela. Estados brasileiros (BR): AC=Acre, AM=Amazonas, BA=Bahia, ES=Espírito Santo, MA=Maranhão, MG=Minas Gerais, MT=Mato Grosso, PA=Pará, PB=Paraíba, PE=Pernambuco, PI=Piauí. 1=Van Den Bussche *et al.*(1996); 2=Freygang *et al.*(2003); 3=Guerrero *et al.*(2004); 4=Lim *et al.*(2004); 5=Larsen *et al.*(2007), 6=Hooper *et al.*(2008), 7=Redondo *et al.*(2008), 8=Larsen *et al.*(2010), 9=presente estudo.....184

Tabela 28 - Lista das amostras de *Artibeus* utilizadas nas análises com *mt-Co1*, especificando o haplótipo (H), no de campo ou do GenBank, localidades de coleta e no de pares de base (pb) sequenciados. As abreviações referem-se aos números de campo CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino, EG, KS e FO= Alfredo Langutth. BO= Bolívia, EC= Equador, GY= Guiana, GF= Guiana Francesa, HN= Honduras, PE=

Peru, PY= Paraguai, SR= Suriname, VE= Venezuela. Estados brasileiros (BR): AM= Amazonas, BA= Bahia, ES= Espírito Santo, MA= Maranhão, MG= Minas Gerais, MT= Mato Grosso, PB= Paraíba, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, SP= São Paulo. 1= Hooper <i>et al.</i> (2008), 2= Larsen <i>et al.</i> (2007), 3= Larsen <i>et al.</i> (2010), 4= Redondo <i>et al.</i> (2008), 5= presente estudo.....	193
Tabela 29 – Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de <i>Artibeus</i> com o <i>mt-Co1</i> .....	196
Tabela 30 – Cariótipos do gênero <i>Pteronotus</i> . Número diploide (2n) e fundamental (NF), cromossomos sexuais X, Y, referências bibliográficas (Refs). 1= Baker (1967), 2= Baker e Bickham (1980), 3= Patton e Baker (1978), 4= Sites <i>et al.</i> (1981), 5= presente estudo. JM= Jamaica, MX= México, NI= Nicarágua, PR= Porto Rico, TT= Trindade e Tobago, VE=Venezuela.....	201
Tabela 31 – Cariótipos de Noctilionidae. Número diploide (2n) e fundamental (NF), cromossomos sexuais X e Y, referências bibliográficas (Refs). CO= Colômbia, HN= Honduras, MX= México, SR= Suriname, TT= Trindade e Tobago. Estados brasileiros (BR): MT= Mato Grosso, PE= Pernambuco, SP= São Paulo. 1= Yonenaga <i>et al.</i> (1969), 2= Baker (1970), 3= Baker e Jordan (1970), 4= Toledo (1973), 5= Patton e Baker (1978), 6= Baker <i>et al.</i> (1982), 7= Hood e Pitochelli (1983); 8= Varella-Garcia <i>et al.</i> (1989), 9= Vilamiu <i>et al.</i> (2010), 10= presente estudo.....	203
Tabela 32 - Cariótipos de Molossidae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), cromossomos sexuais X e Y, referências bibliográficas (Refs), CO= Colômbia, CR= Costa Rica, US= Estados Unidos, HN= Honduras, MX= México, NI= Nicarágua, PE= Peru, PR= Porto Rico, TT= Trindade e Tobago; estados brasileiros (BR): BA= Bahia, GO= Goiás, MG= Minas Gerais, PA= Pará, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, RS= Rio Grande do Sul, SP= São Paulo. 1= Baker (1970), 2= Baker e Jordan (1970); 3= Toledo (1973); 4= Warner <i>et al.</i> (1974); 5= Morielle <i>et al.</i> (1988); 6= Varella-Garcia <i>et al.</i> (1989); 7= Morielle-Versute <i>et al.</i> (1996); 8= Finato <i>et al.</i> (2000); 9= Leite-Silva <i>et al.</i> (2003); 10= presente estudo.....	213
Tabela 33 – Cariótipos do gênero <i>Myotis</i> . Número diploide (2n), número fundamental (NF), cromossomos sexuais (X) e (Y), referências bibliográficas (Refs), AR= Argentina, CO= Colômbia, PE= Peru. Estados brasileiros (BR): RJ= Rio de Janeiro, SP= São Paulo. 1= Baker e Jordan (1970); 2= Toledo (1973); 3= Bickham (1979); 4= Bickham <i>et al.</i> (1986); 5= Varella-Garcia <i>et al.</i> (1989); 6= Tiranti (1996); 7= Moratelli (2003); 8= presente estudo.....	218

## LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

$\mu$ l	Microlitro
1N	Normalidade
2n	Número diploide
ADN	Ácido desoxirribonucleico
Ag-RONs	Regiões organizadoras de nucléolos coradas com nitrato de prata
AIC2	Akaike 2 (“Akaike information criterion” 2)
aLRT	Acurate likelihood test
BIC	Crítério de Informação Baiesiano, do inglês “Bayesian information criterion” com modificações
CBG	Bandeamento C
CMA <sub>3</sub>	Cromomicina A <sub>3</sub>
CRB	Número de campo de Cibele Rodrigues Bonvicino
DAPI	4´-6-diamidino-2-phenylindole
<i>Dby</i>	DEAD Box RNA helicase Y
dNTP	Dinucleotídeo trifosfato
EDTA	Ácido etilenodiamino tetra-acético
FISH	Hibridização <i>in situ</i> fluorescente, do inglês “fluorescent in situ hybridization”
G	distribuição Gamma
GenBank	Banco de dados de sequências de livre acesso
GTG	Bandeamento G
GTR	Modelo “general time reversible”
H	Haplótipo
HC	Heterocromatina constitutiva
HCL	Ácido clorídrico
HKY	Modelo de Hasegawa-Kishino-Yano
I	Sítios invariáveis
IB	Inferência Bayesiana
ITS	Sítios teloméricos intersticiais, do inglês “Interstitial telomeric sites”
JAO	Número de campo de João Alves de Oliveira
K	Cariomorfotipo
k-2p	Kimura dois parâmetros

km	Quilômetro
LBCE	Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios (LBPMR- IOC)
LILACS	Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde
m	Metro
mA	Miliampere
MCMC	Cadeia de Markov Monte Carlo
MEDLINE	Literatura Internacional em Ciências da Saúde
MgSO <sub>4</sub>	Sulfato de magnésio
min	Minuto
MJ	“Median joining”
ml	Mililitro
mm	Milímetro
mM	Milimolar
mm <sup>2</sup>	Milímetro quadrado
MN	Número da coleção do Museu Nacional
mt	Mitocondrial
<i>mt-Co1</i>	Gene mitocondrial citocromo oxidase c subunidade I
<i>mt-Cytb</i>	Gene mitocondrial citocromo b
MV	Máxima verossimilhança
N	Norte, do inglês “north”
NF	Número fundamental
ng	Nanograma
NH <sub>4</sub> (SO <sub>4</sub> )	Sulfato de amônio
°C	Graus Celsius
°GL	Graus Gay-Lussac
OMS	Organização Mundial de Saúde
p	Braço curto do cromossomo
PAHO	Acervo da Biblioteca da Organização Pan-Americana da Saúde
pb	Par de bases
PBS	Tampão Salina PBS
PBT	Tampão Salina PBS com Tween 20
PCR	Reação em cadeia pela polimerase, do inglês “polimerase chain reaction”

pmol	Picomol
PNCRH	Programa Nacional de Controle da Raiva em Herbívoros
pp	Probabilidade posterior
q	Braço longo do cromossomo
RNAse	ribonuclease
rpm	Rotações por minuto
s	Segundos
SARS	Síndrome respiratória aguda, do inglês “Severe acute respiratory syndrome”
SDS	Detergente dodecil sulfato de sódio
SSC	Tampão salina citrato de sódio, do inglês “saline-sodium citrate”
Taq	<i>Thermus aquaticus</i>
Tris	Tris(hidroximetil)aminometano
UFPB	Universidade Federal da Paraíba
UV	Ultravioleta
W	Oeste, do inglês “west”
WHO	World Health Organization (Organização Mundial de Saúde)
WHOLIS	Sistema de Informações da Biblioteca da OMS

# 1 INTRODUÇÃO

Este trabalho foi dividido em quatro capítulos, cada um deles com sua própria introdução, material e métodos, resultados e discussão. Aqui é feita uma introdução geral aos assuntos tratados nestes quatro capítulos.

A diversidade dos mamíferos é muito grande, com grupos muito variados e apresentando muitas adaptações morfológicas, o que se reflete no número de ordens dentro da classe Mammalia. Dentro dessa classe, a ordem Chiroptera se destaca por apresentar características marcantes que a distingue dos demais mamíferos, a mais importante delas é a capacidade de voar. A presença de asas formadas por uma membrana com duas camadas de pele unindo o corpo e os dígitos da mão (patágio), além de uma série de modificações no esqueleto, permite que os indivíduos desta ordem possam voar verdadeiramente (Eisenberg e Redford, 2001; Neuweiler, 2000). Os quirópteros são importantes em estudos epidemiológicos, pois muitas espécies são reservatórios naturais de agentes infecciosos que causam várias doenças ao homem, como a raiva e a histoplasmosse (Reis *et al.*, 2007a; Kotait *et al.*, 2009; Hoff e Bigler, 1981). Além destas doenças, os morcegos estão associados a zoonoses causadas por vários tipos de agentes etiológicos como protozoários, vírus, bactérias e fungos (Ministério da Saúde, 1998; Corrêa *et al.*, 2013). São muitas as informações a respeito das espécies mais frequentemente infectadas por estes agentes, entretanto, não há na literatura uma revisão que reúna os dados de espécies relacionadas aos vários tipos de agentes e as localidades mais afetadas no Brasil.

## 1.1 Ordem Chiroptera Blumenbach, 1779

A ordem Chiroptera é um grupo muito diversificado e bem sucedido dentre os mamíferos, ocupando o segundo lugar em número de espécies depois da ordem Rodentia. Os quirópteros possuem atualmente 20 famílias, 202 gêneros e cerca de 1200 espécies, representando aproximadamente 25% de todos os mamíferos (Simmons, 2005; Gardner, 2008a). Dados morfológicos e genéticos confirmam o monofiletismo da ordem (Simmons, 1994; Van Den Bussche *et al.*, 1998; Teeling *et al.*, 2005), entretanto, a filogenia dentro do grupo ainda não está bem definida (Teeling *et al.*, 2005; Agnarsson *et al.*, 2011). Neste trabalho a classificação adotada será a de Teeling *et al.*, (2005) que divide a ordem em duas subordens, Yinpterochiroptera que inclui as famílias Pteropodidae, Rhinolophidae, Rhinopomatidae, Craseonycteridae e Megadermatidae, e Yangochiroptera incluindo as superfamílias Emballonuroidea, Noctilionoidea e Vespertilionoidea.

No Brasil ocorrem apenas representantes da subordem Yangochiroptera, com nove famílias, 68 gêneros e cerca de 180 espécies ocupando todos os domínios morfoclimáticos brasileiros e áreas urbanas (Dias *et al.*, 2013; Reis *et al.*, 2013a; Nogueira *et al.*, 2014). A maioria dos Yangochiroptera é insetívora, mas a diversificação da dieta faz com que apresentem grande importância biológica no controle populacional de insetos, na dispersão de sementes e na polinização de plantas, sendo essenciais para a manutenção de vários ecossistemas (Koopman, 1994; Reis *et al.*, 2007a). Devido sua grande importância e peculiaridades, os morcegos despertam muita curiosidade, e aspectos de sua anatomia, ecologia, fisiologia, evolução, sistemática e taxonomia, são muito estudados. Neste trabalho foram estudados aspectos da citotaxonomia e relações filogenéticas inter- e

intraespecíficas de algumas espécies de quirópteros, com ênfase nas espécies potenciais hospedeiras de zoonoses da Amazônia brasileira.

## 1.2 Citotaxonomia

A citotaxonomia surgiu da possibilidade de utilizar a citogenética como ferramenta para auxiliar na taxonomia e se baseia nas características cariológicas como número e morfologia cromossômicas, além da composição e localização dos componentes estruturais destes cromossomos (Benazzi, 1973). A citogenética teve seu desenvolvimento acompanhado pelo surgimento de técnicas que permitiram a observação segura do número e da forma dos cromossomos, mostrando a grande diversidade de cariótipos existentes dentro e entre indivíduos, populações, espécies e táxons mais elevados (Makino, 1948; Baker, 1979; Zima, 2000; Stoll, 2013). Com a utilização dos bandeamentos cromossômicos, como a coloração transversal com digestão de tripsina (bandeamento-GTG), a visualização da heterocromatina constitutiva com o tratamento com hidróxido de bário, ambas seguidas de coloração com Giemsa (bandeamento-CBG), e das regiões organizadoras de nucléolos por coloração com o nitrato de prata (Ag-RONs), permitiram comparações entre espécies na busca de homologias e entendimento da estrutura e composição dos cromossomos (Patton e Baker, 1978; Baker e Bickham, 1980; Baker *et al.*, 1987; Saitoh e Laemmli, 1994). Posteriormente, os fluorocromos base-específicos e endonuclases de restrição, permitiram uma melhor identificação dos cromossomos homólogos. Mais recentemente, a hibridização *in situ* pôde localizar sequências específicas de ADN com sondas de ácidos nucléicos, permitindo uma grande precisão na identificação de regiões dos cromossomos, como centrômero, telômero e genes ribossômicos (Yonenaga-Yassuda, 2004). Nos últimos anos, com a pintura

cromossômica utilizando sondas de cromossomos inteiros, foi possível realizar comparações entre espécies mais distantes buscando cariótipos ancestrais e aumentando as perspectivas no entendimento da evolução dos vertebrados em geral (Graphodatsky *et al.*, 2011; Stoll, 2013).

O cariótipo é um caráter definido e constante ao lado de características morfológicas, e ao sofrer alterações, pode auxiliar no esclarecimento das relações filogenéticas (Sola *et al.*, 1981). As alterações cariotípicas podem ocorrer por rearranjos cromossômicos em um grupo de indivíduos, e esses rearranjos podem formar uma barreira para o fluxo gênico com outro grupo que não tenha sofrido a mesma alteração, estando correlacionados com a especiação e evolução divergente nas diferentes linhagens (Zima, 2000). Alguns rearranjos têm um papel mais significativo no processo de especiação, ou seja, são mais efetivos do que outros em reduzir a fertilidade do heterozigoto devido a dificuldades causadas durante a meiose na produção de gametas balanceados. Os rearranjos mais importantes nesse processo são as fusões em tandem, translocações Robertsonianas ou recíprocas, enquanto alguns rearranjos podem ser neutros, como no caso de adição ou deleção de heterocromatina (Gibson, 1984; King, 1994). Entretanto, o que se observa é que as razões que levam a esterilidade são complexas e qualquer rearranjo cromossômico tem potencial de gerar inviabilidade ou diminuir a fertilidade dos híbridos, causando com isso um processo de cladogênese. Por isso, algumas populações que diferem por um determinado rearranjo cromossômico continuam cruzando enquanto outras não (King, 1994).

Estudos citogenéticos clássicos e moleculares têm contribuído muito para o entendimento da evolução e sistemática de quirópteros (Baker, 1970; Baker, 1979; Souza e Araújo, 1990; Volleth *et al.*, 2002; Barros *et al.*, 2009; Pieczarcka *et al.*, 2013; Sotero-Caio *et al.*, 2013; Ribas *et al.*, 2015). Os primeiros estudos com

bandamentos-GTG em espécies de Phyllostomidae, Noctilionidae e Mormoopidae mostraram padrões de bandas-G muito similares e que a principal estratégia evolutiva nesses grupos é a redução cromossômica por fusões Robertsonianas (Patton e Baker, 1978; Baker e Bickham, 1980). Apesar dessa aparente conservação cariotípica no grupo, análises das taxas de evolução cromossômica com bandas-GTG e-CBG em várias espécies de Chiroptera mostraram que esses táxons são muito variáveis, com espécies mostrando pouca evolução cromossômica em relação ao cariótipo ancestral definido para o grupo e outras com altas taxas de evolução, com a ocorrência de muitos rearranjos em um curto espaço de tempo, chamado de megaevolução cariotípica (Baker e Patton, 1967; Baker, 1967; Baker *et al.*, 1972; Patton e Baker, 1978; Baker e Bickham, 1980; Zima, 2000; Sotero-Caio *et al.*, 2013; Ribas *et al.*, 2015).

Alguns fatores parecem estar relacionados à taxa de evolução cromossômica de um grupo, tais como: tamanho da população, vagilidade, estrutura social, ambiente fragmentado e territorialismo (Bush *et al.*, 1977). Entretanto, os morcegos devido a sua alta vagilidade, deveriam apresentar baixas taxas de especiação, evolução cariotípica e morfológica. Aparentemente, outros fatores parecem atuar no caso de táxons com alta variabilidade e, levando-se também em consideração que cada táxon apresenta características diferentes em relação aos fatores determinantes discutidos acima para originar esta variabilidade.

Desde os primeiros estudos com citogenética de quirópteros brasileiros (Beçak *et al.*, 1968; Yonenaga *et al.*, 1969; Toledo, 1973) até a última revisão (Moratelli e Morielle-Versute, 2007), somente 60 espécies coletadas no Brasil apresentavam estudos cariotípicos e destas, apenas 15% eram oriundas dos estados do Amazonas e do Pará. Desta forma, os cariótipos de quirópteros da região da Amazônia brasileira, que ocupa 59% do território brasileiro, ainda

apresentam-se carentes de estudos. A Amazônia é reconhecida como a região de maior biodiversidade do planeta e contribui com a maior parte da diversidade de morcegos do Brasil, com aproximadamente 150 espécies, número ainda subestimado, pois dados para ocorrência e distribuição deste grupo estão disponíveis para menos de 25% da região (Bernard *et al.*, 2011; Reis *et al.*, 2013a).

A hibridização *in situ* fluorescente (FISH) com sondas teloméricas tem sido muito útil no entendimento da evolução cromossômica em mamíferos. Estas sequências foram inicialmente isoladas de clones de ADN repetitivo humano e sua composição e localização nos cromossomos são muito conservadas em vertebrados, indicando que estas sequências repetitivas formam os telômeros funcionais dos vertebrados (Moyzis *et al.*, 1988; Meyne *et al.*, 1989; Meyne *et al.*, 1990).

Os telômeros correspondem às regiões terminais dos cromossomos e são necessários para a replicação e a estabilidade dos cromossomos, sendo formados por sequências repetitivas em tandem ricas em guanina e associadas a proteínas (TTAGGG)<sub>n</sub> e diferem de outras sequências tanto em função, quanto em estrutura (Blackburn e Szostak, 1984; Blackburn, 1991). As sequências teloméricas podem estar localizadas também em outras regiões do cromossomo, chamadas de ITS (*interstitial telomeric sites*) e frequentemente são encontradas nas regiões pericentroméricas por ser um componente do ADN satélite de alguns mamíferos e poder estar associada aos blocos de heterocromatina constitutiva ou às regiões organizadoras de nucléolos (Meyne *et al.*, 1990; Garagna *et al.*, 1997; Liu e Fredga, 1999; Faria *et al.*, 2009; Swier *et al.*, 2012). As ITS podem significar alterações na composição e organização molecular de certos componentes cromossômicos ou rearranjos cromossômicos ocorridos ao longo da evolução de um organismo, como mudanças numéricas e estruturais nos cariótipos (Meyne *et al.*, 1990; Garagna *et al.*,

1995; Ono e Yoshida, 1997; Liu e Fredga, 1999; Finato *et al.*, 2000; Yonenaga-Yassuda, 2004; Swier *et al.*, 2012; Calixto *et al.*, 2014). Em alguns casos, espécies com cariótipos comprovadamente rearranjados não apresentam ITS ou porque perderam ao longo do tempo ou porque o número de cópias diminuiu muito e não podem ser detectadas (Garagna *et al.*, 1995; 1997).

Em quirópteros, cerca de vinte espécies brasileiras foram estudadas após FISH com sondas teloméricas e revelaram sinais terminais, centroméricos ou pericentroméricos, que podem estar relacionados aos remanescentes de rearranjos cromossômicos ou fazer parte da heterocromatina constitutiva e/ou de regiões organizadoras de nucléolos (Ono e Yoshida, 1997; Finato *et al.*, 2000; Faria *et al.*, 2002; Calixto *et al.*, 2014). Estes resultados têm mostrado a complexidade da composição do ADN repetitivo em quirópteros.

### **1.3 Filogenia e Filogeografia**

Outra abordagem que revolucionou o estudo da evolução e taxonomia foi a possibilidade de acessar dados genéticos pela análise de sequências de nucleotídeos, devido a rapidez e a quantidade de obtenção dos dados e a facilidade de interpretação destes dados. A filogeografia teve início no final dos anos 1980 e pode ser definida como o estudo dos princípios e processos governados pelas distribuições geográficas das linhagens genealógicas, ou seja, as relações entre geografia e genealogia (Avice *et al.*, 1987; Avice, 2004). Esta área abrange um conjunto de outras áreas de estudo da biodiversidade, que visa integrar as relações de linhagens intraspecíficas com sua distribuição geográfica ao longo da história destas linhagens (Turchetto-Zolet *et al.*, 2013).

Inicialmente, as inferências sobre os processos evolutivos intraespecíficos foram possíveis devido ao uso de sequências de ADN mitocondrial com características apropriadas como, rápida taxa de substituição nucleotídica, herança maternal não-recombinante e, por estarem presentes em todos os organismos eucariotos. Estas características permitem a reconstrução de relações filogenéticas através de homologias, considerando eventos mutacionais como evidência de ancestralidade e descendência entre haplótipos. Atualmente, com a inclusão de marcadores nucleares independentes, a utilização de métodos estatísticos, tornando-a mais quantitativa por incorporar a teoria de coalescência e as novas ferramentas para gerar modelos paleoecológicos e de paleoclimas, a filogeografia tem tido mais aplicações que outras disciplinas da Biologia (Sites e Morando, 2009).

Vários estudos esclareceram aspectos das relações filogenéticas em representantes de Phyllostomidae, Noctilionidae, Mormoopidae e Vespertilionidae com a utilização dos marcadores moleculares (Lewis-Oritt *et al.*, 2001a; 2001b; Ruedi e Mayer, 2001; Hooper e Van Den Bussche, 2003; Hoffman e Baker, 2003; Teeling *et al.*, 2005; Datzmann *et al.*, 2010; Clare *et al.*, 2011).

Os primeiros estudos com filogeografia de morcegos mostraram uma variação genética menor que a de mamíferos terrestres (Ditchfield, 2000), corroborando um dos padrões filogeográficos descritos, em que organismos com grande vagilidade apresentam ausência de diferenciação geográfica e baixa variabilidade (Avice *et al.*, 1987). Recentemente, embora ainda poucos estudos filogeográficos tenham sido realizados com morcegos sul-americanos, vários padrões têm sido encontrados com base nestes padrões já descritos. Algumas espécies analisadas com genes mitocondriais apresentam pouca diferenciação geográfica, com indivíduos de localidades muito distantes compartilhando haplótipos, enquanto outras espécies têm mostrado padrões de diferenciação genética intraespecíficos com linhagens

alopátricas e alta divergência (Larsen *et al.*, 2007; Redondo *et al.*, 2008; Marchesin *et al.*, 2008; Martins *et al.*, 2009; Pavan *et al.*, 2011). Estes resultados indicam que outros fatores, além da alta vagilidade podem influenciar na formação destes padrões em quirópteros. Estudos com marcadores nucleares também mostraram padrões diferentes dos encontrados com marcadores mitocondriais (Martins *et al.*, 2009).

#### **1.4 Justificativa**

Várias espécies de quirópteros estão envolvidas no ciclo de zoonoses no Brasil e no mundo. A caracterização citogenética das espécies que ocorrem na Amazônia brasileira e o estudo de suas relações filogenéticas e filogeográficas com outras populações no Brasil contribuirão para aumentar o conhecimento taxonômico e sistemático desses quirópteros, o que é de grande importância no entendimento dos complexos ciclos dessas zoonoses. Apesar de ser uma das ordens mais ricas em espécies, os quirópteros assim como a maioria dos mamíferos, são relativamente pouco estudados no Brasil, e sua diversidade ainda é subestimada, com muitas espécies ainda sendo descritas. Dentro desse panorama, a região Amazônica é uma das menos estudadas, principalmente em relação ao complemento cromossômico das espécies do grupo.

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 Objetivo Geral

O objetivo deste trabalho é levantar na literatura as principais espécies de quirópteros envolvidas no ciclo de zoonoses no Brasil e, a partir destes dados, analisar os cariótipos e as relações filogenéticas e filogeográficas de espécies selecionadas em algumas localidades da região Amazônica, visando fornecer dados para o maior conhecimento destas espécies na região.

### 2.2 Objetivos Específicos

Os objetivos específicos deste estudo incluem:

- levantar por pesquisa bibliográfica as principais espécies de quirópteros brasileiros que atuam como hospedeiros de zoonoses no Brasil;
- descrever o cariótipo de *Cormura brevirostris* do Brasil, usando coloração convencional e bandeamento-CBG, e analisar suas relações filogenéticas usando os marcadores mitocondriais, citocromo b (*mt-Cytb*) e citocromo oxidase c subunidade I (*mt-Co1*) e nuclear, DEAD box RNA helicase Y (*Dby*);
- caracterizar a variação cariomorfotípica em *Rhinophylla pumilio*, por coloração convencional, técnicas de bandeamentos clássicos e moleculares de FISH telomérica, e inferir suas relações filogenéticas;
- caracterizar os cariótipos com coloração convencional, bandeamentos clássicos e moleculares de FISH telomérica de 35 espécies de quirópteros de 12 localidades na Amazônia, e comparar com os cariótipos descritos para outras regiões, além de avaliar as relações filogenéticas e filogeográficas de espécies selecionadas e populações das diferentes localidades de coleta usando como marcadores os genes *mt-Cytb* e *mt-Co1*.

### 3 RESULTADOS

#### 3.1 CAPÍTULO I: Quirópteros Hospedeiros de Zoonoses no Brasil

##### 3.1.1 Introdução

A ordem Chiroptera é composta por 20 famílias, 202 gêneros e pelo menos 1200 espécies, correspondendo a aproximadamente  $\frac{1}{4}$  das espécies de mamíferos (Simmons, 2005). No Brasil ocorrem nove famílias, 68 gêneros e 179 espécies, ocupando todos os domínios morfoclimáticos brasileiros e áreas urbanas (Paglia *et al.*, 2012; Dias *et al.*, 2013; Reis *et al.*, 2013a; Nogueira *et al.*, 2014).

Os quirópteros ocupam os mais variados nichos ecológicos e apresentam a maior variação morfológica dentre os mamíferos, com modificações para muitos hábitos alimentares (Koopman, 1994; Peracchi *et al.*, 2011). Assim, são importantes no controle populacional de insetos, na dispersão de sementes e na polinização de muitas espécies vegetais, sendo essenciais para a integridade de vários ecossistemas (Reis *et al.*, 2007a). Esta diversidade no uso do habitat e na dieta, aliada a ampla distribuição geográfica, capacidade de vôo, grande vagilidade, formação de colônias, hibernação, comportamentos sociais e adaptação a ambientes antrópicos, facilita o envolvimento dos morcegos como reservatórios naturais de agentes etiológicos, facilitando a manutenção e dispersão dos agentes (Food and Agricultural Organization of the United Nations, 2011).

Os morcegos estão associados a zoonoses causadas por vários tipos de agentes etiológicos como protozoários, vírus, bactérias e fungos (Ministério da Saúde, 1998). O envolvimento dos morcegos como reservatórios de protozoários é relatado desde o século passado. O protozoário do gênero *Plasmodium*, causador da malária, infecta morcegos das famílias Pteropodidae e Rhinolophidae na África

(Curotto *et al.*, 2012). Entre os animais silvestres encontrados naturalmente infectados por tripanossomatídeos, os morcegos merecem atenção especial, pois algumas espécies são abundantes, bem adaptadas a ambientes antropizados e utilizam como abrigo áreas domiciliares, que podem ser compartilhados com triatomíneos. Além disso, as colônias de morcegos eventualmente trocam de abrigo, constituindo-se, assim, em possíveis elementos de dispersão de tripanossomíases (Fabian, 1991; Jansen e Roque, 2010). Morcegos de diferentes famílias, gêneros e hábitos alimentares têm sido relatados na literatura infectados por pelo menos 30 espécies de tripanossomatídeos (Marinkelle, 1976; Molyneux, 1991).

Mais recentemente, o envolvimento de morcegos com vírus que causam doenças ao homem, animais domésticos e silvestres têm sido documentados com vírus das famílias Arenaviridae, Bunyaviridae, Coronaviridae, Flaviviridae, Herpesviridae, Orthomyxoviridae, Paramyxoviridae, Picornaviridae, Reoviridae, Rhabdoviridae e Togaviridae (Dobson, 2005; Bennett, 2006; Halpin *et al.*, 2007; Kuzmin *et al.*, 2011). Mais de 70 espécies de quirópteros, de 10 famílias, foram identificadas como portadoras desses vírus, responsáveis por muitas doenças infecciosas emergentes (Calisher *et al.*, 2006).

Na Ásia e Austrália, os vírus Nipah, Hendra e Menangle foram encontrados em quatro espécies de morcegos frugívoros do gênero *Pteropus* (Pteropodidae), causando síndromes respiratórias ou neurológicas graves em humanos, cavalos e porcos, podendo levar à morte (Phylbey *et al.*, 1998; Love *et al.*, 2001; Hyatt *et al.*, 2004; Plowright *et al.*, 2011). Vírus da família Adenoviridae foram isolados em amostras de 23 espécies procedentes de países da Europa e Ásia e também de uma espécie de morcego hematófago, *Desmodus rotundus*, no Brasil (Lima *et al.*, 2013b).

Coronavírus foram isolados pela primeira vez em Hong Kong em três espécies de morcegos do gênero *Miniopterus* (Vespertilionidae; Poon *et al.*, 2009). Na China, os coronavírus causadores da SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*), que em 2002 e 2003 infectaram mais de 8000 pessoas, matando cerca de 10% em todo o mundo, foram encontrados em cinco espécies de *Rhinolophus* (Rhinolophidae [Lau *et al.*, 2005; Li *et al.*, 2005]). Posteriormente, no hemisfério ocidental, RNA de coronavírus foram detectados em amostras de seis espécies de Vespertilionidae na região do Colorado, nos Estados Unidos (Dominguez *et al.*, 2007; Osborne *et al.*, 2011), seis espécies de Phyllostomidae, duas de Molossidae, duas de Vespertilionidae e duas de Mormoopidae, no México (Anthony *et al.*, 2013; Góes *et al.*, 2013). Na América do Sul, duas espécies de Phyllostomidae e duas de Molossidae foram positivas para coronavírus (Carrington *et al.*, 2008; Góes *et al.*, 2013). Os vírus Ebola e Marburg, causadores de febre hemorrágica, foram detectados em quatro espécies de Pteropodidae, na África (Dobson, 2005; Leroy *et al.*, 2005; Woo *et al.*, 2006; Towner *et al.*, 2007). Mais recentemente, um novo vírus do gênero *Lyssavirus* foi isolado do cérebro de *Hipposideros commersoni* (Rhinolophidae; Kuzmin *et al.* 2010).

Além dos vírus, as bactérias patogênicas ao homem dos gêneros *Pasteurella*, *Salmonella*, *Escherichia* e *Yersinia* também foram encontradas em morcegos (Klite e Kourani, 1965; Souza *et al.*, 1999; Mühldorfer, 2013). Algumas bactérias dos gêneros *Bartonella*, *Borrelia* e *Leptospira* são importantes na epidemiologia de doenças humanas e de animais e parecem ser específicas de morcegos (Vayssier-Taussat *et al.*, 2009; Kosoy *et al.*, 2010; Lin *et al.*, 2012; Mühldorfer, 2012). Estas bactérias foram identificadas em espécies das famílias Phyllostomidae, Molossidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Vespertilionidae e Pteropodidae (Mühldorfer, 2012).

### **3.1.2 Material e Métodos**

Este trabalho foi baseado em pesquisa em diferentes bases bibliográficas, com o uso de diferentes conjuntos de palavras-chave (e.g., *Chiroptera*, *bats* e *Brazil* combinadas com *Chagas diseases*, *coronavirus*, *histoplasmosis*, *leishmaniasis*, *leptospira*, *rabies*, *rickettsias*, *trypanosomiasis*, etc). As seguintes bases foram consultadas: Base de dados Doenças Infecciosas e parasitárias, LILACS (Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde), MEDLINE (Literatura Internacional em Ciências da Saúde), Cidsaude e Repidisca; de Organismos Internacionais: PAHO (Acervo da Biblioteca da Organização Pan-Americana da Saúde e WHOLIS (Sistema de Informações da Biblioteca da OMS); textos completos; portais de teses e dissertações: TESESSP e Thesis; e LIS (Catálogo de sites em saúde Diretório de eventos) e *Google*. A pesquisa teve como data de término o ano de 2013 e a nomenclatura das espécies de morcegos segue Reis *et al.* (2013).

### **3.1.3 Resultados**

#### Zoonoses causadas por protozoários

Diferentes espécies do protozoário parasita do gênero *Trypanosoma* têm sido detectadas em diversas espécies de quirópteros, inclusive o *Trypanosoma cruzi*, restrito ao continente americano e agente causador da doença de Chagas (Chagas, 1909; Marinkelle, 1976). Esse protozoário pode infectar aproximadamente 180 espécies de mamíferos, incluindo o homem (Marcili *et al.*, 2009; Herrera, 2010).

A doença de Chagas é frequentemente transmitida através da picada de insetos hematófagos da subordem Triatominae (barbeiros) que sugam o sangue de seus hospedeiros mamíferos (Teixeira e Hecht, 2007). Esta doença de patologia grave é a terceira parasitose mais importante das Américas depois da malária e da

esquistossomose, sendo a doença endêmica mais letal do hemisfério ocidental (Coura e Dias, 2009; Teixeira, 2007). No Brasil, os quirópteros podem desempenhar importante papel na transmissão da doença de Chagas, por viverem próximos às casas ou nos sótãos das residências, podendo dividir estes abrigos com os barbeiros. No Pará, espécimes do barbeiro *Cavernicola pilosa*, infectados com tripanossomatídeos, foram encontrados co-habitando ocos de árvores com colônias de morcegos (Dias *et al.*, 1942) e no nordeste do Brasil, *Triatoma brasiliensis* foi encontrado associado a uma colônia de *Phyllostomus hastatus* (Pinto e Bento, 1986). Estima-se que os morcegos sejam infectados pelas fezes contaminadas dos vetores ou pela ingestão destes, servindo assim, como fonte de sangue contaminado para novos vetores (Thomas *et al.*, 2007).

A espécie *T. cruzi* foi detectada, até o momento, em 23 espécies de Emballonuridae, Phyllostomidae, Noctilionidae, Thyropteridae, Molossidae e Vespertilionidae, com indivíduos encontrados nas regiões Norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste. Deve-se destacar que *Artibeus planirostris* e *Phyllostomus hastatus* tem sido as espécies nas quais este protozoário tem sido mais frequentemente detectado nas localidades estudadas até o momento, nos estados do Pará, Mato Grosso do Sul, Goiás e Ceará (Figura 1). Os morcegos podem ser também reservatórios de outras espécies de *Trypanosoma*. Um exemplo é o *T. evansi*, causador do “Mal de Cadeiras”, doença grave que provoca uma série de sintomas até a paralis dos membros traseiros e a morte em cavalos (Silva *et al.*, 1995), e que no Pantanal brasileiro infecta animais domésticos e silvestres (Stevens *et al.*, 1989). *Trypanosoma evansi* foi detectado no município de Nhecolândia, estado do Mato Grosso do Sul, em espécies de morcegos dos gêneros *Artibeus*, *Carollia*, *Platyrrhinus*, da família Phyllostomidae, *Noctilio*, da família Noctilionidae e *Myotis*, da família Vespertilionidae (Herrera *et al.*, 2004; Tabela 1). Desta forma, os

estudos indicam que quirópteros mantêm e dispersam várias espécies de tripanossomos e variados genótipos do *T. cruzi* em praticamente todos os biomas brasileiros (Fabian, 1991; Lisboa *et al.*, 2008; Marcilli *et al.*, 2009; Cavazzana *et al.*, 2010).

Outro protozoário da família Trypanosomatidae capaz de infectar quirópteros é o parasita do gênero *Leishmania*, e embora os morcegos tenham contato com potenciais vetores e hospedeiros, poucos estudos foram realizados para investigar a participação destes animais na leishmaniose tegumentar e visceral nas Américas (Barnabe *et al.*, 2003; Savani *et al.*, 2010). A leishmaniose tegumentar, doença parasitária que acomete a pele e as mucosas, no Brasil é uma doença endêmica distribuída em todos os estados e seus agentes etiológicos são *Leishmania (Viannia) braziliensis*, *Leishmania (Leishmania) amazonensis* e *Leishmania (Viannia) guyanensis*. Já a leishmaniose visceral, doença crônica que pode apresentar complicações, levando ao óbito, no Brasil é considerada uma endemia em expansão geográfica causada pela espécie *Leishmania chagasi*. As duas formas da doença são transmitidas através da picada de insetos flebotomíneos do gênero *Lutzomyia* (Ministério da Saúde, 2004).

Em morcegos brasileiros, *Leishmania (L.) amazonensis* foi detectada nas espécies de Phyllostomidae *Artibeus lituratus*, *Glossophaga soricina* e *Sturnira lilium*; de Molossidae *Eumops aripendulus*, *Eumops glaucinus*, *Molossus molossus*, *Molossus rufus* e *Nyctinomops laticaudatus*; e de Vespertilionidae *Myotis nigricans*, todos na cidade de São Paulo. Indivíduos de *M. molossus* e *G. soricina* foram encontrados também infectados por *Leishmania (L.) infantum chagasi* (Savani *et al.*, 2010; Tabela 1). A detecção de morcegos infectados por estes parasitas na cidade de São Paulo é curiosa já que esta é uma área onde não há casos de leishmaniose visceral e onde são raros os casos de leishmaniose cutânea. Mais estudos são

necessários para determinar o papel dos quirópteros no ciclo da leishmaniose, sobretudo em áreas onde a doença é endêmica (Savani *et al.*, 2010).

Os tripanossomatídeos já foram isolados de quirópteros de sete famílias, 28 gêneros e 40 espécies no Brasil (Tabela 1). A família Phyllostomidae corresponde a 55% do total de espécies. Em seguida, vem Molossidae com 17,5%, Vespertilionidae com 15%, Noctilionidae com 5% e Emballonuridae, Mormoopidae e Thyropteridae, cada uma com 2,5% (Pinto e Bento, 1986; Lisboa *et al.*, 2008; Marcilli *et al.*, 2009; Cavazzana *et al.*, 2010; Nishimura e Ortêncio Filho, 2012). As espécies de morcegos envolvidas com estes parasitas apresentam hábitos alimentares diversificados. Os morcegos mais frequentemente detectados com *Trypanosoma* são *A. planirostris*, *C. perspicillata*, *Desmodus rotundus* e *P. hastatus*, infectados por quatro ou mais espécies do protozoário, em 14 estados de todas as regiões do Brasil (Figura 1). *Molossus molossus*, *G. soricina*, *A. lituratus*, *S. liliium*, *Molossus rufus* e *M. nigricans* também tem sido encontrados infectados por espécies de *Trypanosoma* e *Leishmania*, sendo as duas primeiras infectadas por *Leishmania (L.) amazonensis*, *Leishmania (L.) infantum chagasi* e *Trypanosoma cruzi* (Tabela 1).

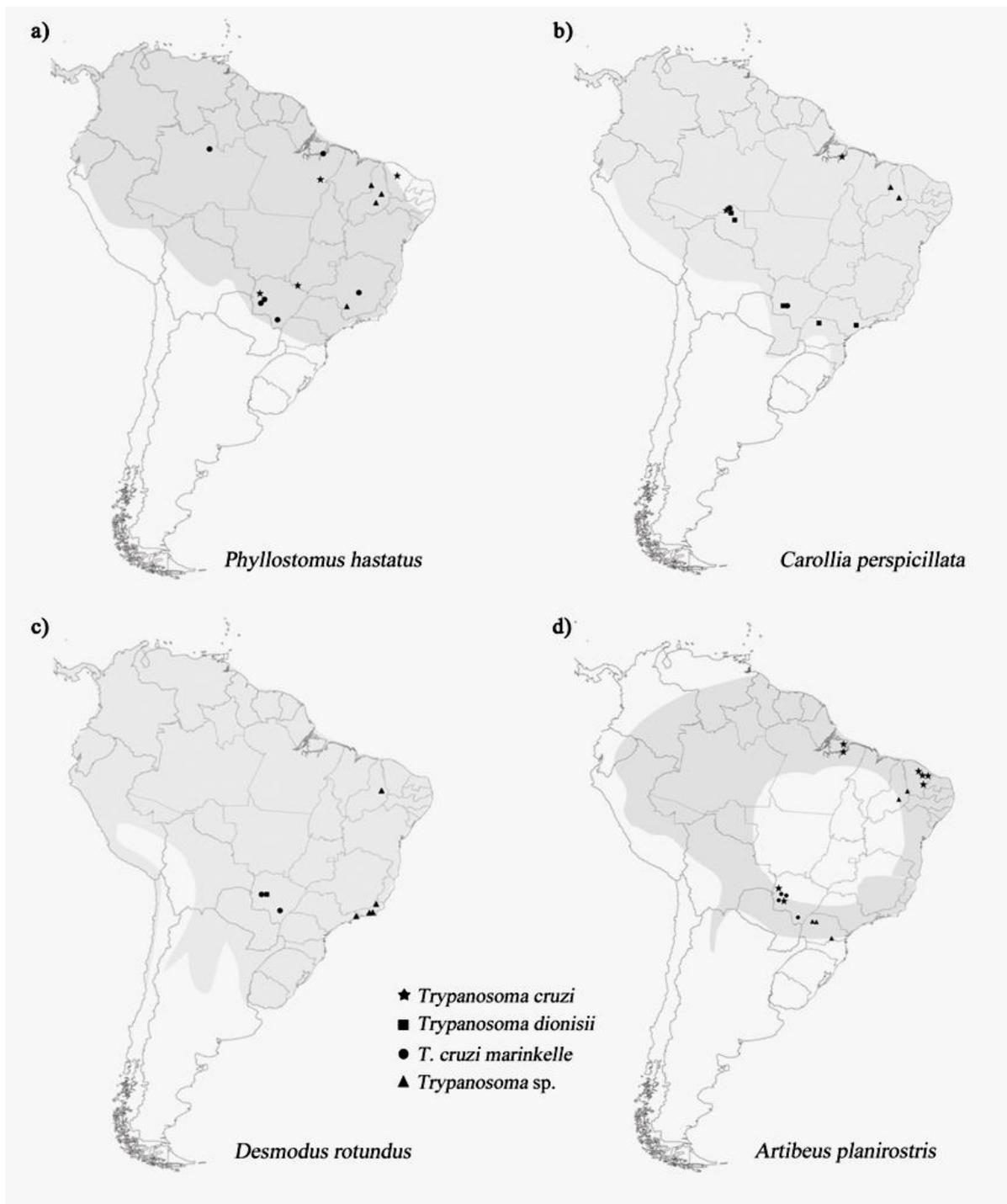


Figura 1– Distribuição e localidades de coleta de espécimes positivos para o protozoário do gênero *Trypanosoma* de: (a) *Phyllostomus hastatus*, (b) *Carollia perspicillata*, (c) *Desmodus rotundus*, (d) *Artibeus planirostris*.

Tabela 1- Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das tripanossomíases, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e a referência bibliográfica. Refs: 1= Barnabe *et al.* (2003), 2= Barros(2009), 3= Cavazzana *et al.*(2010), 4= Dias *et al.*(1942), 5= Fabian (1991), 6= Funayama e Barreto (1973), 7= Grisard *et al.*(2003), 8= Hamanaka e Pinto (1993), 9= Herrera *et al.*(2004), 10= Lisboa *et al.*(2008), 11= Maia da Silva *et al.*(2009), 12= Marcilli *et al.*(2009), 13= Nishimura e Ortêncio Filho (2012), 14= Pinto e Bento (1986), 15= Roque *et al.*(2008), 16= Roque *et al.*(2013), 17= Siqueira-Batista *apud* Herrera (2010), 18= Steindel *et al.*(1998), 19= Teixeira *et al.*(1993). Os estados brasileiros são **AM**= Amazonas, **BA**= Bahia, **CE**= Ceará, **GO**= Goiás, **MG**= Minas Gerais, **MS**= Mato Grosso do Sul, **PA**= Pará, **PI**= Piauí, **PR**= Paraná, **RJ**= Rio de Janeiro, **RO**= Roraima, **SC**= Santa Catarina, **SP**= São Paulo, **TO**= Tocantins.

Taxa	Agente Etiológico	Localidade	Refs.
<b>Emballonuridae</b>			
<i>Saccopteryx bilineata</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA</b> : Iha de Marajó	4, 17
<b>Phyllostomidae</b>			
<i>Anoura</i> sp.	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>SP</b> : São Bernardo do Campo	3
<i>Anoura geoffroyi</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI</b> : Canto do Buriti	14
<i>Artibeus fimbriatus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PR</b> : Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA</b> : Abaetetuba	16
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PR</b> : Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>CE</b> : Canindé, Quixadá, Russas, Limeira do Norte, Pereiro; <b>MS</b> : Bonito, Nhecolândia, <b>PA</b> : Cachoeira do Arari, Abaetetuba	5, 10, 15, 16
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>MS</b> : Miranda, Aquidauana, Bonito	3
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma rangeli</i>	<b>MS</b> : Bonito	11
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI</b> : Picos e São João do Piauí, <b>PR</b> : Tuneiras do Oeste, Cianorte	13, 14
<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PR</b> : Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Artibeus</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	<b>MS</b> : Nhecolândia	9
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>RO</b> : Porto Velho; <b>PA</b> : Belém, Abaetetuba	3, 4, 12, 16

Tab. 1 - Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidade	Refs.
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>RO:</b> Monte Negro, Porto Velho; <b>SP:</b> Piedade; <b>PR:</b> Londrina; <b>MS:</b> Bonito	3, 12
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>RO:</b> Monte Negro, Porto Velho; <b>MS:</b> Bonito	3, 12
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI:</b> Palmeirais, Picos	14
<i>Carollia</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	<b>MS:</b> Nhecolândia	9
<i>Chrotopterus aurita</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>AM:</b> Barcelos	3
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>T. cruzi marinkellei</i> , <i>T. dionisii</i>	<b>MS:</b> Miranda	3
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI:</b> Picos; <b>RJ:</b> Miracema, Paraty, Niterói, São Gonçalo, Maricá	2, 14
<i>Diphylla ecaudata</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>SP:</b> Bititiba Mirim	3
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA:</b> Ilha de Marajó, Belém	4, 17
<i>Lonchorhina aurita</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>RJ:</b> Miracema	2
<i>Hsunycteris thomasi</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	Amazônia	17
<i>Lophostoma silvicola</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>AM:</b> Barcelos	3
<i>Micronycteris megalotis</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA:</b> Ilha de Marajó	4, 17
<i>Platyrrhinus lineatus</i>	<i>Trypanosoma rangeli</i>	<b>MS:</b> Miranda	3, 11
<i>Platyrrhinus</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	<b>MS:</b> Nhecolândia	9
<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>AM:</b> Barcelos; <b>BA:</b> São Felipe; <b>CE:</b> Quixadá	1, 3, 5
<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI:</b> Castelo do Piauí	14
<i>Phyllostomus elongatus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA:</b> Ilha de Marajó	4, 17
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA:</b> Itupiranga; <b>GO:</b> Aporé; <b>MS:</b> Nhecolândia; <b>CE:</b> Canindé	1, 5, 10

Tab. 1 - Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidade	Refs.
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkelle</i>	<b>MS:</b> Aquidauana, Bonito; <b>AM:</b> Barcelos; <b>PA:</b> Abaetetuba; <b>MG:</b> Pedro Leopoldo	1, 3
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI:</b> Palmeirais, Picos, São João do Piauí; <b>MG:</b> Serrania, Pedro Leopoldo	8, 14, 19
<i>Phyllostomus</i> sp.	<i>Trypanosoma cruzi marinkelle</i>	<b>TO</b>	3
<i>Sturnira lilium</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA:</b> Abaetetuba	16
<i>Sturnira lilium</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>MS:</b> Miranda; <b>GO:</b> Campo Lindo; <b>PR:</b> Adrianópolis	3
<i>Sturnira lilium</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PR:</b> Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>AM:</b> Barcelos, <b>RO:</b> Porto Velho	3
<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI:</b> Palmeirais	14
<i>Tonatia bidens</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	<b>AM:</b> Barcelos	3
<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>RO:</b> Monte Negro	3
<b>Mormoopidae</b>			
<i>Pteronotus parnelli</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	<b>PI:</b> Canto do Buriti	14
<b>Noctilionidae</b>			
<i>Noctilio albiventris</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i> , <i>T. cruzi</i>	<b>MS:</b> Miranda	3, 12
<i>Noctilio leporinus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA:</b> Ilha de Marajó	4
<i>Noctilio</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	<b>MS:</b> Nhecolândia	9
<b>Molossidae</b>			
<i>Molossus molossus</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>RO:</b> Monte Negro	3

Tab. 1 - Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidade	Refs.
<i>Molossus molossus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	Amazônia	17
<i>Molossus rufus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	Amazônia; <b>PA</b> : Abaetetuba	16, 17
<i>Promops</i> sp.	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>MS</b> : Miranda	3
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>SP</b> : São Joaquim da Barra	6
<b>Thyropteridae</b>			
<i>Thyroptera tricolor</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>AM</b> : Barcelos	3, 12
<b>Vespertilionidae</b>			
<i>Eptesicus brasiliensis</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	<b>SP</b> : São Paulo e <b>TO</b>	3
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>PA</b> : Cachoeira do Arari	15
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Trypanosoma desterrensis</i>	<b>SC</b> : Florianópolis	7
<i>Eptesicus</i> sp.	<i>Trypanosoma</i> sp., <i>T. cruzi</i>	<b>SC</b> : Florianópolis; <b>PA</b> : Cachoeira do Arari	10, 18
<i>Myotis nigricans</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i> , <i>T. cruzi</i>	<b>SP</b> : São Paulo; <b>MS</b> : Miranda;	3, 12
<i>Myotis albescens</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i> , <i>T. cruzi</i>	<b>MS</b> : Miranda; <b>SP</b> : São Paulo, Juquitiba	3, 12
<i>Myotis levis</i> , <i>M. ruber</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	<b>SP</b> : São Paulo	3, 12
<i>Myotis</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	<b>MS</b> : Nhecolândia	9

## Zoonoses causadas por vírus

A raiva causada pelos vírus do gênero *Lyssavirus* é a doença mais conhecida transmitida pelos morcegos. Das 14 espécies conhecidas de *Lyssavirus*, os morcegos são reservatórios e vetores de 12 (Freuling *et al.*, 2011; Marston *et al.*, 2012; Picard-Meyer *et al.*, 2012; World Health Organization, 2013). Desde o início do século passado foi sugerido que o morcego hematófago *D. rotundus* era transmissor da raiva (Carini, 1911 *apud* Kotait *et al.*, 1998). Atualmente, *D. rotundus* é considerado o mais importante reservatório e vetor desta doença, apesar do aumento de identificação do vírus da raiva em morcegos não hematófagos, devido ao maior número de estudos realizados nesses animais e à maior divulgação dos casos na mídia (Kotait *et al.*, 1998; Passos *et al.*, 1998; Cunha *et al.*, 2005; Batista *et al.*, 2007). No estado de São Paulo, a espécie frugívora *A. lituratus* e a insetívora *M. nigricans*, são as mais comumente encontradas com o vírus rábico (Cunha *et al.*, 2006; Queiroz *et al.*, 2009; Sodr e *et al.*, 2010).

Esta doença causa encefalite aguda em mamíferos, inclusive no homem, e é transmitida pela saliva de animais infectados principalmente através da mordedura, sendo fatal em praticamente 100% dos casos (World Health Organization, 2013). O vírus da raiva é mantido por ciclos inter-relacionados, o ciclo urbano (em cães e gatos domésticos), o ciclo silvestre (em animais silvestres das famílias Canidae, Procyonidae, Mustelidae, Felidae, Didelphidae e Cebidae, e em morcegos), e o ciclo rural (em herbívoros). Estudos mostraram uma grande diversidade de variantes do vírus da raiva circulando entre os morcegos que ocorrem no Brasil, com a possibilidade destas variantes virais serem espécies-específicas (Kobayashi *et al.*, 2005; 2007). No Brasil foram isolados vírus da raiva em 41 espécies de morcegos, número que corresponde a 24% das espécies registradas no país. Desse total, 44% são espécies da família Phyllostomidae, 29% de Vespertilionidae e 27% de

Molossidae (Sodré *et al.*, 2010; Albas *et al.*, 2011a; 2011b; Almeida *et al.*, 2011a; 2011b; Tabela 2). Indivíduos infectados de *Desmodus rotundus* foram encontrados em estados de todas as regiões do Brasil. Essa é a espécie alvo do Programa Nacional de Controle da Raiva em Herbívoros (PNCRH), o que a torna a mais pesquisada. (Figura 2). As espécies *A. lituratus*, *M. molossus* e *N. laticaudatus* também apresentaram indivíduos infectados em várias regiões do Brasil, sendo a maioria em São Paulo (Figura 2).

Em 2007 foi descrito pela primeira vez nas Américas, no estado do Colorado, EUA, um coronavírus (*Alphacoronavirus*) de morcego (*Rock Mountain Bat Coronavirus*) nas espécies insetívoras *Eptesicus fuscus* e *Myotis occultus* (Dominguez *et al.*, 2007). Em 2008 uma nova cepa de *Alphacoronavirus* foi identificada em *D. rotundus* no estado de São Paulo (Brandão *et al.*, 2008). A detecção de um coronavírus em um morcego hematófago representa um potencial problema de saúde pública já que este patógeno pode causar doenças ao homem, caso haja uma mudança de hospedeiro, como ocorreu na China no caso da SARS (Brandão *et al.*, 2008). Recentemente, outros *Alphacoronavirus* foram detectados em *M. molossus* e *Tadarida brasiliensis* em Porto Alegre, Rio Grande do Sul (Lima *et al.*, 2013b), em *C. perpicillata*, *Carollia brevicauda*, *M. rufus* e *Molossus currentium*, no nordeste do Brasil (Corman *et al.*, 2013). Novo alfacoronavírus foi detectado em um indivíduo de *M. molossus* e um de *M. rufus* coletados em área urbana no noroeste do estado de São Paulo (Góes *et al.*, 2013; Tabela 2).

Outros vírus detectados em morcegos no Brasil incluem o vírus Mapuera, um membro do gênero *Rubulavirus*, isolado das glândulas salivares do morcego frugívoro *S. liliium* da família Phyllostomidae (Henderson *et al.*, 1995), e o vírus Mojuí dos Campos, um membro do gênero *Bunyavirus*, isolado de um quiróptero não identificado em Mojuí dos Campos, estado do Pará (Wanzeller *et al.*, 2002). Estudo

recente descreveu a primeira detecção de *Mastadenovirus* (Adenoviridae) em *D. rotundus*, no estado do Rio Grande do Sul (Lima *et al.*, 2013a). Em 2012 foram coletados dois indivíduos de *Diphylla ecaudata* e um indivíduo de *Anoura caudifer* infectados com o hantavírus Araraquara-like em Biritiba-Mirim, no estado de São Paulo (Araújo *et al.*, 2012). Hantavírus em tecidos de morcegos já foram registrados na Coréia e na África em duas espécies da família Vespertilionidae e uma de Rhinolophidae (Kim *et al.*, 1994; Sumibcay *et al.*, 2012).

#### Zoonoses causadas por bactérias

A leptospirose, doença causada pela bactéria do gênero *Leptospira*, é transmitida pela urina de roedores e outros animais silvestres e domésticos infectados. A disseminação da doença é facilitada pelo contato da mucosa da pele lesada com solo úmido ou água estagnada, ou através de contato direto com os animais infectados (Ministério da Saúde, 2004). Esta bactéria foi encontrada em morcegos não identificados, no estado do Mato Grosso (Lins *et al.*, 1986). Anticorpos anti-*Leptospira* foram também detectados em *D. rotundus* no estado de São Paulo (Zetun *et al.*, 2009). Estudos realizados nos municípios de Jundiá e São Paulo, onde casos de leptospirose são comuns, detectaram a presença de antígenos em tecido renal de 2 a 3% de morcegos das espécies *A. lituratus*, *G. soricina*, *P. lineatus*, *M. molossus* e *M. rufus* (Bessa *et al.*, 2010; Tabela 3).

Os morcegos também podem ser hospedeiros silvestres de riquettsias, bactérias causadoras da febre maculosa brasileira, cujo vetor é o carrapato das espécies *Amblyomma cajennense* e *Amblyomma aureolatum* (Pinter e Labruna, 2006). Esta é uma das doenças mais graves causadas por bactérias, por apresentar alta letalidade e quase sempre se apresentar de forma epidêmica, acometendo membros de uma mesma família e/ou comunidade (Milagres, 2010). Soropositividade para *R. rickettsii*, *R. parkeri*, *R. amblyommii* e *R. rhipicephali* foi

detectada em 11 espécies de morcegos na cidade de São Paulo, com 46 indivíduos, dentre 451 examinados, reativos a pelo menos um antígeno. As espécies positivas nesse estudo foram *A. lituratus* e *P. Lineatus*, de Phyllostomidae, *Eumops perotis*, *E. auripendulus*, *M. molossus*, *M. rufus*, *Nyctinomops macrotis*, *N. laticaudatus* e *T. brasiliensis*, de Molossidae, e *Histiotus velatus* e *M. Nigricans*, de Vespertilionidae (D'Auria *et al.*, 2010). Das sete espécies de *Rickettsia* que ocorrem no Brasil (Labruna, 2009), três são patogênicas para o ser humano. *Rickettsia rickettsii* é a causadora da febre maculosa (Dumler e Walker 2005, Labruna *et al.*, 2009) e *Rickettsia parkeri* e *Rickettsia amblyommii* causam outras doenças nos Estados Unidos e no Uruguai (Paddock, 2005; Apperson *et al.*, 2008; Tabela 3).

Treze espécies de quirópteros já foram relatadas infectadas por bactérias no Brasil, sendo 54% das espécies envolvidas da família Molossidae, 31% de Phyllostomidae e 15% de Vespertilionidae. As espécies *A. lituratus*, *P. lineatus*, *M. molossus* e *M. rufus* apresentam infecções por *Leptospira* e *Rickettsia*, sendo todos os casos registrados até o momento no estado de São Paulo, a maioria na cidade de São Paulo (Tabela 3).

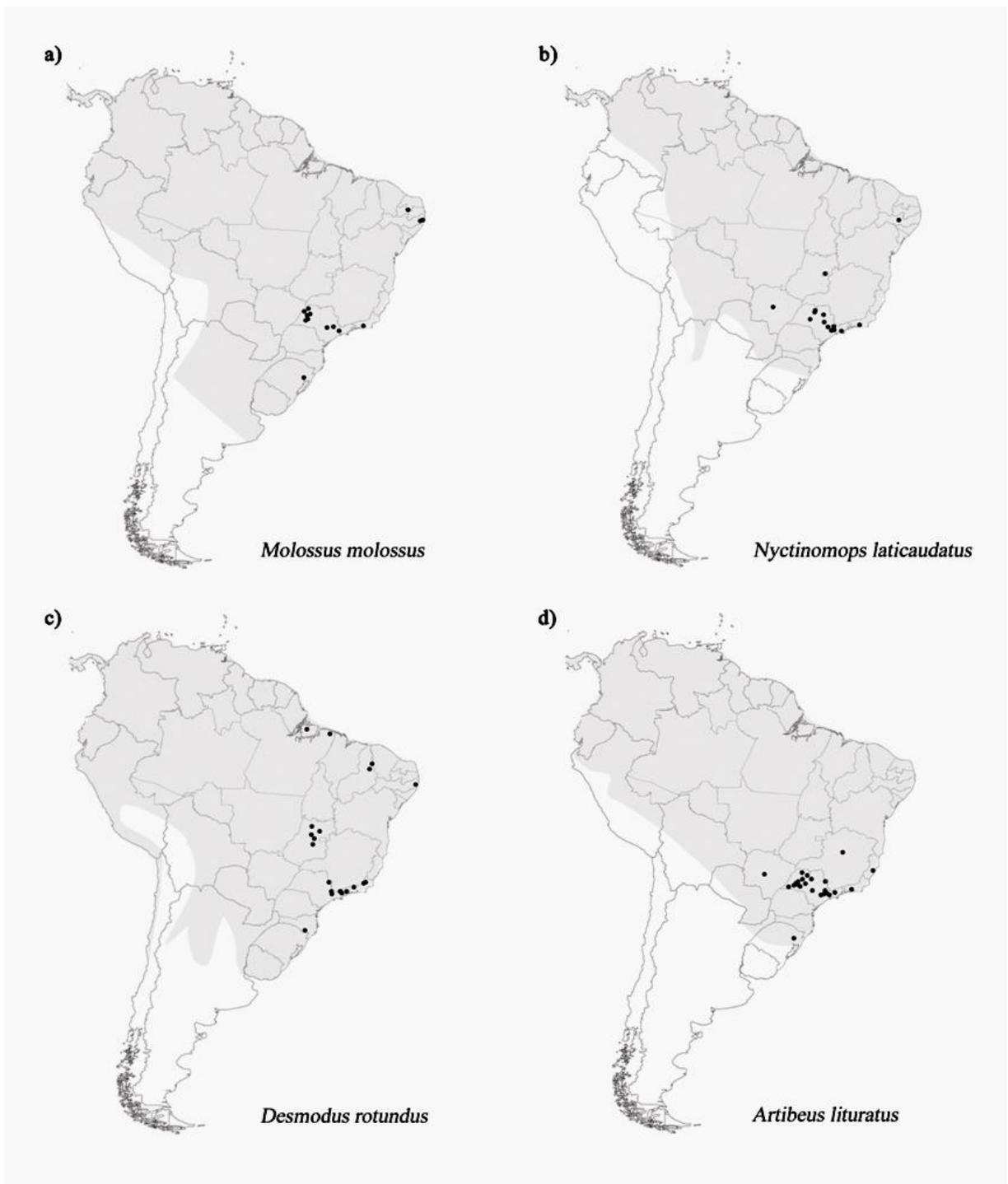


Figura 2 – Distribuição e localidades de coleta de espécimes positivos para o vírus do gênero *Lyssavirus* de: (a) *Molossus molossus*, (b) *Nyctinomops laticaudatus*, (c) *Desmodus rotundus*, (d) *Artibeus lituratus*.

Tabela 2 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas por vírus, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e as referências bibliográficas (Refs.). Os estados brasileiros são **DF**= Distrito Federal, **ES**= Espírito Santo, **GO**= Goiás, **MG**= Minas Gerias, **MS**= Mato Grosso do Sul, **PA**= Pará, **PB**= Paraíba, **PE**= Pernambuco, **RJ**= Rio de Janeiro, **RS**= Rio Grande do Sul, **SC**= Santa Catarina, **SP**= São Paulo. 1=Albas *et al.*(2009) 2= Albas *et al.*(2011a) 3= Albuquerque *et al.*(2012), 4= Allendorf *et al.*(2011), 5= Almeida *et al.*(2011b), 6= Almeida *et al.*(2011a), 7=Amorim (1970), 8= Araújo *et al.*(2012), 9= Barbosa *et al.*(2007b), 10= Bordignon *et al.*(2005), 11=Brandão *et al.*(2008), 12= Cabral *et al.*(2012), 13= Carneiro *et al.*(2009), 14= Carvalho *et al.*(2011), 15= Castilho *et al.*(2008) 16= Castilho *et al.*(2010), 17= Corman *et al.*(2013), 18= Cunha *et al.*[1998 *apud* Sodr  et al.(2010)], 19=Cunha *et al.* (2005), 20= Cunha *et al.* (2006), 21=Dantas-Torres *et al.*(2005), 22= Deus *et al.*(2003), 23= Ferraz *et al.* (2007), 24= Henderson *et al.*(1995), 25= Kobayashi *et al.* (2007), 26= Langoni *et al.*(2005), 27= Lima *et al.*(2013a), 28= Lino *et al.*(2008), 29= Massunaga *et al.*(2003 *apud* Sodr  et al. (2010), 30= Martorelli *et al.*(1995), 31= Martorelli *et al.* (1996), 32= Oliveira *et al.*(2010), 33= Pacheco *et al.*(2010), 34= Passos *et al.*(1998), 35= Queiroz *et al.*(2009), 36= Rosa *et al.*(2011), 37= Sato *et al.*(2006), 38= Schaefer *et al.*(2005), 39= Silva *et al.*(1999), 40= Silva *et al.*(2007), 41= Silva *et al.*(2008), 42= Silva *et al.*(2011), 43= Sodr  et al.(2007), 44= Sodr  et al.(2010), 45= Souza *et al.*[1998 *apud* Sodr  et al.(2010)], 46= Souza *et al.*(2008), 47= Tomaz *et al.*(2007), 48= Uieda *et al.*(1995), 49= Uieda (1998), 50= Vieira *et al.*(2010), 51= Vieira *et al.*(2013).

Taxa	Agente Etiol�gico	Localidades	Refs.
<b>Phyllostomidae</b>			
<i>Anoura caudifer</i>	<i>Lyssavirus</i> sp.	N�o encontrada	44
	<i>Hantavirus</i>	<b>SP</b> : Biritiba-Mirim	8
	Araraquara-like		
<i>Anoura geoffroyi</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	N�o encontrada	44
<i>Artibeus fimbriatus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>MS</b> : Campo Grande; <b>RJ</b> : Rio de Janeiro; <b>SP</b> : S�o Jos� do Rio Preto, Monte Castelo, Valpara�so	1,12, 14, 19, 22, 25, 46
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>ES</b> : Vit�ria; <b>MG</b> : Montes Claros; <b>MS</b> : Campo Grande; <b>RJ</b> : Rio de Janeiro; <b>RS</b> : Dois Irm�os; <b>SP</b> : Ara�atuba, Dracena, Itapira, Novo Horizonte, S�o Jos� do Rio Preto, Vargem Grande Paulista	5, 9, 12, 13, 18, 22, 25, 33, 35, 51
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP</b> : �lvares Machado, Botucatu, Cotia, Dracena, Jacare�, Jundia�, Junqueir�polis, Martin�polis, Oswaldo Cruz, Pres. Prudente, Santo Andr�, S�o Jos� do Rio Preto, S�o Paulo, Teodoro Sampaio, Votuporanga	1, 5, 18, 26, 45
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP</b> : S. Jos� do Rio Preto, Tupi Paulista	1, 9

Tab. 2 - Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidades	Refs.
<i>Artibeus</i> sp.	<i>Lyssavirus</i> sp.	<b>RJ:</b> Paracambi, Mesquita; <b>PA:</b> Anajás	25, 41
<i>Carollia brevicauda</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Itapira; <b>GO:</b> Niquelândia; <b>SP:</b> Araçatuba, Valparaíso	6, 14, 47
	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Carollia</i> sp.	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>PA:</b> Anajás	41
<i>Chrotopterus auritus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>GO:</b> Cocalzinho de Goiás, Guapó, Uruaçu, Niquelândia, Nova Iguaçu de Goiás	37
	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>PA:</b> Anajás, Augusto Corrêa; <b>PE:</b> Olinda; <b>PI:</b> São Miguel Tapuio, Buriti dos Montes	9, 16, 21, 41
	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>RJ:</b> Quissamã, Valença, Laje do Muriaé, Itaperuna; <b>SC:</b> São Joaquim	10, 25, 37, 50
	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Ubatuba, Taubaté, Pindamonhangaba, Lindóia, São José do Barreiro, Tambaú, Guarulhos, Santa Branca, Jundiá, Pindamonhangaba, Taubaté	6, 9, 23, 25, 37
	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	<b>SP</b>	11
<i>Diaemus youngi</i>	<i>Lyssavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Diphylla ecaudata</i>	<i>Lyssavirus</i> sp.	Não encontrada	44
	<i>Hantavirus</i>	<b>SP:</b> Biritiba-Mirim	8
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> São Paulo, Presidente Prudente	2, 43
<i>Lonchorrhina aurita</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Lophostoma brasiliense</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44

Tab. 2 - Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidades	Refs.
<i>Micronicteris megalotis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Platyrrhinus lineatus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP</b>	6
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Sturnira lilium</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP</b>	6
<i>Sturnira lilium</i>	Vírus <i>Mapuera</i>	Amazônia	24
<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>PA:</b> Ponte	9
<b>Molossidae</b>			
<i>Cynomops abrasus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Norte e noroeste	20
<i>Cynomops planirostris</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Araçatuba	35
<i>Cynomops</i> sp.	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Ribeirão Preto	32
<i>Eumops auripendulus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Norte e noroeste	6
<i>Eumops glaucinus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Araçatuba	35
<i>Eumops perotis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Ribeirão Preto	6
<i>Molossops neglectus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> São Paulo	36
<i>Molossus currentinum</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Molossus molossus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>PB:</b> Patos; <b>PE:</b> Moreno, Recife; <b>RJ:</b> Rio de Janeiro; <b>RS;</b> <b>SP:</b> Araçatuba, 1,2,3,12,14,25, Botucatu, Campinas, Ilha Solteira, Jales, Oswaldo Cruz, Pres. Prudente, São Paulo, Valparaíso	32 35,36,38,42,48
<i>Molossus molossus</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	<b>RS:</b> Porto Alegre	27

Tab. 2 -. Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidades	Refs.
<i>Molossus rufus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Araçatuba, Paulicéia, Penápolis, Ribeirão Preto, S. José do Rio Preto, Valparaíso	1,14,32,35,39
<i>Molossus rufus</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Nyctinomops laticaudatus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>DF:</b> Brasília; <b>MS:</b> Campo Grande; <b>PE;</b> <b>RJ:</b> Rio de Janeiro; <b>SP:</b> Campinas, Guarulhos, Ipiranga, Joanópolis, Mauá, Marília, Ribeirão Preto, Rio Claro, São Sebastião, S. José do Rio Preto	12, 22, 25, 29, 32, 40, 42, 48
<i>Nyctinomops macrotis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Diadema, São Paulo	6, 34, 48
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>RJ:</b> Rio de Janeiro; <b>RS;</b> <b>SP:</b> Botucatu, Jundiaí, Mogi das Cruzes, Salesópolis, São Paulo, Socorro	6, 25, 32, 38, 49
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	<b>RS:</b> Porto Alegre	27
<b>Vespertilionidae</b>			
<i>Eptesicus brasiliensis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Guarulhos	6
<i>Eptesicus diminutus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> São José do Rio Preto	18
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>PE:</b> Moreno	3
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Araçatuba, Barretos, Campinas, Capivari, Catanduva, Espírito Santo do Pinhal, Jundiaí, Marília, Olímpia, Presidente Prudente, Ribeirão Preto, São José do Rio Preto	1,2,5, 25,32, 35
<i>Eptesicus</i> sp.	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Jundiaí	6

Tab 2 - Continuação

Taxa	Agente Etiológico	Localidades	Refs.
<i>Histiopus velatus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>MG:</b> Belo Horizonte; <b>SC;</b> <b>SP:</b> Mairinque, Ribeirão Pires, São Paulo, Vargem 6, 7, 32 Gde Paulista	
<i>Lasiurus blossevilli</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Araçatuba, Jundiaí, Presidente Prudente	2, 6, 31, 35
<i>Lasiurus cinereus</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Garça, Itu, São Paulo	6, 32
<i>Lasiurus ega</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Araçatuba, Cotia, Dracena, Franca, Panorama, Pres. Prudente, Rib. Preto, Santo André	1,2,4,6,21,28,3 2,35
<i>Lasiurus egregius</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Myotis albescens</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	Não encontrada	44
<i>Myotis levis</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP</b>	44
<i>Myotis nigricans</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>MS:</b> Campo Grande	22
	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Águas de Lindóia, Araçatuba, Caçapava, Campinas, Jundiaí, Itapeçerica da Serra, Mauá, Nova Canaã Paulista, Paraguaçu Paulista, Presidente Prudente, Ribeirão Pires, Ribeirão Preto, São Paulo, Santo André, Taboão da Serra	1, 2, 6, 30, 32,35
<i>Myotis riparius</i>	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> São Paulo	36
<i>Myotis</i> sp.	<i>Lissavirus</i> sp.	<b>SP:</b> Santo André	6

## Zoonoses causadas por fungos

Dentre as doenças causadas por fungos relacionadas a morcegos, a histoplasmose é a mais importante. Seu agente etiológico é o *Histoplasma capsulatum*, cujos esporos são encontrados em solo contendo fezes de aves e morcegos em todo o mundo (Emmons, 1948; Hoff e Bigler, 1981). O homem adquire a infecção através da inalação desses esporos. Os morcegos formam colônias em cavernas, buracos de árvores, fendas em pedras, além de sótãos e forros de telhados de casas em áreas rurais e urbanas (Reis *et al.*, 2007a; Peracchi *et al.*, 2011), criando condições de umidade e temperatura adequadas para o crescimento deste fungo, que pode persistir no ambiente por longos períodos de tempo (Ferreira e Borges, 2014). Na maioria dos casos a doença é assintomática, mas em pessoas imunodeprimidas pode ser fatal (Emmons, 1948; Hoff e Bigler, 1981; Taylor *et al.*, 1999; Ministério da Saúde, 2004; Daher *et al.*, 2007).

Nas Américas, o fungo *H. capsulatum* foi isolado em 19 gêneros de morcegos das famílias Phyllostomidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Natalidae, Molossidae e Vespertilionidae (Hoff e Bigler, 1981; Taylor *et al.*, 1999). No Brasil, *H. capsulatum* foi isolado nas espécies *P. hastatus* (Phyllostomidae), na região do Distrito Federal, em Brasília (Schmidt *et al.*, 1973) e de *E. glaucinus*, *M. molossus*, *M. rufus*, *N. macrotise* *T. brasiliensis* (Molossidae) no estado de São Paulo (Dias *et al.*, 2011; Tabela 4). O fungo patogênico *Coccidioides posadasii*, que causa a coccidioidomicose, uma infecção séria que acomete homens e animais, foi identificado em três espécies da família Phyllostomidae, *C. perspicilata*, *D. rotundus* e *G. soricina*, no estado do Ceará (Cordeiro *et al.*, 2012; Tabela 4). Outros fungos patógenos oportunistas foram detectados em excretas de morcegos, como espécies dos gêneros *Candida* e *Cryptococcus* em *M. molossus* e em *G. soricina* (Matos *et al.*, 1989) e *Candida*, *Cryptococcus*, *Aspergillus*, *Rhodotorula*, *Microsporium* e

*Penicillium*, em *A. lituratus*, todas no estado de São Paulo (Tencate *et al.*, 2010;Tabela 4).

Tabela 3 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas pelas bactérias, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e as referências bibliográficas (Refs.). O estado brasileiro é **SP**= São Paulo. 1= Bessa *et al.* (2010), 2= D'Auria *et al.*(2010), 3= Zetun *et al.* (2009).

Taxa	Agente etiológico	Localidade	Refs.
<b>Phyllostomidae</b>			
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Rickettsia rickettsii</i> , <i>Rickettsia parkeri</i> , <i>Rickettsia amblyommii</i>	SP: São Paulo	2
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Leptospira</i> spp.	SP: São Paulo	1
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Leptospira</i> spp.	SP: Botucatu	3
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Leptospira</i> spp.	SP: São Paulo	1
<i>Platyrrhinus lineatus</i>	<i>Leptospira</i> spp.	SP: São Paulo	1
<i>Platyrrhinus lineatus</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i> , <i>R. amblyommii</i> , <i>Rickettsia rhipicephali</i>	SP: São Paulo	2
<b>Molossidae</b>			
<i>Eumops auripendulus</i>	<i>R. rickettsii</i>	SP: São Paulo	2
<i>Eumops perotis</i>	<i>R. parkeri</i>	SP: São Paulo	2
<i>Molossus molossus</i>	<i>Leptospira</i> spp.	SP: São Paulo	1
<i>Molossus molossus</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i> , <i>R. amblyommii</i> , <i>R. rhipicephali</i>	SP: São Paulo	2
<i>Molossus rufus</i>	<i>Leptospira</i> spp.	SP: Jundiaí	1
<i>Molossus rufus</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>Rickettsia parkeri</i>	SP: São Paulo	2
<i>Nyctinomops laticaudatus</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i>	SP: São Paulo	2
<i>Nyctinomops macrotis</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i> , <i>R. amblyommii</i>	SP: São Paulo	2
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i> , <i>R. amblyommii</i> , <i>R. rhipicephali</i>	SP: São Paulo	2
<b>Vespertilionidae</b>			
<i>Histiotus velatus</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i> , <i>R. amblyommii</i>	SP: São Paulo	2
<i>Myotis nigricans</i>	<i>R. rickettsii</i> , <i>R. parkeri</i> , <i>R. amblyommii</i>	SP: São Paulo	2

Até o momento, somente morcegos das famílias Phyllostomidae e Molossidae foram registrados com infecção por fungos, sendo que *A. lituratus* e *M. molossus* são infectados pelo maior número de agentes etiológicos (Tabela 4).

Tabela 4 - Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos de zoonoses causadas por fungos, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e as referências bibliográficas. Os estados brasileiros são **CE**= Ceará, **SP**= São Paulo, e **DF**= Distrito Federal. 1=Cordeiro *et al.* (2012), 2= Dias *et al.* (2011), 3= Matos *et al.* (1989), 4= Schmidt *et al.* (1973), 5= Tencate *et al.* (2010).

Taxa	Agente etiológico	Localidade	Refs.
<b>Phyllostomidae</b>			
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Cryptococcus neoformans</i> , <i>Microsporium ferrugineum</i> , <i>Candida</i> sp., <i>Aspergillus</i> sp., <i>Rhodotorula</i> sp., <i>Penicillium</i> sp.	<b>SP</b> : Noroeste	5
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Coccidioides posadasii</i>	<b>CE</b> : Aracoíaba	1
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Coccidioides posadasii</i>	<b>CE</b> : Ubajara	1
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Candida ciferri</i>	<b>SP</b> : Jundiá	3
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Coccidioides posadasii</i>	<b>CE</b> : Aracoíaba	1
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<b>DF</b> : Brasília	4
<b>Molossidae</b>			
<i>Eumops glaucinus</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<b>SP</b>	2
<i>Molossus molossus</i>	<i>Candida famata</i> , <i>Candida guilliermondi</i> , <i>Candida parapsilosis</i> , <i>Cryptococcus</i> <i>laurentii</i>	<b>SP</b> : Jundiá	3
<i>Molossus molossus</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<b>SP</b>	2
<i>Molossus rufus</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<b>SP</b>	2
<i>Nyctinomops macrotis</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<b>SP</b>	2
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<b>SP</b>	2

### 3.1.3 Discussão

Alterações ambientais nos ecossistemas silvestres, causadas principalmente pelo aumento da ocupação humana, têm diminuído o habitat de várias espécies de morcegos, o que faz com que estes animais cada vez mais ocupem as áreas urbanas e se aproximem das residências humanas. Com isso, o relato de novas zoonoses ou a re-emergência de doenças graves transmitidas ou mantidas por morcegos têm sido frequentes. Neste trabalho, observou-se que das nove famílias de Chiroptera que ocorrem no Brasil, sete apresentam relatos de espécies

relacionadas a alguma zoonose, sendo que as famílias Phyllostomidae e Molossidae possuem espécies envolvidas em todos os tipos de zoonoses aqui abordadas (Tabelas 1-4). Devem ser destacadas *A. lituratus*, *D. rotundus* e *M. molossus*, com registros de infecção por todos os tipos de agentes causadores ou potenciais causadores de zoonoses, além de apresentarem indivíduos positivos para a raiva em uma ampla área geográfica (Figuras 1 e 2; Tabelas 1-4).

A espécie frugívora *A. lituratus*, apresentou indivíduos infectados por espécies de *Leishmania*, *Trypanosoma*, *Lyssavirus*, *Leptospira*, *Rickettsia*, *Cryptococcus*, *Microsporium*, *Candida*, *Aspergillus*, *Rhodotorula* e *Penicillium*. A espécie hematófaga *D. rotundus*, apresentou infecção por *Trypanosoma*, *Lyssavirus*, *Alphacoronavirus*, *Leptospira* e *Coccidioides*, enquanto *M. molossus*, espécie estritamente insetívora, apresentou positividade para os patógenos *Leishmania*, *Trypanosoma*, *Lyssavirus*, *Alphacoronavirus*, *Leptospira*, *Rickettsia*, *Cryptococcus*, *Candida* e *Histoplasma*. Estas espécies apresentam ampla distribuição geográfica na região neotropical e, geralmente são abundantes e bastante comuns em áreas urbanas (Aguiar, 2007; Fabian e Gregorin, 2007; Zortéa, 2007). Estes fatores, somados a características da biologia dos quirópteros como alta vagilidade devido ao vôo, torpor, hibernação, utilização de áreas domiciliares como abrigo, colônias numerosas, comportamento e interações sociais entre os indivíduos, podem contribuir para a participação significativa destas espécies no ciclo de importantes zoonoses.

Os resultados obtidos neste estudo contribuem para aumentar o conhecimento sobre a atuação de morcegos brasileiros como reservatório de zoonoses. Contudo, considerando a grande extensão territorial do Brasil, e as 179 espécies de morcegos registradas no país (Reis *et al.*, 2013; Dias *et al.*, 2013; Nogueira *et al.*, 2014), os estudos ainda são escassos, cobrindo áreas isoladas e

com baixa amostragem de espécimes. A maioria das espécies detectadas com agentes etiológicos pertence à Phyllostomidae, que possui o maior número de espécies no país e as espécies mais abundantes (*Artibeus* spp, *Carollia* spp, *Desmodus rotundus*), além de ser a mais amostrada pelo método de coleta com redes de neblina, o mais utilizado atualmente (Reis *et al.*, 2013c; Peracchi e Nogueira, 2010). Além disso, a maioria dos estudos foi realizada com espécies de maior porte, devido à facilidade de obtenção de amostra de sangue.

Para compreender o papel das diferentes espécies na manutenção e transmissão de zoonoses são necessários estudos de longa duração sobre a epidemiologia das zoonoses e a biologia de quirópteros, técnicas mais sensíveis e específicas de diagnóstico, e maior amostragem de espécimes e localidades. Dados como sexo, categoria etária, método e local de captura devem ser informados. A correta identificação de hospedeiros reservatórios é também fundamental para definição de programas de monitoramento e controle de doenças infecciosas de origem zoonótica. Isto nem sempre é possível, pois a maioria das identificações dos hospedeiros nos estudos consultados não é subsidiada por material-testemunho e são realizadas em campo ou baseadas em revisões e trabalhos taxonômicos antigos. Algumas espécies são difíceis de identificar, uma vez que vários gêneros apresentam conhecidos problemas taxonômicos. Dessa forma, é importante que os estudos incluam sempre material-testemunho para ser encaminhado a um especialista para identificação taxonômica e depositado em coleção zoológica acessível, para que possa permitir consultas a posteriori.

## 3.2 CAPÍTULO II: Análises Cariotípica e Filogeográfica em *Cormura brevirostris* (Chiroptera, Emballonuridae)

### 3.2.1 Introdução

*Cormura brevirostris* (Wagner, 1843), um morcego emballonurídeo de tamanho médio (cabeça e corpo 50–60 mm, antebraço 43–50 mm), é a única espécie do gênero *Cormura* W. Peters, 1867 (Hood e Gardner, 2008). A localidade-tipo foi inicialmente definida por Wagner (1843) em “Marabitanas, Rio Negro, Amazonas” devido a um erro de Joseph Natterer. Natterer listou dois espécimes de *Emballonura brevirostris* em uma lista de espécimes de *Emballonura canina* Temminck, 1841 (= *Peropteryx macrotis* - J. A. Wagner, 1843), uma das quais foi coletada em Marabitanas (ver Carter e Dolan, 1978). A ortografia da localidade-tipo foi corrigida para "Baraneiva", que corresponde a "Bananeira" ou "Cachoeira da Bananeira" no Rio Mamoré, Rondônia, Brasil (ver Pelzen, 1883; Carter e Dolan, 1978; Jones e Hood, 1993; Vanzolini, 1993; Hood e Gardner, 2008).

A espécie está distribuída atualmente no sudeste da Nicarágua e sul do Panamá, na América Central e na América do Sul na Colômbia, Venezuela, Guiana, Suriname, Equador, Peru e Brasil (Hood e Gardner, 2008). No Brasil, *C. brevirostris* é considerada uma espécie de morcego rara e pouco conhecida, com muito poucos registros em coleções de museus. A espécie ocorre em florestas primárias e áreas abertas associadas a riachos e ambientes úmidos (Handley, 1976; Reis *et al.*, 2013b), e a maioria dos indivíduos tem sido coletados a altitudes abaixo de 500 metros (Handley, 1976; Jones e Hood, 1993). Poucos registros são conhecidos dos estados do Amazonas (Handley, 1967; Reis, 1984; Reis e Peracchi, 1987; Sampaio *et al.*, 2003), Amapá (Silva *et al.*, 2013), Maranhão (Snethlage, 1926), Pará (Vieira, 1955; Piccinini, 1974; Bernard, 2001a; Marques-Aguiar *et al.*, 2003) e Rondônia (Jones e Hood, 1993; Hood e Gardner, 2008; Reis *et al.*, 2013b). Um registro no

estado do Mato Grosso (e.g., Tavares *et al.*, 2008; Peracchi *et al.*, 2011; Reis *et al.*, 2013) está aparentemente equivocado porque segue Carter e Dolan (1978), que inicialmente considerou "Bananeira" como localizada no Mato Grosso, em vez de Rondônia.

O cariótipo de *C. brevirostris* foi descrito pela primeira vez para um indivíduo da Colômbia, de Leticia, departamento do Amazonas, com número diploide (2n) de 22 e número fundamental (NF) de 40, um cromossomo X muito grande, que representa 20% a 30% do complemento cromossômico haplóide, e um pequeno cromossomo Y metacêntrico (Baker e Jordan, 1970). Posteriormente, uma fêmea e seis machos de *C. brevirostris* de Nickerie e Para, no Suriname (Baker *et al.*, 1981a), mostraram um cariótipo similar ao descrito para a Colômbia. Entretanto, uma fêmea de outra localidade do Suriname, Marowijne (Hood e Baker, 1986), mostrou o mesmo 2n, NF, e cromossomo sexual X, mas com uma pequena diferença na morfologia do complemento autossômico.

O tamanho do cromossomo X é muito conservado em mamíferos. Normalmente, ele representa somente cerca de 5% do genoma haplóide, e um aumento no seu tamanho poderia ocorrer por inserção de heterocromatina ou translocações entre um autossomo e um cromossomo X (Ohno *et al.* 1964). Nem um aumento nas bandas-C, nem a presença de um cromossomo Y extra, foram observados, como seria esperado no caso de inserção ou translocação, respectivamente (Hood e Baker, 1986). Um cromossomo X particularmente tão grande descrito para *C. brevirostris* é um caráter incomum que permanece sem explicação .

Análises filogenéticas das sequências do gene do cromossomo sexual Y *Dby* (DEAD box RNA helicase Y) de *C. brevirostris* da Guiana, Costa Rica e Equador mostraram três linhagens colapsadas (Lim *et al.*, 2008). Por outro lado, estudos usando sequências do gene mitochondrial citocromo c oxidase subunidade I (*mt-*

Co1) identificaram três clados diferentes e bem suportados de *C. brevirostris*, um com um indivíduo da Costa Rica, um compreendendo indivíduos do Equador e outro compreendendo um grupo-irmão formado por indivíduos da Guiana e do Suriname (Clare *et al.*, 2011).

O objetivo deste estudo é analisar as relações filogenéticas e a variação cariotípica de *Cormura brevirostris*.

### **3.2.2 Material e Métodos**

#### **Material**

A amostra estudada, corresponde a um macho adulto sem evidência de atividade reprodutiva, identificado como *C. brevirostris* de acordo com as descrições de Hood e Gardner (2008).

O espécime foi coletado em 25 de fevereiro de 2002 pelos Drs. F. Scarlate e C. R. Bonvicino (número de campo, CRB 2511), durante um inventário de morcegos realizado no município de Barcelos, no norte do estado do Amazonas, Brasil. Os morcegos foram coletados principalmente com redes de neblina, no sub-bosque (até 3 m de altura), que permaneceram abertas durante as primeiras três horas após o anoitecer. Também foram utilizadas redes de neblina abertas acima do sub-bosque (cerca de 5 metros) e procura de abrigos. O esforço amostral consistiu em 16 noites de redes de neblina, com 176 morcegos coletados, mas apenas uma amostra de *Cormura* foi coletada. Os espécimes-testemunhos de *Cormura brevirostris* foram depositados no Museu Nacional, Universidade Federal do Rio de Janeiro (MN), Rio de Janeiro, Brasil, com o número de catálogo MN 69237, preservado em álcool 70º GL, com seu esqueleto removido e limpo. O comprimento do antebraço e onze medidas cranianas foram obtidas usando paquímetro (precisão de 0.01 mm)

segundo o critério decrito por Vizotto e Taddei (1973).

#### Localidade de coleta

O local de coleta faz parte de uma região localizada no norte da bacia Amazônica, perto da fronteira do Escudo da Guiana, rodeado por grandes extensões de floresta de planície úmida ao sul, leste e oeste. Ao norte, essas florestas de baixada estão contidas no segmento Venezuelano das terras altas da Guiana (Figura 3). Um intenso esforço foi realizado na região, com localidades amostradas em ambos os lados do Rio Negro, nos rios Aracá e Padauari, os dois maiores afluentes da margem esquerda, e os rios Curuduri e Preto, e na margem direita, ao longo da estrada Barcelos - Rio Caurés. O exemplar estudado foi coletado no Igarapé Japomeri (0°20'51"N, 64°00'28"W), afluente da margem esquerda do Rio Padauari, afluente da margem esquerda do Rio Negro.

#### Preparações cromossômicas

As células em suspensão foram obtidas no campo de acordo com Andrade *et al.* (2004) e as análises citogenéticas foram realizadas no laboratório, após a coloração das lâminas com solução de Giemsa a 5%. A detecção das regiões de heterocromatina constitutiva foi realizada com hidróxido de bário (Bandeamento-CBG), de acordo com Sumner (1972), após descolorir as lâminas com coloração de Giemsa e rehidratar as mesmas com série alcoólica 100%, 70% e 50%. As fotografias foram tiradas com microscópio óptico (Axioskop ZEISS). As imagens foram editadas e os cariótipos foram montados usando o programa Adobe Photoshop® CS, versão 6.

#### Obtenção, amplificação, sequenciamento

A extração de ADN utilizou fragmentos de fígado preservados em álcool absoluto seguindo o protocolo de fenol-clorofórmio (Sambrook e Russel, 2001). Três marcadores, dois mitocondriais e um nuclear foram usados. O gene mitocondrial

citocromo *b* (*mt-Cytb*) completo, cerca de 1140 pares de base (pb) foi amplificado por PCR (“polymerase chain reaction”) usando os iniciadores LGL 765 e LGL 766 (Bickham *et al.*, 1995), com desnaturação inicial a 94°C durante 2 min, seguido de 36 ciclos de desnaturação a 94°C (45s), anelamento a 50°C (30s), extensão a 72°C (2,5 min) e extensão final a 72°C (4 min). O gene mitocondrial citocromo oxidase c subunidade I (*mt-Co1*) parcial, com cerca de 655 pb, foi amplificado por PCR com os iniciadores FishF1-COI e FishR1-COI (Ward *et al.*, 2005), usando a seguinte ciclagem com “touchdown”: desnaturação inicial a 94°C (2 min), seguido de cinco ciclos de desnaturação a 94°C (30s), anelamento a 58°C (30s), extensão a 72°C (1 min), cinco ciclos a 94°C (30s), anelamento a 56°C (30s), extensão a 72°C (1 min), 25 ciclos de desnaturação a 94°C (30s), anelamento a 54°C (30s), extensão a 72°C (1 min), e extensão final a 72°C (4 min). Um pequeno fragmento do gene DEAD box RNA helicase Y (*Dby*) de 302 pb foi amplificado por PCR com os iniciadores HDBY7F e HDBY7R (Hellborg and Ellegren, 2003), usando a seguinte ciclagem: desnaturação inicial a 94°C (2 min), seguida de 36 ciclos de desnaturação a 94°C (45s), anelamento a 54°C (30s), extensão a 72°C (2,5 min) e extensão final a 72°C (4 min). Os produtos de PCR foram purificados usando GFX PCR DNA and “Gel Band Purification Kit (GE Healthcare)”. As reações de sequenciamento do *mt-Cytb* foram realizadas utilizando os mesmos iniciadores de amplificação mais os iniciadores internos CB-in1 e CB-in2 (Cassens *et al.*, 2000). O sequenciamento dos genes *mt-Co1* and *Dby* foram realizados utilizando os mesmos iniciadores de amplificação, respectivamente.

#### Análises e reconstruções filogenéticas

Os eletroferogramas foram checados manualmente usando os programas Chromas versão 1.45 (MacCarthy, 1998) e Chromas Pro versão 1.41 (“Technelysium Pty Ltd”). As distâncias genéticas foram estimadas com Kimura-2 parâmetros

(Kimura, 1980) utilizando o programa “Molecular Evolutionary Genetics Analyses” (MEGA, versão 6; Tamura *et al.*, 2013). O modelo de evolução para as análises filogenéticas foi escolhido pelo critério de informação Bayesiana (BIC) usando o ModelGenerator, versão 0.85 (Keane *et al.*, 2006). Os modelos escolhidos para os conjuntos de dados do *mt-Cytb* foi HKY (Hasegawa *et al.*, 1985) + I, para o *mt-Co1* HKY(Hasegawa *et al.*, 1985) + I + G, e para o *Dby* foi K80 (Kimura, 1980).

As topologias de máxima verossimilhança (MV) foram obtidas por busca heurística, com o programa PhyML3.0 (Guindon e Gascuel, 2003), utilizando o procedimento de bootstrap para o suporte dos ramos. As análises Bayesianas (IB) de probabilidade posterior foram realizadas com o programa Mr.Bayes 3.1 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003) usando cadeia de Markov Monte Carlo com diferentes números de gerações. A probabilidade posterior (pp) da análise Bayesiana foi calculada através de árvores que foram amostradas a cada 100 gerações, após remoção de 10% das gerações iniciais.

A rede de haplótipos de *Median-joining* (MJ) foi utilizada para analisar filogenia a intraespecífica e avaliar a estrutura populacional e padrões de distribuição geográfica, utilizando-se o programa NETWORK (Bandelt *et al.*,1999; Posada e Crandall, 2001).

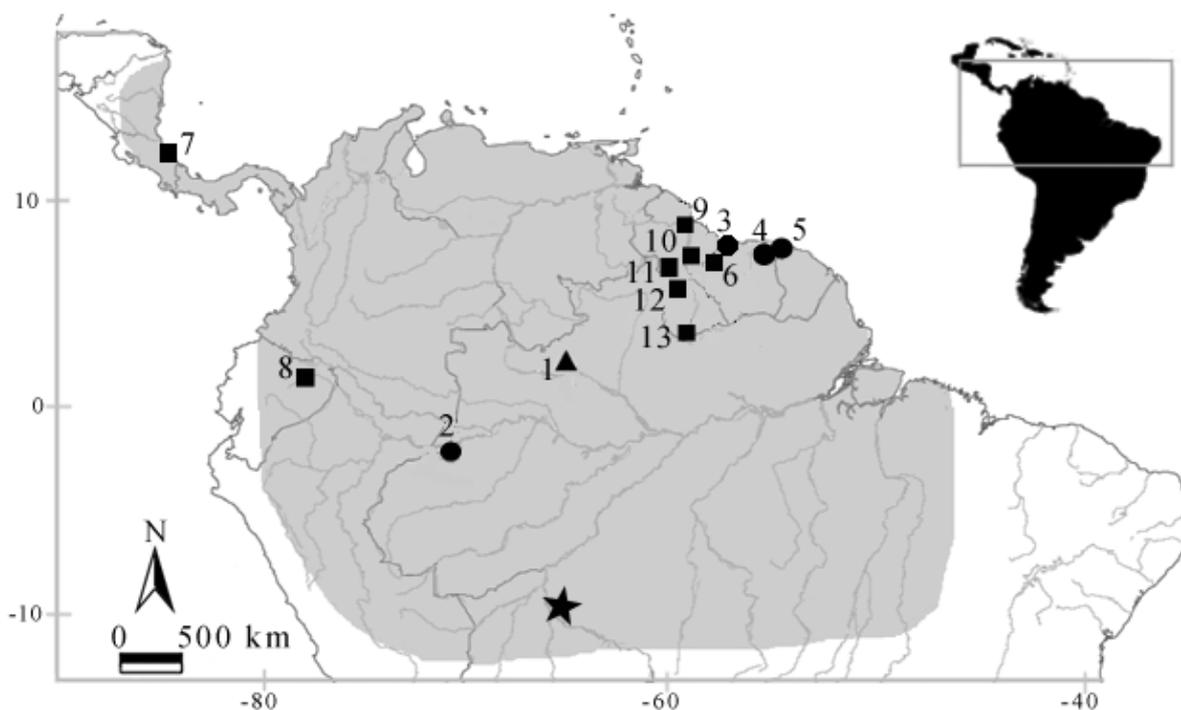


Figura 3 – Localidades dos espécimes de *Cormura brevirostris* usados nas análises cariotípicas (círculos), moleculares (quadrados), ambas as análises (triângulo), e localidade-tipo (estrela). Brasil: estado do Amazonas (1) Barcelos; Colômbia (2) Letícia; Suriname (3) Nickerie, (4) Para, (5) Marowijine, (6) Sipaliwini; Costa Rica (7) Límon; Equador (8) Napo; Guiana (9) Essequibo Island-West Demerara (10) Upper Demerara-Berbice, (11) East Berbice-Corentyne, (12) Potaro-Siparuni, (13) Upper Takutu-Upper Essequibo. Localidade-tipo: Bananeiras, Rio Mamoré, Rondônia.

Para as análises concatenadas de inferência Bayesiana foram usados os mesmos modelos para cada conjunto de dados e para a Máxima Verossimilhança o modelo usado foi GTR+I+G. Adicionalmente as sequências aqui obtidas para o *mt-Cytb* (GenBank), *mt-Co1* (GenBank) e *Dby* (GenBank), sequências de *C. brevirostris* do Genbank foram usadas nas análises filogenéticas, duas sequências de *mt-Cytb*, uma do Equador (EF584158) e uma da Costa Rica (EF584159), 41 do *mt-Co1* (Tabela 6), e três do *Dby* do Equador (EF584301), Guiana (EF584302) e Costa Rica (EF584300).

Para as análises filogenéticas do *mt-Cytb*, *mt-Co1*, *Dby* e dados concatenados, as mesmas cinco espécies foram usadas como grupo-externo: *Peropteryx leucoptera* (números de acesso GenBank EF584175, EF080540, EF584313,

EF584174), *Diclidurus isabellus* (EF584166, EF080335, EF584305), *Cyttarops alecto* (EF584162, EF5080320, EF584303, JF446594, EF584160), *Balantiopteryx plicata* (EF584154, JF446726, EF584299), e *Saccopteryx bilineata* (EF584199, JF435725, JF458506, JF435695), respectivamente.

### **3.2.3 Resultados**

#### Morfologia

As medidas e a morfologia do espécime estudado se encaixam naquelas conhecidas para *C. brevirostris* (Figura 4). Em comparação com espécimes de *Cormura* da Costa Rica e Guiana, o espécime de Barcelos tem: crânio mais curto e globoso, profunda emarginação na extremidade posterior do palato que vai além da margem anterior da fissura esfenorbital, rostrum mais curto, fileira de dentes superiores mais curtas, molares superiores mais robustos (particularmente o terceiro molar), e a porção posterior do crânio, formada por uma região supraoccipital, suavemente projetada além da linha dos côndilos occipitais. Por outro lado, espécimes da Costa Rica e Guiana têm crânios mais alongados, rostro mais longo e fileira de dentes superiores e regiões posteriores do crânio que são da linha dos côndilos occipitais. Adicionalmente, o espécime da Guiana tem uma emarginação moderada na extremidade posterior do final do palato aproximadamente no nível da borda anterior da fissura esfenorbital (Figura 4).

Tabela 5– Medidas selecionadas de *Cormura brevirostris* do Brasil (estado do Amazonas, Barcelos), Guiana Francesa, Suriname e localidades das Américas Central e do Sul (CSA). 1= presente estudo, um macho, 2= Simmons e Voss (1998), 16 machos e 16 fêmeas (medidas externas), 6 machos e 6 fêmeas (medidas cranianas), 3= Brosset e Charles-Dominique (1990), 2 machos e 4 fêmeas, 4= Husson (1978), 10 machos e fêmeas combinados, incluindo o holótipo *Myropteryx pullus* Miller, 1906, 5= Sanborn (1937), 32 machos e fêmeas combinados.

Medidas	Brasil <sup>1</sup>	Guiana Francesa <sup>2</sup>	Guiana Francesa <sup>3</sup>	Suriname <sup>4</sup>	CSA <sup>5</sup>
Comprimento do antebraço	46,9	44,5-49,0	44,0-50,0	41,5-47,0	43,3-49,8
Maior comprimento do crânio (excluindo os incisivos)	15,4	13,7-14,9	15,4-16,0	15,1-15,8	15,0-16,7
Comprimento do côndilo-incisivo	14,3	-	-	13,6-14,3	13,6-15,7
Comprimento da série de dentes superiores	6,5	5,9-6,5	5,8-6,5	6,2-6,3	6,1-6,8
Largura através dos cíngulos dos caninos superiores	3,9	-	-	3,7-3,8	3,6-4,3
Largura do pós-orbital	3,0	-	3,0-3,3	2,7-3,2	2,8-3,5
Largura através dos molares superiores	7,4	7,0-7,6	7,2-7,7	6,9-7,4	6,6-7,9
Largura da caixa craniana	8,0	-	-	7,5-7,8	7,2-8,3
Largura zigomática	10,1	9,6-10,4	9,5-10,0	9,6-10,0	9,4-10,1
Largura mastóide	8,9	-	-	8,3-8,8	8,5-9,1
Comprimento mandibular	10,9	-	11,2-11,7	11,0-11,3	-
Comprimento da série de dentes inferiores	6,5	-	6,7-7,6	6,3-6,6	-

### Cariótipo

O cariótipo de *Cormura brevirostris* macho MN69237 mostrou  $2n= 22$  e  $NF= 40$  (Figura 5). O complemento autossômico consiste de um par de cromossomos metacêntricos muito grandes, duas vezes o tamanho de qualquer outro cromossomo do complemento, e nove pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos médios. O cromossomo sexual X é um submetacêntrico de tamanho médio a pequeno e o cromossomo Y é o menor metacêntrico do complemento cromossômico (Figura 5a). Todos os cromossomos apresentam bandas pericentroméricas conspícuas de heterocromatina constitutiva (bandeamento-CBG), inclusive no cromossomo X, com a banda C-positiva ocupando

a região centromérica e todo o braço curto, e o cromossomo Y com heterocromatina constitutiva apenas no braço longo(Figura 5b).

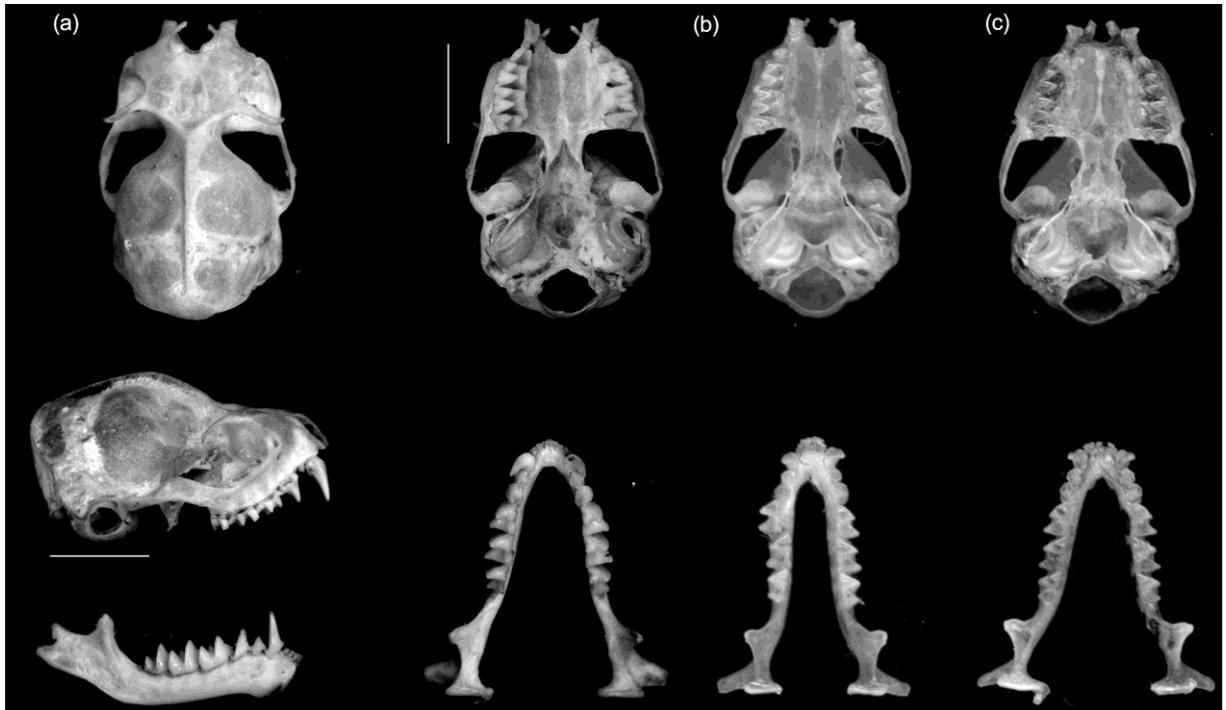


Figura 4 – Crânio de *Cormura brevirostris* do (a) Brasil (macho MN69237), (b) Costa Rica e (c) Guiana.



Figura 5 - Cariótipo de *Cormura brevirostris* macho CRB2511 com  $2n=22$  e  $NF=40$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento-CBG. XY= par sexual masculino.

### Filogeografia

A sequência do *mt-Co1* de *C. brevirostris* aqui sequenciada mais 41 sequências retiradas do GenBank mostraram 29 haplótipos, quatro deles presentes em mais de um espécime (Tabela 6). Dois indivíduos, um da Guiana e outro do Suriname compartilham o haplótipo H2, outros dois indivíduos da Guiana compartilham o haplótipo H6, e dois outros indivíduos da Guiana compartilham o haplótipo H10. Dois indivíduos do Equador compartilham o haplótipo H16. Análises de MV e IB confirmam *Cormura* como um gênero monofilético, ambas com alto suporte. Entretanto, análises de MV mostraram *Cormura* dividido em dois clados, um com *C. brevirostris* da Costa Rica, e outro cladocom amostras da América do Sul (Brasil, Equador, Guiana e Suriname), enquanto análises de IB mostraram um único clado (Figura 6).

Tabela 6- Lista de indivíduos de *Cormura brevirostris* analisados com *mt-Co1*. Números dos haplótipos (H), de campo ou de acesso ao GenBank, localidades de coleta e referências bibliográficas (Refs). **BR**=Brasil, **CR**= Costa Rica, **EC**= Equador, **GY**=Guiana, **SR**= Suriname. 1= presente estudo, 2= Clare *et al.* (2011).

H	No.campo/Acesso Genbank	Localidades	Refs
1	JF446593	<b>CR</b> : Limon	2
2	JF459123, JF454598, JF454596, EF080308, EF080305-306, EU096707-708, HQ545652	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni and Upper Takutu-Upper Essequibo; <b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
3	JQ600011	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	2
4	JF454611	<b>GY</b> : Upper Takutu-Upper Essequibo	2
5	JF454609	<b>GY</b> : Upper Demerara-Berbice	2
6	JF454608, JF454603	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	2
7	JF454607	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	2
8	JF454605	<b>GY</b> : East Berbice-Corentyne	2
9	JF454604	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	2
10	JF454602, JF454600	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	2
11	JF454599	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	2
12	JF454594	<b>GY</b> : Essequibo Island-West Demerara	2
13	JF454593	<b>GY</b> : Upper Takutu-Upper Essequibo	2
14	JF454592	<b>GY</b> : Upper Takutu-Upper Essequibo	2
15	JF448840	<b>EC</b> : Napo	2
16	JF448839, JF448835	<b>EC</b> : Napo	2
17	JF448838	<b>EC</b> : Napo	2
18	JF448837	<b>EC</b> : Napo	2
19	JF448836	<b>EC</b> : Napo	2
20	JF448834	<b>EC</b> : Napo	2
21	EU096706	<b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
22	EU096705	<b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
23	EU096704	<b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
24	EU096703	<b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
25	EU096702	<b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
26	EU096701	<b>SR</b> : Sipaliwini, Sipaliwini	2
27	EF080309	<b>GY</b> : Upper Takutu-Upper Essequibo	2
28	EF080307	<b>GY</b> : Upper Takutu-Upper Essequibo	2
29	CRB2511	<b>BR</b> : Amazonas state, Barcelos	1

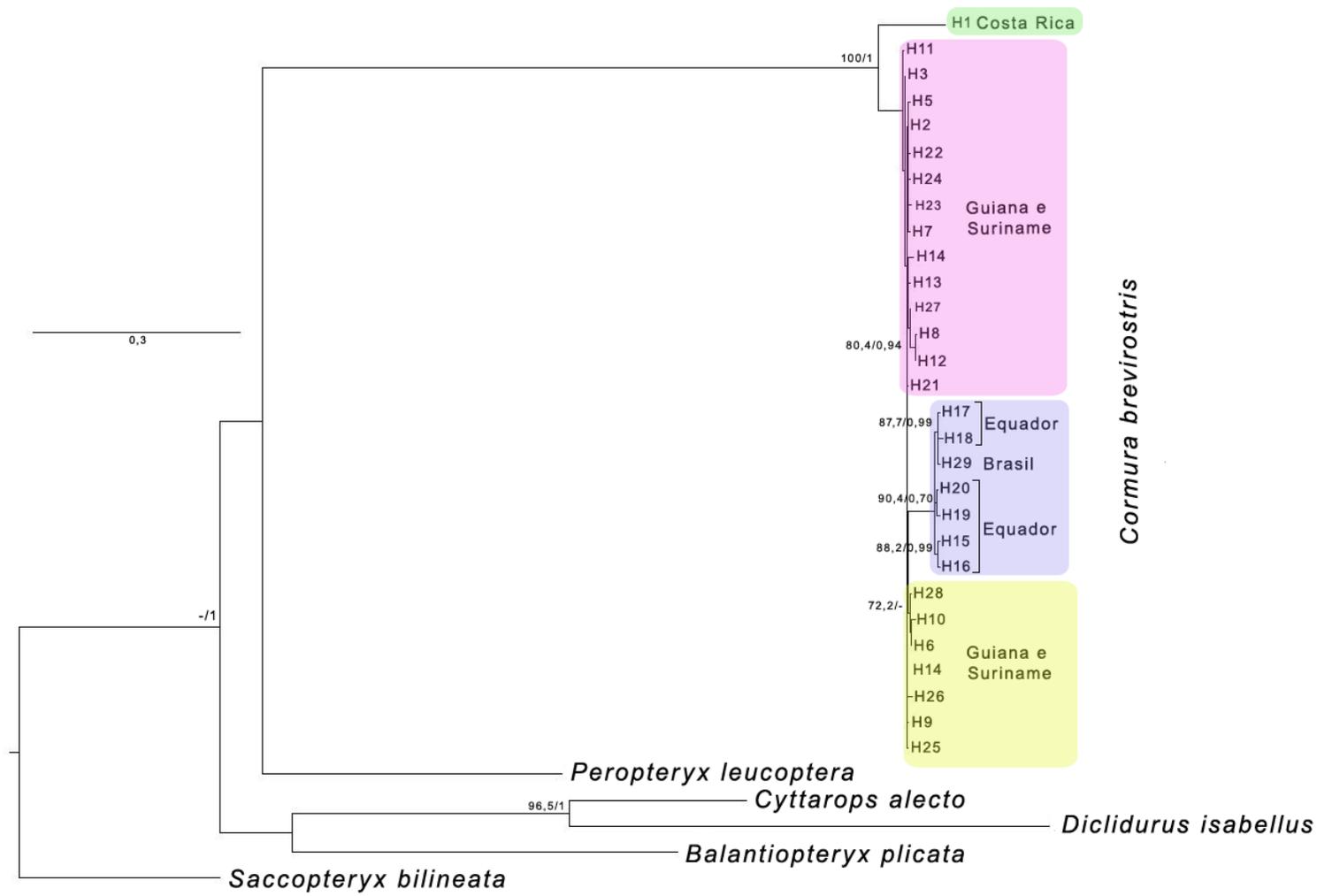


Figura 6 - Topologia de MV de *Cormura brevirostris* com *mt-Co1*. Os números próximos aos nós à esquerda, representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita, valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Para identificação dos haplótipo (H) veja Tabela 6.

A sequência completa do *mt-Cytb* (1140 pb) de *C. brevirostris* aqui obtida, mais duas sequências do GenBank mostraram três haplótipos. Análises de MV e IB confirmaram o gênero *Cormura* como monofilético com o haplótipo de *C. brevirostris* do Brasil agrupando com o clado contendo haplótipos do Equador e Costa Rica, com alto suporte (Figura 7).

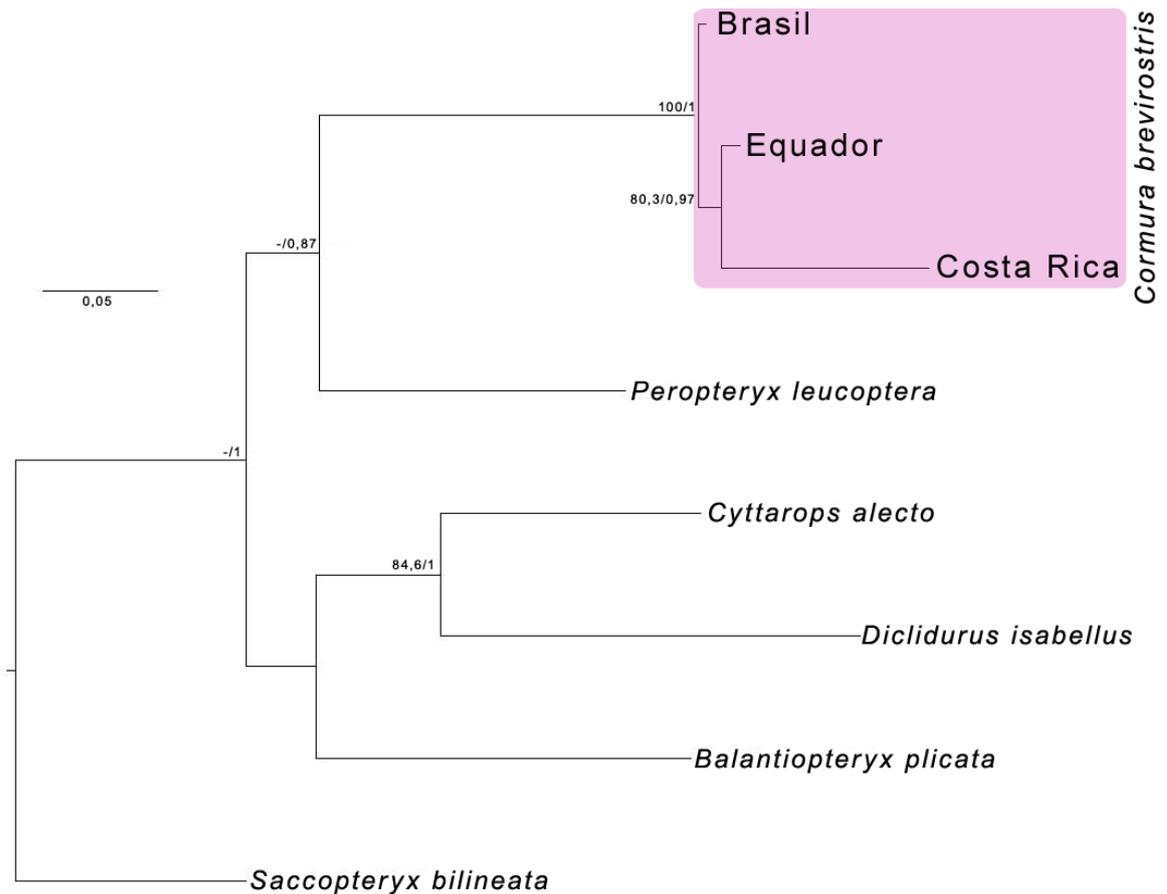


Figura 7 - Topologia de MV de *Cormura brevirostris* com *mt-Cytb*. Os números à esquerda do traço representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e os valores à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ .

A sequência parcial do *Dby* (302 pb) de *C. brevirostris* aqui obtida mais três sequências do GenBank mostraram três haplótipos, um deles compartilhado com amostras da Costa Rica e Equador, com distância genética estimada variando de 0,4% a 1,1%. Análises de MV e IB confirmaram *Cormura* como um gênero monofilético com três linhagens colapsadas formadas por amostras da Costa Rica, Equador, Guiana e Brasil (Figura 8).

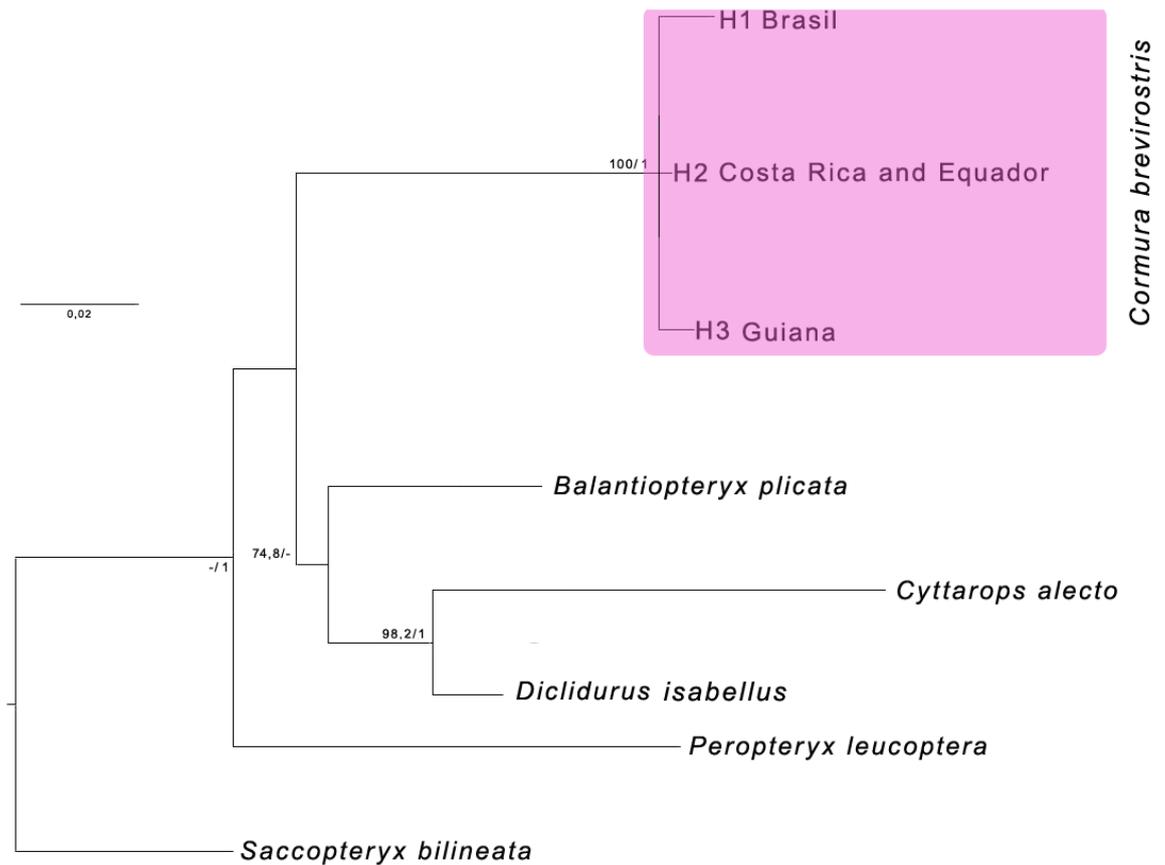


Figura 8 - Topologia de MV de *Cormura brevirostris* com *Dby*. Os números à esquerda do traço representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e os valores à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ .

Os dados concatenados mostraram *C. brevirostris* do Brasil agrupado com o haplótipo do Equador, com o haplótipo da Costa Rica como grupo-irmão (Figura 9).

As análises de MJ com dados do *mt-Co1* mostraram populações estruturadas com três linhagens, Costa Rica (CR), Guiana e Suriname (GS) e Equador e Brasil (EB). Existem pelo menos 36 sítios variáveis e um vetor médio separando os haplótipos da linhagem CR da linhagem GS, que está separada dos haplótipos da linhagem EB por no mínimo 14 sítios variáveis e dois vetores médios. A linhagem GS forma uma rede complexa com muitos vetores médios e muitas substituições nucleotídicas (Figura 10).

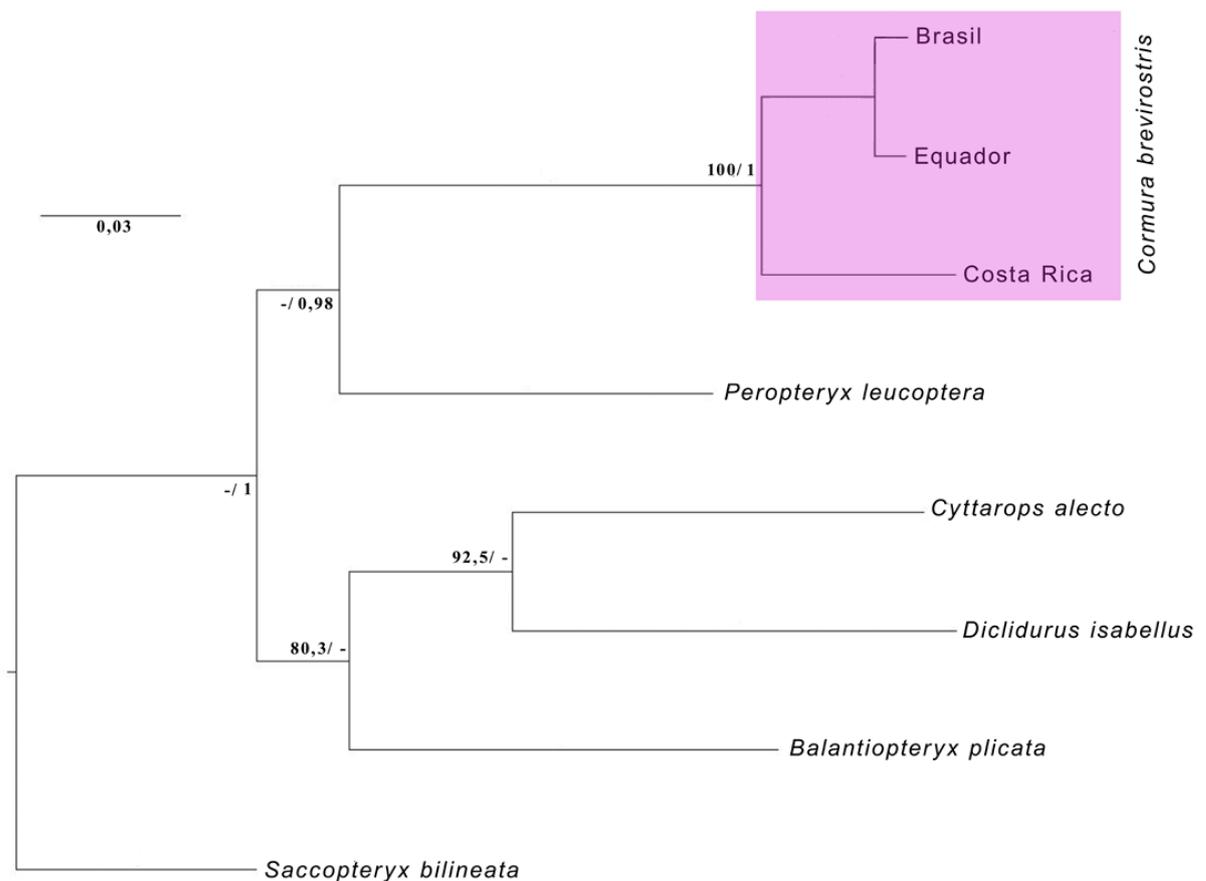


Figura 9 - Topologia de MV de *Cormura brevirostris* com dados concatenados do *mt-Cytb*, *mt-Co1* e *Dby*. Os números à esquerda do traço representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e os valores à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ .

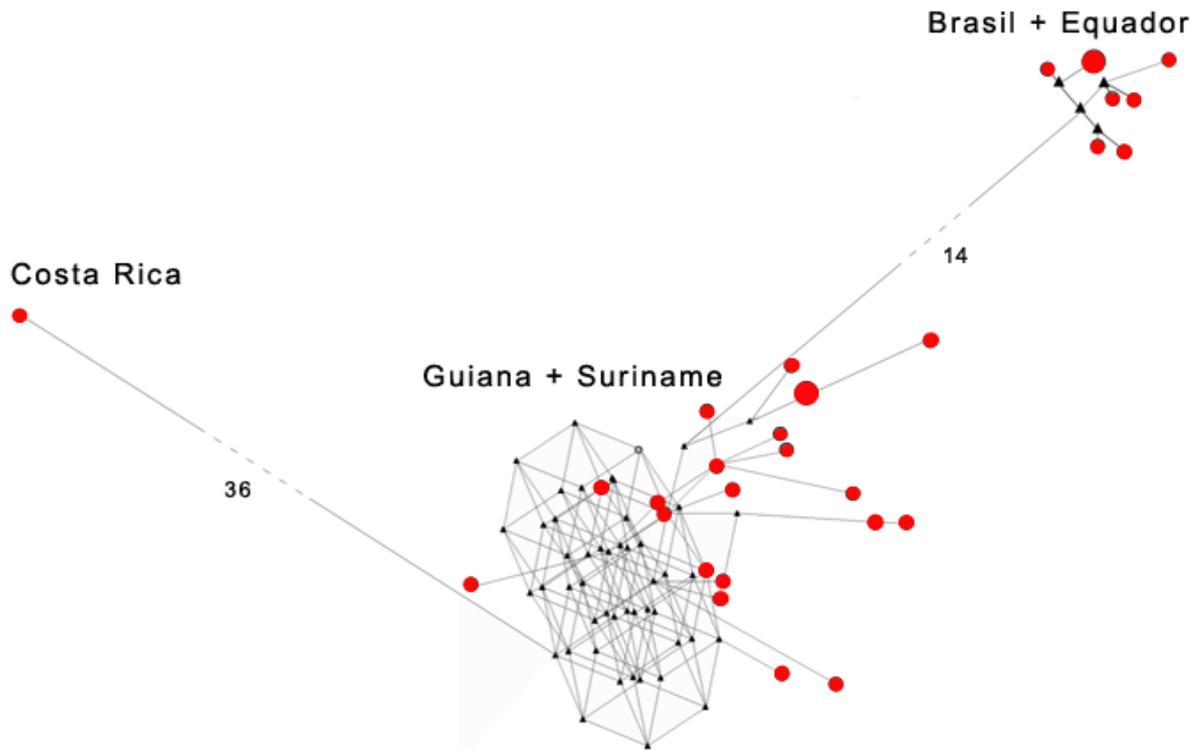


Figura 10 - Rede de haplótipos (Median-Joining) de *Cormura brevirostris* com *mt-Co1*. O tamanho dos círculos vermelhos corresponde ao número de indivíduos de cada haplótipo. Triângulos pretos indicam vetores médios. Números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas.

### 3.2.4 Discussão

#### Morfologia e Cariótipo

Análises morfológicas confirmaram a identificação de *C. brevirostris* (Figura 4), e análises cariológicas mostraram variação. O cariótipo do espécime macho brasileiro aqui obtido mostrou  $2n=22$  e  $FN=40$ , similar aos descritos para indivíduos da Colômbia (Baker e Jordan, 1970) e Suriname (Baker *et al.*, 1981; Hood e Baker, 1986). Entretanto, apesar da aparente similaridade nos números diploides e fundamentais eles são um pouco diferentes, sugerindo a existência de pelo menos três cariomorfotipos (K) atribuídos aos espécimes de *C. brevirostris*, compartilhando o mesmo  $2n$  e  $NF$ , mas diferindo no complemento autossômico e no cromossomo sexual X. K1 de espécimes das localidades na Colombia e Nickerie e Para no

Suriname (Baker e Jordan, 1970; Baker *et al.*, 1981) tem como cromossomo X o maior cromossomo do complemento, quase o dobro do tamanho de qualquer outro cromossomo, e o primeiro par autossômico com tamanho uma vez e meia maior que qualquer outro par autossômico. K2 de indivíduos de Marowijne, outra localidade no Suriname (Hood e Baker, 1986), tem o cromossomo X como o maior do complemento e quase o dobro do tamanho de qualquer outro cromossomo, e os pares cromossômicos decrescendo suavemente em tamanho de médio a pequeno. K3 do espécime brasileiro aqui descrito tem o cromossomo X de tamanho médio a pequeno, e o primeiro par autossômico como o maior do complemento e quase o dobro do tamanho de qualquer outro par.

Os cariomorfotipos 1 e 2 são mais similares e diferem do cariomorfotipo do Brasil na morfologia do cromossomo X, que é o maior cromossomo do complemento (quase o dobro do cromossomo) na Colômbia e no Suriname (Baker e Jordan, 1970; Baker *et al.*, 1981; Hood e Baker, 1986), enquanto no espécime brasileiro o maior cromossomo é um autossomo. O espécime brasileiro (K3) mostrou um cromossomo X submetacêntrico de médio a pequeno e um cromossomo Y pequeno, o menor do complemento. O padrão de bandas-CBG desse par sexual sugere que ele corresponde ao par heteromórfico autossômico dos espécimes de Marowijne (K2) (Hood e Baker, 1986). O maior cromossomo do par heteromórfico de Marowijne mostrou um padrão de bandas-C idêntico ao cromossomo X do espécime brasileiro, enquanto o menor cromossomo do par heteromórfico de Marowijne mostrou homologia parcial com o Y do Brasil. No espécime brasileiro (K3), o cromossomo Y apresenta heterocromatina constitutiva somente no braço longo, enquanto no cariótipo dos espécimes de Marowijne (K2) este cromossomo apresenta um bloco grande de heterocromatina constitutiva. O padrão comum do cromossomo Y em morcegos é parcialmente ou totalmente heterocromático, mas uma variação

considerável na heterocromatina constitutiva pode ocorrer em diferentes espécies (Santos e Souza 1998; Waters *et al.*, 2007). Os dados indicam que o espécime de Marowijne (Hood e Baker, 1986) foi equivocadamente identificado como fêmea. Se esta hipótese for verdadeira, então existiriam apenas dois cariomorfotipos de *Cormura brevirostris*.

### Filogeografia

Análises filogenéticas com dois genes mitocondriais e um nuclear confirmam a monofilia de *Cormura*. A análise de MV do *mt-Co1*, realizadas com 657 pares de bases, colocaram amostras da Costa Rica como uma linhagem separada de todas as outras (Brasil, Equador, Guiana e Suriname), topologia não recuperada na análise de IB, onde todas as amostras ficaram agrupadas. Ambas as análises mostraram um clado com haplótipos do Brasil e Equador, mas com suporte muito baixo. Este arranjo foi recuperado pela análise de “median-joining” de *C. brevirostris* com o *mt-Co1* onde muitas substituições nucleotídicas separaram o haplótipo da Costa Rica (grupo 1) dos haplótipos da Guiana e Suriname (grupo 2), que separaram haplótipos do Brasil e Equador também por várias substituições nucleotídicas. Análises do *Dby* mostraram todos os haplótipos de *C. brevirostris* colapsados, com indivíduos da Costa Rica e Equador compartilhando o mesmo haplótipo (H2). Análises de MV e IB com o *mt-Cytb* realizadas com o gene completo colocaram o Brasil separado do clado formado por Costa Rica e Equador. Esta topologia é similar as análises de *Dby*, onde indivíduos da Costa Rica e Equador compartilham o mesmo haplótipo (H2). Os dados concatenados com *mt-Co1*, *mt-Cytb* and *Dby* mostraram haplótipos do Brasil e Equador em um clado com haplótipo da Costa Rica como grupo-irmão (Figura 9).

Os primeiros estudos filogeográficos com morcegos Neotropicais não mostraram estruturação populacional, o que foi atribuído a grande vagilidade da maioria dos

morcegos, levando a altos níveis de fluxo gênico (Ditchfield, 2000). Entretanto, algumas espécies têm mostrado estruturação populacional relativa à sua origem geográfica como *Desmodus rotundus* (Martins *et al.*, 2009) e *Artibeus obscurus* (Ferreira *et al.*, 2014).

Uma estruturação populacional genética em *C. brevirostris* foi fortemente sugerida pelas análises de “network” com *mt-Co1*, e sua separação tem uma correspondência geográfica. Este dado corroborou um estudo anterior com *mt-Co1* onde estas três linhagens foram recuperadas (Clare *et al.*, 2011). Estes autores mostraram linhagens intraespecíficas profundas em *C. brevirostris*, e sugeriram que este táxon necessita de estudos taxonômicos adicionais.

Análises de MJ e concatenada separaram haplótipos da Costa Rica de todos os outros, como era esperado porque a localidade da Costa Rica está no mínimo a 1300 km de distância das demais. A separação dos haplótipos da Guiana e Suriname dos haplótipos brasileiros nas análises de MJ não está relacionada à distância geográfica, porque estas localidades são geograficamente próximas. Entretanto, estas áreas são separadas pelas terras altas das montanhas de Tapirapecó, Pacaraíma, Acarai e Tumucumaque, chegando a 1800 m, nas fronteiras com a Venezuela, Guiana, Guiana Francesa e Suriname (Martins, 1942; Lim, 2012), e regiões de enclaves de Savanna conhecidas como "lavrado" e "campinarana", com vegetação aberta (Ab'Sáber, 2009; Barbosa *et al.*, 2007; Carvalho, 2009), onde *C. brevirostris* aparentemente não ocorre.

As análises de MJ e concatenadas agruparam haplótipos do Brasil e Equador. A região Amazônica brasileira e do Equador são conectadas por áreas de florestas preservadas, um tipo de vegetação que esta espécie está sempre associada (Bernard 2001; Reis *et al.*, 2013b). Um padrão similar de diversificação foi observado em borboletas e vertebrados, incluindo aves e mamíferos não-voadores (Cracraft e

Prum, 1988; da Silva e Oren, 1996; Bates *et al.*, 1998; Patton *et al.*, 2000; Ron, 2000; Hall e Harvey, 2002; Eberhard e Bermingham, 2004; Borges, 2007; Naka *et al.*, 2012). Este padrão mostra cladogramas congruentes com áreas de endemismo previamente descritas para aves (Cracraft, 1985), separando indivíduos da América Central, Guianas e bacia Amazônica superior.

Os dados cariológicos sugeriram a presença de mais de uma linhagem em *Cormura brevirostris*, entretanto, somente o espécime brasileiro foi cariotipado, sequenciado e analisado morfológicamente, e todos os outros espécimes foram sequenciados ou cariotipados, ou morfológicamente analisados. Não é possível acessar espécimes de *C. brevirostris* cariotipados e sequenciados, além do brasileiro, logo a investigação se esses marcadores dariam sinal filogenético suficiente para separar essas linhagens evolutivas distintas, como identificado pelas diferenças cariotípicas, não é possível. As profundas linhagens mitocondriais intraespecíficas de *Cormura brevirostris*, e a presença de pelo menos três cariomorfotipos em *C. brevirostris* sugerem que este táxon pode ser um complexo de espécies e necessita de estudos taxonômicos adicionais.

### 3.3 CAPÍTULO III: Diversidade Cariotípica e Molecular em *Rhinophylla pumillio* (Rhinophyllinae: Phyllostomidae) na América do Sul

#### 3.3.1 Introdução

O gênero *Rhinophylla* Peters, 1865, possui três espécies reconhecidas e endêmicas da América do Sul, *Rhinophylla alethina* Handley, 1966, *Rhinophylla fischeriae* Carter, 1966 e *Rhinophylla pumilio* Peters, 1865, com as duas últimas ocorrendo no Brasil (McLellan e Koopman, 2007; Sekiama *et al.*, 2013a). Este gênero pertence à família Phyllostomidae, mas sua posição dentro da família apresenta controvérsias. A classificação baseada em dados morfológicos inclui este gênero na subfamília Carolliinae Miller, 1924, junto com o gênero *Carollia* Gray, 1838 (Koopman, 1994; Wetterer *et al.*, 2000), enquanto dados citogenéticos clássicos e moleculares sugerem que *Rhinophylla* está mais relacionada com as subfamílias Stenodermatinae e Phyllostominae (Baker, 1967; Baker e Bleir, 1971; Gomes *et al.*, 2012). Estudos filogenéticos baseados em dados morfológicos e marcadores mitocondriais e nucleares separaram o gênero *Rhinophylla* na subfamília Rhinophyllinae e o gênero *Carollia* na subfamília Carolliinae (Baker *et al.*, 2003).

*Rhinophylla pumilio* apresenta a maior distribuição geográfica do gênero, ocorrendo na Colômbia, Equador, Peru, Bolívia, Guianas, Suriname, Venezuela e Brasil e sua localidade-tipo é no estado da Bahia, Brasil (Koopman, 1994; Eisenberg e Redford, 2001; Simmons, 2005). No Brasil, *R. pumilio* tem registros para localidades nos estados do Acre, Amazonas, Amapá, Mato Grosso, Pará, Rondônia, Espírito Santo e Roraima (Peracchi *et al.*, 2006; Bernard *et al.*, 2011). Esta espécie monotípica foi a única do gênero até 1966, quando Handley descreveu *Rhinophylla alethina* da Colômbia e, em seguida Carter descreveu *Rhinophylla fischeriae* do Peru (McLellan e Koopman, 2007).

A espécie *R. pumillio* é representada por animais de pequeno porte e comuns ao longo de sua distribuição, sendo com frequência uma das espécies mais abundantes em levantamentos locais (Bernard, 2001b; Simmons e Voss, 1998). Os indivíduos desta espécie são encontrados em florestas primárias e savanas da Amazônia brasileira e se alimentam de uma grande variedade de pequenas sementes de frutos do sub-bosque e médio-dossel (Bernard e Fenton, 2007; Bernard *et al.*, 2001). Embora os indivíduos de *R. pumillio* sejam periodicamente capturados em redes de neblina elevadas, a maior frequência de captura dessa espécie ocorre próximo ao solo, sendo considerada especialista de sub-bosque (Bernard, 2001b).

Estudos citogenéticos com *R. pumilio* de várias localidades mostram uma grande variabilidade cariotípica (Figura 11; Tabela 7):  $2n=26$  e  $NF=48$  descrito para Itajiba na Bahia (Toledo, 1973),  $2n=36$  e  $NF=62$  descrito para indivíduos de Letícia na Colômbia e La Paz na Bolívia (Baker e Bleier, 1971),  $2n=34$  e  $NF=64$  descrito em indivíduos de Brokopondo no Suriname e do Mato Grosso e oeste do Pará no Brasil (Honeycutt *et al.*, 1980; Gomes *et al.*, 2012),  $2n=34$  e  $NF=56$  descrito em indivíduos de Para no Suriname (Baker e Bickham, 1980), e  $2n=34$  e  $NF=62$  descrito para indivíduos da Bahia, Amazonas, nordeste do Pará e Ilha de Marajó no Brasil (Gomes *et al.*, 2012).

Análises com enzimas de restrição e sequências completas do gene mitocondrial citocromo *b* (*mt-Cytb*) indicam que *Rhinophylla* forma um grupo monofilético e *R. pumilio* e *R. fischeriae* são espécies-irmãs (Wright *et al.*, 1999). Análises com parte do gene mitocondrial citocromo oxidase c subunidade I (*mt-Co1*) de indivíduos de *R. pumilio* do Equador, Guiana e Suriname mostraram uma única linhagem e média da distância intraespecífica K-2p de 0,73% (Clare *et al.*, 2011).

Neste estudo analisamos os cariótipos e as relações filogenéticas e filogeográficas de exemplares de *R. pumillio* da região de Barcelos, no estado do Amazonas (Figura 11; Tabela 7).

O objetivo deste estudo é analisar as relações filogenéticas e a variação cariotípica em *Rhinophylla pumilio*.

### **3.3.2 Material e métodos**

Cinco espécimes de *R. pumillio* foram coletados nos rios Aracá e Padauari, afluentes da margem esquerda do Rio negro, em Barcelos, no estado do Amazonas. Os espécimes CRB2121 e MN69409 foram coletados na localidade Ucuqui (0°45'50"N, 63°26'40"W) às margens do Igarapé Jauari, afluente da margem direita do Rio Aracá, afluente da margem esquerda do Rio Negro. Os espécimes MN69424 e MN69283 foram coletados no Igarapé Japomeri (0°20'51"N, 64°00'28"W e 0°20'31,5"S, 64°00'41,7"W, respectivamente), afluente da margem esquerda do Rio Padauari, afluente da margem esquerda do Rio Negro. O espécime MN69379 foi coletado no km 10 da Estrada Barcelos-Caurés (1°07'32,7"S, 62°59'3,6"W), na margem direita do Rio Negro (Figura 11, Tabela 7).

#### Preparações cromossômicas

As células em suspensão foram obtidas no campo de acordo com Andrade *et al.*(2004) e as análises citogenéticas foram realizadas no laboratório, após a coloração das lâminas com solução de Giemsa a 5%. A detecção das regiões de heterocromatina constitutiva foi realizada com hidróxido de bário (Bandeamento-CBG), de acordo com Sumner (1972). A marcação das regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs) foi realizada com coloração de nitrato de prata, segundo a técnica de Howell e Black (1980), com algumas modificações. Os padrões de distribuição das bandas-GTG foram obtidos com digestão de tripsina, segundo a

técnica de Seabright (1971), com modificações. As sequências teloméricas presentes no genoma das espécies estudadas foram visualizadas em experimentos de hibridação “*in situ*” fluorescente (FISH). Para isso, foram sintetizadas sequências (TTAGGG)<sub>4</sub> com molécula de biotina na extremidade (Invitrogen). As fotografias foram tiradas com microscópio óptico (Axioskop ZEISS). As imagens foram editadas e os cariótipos foram montados usando o programa Adobe Photoshop® CS, versão 6.

#### Obtenção, amplificação, sequenciamento

A extração de ADN utilizou fragmentos de fígado preservados em álcool absoluto seguindo o protocolo de fenol-clorofórmio (Sambrook e Russel, 2001). Dois marcadores mitocondriais foram usados, os genes citocromo *b* (*mt-Cytb*) e citocromo oxidase c subunidade I (*mt-Co1*). O *mt-Cytb* completo, cerca de 1140 pares de base (pb), foi amplificado por PCR (“polymerase chain reaction”) utilizando os iniciadores Cytb-Rhino F (5’CCAYGACYAATGRCATGAA3’) e Cytb-Rhino R (5’TAGAATMTCAGCTTTGGGTGTT3’), desenhados para este estudo. A ciclagem utilizada foi desnaturação inicial a 94°C durante 2’, seguido de 35 ciclos de desnaturação a 94°C durante 45”, pareamento a 48°C durante 45”, extensão a 72°C durante 1’30”, e extensão final a 72°C durante 4’ e 8°C infinito. O *mt-Co1* parcial (“DNA barcode”) de *R. pumilio* foi realizada utilizando os iniciadores FishF1-COI e FishR1-COI (Ward *et al.*, 2005). Foi utilizada a seguinte ciclagem: desnaturação inicial a 94°C durante 2’, seguido de 35 ciclos de desnaturação a 94°C durante 45”, pareamento a 50°C durante 30”, extensão a 72°C durante 2’30”, e extensão final 72°C durante 4’, e 8°C infinito.

Para o sequenciamento do *mt-Cytb* utilizou-se os mesmos iniciadores de amplificação, além dos iniciadores internos CB-in2 (Cassens *et al.*, 2000) e Cit-alo

(Bonvicino *et al.*, 2001), e para *omt-Co1* utilizou-se os mesmos iniciadores de amplificação (FishF1-COI e FishR1-COI).

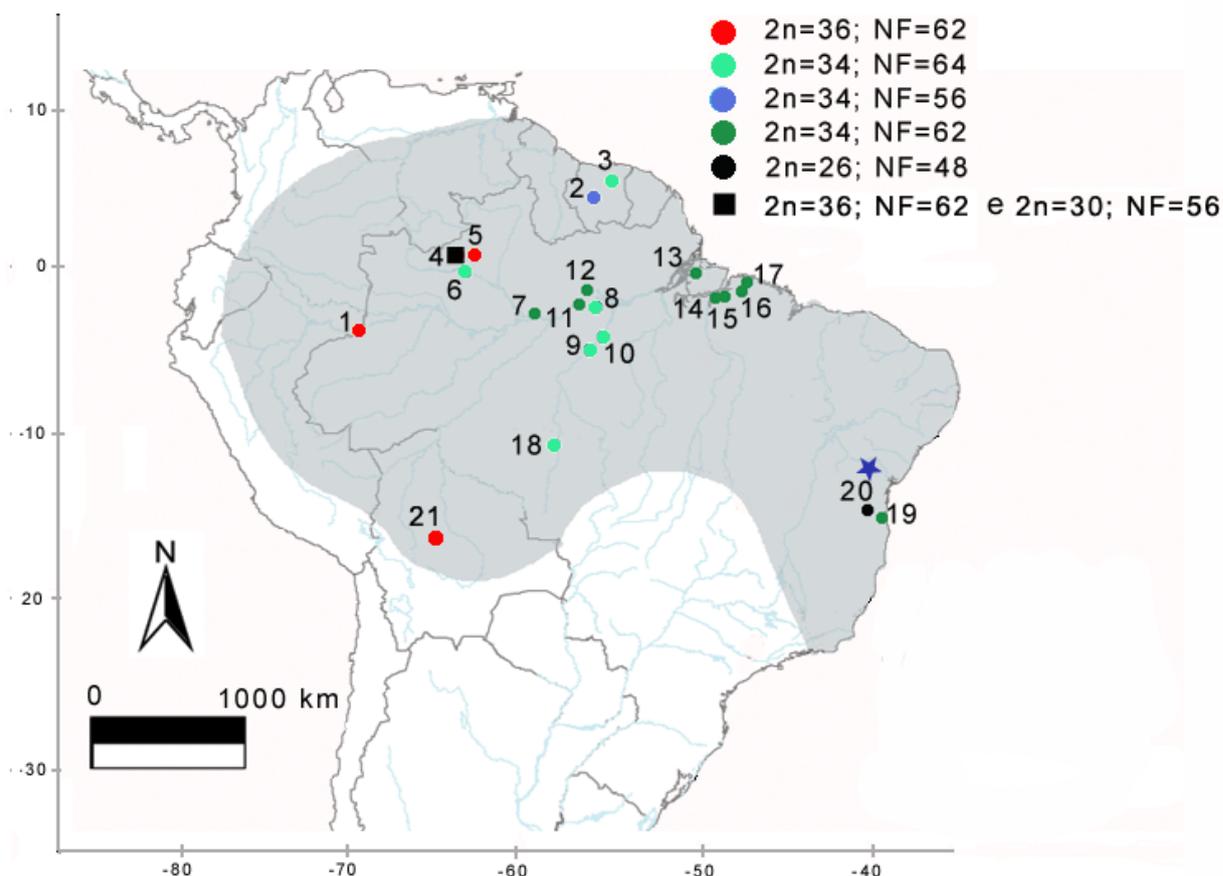


Figura 11 – Mapa com as localidades e cariomorfotipos de *R. pumilio*. COLÔMBIA: (1) Letícia. SURINAME: (2) Para, (3) Brokopondo. BRASIL: Amazonas, Barcelos (4) Rio Paduari, (5) Rio Aracá, (6) km 20 estrada Barcelos-Caurés, (7) Itacoatiara; Pará (8) Juruti (9) Itaituba (10) Itaituba (11) Faro (12) Oriximiná (13) Chaves (14) Marituba (15) Belém e Santa Bárbara (16) Capanema (17) Peixe-Boi; Mato Grosso (18) Potriguaçu; Bahia (19) Ilhéus (20) Itajiba. BOLÍVIA: (21) La Paz. Estrela azul= Localidade-tipo, Bahia, Brasil.

Tabela 7 - Espécimes brasileiros de *Rhinophylla pumilio* capturados em Barcelos, Amazonas, e aqui cariotipados, com número de campo e/ou de museu (Identificação), sexo (S), números diploide (2n) e fundamental (NF), e localidades de coleta. Macho (M), fêmea (F), margem direita (m.d.), margem esquerda (m.e.), Igarapé (lg). As abreviações referem-se aos n<sup>os</sup> do Museu Nacional (MN), e de campo de Cibele Rodrigues Bonvicino (CRB).

Identificação	S	2n	NF	Localidades
CRB2121	M	36	62	m.e. Rio Negro, m.d. Rio Aracá, lg. Jauari, Colocação Ucuqui
CRB2196 (MN69424)	M	36	62	m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, lg. Japomeri
CRB2129 (MN69409)	F	36	62	m.e. Rio Negro, Rio Aracá m.d., lg. Jauari, Colocação Ucuqui
CRB2684 (MN69379)	M	34	64	m.d. Rio Negro, km 20 Estrada Barcelos-Caurés, St Nova Vida
CRB2565 (MN69283)	M	30	56	m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, lg. Japomeri

Para as análises de *Rhinophylla pumilio* com *mt-Cytb* foram utilizadas 12 sequências, oito sequenciadas no presente estudo e quatro do GenBank (Tabela 9). Para as análises de *R. pumilio* com *mt-Co1* foram utilizadas 17 sequências, sete sequenciadas no presente estudo e dez do GenBank (Tabela 11). Foram também incluídas nas análises sequências do GenBank do *mt-Cytb* e do *mt-Co1* de *R. fischeriae* (AF187032, JF449076), *R. alethina* (AF187027, AF187027, JF449071), e como grupo-externo, sequências de *Carollia brevicauda* (AF511959, JF453683), *Artibeus lituratus* (DQ869393, JF448577) e *Glyphonycteris daviesi* (AY380747, JF448848), respectivamente.

#### Análises e reconstruções filogenéticas

Os eletroferogramas foram checados manualmente usando os programas Chromas versão 1.45 (MacCarthy, 1998) e Chromas Pro versão 1.41 (“Technelysium Pty Ltd”). As distâncias genéticas foram estimadas com Kimura-2 parâmetros (Kimura, 1980) utilizando o programa “Molecular Evolutionary Genetics Analyses” (MEGA, versão 6; Tamura *et al.*, 2013). O modelo de evolução para as análises filogenéticas foi escolhido pelo critério de informação Bayesiana (BIC) usando o ModelGenerator, versão 0.85 (Keane *et al.*, 2006). Os modelos escolhidos para os conjuntos de dados do *mt-Cytb* foi HKY (Hasegawa *et al.*, 1985) + I, para o *mt-Co1* HKY (Hasegawa *et al.*, 1985) + I + G.

As topologias de máxima verossimilhança (MV) foram obtidas por busca heurística, com o programa PhyML3.0 (Guindon e Gascuel, 2003), utilizando o procedimento de bootstrap para o suporte dos ramos. As análises Bayesianas (IB) de probabilidade posterior foram realizadas com o programa Mr.Bayes 3.1 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003) usando cadeia de Markov Monte Carlo com diferentes números de gerações. A probabilidade posterior (pp) da análise Bayesiana foi

calculada através de árvores que foram amostradas a cada 100 gerações, após remoção de 10% das gerações iniciais.

A rede de haplótipos de *Median-joining* (MJ) foi utilizada para analisar filogenia a intraespecífica e avaliar a estrutura populacional e padrões de distribuição geográfica, utilizando-se o programa NETWORK (Bandelt *et al.*, 1999; Posada e Crandall, 2001).

### **3.3.3 Resultados**

#### Variação cariotípica

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa dos machos CRB2121, CRB2196 (MN69424), CRB2684 (MN69379), CRB2565 (MN69283), e da fêmea CRB2129 (MN69409) de *Rhinophylla pumilio* mostraram três cariomorfotipos na região de Barcelos (Tabela 7). O cariomorfotipo I de *R. pumilio* com coloração convencional dos machos CRB2121 e CRB2196 e da fêmea CRB2129 mostrou  $2n=36$  e  $NF=62$  (Figura 12a e b; Tabela 8), com 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos e três pares de cromossomos acrocêntricos pequenos. O cromossomo X é um metacêntrico médio e o cromossomo Y um acrocêntrico pequeno, o menor cromossomo do complemento (Figura 12a). O cariótipo com bandeamento-CBG do macho CRB2121 mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos, inclusive nos cromossomos sexuais X e Y (Figura 12b)

O cariomorfotipo II de *R. pumilio* com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2684 mostrou  $2n=34$  e  $NF=64$  (Tabela 8), com todos os pares de cromossomos autossômicos metacêntricos ou submetacêntricos variando de grande a pequenos. O cromossomo X é um metacêntrico médio, e o cromossomo Y um

acrocêntrico pequeno, correspondendo ao menor cromossomo do complemento (Figura 12c).

O carimorfotipo III de *R. pumilio* com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2565 mostrou  $2n=30$  e  $NF=56$  (Figura 13a; Tabela 8) com todos os pares de cromossomos autossômicos metacêntricos ou submetacêntricos com tamanho variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um metacêntrico grande e o Y um cromossomo acrocêntrico, correspondendo ao menor cromossomo do complemento (Figura 13a). O cariótipo com bandeamento-GTG possibilitou o pareamento de praticamente todos os cromossomos (Figura 13b). O cariótipo com bandeamento-CBG mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos. O cromossomo X apresenta bandas mais conspícuas, se estendendo até parte do braço curto e do braço longo e o cromossomo Y apresenta parte do braço longo heterocromático (Figura 13c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata mostrou marcações de Ag-RONs na região proximal do braço longo do par cromossômico número 13 (Figura 13d). O cariótipo com FISH de sonda telomérica mostrou sinais de hibridização na região terminal de todos os cromossomos de todas as metáfases analisadas, com variações na intensidade entre os cromossomos. Além dessas marcações, foram observados sinais nas regiões centroméricas do 1º, 2º, 5º, 6º, 8º, 9º e 13º pares cromossômicos e no cromossomo sexual X (Figura 13e).



Figura 12 – Cariomorfotipo I de *Rhinophylla pumilio* macho com  $2n=36$  e  $NF=62$ , (a) CRB2196 com coloração convencional de Giemsa, (b) CRB2121 com bandeamento-CBG, (c) cariomorfotipo II de *R. pumilio* macho CRB2684, com  $2n=34$  e  $NF=64$ , com coloração convencional de Giemsa. XY = par sexual masculino.

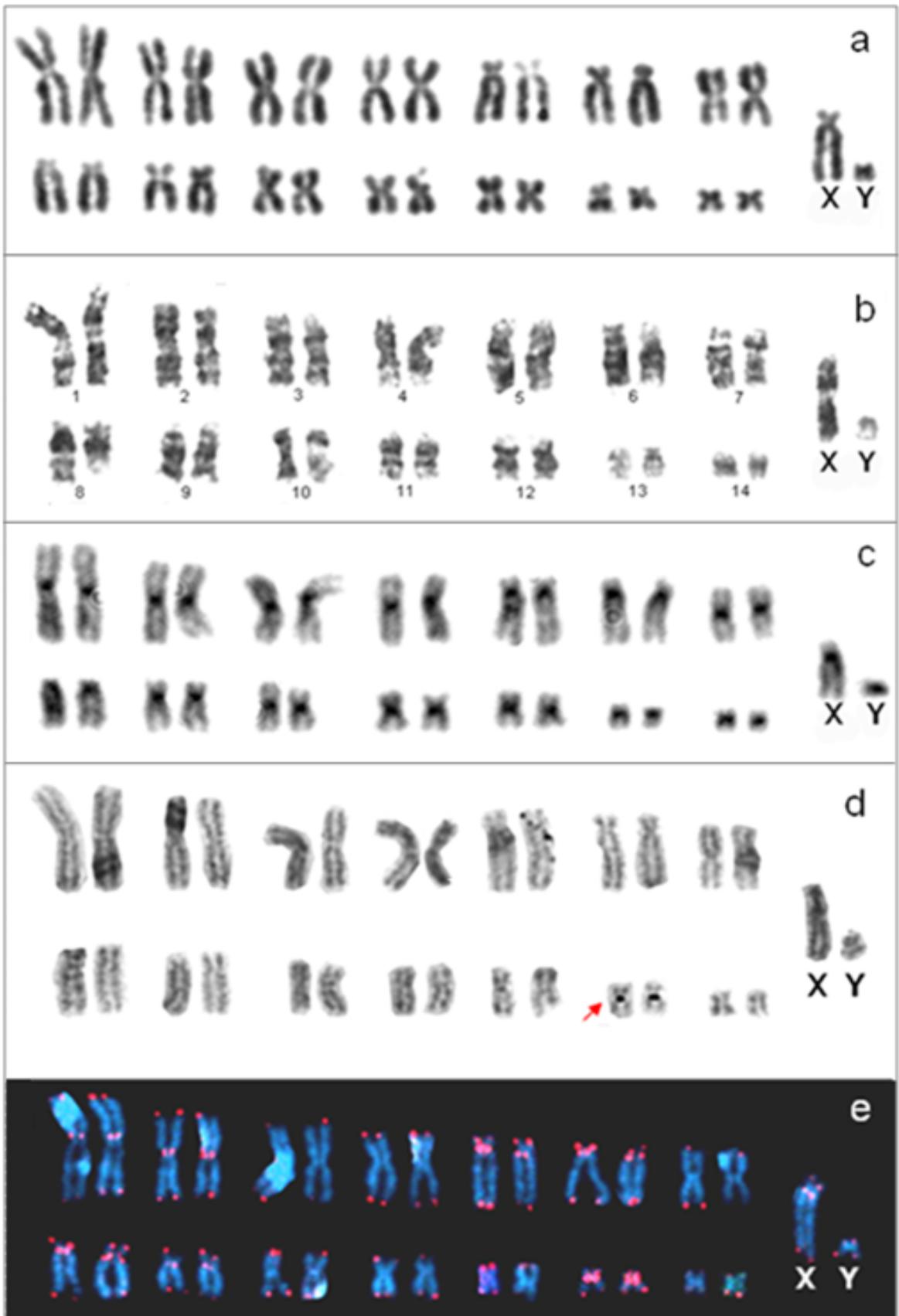


Figura 13 - Cariomorfortipo III de *Rhinophylla pumilio* macho CRB2565 com  $2n=30$  e  $NF=56$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento-GTG, (c) bandeamento-CBG, (d) marcação de Ag-RONs, (e) FISH de sondas teloméricas. XY = par sexual masculino.

Tabela 8 - Cariomorfotipos de *Rhinophylla pumilio*, discriminando os números diploide (2n) e fundamental (NF), a morfologia dos cromossomos X e Y, localidades de coleta e referências bibliográficas (Refs), 1= Baker e Bleier (1971); 2= Toledo (1973); 3= Baker e Bickham (1980); 4= Honeycutt *et al.* (1980); 5= Noronha *et al.* (2004); 6= Gomes *et al.* (2012). 7- presente estudo. Estados brasileiros: AM= Amazonas, BA= Bahia, MT= Mato Grosso, PA= Pará.

2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
26	48	M	A	Brasil: BA, Itajibá	2
34	-	-	-	Brasil: PA, Sta. Rosa e Vila de Tacajós	5
34	56	-	-	Suriname: Para, Saramacca	3
34	64	M / SM	A	Suriname: Brokopondo	4
36	62	M	A	Colômbia: Leticia. Bolívia: La Paz. Brasil: AM, Barcelos	1,7
34	62	M	A	Brasil: BA, Ilhéus; AM, Itacoatiara; nordeste PA e Ilha de Marajó	6
34	64	M	A	Brasil: Oeste PA; MT, Potriguaçu; AM Barcelos	6,7
30	56	M	A	Brasil: AM, Barcelos	7

### Análises Filogenéticas

Nas análises de *Rhinophylla pumilio* com *mt-Cytb* foram incluídas 11 sequências e identificados 11 haplótipos (Tabela 9). A média das estimativas de distância genética K-2p intragenérica entre os haplótipos de *mt-Cytb* de *Rhinophylla* foi de 8,71%, e as interespecíficas foram 20,9% entre *R. pumilio* e *R. alethina*, e 13,95% entre *R. pumilio* e *R. fischeriae*. A média das estimativas de distância genética K-2p intraespecífica de *Rhinophylla pumilio* foi 1,23%, entre haplótipos do Amazonas (presente estudo) foi 0,39, entre haplótipos do Amazonas e Peru foi 1,09%, e entre haplótipos do Amazonas e da Guiana Francesa foi 3,96% (Tabela 10).

Tabela 9- Lista das amostras de *Rhinophylla pumilio* utilizadas nas análises com *mt-Cytb*, especificando o haplótipo (H), n° de campo ou de acesso do GenBank (Identificação), localidades de coleta e n° de pares de base (pb) sequenciados, e referências bibliográficas (Refs). Ig= Igarapé, m.e.= margem esquerda, m.d.= margem direita. As abreviações referem-se ao n° de campo de CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino. **GF**= Guiana Francesa, **PE**= Peru. Estado brasileiro (**BR**): Amazonas (AM). 1= Wright *et al.* (1999), 2= presente estudo.

H	Identificação	Localidade	pb	Refs
1	CRB2565	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, Ig. Japomeri	1138	2
2	CRB2656	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, Ig. Japomeri	1140	2
3	CRB2658	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, Ig. Japomeri	1140	2
4	CRB2662	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, Ig. Japomeri	1140	2
5	CRB2196	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, Ig. Japomeri	1140	2
6	CRB2129	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.d. Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Ucuqui	1138	2
7	CRB2121	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.d. Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Ucuqui	1140	2
8	CRB2671	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, m.e. Rio Paduari, Ig. Japomeri	1140	2
9	AF187029	<b>GF</b> : Paracou, Sinnamary	1140	1
10	AF187031	<b>PE</b> : Loreto Quebrada Aguas Negras	1140	1
11	AF187030	<b>PE</b> : Loreto Quebrada Aguas Negras	1140	1

As análises de IB e MV de *Rhinophylla* com *mt-Cytb* foram realizadas usando o modelo evolutivo de substituição de bases GTR - *General time reversible* (Rodrigues *et al.*, 1990) + I (sítios invariáveis). As reconstruções filogenéticas foram iguais para ambas as análises e apenas a topologia de MV foi apresentada (Figura 14).

Tabela 10 – Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Rhinophylla* com *mt-Cytb*. Para identificação dos haplótipos veja tabela 9.

H	Espécie	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13
1	<i>R. pumilio</i>													
2	<i>R. pumilio</i>	0,18												
3	<i>R. pumilio</i>	0,18	0,35											
4	<i>R. pumilio</i>	0,35	0,53	0,53										
5	<i>R. pumilio</i>	0,35	0,53	0,53	0,35									
6	<i>R. pumilio</i>	0,44	0,62	0,62	0,44	0,09								
7	<i>R. pumilio</i>	0,18	0,35	0,35	0,53	0,53	0,62							
8	<i>R. pumilio</i>	0,09	0,09	0,26	0,44	0,44	0,53	0,26						
9	<i>R. pumilio</i>	3,80	3,90	4,00	3,99	4,00	4,10	4,00	3,90					
10	<i>R. pumilio</i>	0,71	0,89	0,89	0,89	0,89	0,98	0,89	0,80	3,61				
11	<i>R. pumilio</i>	1,16	1,34	1,34	1,34	1,34	1,44	1,34	1,25	3,70	0,62			
12	<i>R. fischeriae</i>	18,32	18,01	18,63	18,60	18,47	18,67	18,32	18,17	19,39	18,27	18,51		
13	<i>R. alethina</i>	21,52	21,52	21,52	21,49	21,52	21,74	21,52	21,35	22,70	21,79	22,04	20,31	
14	<i>R. alethina</i>	21,68	21,68	21,68	21,65	21,68	21,90	21,68	21,52	23,22	21,96	22,21	20,47	1,08

As análises mostraram o monofiletismo de *Rhinophylla* (bootstrap 99,6%, pp 1) com *R. alethina* divergindo primeiro, seguida do clado formado por *R. fischeriae* e *R. pumilio*. A espécie *R. pumilio* também se mostrou monofilética (bootstrap 100%, pp 1), dividida em três clados, com uma politomia: clado A formado por três amostras de Barcelos (H4, H5 e H6), clado B formado por cinco haplótipos de Barcelos (H1, H3, H7, H2 e H8) e clado C formado por uma amostra da Guiana Francesa (H9) e duas do Peru (H10 e H11; Figura 14). Não foi possível obter a sequência do *mt-Cytb* do indivíduo com cariomorfotipo II de  $2n=34$  e  $NF=64$ . As análises de MJ com dados do *mt-Cytb* mostraram duas linhagens, uma formada por haplótipos da Guiana Francesa (GY) e outra formando o grupo Peru (PE) e Brasil (BR). Existem pelo menos 34 sítios variáveis e três vetores médios separando os haplótipos das duas linhagens (Figura 15).

As análises de *R. pumilio* com o *mt-Co1* identificaram 11 haplótipos em 17 sequências (Tabela 11), cinco compartilhados com mais de uma amostra. O haplótipo (H) 2 foi compartilhado por duas amostras do Amazonas, H3 por duas amostras do Amazonas, H6 por três amostras do Suriname, H8 por duas amostras da Guiana, e H10 por duas amostras da Guiana (Tabela 11). As médias das estimativas de distâncias genética K-2p intragenéricas de *Rhinophylla* com *mt-Co1* foi 7,78%, as interespecíficas foram 21,55% entre *R. pumilio* e *R. alethina* e 25,41% entre *R. pumilio* e *R. fischeriae* (Tabela 12). A média das estimativas de distância genética K-2p intraespecífica de *R. pumilio* foi 1,1%, entre haplótipos do Amazonas 0,59%, entre haplótipos do Amazonas e Equador 1,22%, entre haplótipos do Amazonas e Suriname 1,37%, e entre haplótipos do Amazonas e Guiana 1,53% (Tabela 12).

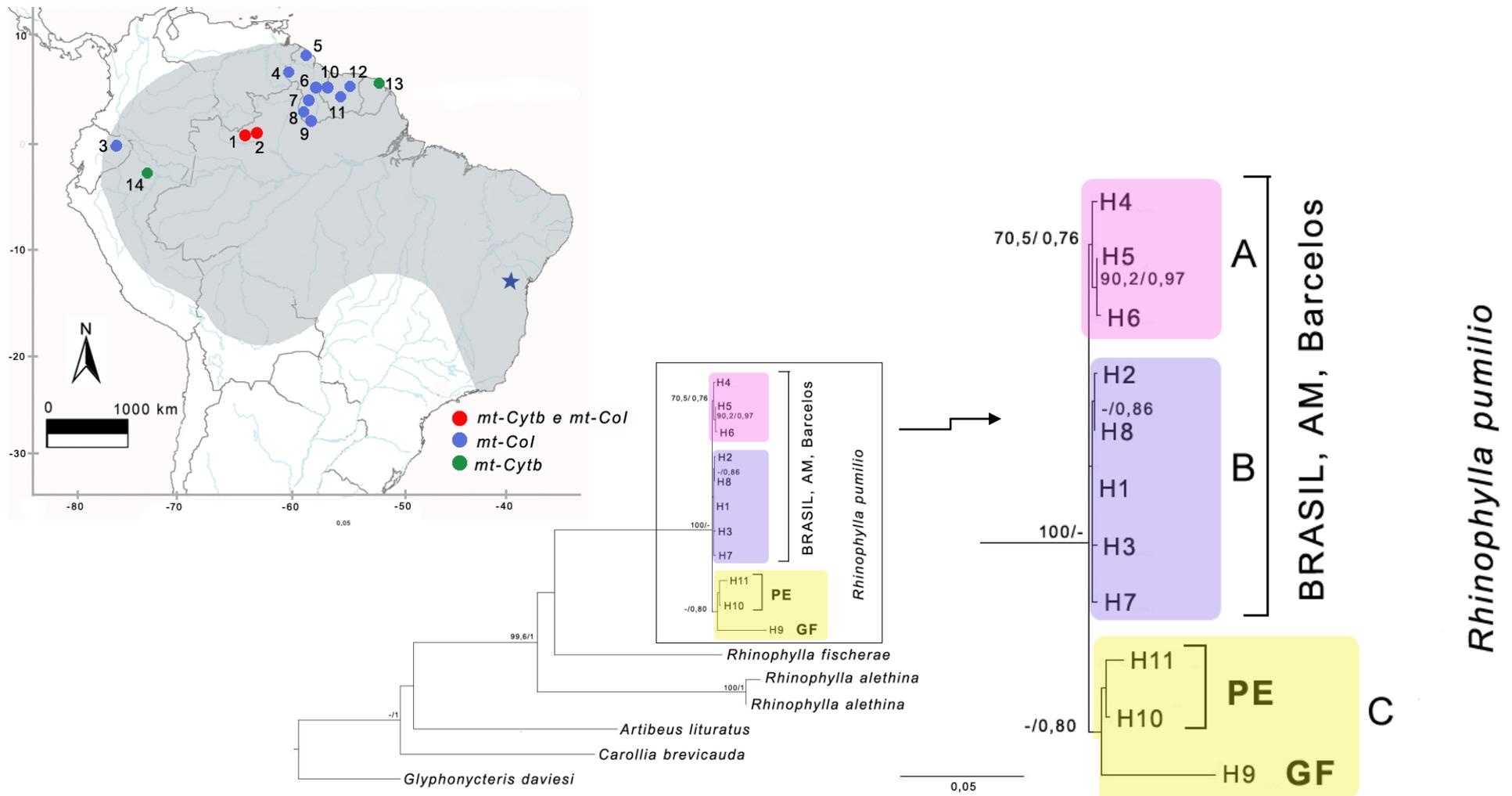


Figura 14 - Topologia de MV de *Rhinophylla pumilio* com o *mt-Cytb*. Números próximos aos nós à esquerda representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Mapa com a distribuição de *R. pumilio* e os pontos de coleta das amostras de seqüências do *mt-Cytb* utilizadas no presente trabalho. Brasil, Barcelos (1) Rio Paduari, (2) Rio Aracá; Equador (3) Napo; Guiana, (4) Cuyuni Mazaruni, (5) Barima-Waini, (6) Upper Demerara-Berbice (7) East Berbice-Corentyne, (8) Potaro-Siparuni, (9) Upper Takutu-Upper Essequibo; Suriname (10) Sipaliwini, (11) Brokopondo, (12) Tafelberg; Guiana Francesa (13) Paracou; Peru (14) Loreto. Localidade-tipo (estrela azul): Bahia, Brasil. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 9.

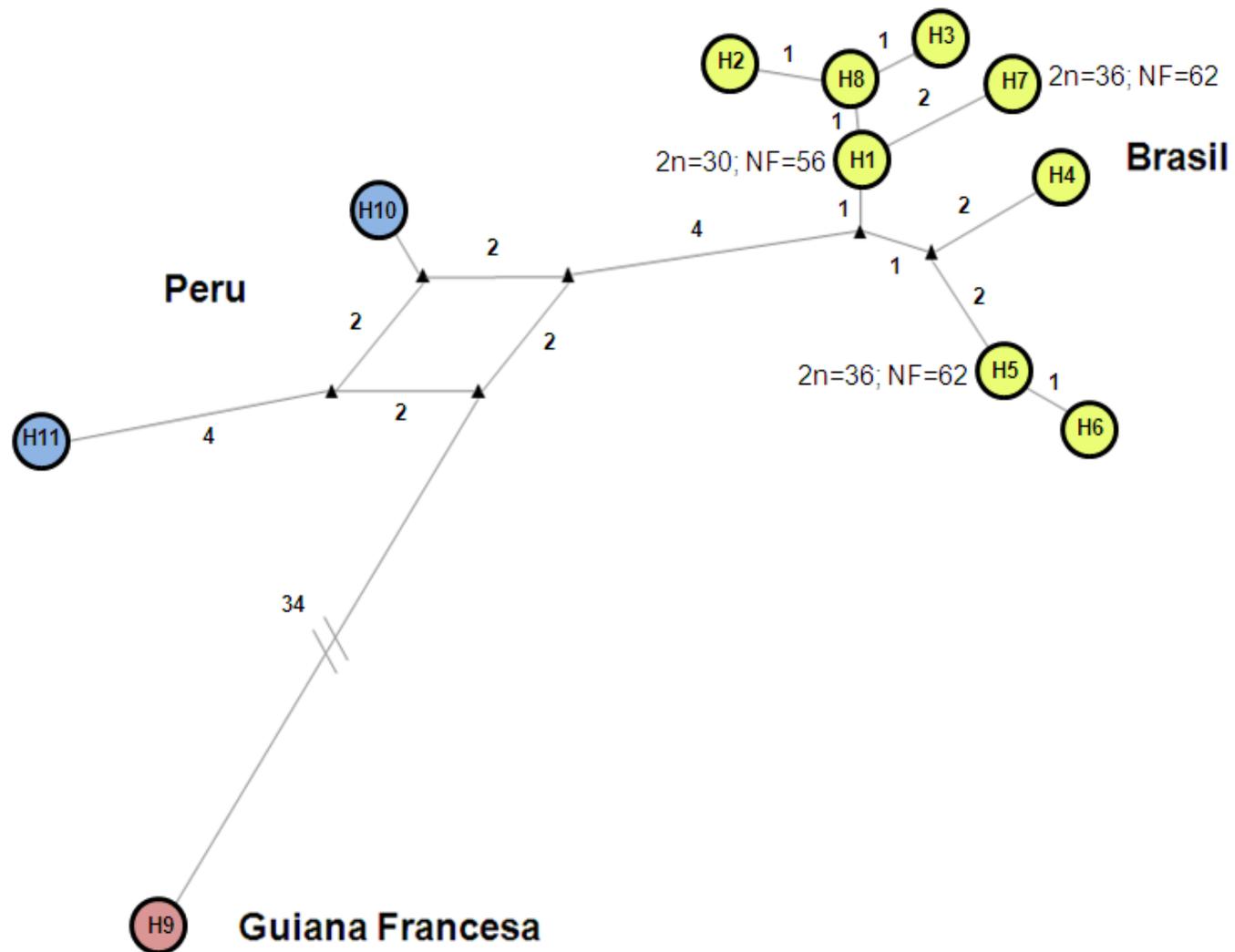


Figura 15 - Rede de haplótipos de *Rhinophylla pumilio* com o *mt-Cytb*. Os círculos correspondem aos haplótipos do Brasil (amarelos), Peru (azuis), Guiana Francesa (vermelho). Triângulos pretos indicam vetores médios. Valores próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. 2n= número diploide e NF= número fundamental. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 9.

As análises IB e MV com *mt-Co1* foram realizadas usando o modelo evolutivo de substituição de bases GTR - *General time reversible* (Rodrigues *et al.*, 1990) + G (distribuição gamma). As reconstruções filogenéticas foram diferentes para as duas análises (Figuras 16 e 17). Entretanto, as duas análises mostraram o monofiletismo do gênero *Rhinophylla* dividido em dois clados, um formado por *R. alethina* e *R. fischeriae* e outro formado por haplótipos de *Rhinophylla pumilio* (bootstrap 84,8%, pp 0,98), que também se mostrou monofilética (bootstrap 100%, pp 1). A análise de MV de *R. pumilio* com *mt-Co1* mostrou um clado sem suporte com amostras do Brasil, Equador, Suriname e Guiana, e um haplótipo do Suriname e um da Guiana colapsados (Figura 16). Esse clado mostra um clado com suporte formado por haplótipos do Equador e Brasil (bootstrap 76,4%) e o restante dos haplótipos do Suriname e da Guiana colapsados (Figura 16). Dentro do clado Equador/Brasil existe um clado formado pelos haplótipos H1, H3 e H4 da Amazônia brasileira (presente estudo, bootstrap 89,6%). A análise de IB do *mt-Co1* de *R. pumilio* mostrou uma politomia entre os haplótipos da Guiana e Suriname (H6, H7, H8, H10 e H11) e um clado formado pelo haplótipo do Equador H9 (pp 0,82) como linhagem irmã do clado formado por haplótipos do Brasil. Dentro deste clado foi observado o mesmo clado formado pelos haplótipos H1, H3 e H4 (pp 0,96) encontrado na análise de MV (Tabela 11).

As análises de MJ de *R. pumilio* com *mt-Co1* recuperaram parcialmente a topologia das análises de MV e IB mostrando três linhagens: Equador (EC), Suriname e Guiana (SU + GY), e Brasil (BR). Existem pelo menos seis sítios variáveis e dois vetores médios separando a linhagem EC dos haplótipos da linhagem BR e, no mínimo, oito sítios variáveis e dois vetores médios separando a linhagem EC dos haplótipos da linhagem SU + GY por (Figura 18).

Tabela 11 - Lista das amostras de *Rhinophylla pumilio* utilizadas nas análises com *mt-Co1*, especificando o haplótipo (H), número de campo ou de acesso do GenBank (Identificação), localidades associadas, número de pares de base (pb) sequenciados, e referência bibliográfica (Refs). Ig= Igarapé, m.e.= margem esquerda, m.d.= margem direita. As abreviações referem-se ao nº de campo de CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino. **EC**= Equador, **GY**= Guiana, **SR**= Suriname. Estado brasileiro (**BR**): AM= Amazonas. 1= Clare *et al.* (2011); 2= presente estudo.

H	Identificação	Localidade	pb	Refs
1	CRB2121	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Colocação Ucuqui	657	2
2	CRB2129,CRB2196	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Colocação Ucuqui; Rio Padauari m.e, Ig. Japomeri	657	2
3	CRB2565,CRB2658	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, Rio Padauari m.e, Ig. Japomeri	657	2
4	CRB2656	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, Rio Padauari m.e, Ig. Japomeri	657	2
5	CRB2662	<b>BR</b> : AM, Barcelos, m.e. Rio Negro, Rio Padauari m.e, Ig. Japomeri	655	2
6	JQ601427,EU096952, JQ601102	<b>SR</b> : Tafelberg, Sipaliwini, Brokopondo	657	1
7	JQ601394	<b>SR</b> : Tafelberg	657	1
8	JF459266,JF455663	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni, Upper Takutu-Upper Essequibo	657	1
9	JF449153	<b>EC</b> : Napo, Parque Nacional Yasuni	657	1
10	JF455657,JF455505	<b>GY</b> : Barima-Waini, Log Hill, Cuyuni-Mazaruni, Namai Creek	657	1
11	JF455652	<b>GY</b> : Upper Demerara-Berbice	657	1

Tabela 12 - Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Rhinophylla* com o *mt-Co1*. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 11.

H	Espécie	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12
1	<i>R. pumilio</i>												
2	<i>R. pumilio</i>	0,77											
3	<i>R. pumilio</i>	0,15	0,62										
4	<i>R. pumilio</i>	0,46	0,93	0,31									
5	<i>R. pumilio</i>	0,77	0,31	0,62	0,93								
6	<i>R. pumilio</i>	1,40	0,93	1,24	1,57	0,93							
7	<i>R. pumilio</i>	1,73	1,24	1,57	1,89	1,25	0,31						
8	<i>R. pumilio</i>	1,57	1,09	1,40	1,73	1,09	0,15	0,46					
9	<i>R. pumilio</i>	1,41	0,93	1,25	1,57	0,93	1,24	1,57	1,40				
10	<i>R. pumilio</i>	1,72	1,24	1,56	1,89	1,24	0,31	0,61	0,46	1,56			
11	<i>R. pumilio</i>	1,89	1,40	1,73	2,05	1,41	0,46	0,15	0,62	1,73	0,77		
12	<i>R. alethina</i>	22,77	22,48	22,48	23,07	22,03	21,66	21,09	21,66	22,77	21,61	21,37	
13	<i>R. fischeriae</i>	24,45	24,77	24,77	25,08	25,13	25,98	25,98	25,98	25,08	26,57	25,66	23,71

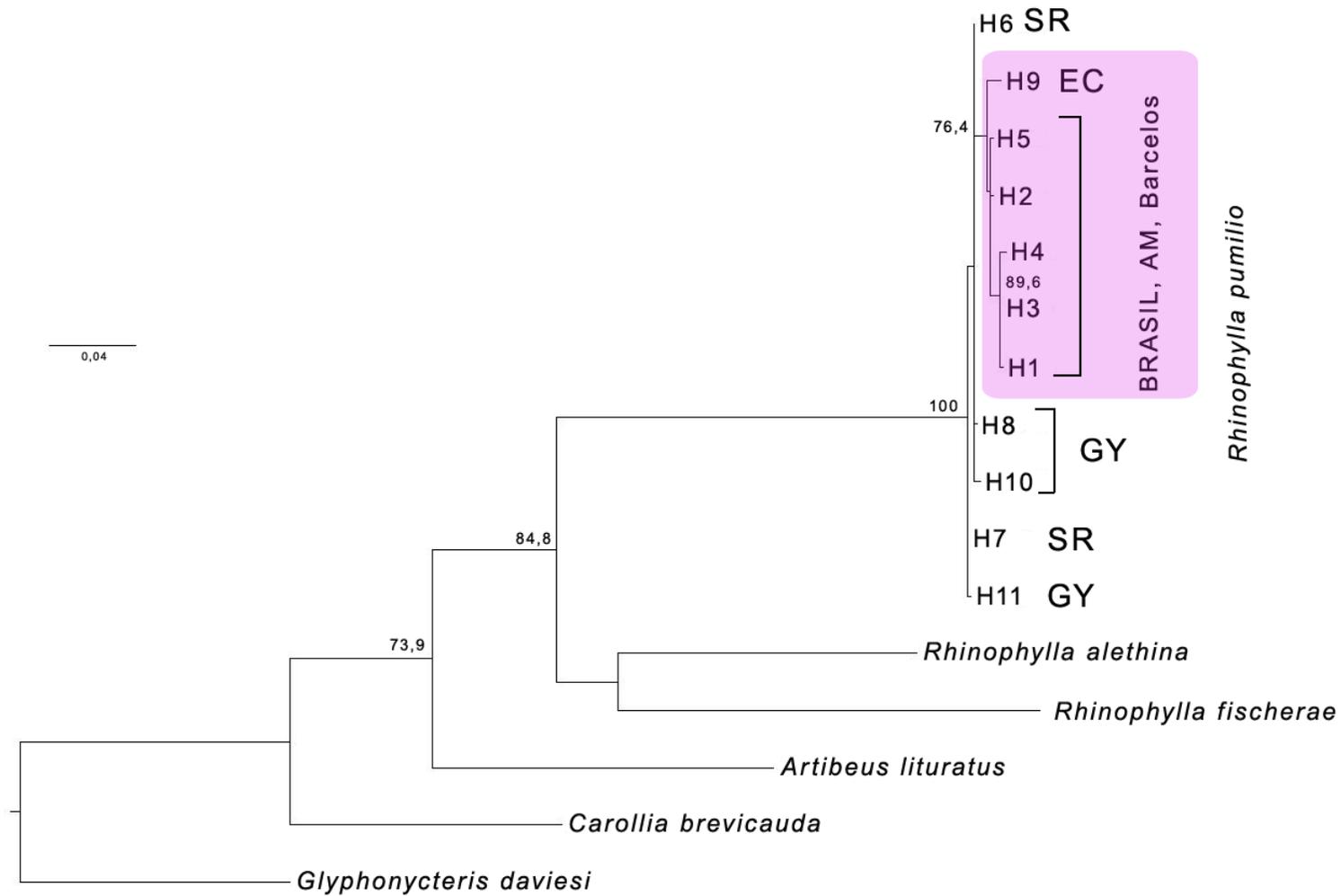


Figura 16 - Topologia de MV de *Rhinophylla pumilio* com o *mt-Co1*. Os números acima dos nós representam valores de bootstrap  $\geq 70$ . AM= estado do Amazonas, BR= Brasil, EC= Equador, GY= Guiana e SR= Suriname. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 11.

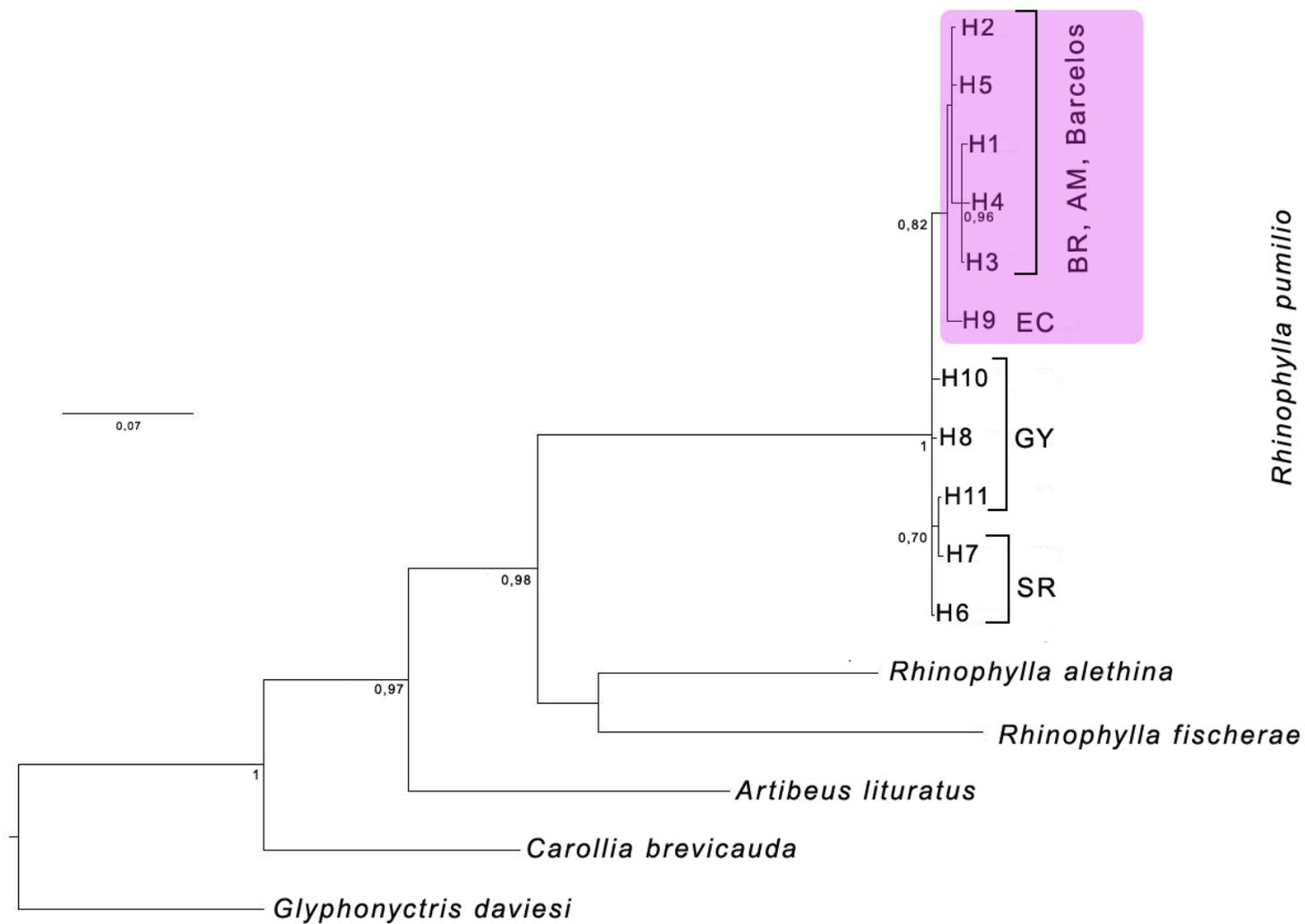


Figura 17 - Topologia de IB de *Rhinophylla pumilio* com o *mt-Co1*. Os números abaixo dos nós representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . AM= estado do Amazonas, BR= Brasil, EC= Equador, GY= Guiana e SR= Suriname. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 11.

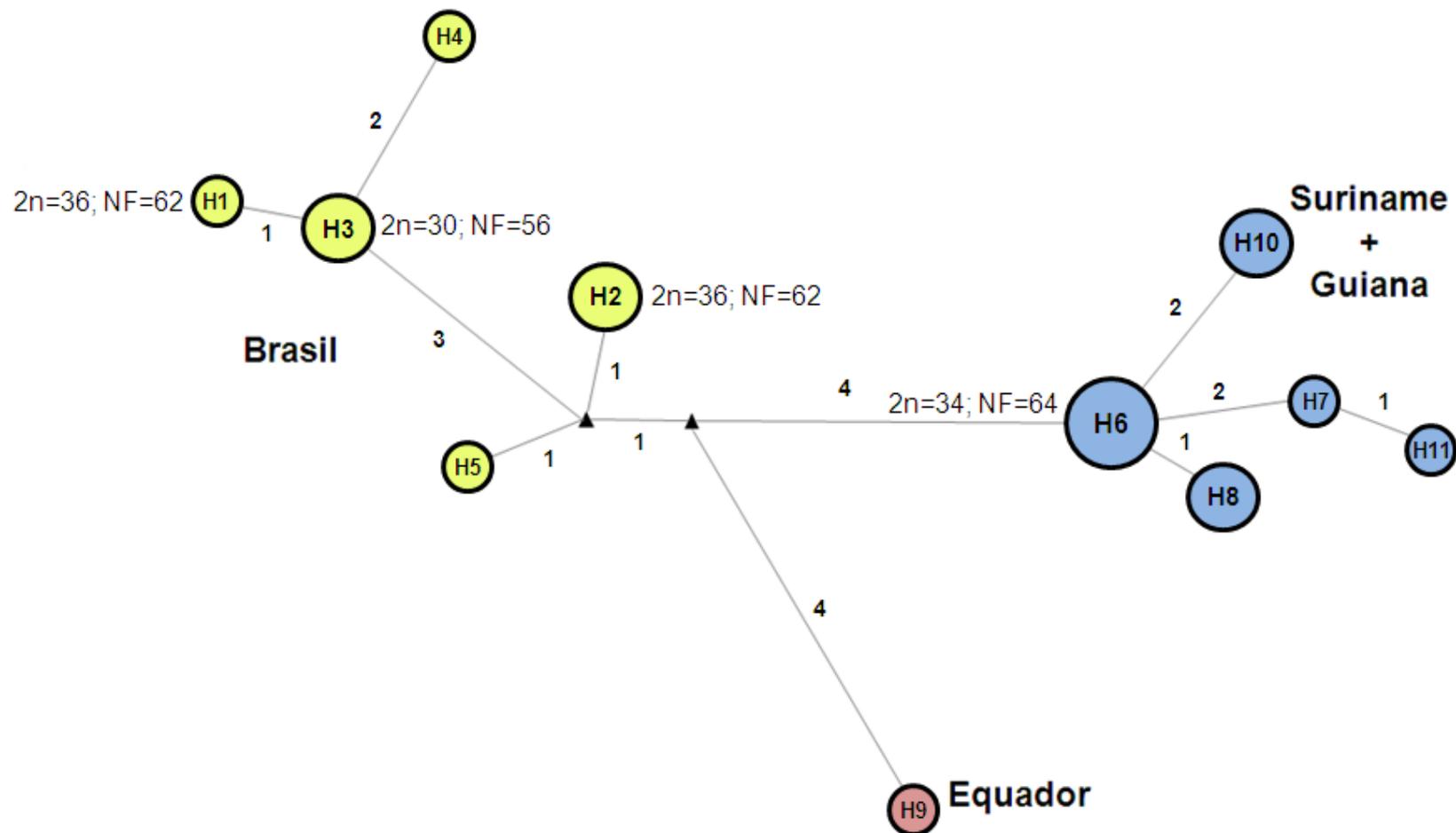


Figura 18 - Rede de haplótipos de *Rhinophylla pumilio* com o *mt-Co1*. O tamanho dos círculos corresponde ao número de indivíduos de cada haplótipo. Círculos correspondem aos haplótipos do Brasil (amarelos), Suriname e Guiana (azuis), e Equador (vermelho). Triângulos pretos indicam vetores médios. Números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. 2n= número diploide, NF= número fundamental. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 11.

### 3.3.4 Discussão

*Rhinophylla pumilio* possui seis cariomorfotipos, sendo um aqui descrito pela primeira vez, o cariomorfotipo III ( $K_{III}$ ) de  $2n=30$  e  $NF=56$ , encontrado em um indivíduo coletado na margem esquerda do Rio Negro (Tabelas 7 e 8, Figuras 11 e 13). Dois outros cariomorfotipos de *Rhinophylla pumilio* foram encontrados em espécimes de Barcelos. O cariomorfotipo I ( $K_I$ ) de  $2n=36$  e  $NF=62$ , encontrado em três indivíduos coletados na margem esquerda do Rio Negro (Tabelas 7 e 8, Figuras 11, 12a, b, 19), é similar ao descrito para espécimes da Colômbia (Baker e Bleier, 1971). O cariomorfotipo II ( $K_{II}$ ) de  $2n=34$  e  $NF=64$ , encontrado em um indivíduo coletado na margem direita do Rio Negro é similar ao descrito para espécimes do Suriname e do Brasil, no Mato Grosso e oeste do Pará (Honeycutt *et al.*, 1980; Gomes *et al.*, 2012; Tabelas 7 e 8, Figuras 11, 12c, 19).

$K_I$  e  $K_{II}$  podem ser derivados um do outro por uma fusão/fissão cêntrica e uma inversão pericêntrica.  $K_{IV}$  ( $2n=34$  e  $NF=62$ ) encontrado em espécimes da Bahia, Amazonas, nordeste do Pará e Ilha de Marajó, difere de  $K_{II}$  ( $2n=34$  e  $NF=64$ ) por uma inversão pericêntrica no par 16, ou no tamanho das Ag-RONs e da heterocromatina que daria a impressão de um pequeno braço curto (Gomes *et al.*, 2012; Figura 19).  $K_I$  ( $2n=36$  e  $NF=62$ ) e  $K_{IV}$  podem ser derivados um do outro por uma fusão/fissão cêntrica, afetando um par de autossomos de tamanho pequeno.  $K_V$  ( $2n=34$  e  $NF=56$ ) descrito para *R. pumilio* do Suriname (Baker e Bickham, 1981; Tabela 8) compartilha o mesmo NF com o  $K_{III}$ , mas difere no  $2n$  provavelmente por duas fusões/fissões cêntricas, e ambos diferem de  $K_I$ ,  $K_{II}$  e  $K_{IV}$  por vários rearranjos cromossômicos (Figura 19). As Ag-RONs de  $K_{III}$  aqui analisadas estão localizadas na região pericentromérica do par 13, e análises destas regiões para  $K_{II}$  e  $K_{IV}$  (Gomes *et al.*, 2012) mostraram estas regiões localizadas no braço longo do par 15 e no braço curto do par 16. As bandas-CBG de  $K_I$  e  $K_{III}$  aqui estudados são

pericentroméricas em todos os cromossomos, enquanto em  $K_{II}$  e  $K_{IV}$  estudados por Gomes *et al.*(2012), além dessas, foram encontradas bandas na região distal do braço longo do par 15, sugerindo mais uma vez que rearranjos do tipo fusões/fissões e inversões tenham originado estes cariomorfotipos. As análises com FISH telomérica em  $K_{III}$ , aqui realizada, mostraram sequências teloméricas na região terminal de todos os cromossomos, além de marcações pericentroméricas nos 1º, 2º, 5º, 6º, 8º, 9º e 13º pares cromossômicos e no cromossomo sexual X. Análises de FISH telomérica anteriores com  $K_I$  mostraram somente as regiões teloméricas hibridadas (Gomes *et al.*, 2012). A localização destas sequências em regiões não-teloméricas (ITS) podem indicar que essas sequências são componentes da heterocromatina constitutiva e/ou remanescentes de rearranjos cromossômicos (Metcalf *et al.*, 1998; Svartman e Vianna-Morgante, 1998; Calixto *et al.*, 2014). No caso do  $K_{III}$  de *R. pumilio* com  $2n=30$  e  $NF=56$ , aqui descrito, a heterocromatina constitutiva foi observada na região pericentromérica de todos os cromossomos e as hibridações com FISH telomérica foram observadas somente em sete pares autossômicos e no cromossomo X. Este cariomorfotipo, provavelmente sofreu vários rearranjos que parecem não ter causado a perda das sequências teloméricas, como ocorreu durante a evolução cromossômica de algumas espécies de morcegos (Ono e Yoshida, 1997; Finato *et al.*, 2000; Calixto, *et al.*, 2014). O bandeamento-GTG realizado no presente trabalho auxiliou no pareamento dos homólogos de  $K_{III}$ , mas apresentou pouca definição, impedindo a comparação com o cariótipo de bandas-GTG de  $K_{IV}$  já descrito. Somente a comparação entre as bandas-GTG e FISH telomérica dos demais cariomorfotipos, sobretudo de  $K_V$  de  $2n=34$  e  $NF=56$  do Suriname, poderão mostrar os rearranjos ocorridos.



Figura 19 – Cariomorfotipos encontrados em *Rhinophylla pumilio*. K<sub>I</sub> com 2n=32, NF=62 (a) Colômbia, modificado de Baker e Bleier (1971); (b) Brasil, Amazonas; K<sub>II</sub> com 2n=34, NF=64 (c) Suriname, modificado de Honeycutt *et al.*(1980); (d) Brasil, Amazonas; K<sub>III</sub> com 2n=30, NF=56 (e) Brasil Amazonas; K<sub>IV</sub> com 2n=34, NF=62 (f) Brasil, Bahia, Amazonas, nordeste do Pará e Ilha de Marajó, modificado de Gomes *et al.*(2012); K<sub>VI</sub> com 2n=26, NF=48 (g) Brasil, Bahia, modificado de Toledo (1973).

O cariomorfotipo VI (K<sub>VI</sub>) de *R. pumilio* com 2n=26 e NF=48 foi descrito para a Bahia (Toledo, 1973), e sua reanálise revelou uma discordância no número cromossômico e no tamanho do cromossomo (Gomes *et al.*, 2012). No entanto, estes autores não descrevem com detalhes essa discordância, e essa diferença não fica clara.

Nossos estudos mostraram discordância entre dados cariotípicos e as árvores dos genes mitocondriais, mas foram concordantes com publicações anteriores em mostrar a megaevolução cariotípica em *R. pumilio* (Wright *et al.*, 1999; Baker e Bickham, 1980). Zima (2000) sugere que várias espécies apresentam um padrão de divergência cariotípica entre populações iniciado no centro da distribuição da espécie, dando evidências indiretas que a presença de grandes barreiras geográficas não é necessária para a divergência de cariótipos entre populações.

Este pode ser o caso do padrão encontrado em *R. pumilio* pois a maior variabilidade cariotípica ocorre mais próxima ao centro de distribuição da espécie (Figura 11). A coloração convencional e os padrões de bandeamento-CBG sugerem que  $K_{II}$  e  $K_{IV}$  diferem apenas por adição/deleção de heterocromatina ou de sítios ribossômicos, e  $K_I$  e  $K_{IV}$  diferem por apenas uma fusão/fissão cêntrica, sugerindo polimorfismo cromossômico.

Os cariomorfotipos  $K_I$  e  $K_{IV}$  ( $2n=34-36$  e  $NF=62$ ) podem ser considerados variações do mesmo cariótipo, caso a diferença de  $K_{II}$  ( $2n=34$  e  $NF=64$ ), em relação a  $K_{IV}$  com quem compartilha o mesmo  $2n$ , seja apenas a quantidade de heterocromatina como proposto por Gomes *et al.* (2012). Sendo assim, ele também pertenceria a mesma linhagem evolutiva, aqui designada linhagem  $K_{I-II-IV}$ . Já o cariomorfotipo  $K_{III}$  ( $2n=30$  e  $NF=56$ ) seria obrigatoriamente uma nova linhagem evolutiva, aqui designada linhagem  $K_{III}$ , cujo possível híbrido com a linhagem  $K_{I-II-IV}$  seria necessariamente infértil. Em relação ao cariomorfotipo  $K_V$  ( $2n=34$  e  $NF=56$ ) não existem fotos, ou descrição da morfologia dos cromossomos, impossibilitando uma correta interpretação.

A média das estimativas de distância genética K-2p intragenérica de *Rhinophylla* aqui encontrada com o *mt-Cytb* foi de 8,71% enquanto a encontrada por Wright *et al.* (1999) com o mesmo marcador foi 13,9%, possivelmente devido ao maior número amostral aqui utilizado. As análises filogenéticas de MV e IB de *Rhinophylla* com o *mt-Cytb* confirmaram o monofiletismo do gênero e das espécies *R. pumilio* e *R. alethina*, com a primeira sendo espécie-irmã de *R. fischeriae*, corroborando estudos anteriores (Wright *et al.*, 1999). Entretanto, no trabalho destes autores a relação entre as espécies *R. pumilio* e *R. fischeriae* tem um suporte baixo (bootstrap 67%), assim como na análise aqui realizada (bootstrap 54%, pp 0,65, Figura 14).

Já nas análises filogenéticas de MV e IB com o *mt-Co1* o monofiletismo de *Rhinophylla* também foi corroborado com suporte alto (bootstrap 84,8%, pp 0,98), mas a relação entre as três espécies não é a mesma, pois nesta análise *R. alethina* e *R. fischeriae* apareceram como espécies-irmãs, e grupo-irmão de *R. pumilio*. A árvore do *mt-Cytb* e do *mt-Co1* são discordantes, e uma outra análise com outro marcador é necessária para resolver as relações filogenéticas entre as espécies de *Rhinophylla*.

As análises da espécie *R. pumilio* com *mt-Cytb* mostraram três agrupamentos com baixo suporte, e as análises de MJ com *mt-Cytb* recuperaram parcialmente esta topologia. Nessa análise o haplótipo da Guiana Francesa fica separado por pelo menos dois vetores médios e 37 substituições de nucleotídeos das linhagens do Peru (PE) e da linhagem do Brasil (BR), enquanto a linhagem PE está separada da linhagem BR por pelo menos três vetores médios e seis substituições de nucleotídeos (Figuras 14 e 15). Esta análise sugere a maior proximidade entre haplótipos do PE e do BR, separados do haplótipo da Guiana Francesa. A média de estimativas de distância genética intraespecífica de *R. pumilio* com o *mt-Cytb* variou de 0,39% entre haplótipos do Amazonas até 3,96% entre haplótipos do leste da Amazônia e da Guiana Francesa. Este valor é semelhante ao encontrado (3,6%) entre haplótipos do Peru e da Guiana Francesa (Wright *et al.*, 1999). Estes valores corroboram a separação encontrada na análise de MJ, onde espécimes do Peru, da Guiana e do Brasil, estão distantes.

As análises de *R. pumilio* com o *mt-Co1* mostraram um clado com a amostra do Equador como grupo irmão das amostras do Brasil suportado na MV (76,4%) e sem suporte na IB (Figuras 16 e 17), topologia parcialmente recuperada pelas análises de MJ que mostram três linhagens: EC, SU+GY e BR (Figura 18). Sendo a MJ mais adequada a análises intraespecíficas, fica a sugestão de uma estruturação

geográfica onde podemos ver amostras da Guiana e Suriname, separadas do haplótipo do Equador, e das amostras da Amazônia brasileira. Estudos anteriores com este marcador e amostras do Equador, Guiana e Suriname mostraram apenas uma linhagem (Clare *et al.*, 2011). Possivelmente os tepuis (terras altas localizadas ao norte do Brasil) e a linha de vegetação aberta formada pelas manchas de “campinaranas” e “lavrados” são responsáveis por essa quebra no fluxo gênico entre Brasil e Guiana+Suriname. Esse mesmo padrão foi observado para outras espécies de quirópteros, como em *Cormura brevicauda* (Capítulo II), na qual esse padrão foi recuperado com o marcador *mt-Co1* que mostrou haplótipos do Equador, Brasil e Guianas igualmente separados.

As análises filogenéticas de *R. pumilio*, com os dois marcadores mitocondriais aqui estudados, incluem pela primeira vez amostras do Brasil. Estas análises têm em comum as amostras de sequências aqui geradas, e diferem em relação as sequências disponíveis no GenBank, mas todas foram concordantes em misturar amostras dos cariomorfotipos I (2n=36 e NF=62) e III (2n=30 e NF=56) e, a análise de MV com o *mt-Co1* mostrou o haplótipo com o cariomorfotipo II do Suriname (2n=34 e NF=64) separado do clado com os haplótipos do Brasil e do Equador, ou seja, nesse caso a diferença molecular foi concordante com a diferença cariotípica (Figura 18). Esse panorama sugere fortemente que os dois marcadores mitocondriais aqui utilizados não são adequados para análises filogenéticas deste grupo, pois sua evolução não parece acompanhar a rápida evolução cariotípica da espécie. As taxas de evolução cariotípica e molecular de um organismo podem ser diferentes, já que a dinâmica e estrutura populacional têm pouca influência nas taxas de evolução em genes estruturais e sequências de ADN, mas podem ter uma profunda influência na evolução de outros níveis biológicos (Bush *et al.*, 1977).

A grande mobilidade de uma espécie, ocupando territórios maiores e áreas de vida grandes, limita a sua habilidade para estabelecer pequenas populações isoladas. É o que ocorre com grandes mamíferos, levando a uma taxa de evolução cromossômica mais lenta que em mamíferos pequenos (Wilson *et al.*, 1975). Entretanto, em morcegos, devido a sua grande mobilidade proporcionada pelo voo, muitas vezes isto não acontece, o que pode ser observado com relação aos estudos cromossômicos, já que o cariótipo da maioria dos morcegos é muito conservado (Baker, 1970; Moratelli e Morielle-Versute, 2007), com taxas lentas de evolução cromossômica em comparação com mamíferos placentários de tamanhos similares.

Entretanto, os indivíduos de *R. pumilio* da Guiana Francesa apresentam a menor área de vida entre os filostomídeos frugívoros de pequeno porte, comparado com *Carollia castanea* do Panamá, de tamanho similar (Henry e Kalko, 2007). Além disso, *R. pumilio* realiza pequenos vôos variando de 40 a 120 metros e forma pequenos grupos (Charles-Dominique, 1993; Henry e Kalko, 2007). Estes fatores podem ter levado a grande variabilidade cromossômica encontrada nesta espécie.

### **3.4 CAPÍTULO IV: Citotaxonomia de Quirópteros na Amazônia Brasileira e Filogeografia de Espécies Seleccionadas**

#### **3.4.1 Introdução**

Os primeiros estudos de cromossomos de morcegos datam do início do século passado e devido às técnicas ainda inadequadas e resultados inconclusivos, pouco contribuíram para o conhecimento citogenético do grupo, com o número diploide de *Nyctinomus mexicanus* definido pela primeira vez em 1925 por Painter (Makino, 1948). Mais tarde, por volta da metade do século vinte, tiveram início estudos citogenéticos mais conclusivos com morcegos no Brasil e no Mundo, onde não só os números diploides puderam ser descritos, como também o cariótipo com coloração convencional (Makino, 1948; Mathey e Bovey, 1948; Baker, 1967; Beçak *et al.*, 1968; Yonenaga *et al.*, 1969; Toledo, 1973; Baker, 1979).

Com o desenvolvimento de técnicas de bandeamentos cromossômicos por volta de 1970, como o bandeamento-GTG, a detecção das regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs) e da heterocromatina constitutiva (bandas-CBG), problemas sistemáticos e taxonômicos, além da estrutura e comportamento dos cromossomos de quirópteros puderam ser elucidados (Yonenaga-Yassuda, 2004). A partir daí segmentos e rearranjos cromossômicos puderam ser identificados e as inferências de homologias cromossômicas, assim como o conhecimento de regiões importantes dos cromossomos e de sistemas sexuais cromossômicos, foram algumas das contribuições destas técnicas para essas áreas do conhecimento (Stock, 1975; Patton e Baker, 1978; Sites *et al.*, 1981; Baker *et al.*, 1982; Hood e Baker, 1986; Tucker e Bickham, 1986; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Tucker e Bickham, 1989; Noronha *et al.*, 2001; Rodrigues *et al.*, 2003; Noronha *et al.*, 2004; Graphodatsky *et al.*, 2011). Atualmente, a citogenética de morcegos vem se desenvolvendo muito através das técnicas moleculares e muitos estudos comparativos e biogeográficos

têm sido realizados com o grupo (Santos *et al.*, 2001; Gomes *et al.*, 2010; Sotero-Caio *et al.*, 2011; Gomes *et al.*, 2012; Sotero-Caio *et al.*, 2013).

A hibridização *in situ* fluorescente (FISH), usando sondas não-radioativas, foi a grande revolução dessa área, permitindo a detecção em muitos organismos de segmentos cromossômicos antes não visualizados (Yonenaga-Yassuda, 2004). Um desses segmentos cromossômicos muito utilizado em estudos de evolução cariotípica e do conhecimento da estrutura dos cromossomos de mamíferos é a sequência repetitiva encontrada nos telômeros. Estas sequências são muito conservadas, sendo encontradas na região telomérica de todos os vertebrados e quando encontradas em regiões não-teloméricas (ITS), podem indicar rearranjos cromossômicos ocorridos na evolução do grupo ou revelar diferenças na composição da estrutura cromossômica (Meyne *et al.*, 1989; Meyne *et al.*, 1990; Fagundes *et al.*, 1997; Svartman e Vianna-Morgante, 1998; Araújo *et al.*, 2013).

A filogenia molecular estudada por análises de sequências de ADN vem tendo cada vez mais importância nos estudos evolutivos com o desenvolvimento de técnicas para obtenção de vários tipos de sequências e de programas computacionais para as análises dessas sequências. Além disso, os estudos de filogeografia que levam em conta as linhagens evolutivas e suas distribuições geográficas ao longo do tempo, também avançaram muito e têm sido cada vez mais utilizadas em estudos de vários organismos. Em quirópteros, muitos trabalhos vêm sendo desenvolvidos nas principais famílias e têm contribuído muito para o entendimento das relações entre e dentro dos grupos, tanto no Brasil, quanto no Mundo (Hooper e Van Den Bussche, 2003; Teeling *et al.*, 2005; Larsen *et al.*, 2007; Xiao *et al.*, 2008; Martins *et al.*, 2009; Clare *et al.*, 2011; Pavan *et al.*, 2011).

No presente estudo foram realizadas análises cariológicas em representantes de seis famílias das nove que ocorrem no Brasil: Emballonuridae, Phyllostomidae,

Mormoopidae, Noctilionidae, Molossidae e Vespertilionidae. Amostras de indivíduos brasileiros de Mormoopidae, de algumas espécies de embalonurídeos e filostomídeos foram aqui estudadas pela primeira vez. Análises filogenéticas e filogeográficas foram realizadas em três gêneros de Phyllostomidae, *Artibeus*, *Carollia* e *Phyllostomus*.

A família Emballonuridae apresenta 13 gêneros e 53 espécies com ampla distribuição nas regiões tropicais e subtropicais do Velho e do Novo Mundo (Simmons, 2005; Lim, 2007). Na região Neotropical se distribui de Sonora, no México até o sudeste do Brasil (Eisenberg e Redford, 2001). No Brasil ocorrem sete gêneros e 17 espécies, todas encontradas na Amazônia (Reis *et al.*, 2013b). Esta família está atualmente dividida em duas subfamílias, Taphozoinae e Emballonurinae, com a primeira restrita ao Velho Mundo e a segunda dividida nas tribos Emballonurini, que ocorre no Velho Mundo e Diclidurini que ocorre no Novo Mundo (Baghoorn, 1977; Griffiths e Smith, 1991). Estudos filogenéticos envolvendo vários sistemas genéticos encontraram uma dicotomia na tribo Diclidurini, dividindo-a nas subtribos Diclidurina e Saccopterygina (Lim, 2007; Lim *et al.*, 2008). Recentemente, estudos biogeográficos moleculares sugerem que as subfamílias Taphozoinae e Emballonurinae sejam elevadas a categoria de família devido à clara separação e tempo de divergência das duas linhagens (Ruedi *et al.*, 2012).

Poucos estudos citogenéticos foram realizados em embalonurídeos, com números diploides variando de 22 a 42 e números fundamentais variando de 36 a 64 (Patton e Baker, 1978; Baker e Jordan, 1970; Ray-Chadhuri *et al.*, 1971; Baker *et al.*, 1981; Baker *et al.*, 1981; Hood e Baker, 1986). Os embalonurídeos apresentam grande variação cromossômica interespecífica, com a maioria dos cariótipos exclusivos de cada espécie. Estudos com bandeamento-GTG mostram que esta família sofreu considerável evolução cromossômica comparada a outras famílias de

Chiroptera, possivelmente devido a sua posição basal, com gêneros atuais muito antigos (Bickham e Baker, 1979). Até o momento, estudos cariológicos com espécimes brasileiros foram realizados apenas com a espécie *Centronycteris maximiliani*, coletado na Bahia (Geise *et al.*, 2015). Neste estudo foram analisadas três espécies de Emballonuridae: *Saccopteryx bilineata*, *Saccopteryx leptura* e *Rhynchonycteris naso*, e um exemplar do gênero *Saccopteryx* não identificado.

A família Phyllostomidae é a maior e mais diversificada família de Chiroptera na região Neotropical, com várias subfamílias e aproximadamente 170 espécies, que apresentam como característica principal uma estrutura nasal em forma de folha, chamada folha nasal e com modificações para praticamente todos os hábitos alimentares (Wetterer *et al.*, 2000; Simmons, 2005; Nogueira *et al.*, 2007). No Brasil, ocorrem 42 gêneros e 91 espécies (Simmons, 2005; Fregonezi *et al.*, 2013). Devido à sua grande diversidade, suas relações filogenéticas foram alvo de muitas discussões e vários estudos utilizando diferentes abordagens, inclusive a citogenética, têm sido realizados na tentativa de solucionar estes problemas (Wetterer *et al.*, 2000; Baker *et al.*, 2000; Jones *et al.*, 2002). Considerando dados morfológicos e moleculares, Baker *et al.* (2003), sugeriu uma nova classificação para a família, com onze subfamílias, Macrotoninae, Micronycterinae, Desmodontinae, Lonchorhinae, Phyllostominae, Glossophaginae, Lonchophyllinae, Carrollinae, Glyphonycterinae, Rhinophyllinae e Stenodermatinae, e esta classificação será seguida no presente estudo. Esta família apresenta variação em números diploides de 16 a 49 e números fundamentais de 20 a 70, com alguns táxons muito conservados enquanto outros, apresentando grande variação cromossômica (Baker e Bickham, 1980; Moratelli & Morielle-Versute, 2007). Algumas espécies apresentam cariótipos muito rearranjados em relação a outras de espécies próximas, como por exemplo, *Tonatia bidens* e *Tonatia saurophylla*, com cariótipos apresentando os

menores valores de números diploides entre os quirópteros ( $2n=16$ ), em relação aos gêneros *Mimon* e *Lophostoma* (Ribas *et al.*, 2015).

Estudos com bandeamentos-GTG realizados em espécies de Phyllostomidae, Noctilionidae e Mormoopidae mostraram uma grande conservação de braços cromossômicos entre esses grupos e que a principal estratégia evolutiva é a redução cromossômica por fusões Robertsonianas (Patton e Baker, 1978). Estes mesmo autores sugeriram um cariótipo ancestral para este grupo, muito próximo ao de *Macrotus waterhousii*, com  $2n=46$  e  $NF=60$ .

Neste estudo foram analisadas espécies das subfamílias Desmodontinae, Carolliinae, Phyllostominae e Stenodermatinae. A subfamília Desmodontinae possui três espécies, todas ocorrendo no Brasil e na região Neotropical, *Desmodus rotundus*, *Diaemus Youngi* e *Diphylla ecaudata* (Sekizawa *et al.*, 2013b). Estas espécies não possuem folha nasal desenvolvida, com uma forma rudimentar no formato de ferradura, são hematófagas e simpátricas, com distribuição do México até a América do Sul, com as duas primeiras chegando até a Argentina. Além disso, esta subfamília apresenta modificações morfológicas e fisiológicas que permitiram uma alimentação exclusivamente hematófaga (Kwon e Gardner, 2008; Aguiar, 2007). Esta espécie tem sido muito estudada devido à condição hematófaga, ampla distribuição geográfica, e ser hospedeiro e vetor de zoonoses, muitas vezes prejudicando as atividades humanas, inclusive sobre o ponto de vista citogenético. *Desmodus rotundus* apresenta  $2n=28$  e  $NF=58$ , e *Diaemus youngi* e *Diphylla ecaudata* apresentam  $2n=32$  e  $NF=60$ , sem nenhuma variação geográfica registrada até o momento (Yonenaga *et al.*, 1969; Toledo, 1973; Cadena e Baker, 1976; Morielle e Varela-Garcia, 1988; Santos *et al.*, 2001). No presente trabalho foi estudada a espécie *D. rotundus*.

Na subfamília Carollinae tradicionalmente eram alocados os gêneros *Carollia* e *Rhinophylla* (Wetterer *et al.*, 2000; Simmons, 2005; MacLellan e Koopman, 2007). Entretanto, estudos morfológicos e moleculares separaram a subfamília Carollinae composta apenas pelo gênero *Carollia* e a subfamília Rhinophyllinae composta pelo gênero *Rhinophylla* (Baker *et al.*, 2003). *Carollia* possui oito espécies ocorrendo do México até o sudeste do Brasil (Pacheco *et al.*, 2004; MacLellan e Koopman, 2007). Todas, exceto *C. benkeithi*, possuem um sistema múltiplo de determinação de sexo devido a uma translocação entre um autossomo e o braço longo do cromossomo X, constituindo os cromossomos sexuais do tipo  $XX/XY_1Y_2$ , resultado de uma translocação entre um cromossomo autossomo e o cromossomo X (Tucker e Bickham, 1989; Noronha *et al.*, 2004). *Carollia brevicauda*, *C. perspicillata*, *C. castanea*, *C. subrufa* e *C. soweli* possuem  $2n=20$  para fêmeas e  $2n=21$  para machos, todas com  $NF=36$  e *C. benkeithi* possui  $2n=22$  e  $NF=38$  (Baker, 1967; Hsu *et al.*, 1968; Baker e Bleier, 1971; Stock, 1975; Baker, 1979; Baker *et al.*, 2002; Solari e Baker, 2006). Neste estudo foram estudadas as espécies *C. brevicauda* e *C. perspicillata*.

A subfamília Phyllostominae apresenta grande número de espécies, com muita variação de tamanho, formas e hábitos alimentares, causando controvérsias quanto a sua taxonomia e relações filogenéticas (Wetterer *et al.*, 2000; Baker *et al.*, 2003). No Brasil ocorrem 15 gêneros e 33 espécies (Fregonezi *et al.*, 2013). Esta família pode ser dividida em três tribos, Phyllostomini, composta pelos gêneros *Phyllostomus*, *Phylloderma*, *Mimon*, *Tonatia* e *Lophostoma*, Macrophyllini, composta por *Macrophyllum* e *Trachops* e Vampirini, composta por *Vampyrum* e *Chrotopterus* (Baker *et al.*, 2003). Esta subfamília apresenta variação nos números cromossômicos de 16 a 32, e nos números fundamentais de 20 a 70 com taxas de evolução cromossômica muito variáveis (Baker, 1967; Yonenaga *et al.*, 1969; Baker

e Hsu, 1970; Baker, 1973; Toledo, 1973; Gardner, 1977; Baker, 1979; Baker *et al.*, 1980; Honeycutt *et al.*, 1980; Baker *et al.*, 1981a; Morielle-Versute *et al.*, 1992; Sbragia *et al.*, 2010). Neste estudo foram analisadas as espécies *Chrotopterus auritus*, *Lophostoma silvicolum*, *Mimon crenulatum*, *Phylloderma stenops*, *Trachops cirrhosus*, *Phyllosotmus discolor*, *Phyllostomus elongatus* e *Phyllostomus hastatus*.

Stenodermatinae é a maior subfamília em número de espécies dentro de Phyllostomidae, com 17 gêneros e 67 espécies, dos quais 13 gêneros e 34 espécies ocorrem no Brasil (Simmons, 2005; Reis *et al.*, 2013e). Esta subfamília se distribui do México, até o Peru e o Uruguai, passando pela América Central e Índias Orientais (Koopman, 1994). Muitos estudos cariológicos têm sido realizados em Stenodermatinae. A maioria das espécies apresenta grande estabilidade cariotípica inter e intragenérica, com muitas espécies do mesmo gênero apresentando o mesmo cariótipo, enquanto outras apresentam um alto grau de variação cromossômica e sistemas múltiplos de determinação do sexo do tipo XX/XY<sub>1</sub>Y<sub>2</sub> e Neo-XY (Baker e Lopez, 1970a; Baker, 1979; Kasahara e Dutrillaux, 1983; Tucker, 1986; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Noronha *et al.*, 2001; Silva *et al.*, 2005). Apesar dessa conservação na macroestrutura cariotípica, diferenças nos padrões de bandeamento-CBG e do número e localização das Ag-RONs entre espécies de *Artibeus* têm sido relatadas, permitindo a individualização e diferenciação de cada espécie deste gênero e funcionando como importantes marcadores cromossômicos para o grupo (Santos *et al.*, 2002; Pinto *et al.*, 2012) já que muitas destas espécies ocorrem em simpatria dificultando a sua identificação (Araújo e Langguth, 2010). No presente estudo foram estudadas as espécies *Ametrida centurio*, *Artibeus lituratus*, *Artibeus obscurus*, *Artibeus planirostris*, *Chiroderma trinitatum*, *Dermanura cinerea*, *Dermanura gnoma* e *Uroderma bilobatum*.

A família Mormoopidae apresenta dois gêneros e 8 espécies restritas ao Novo Mundo, ocorrendo do sudoeste dos Estados Unidos até o nordeste e centro-oeste do Brasil, onde ocorrem quatro espécies do gênero *Pteronotus* (Patton e Gardner, 2008; Reis *et al.*, 2013d). Este grupo era uma subfamília de Phyllostomidae e uma revisão morfológica elevou seu “status” (Smith, 1972), mudança corroborada por estudos citológicos, bioquímicos e moleculares (Simmons e Conway, 2001; Van Den Bussche *et al.*, 2002). Estudos citogenéticos realizados com os dois gêneros sugerem uma grande estabilidade cariotípica, com todas as espécies apresentando  $2n=38$  e  $NF=60$ , exceto *Mormoops megalophylla* com  $NF=62$  (Sites *et al.*, 1981). Não há estudos citogenéticos com espécimes brasileiros nesta família até o momento. Neste estudo foi analisada a espécie *P. parnelli*.

A família Noctilionidae possui apenas o gênero *Noctilio*, com duas espécies: *Noctilio albiventris* Desmarest, 1818 e *Noctilio leporinus* (Linnaeus, 1758), ocorrendo somente na região Neotropical, do México até sul do Brasil, Paraguai e norte da Argentina (Zanon e Reis, 2007). As duas espécies possuem cariótipos similares, com  $2n=34$  e  $NF=62$  em *N. albiventris* e  $2n=34$  e  $NF=54/58/60$  em *N. leporinus* (Yonenaga *et al.*, 1969; Vilamiu *et al.*, 2010). No presente trabalho as duas espécies foram estudadas.

A família Molossidae possui mais de 100 espécies ocorrendo na região pantropical de quase todos os continentes (Eger, 2007). Nas cerca de 50 espécies cariotipadas, os números diploides variam de 34 a 52 e os números fundamentais de 52 a 78, devido principalmente, a rearranjos Robertsonianos, inversões, translocações e variações na localização das bandas-CBG e Ag-RONs, importantes marcadores cromossômicos nesta família (Baker e Lopez, 1970b; Warner *et al.*, 1974; Morielle-Versute *et al.*, 1996; Finato *et al.*, 2000; Sreepada *et al.*, 2008; Koubinová *et al.*, 2013). Conservação cariotípica inter e intragenérica é observada,

sendo  $2n=48$  o mais frequente na família, enquanto algumas espécies apresentam variação, com vários cariomorfotipos (Warner *et al.*, 1974; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Sreepada *et al.*, 2008). No presente estudo foram analisadas as espécies *Cynomops planirostris*, *Eumops hansae*, *Eumops perotis* e *Molossus molossus*.

A família Vespertilionidae possui mais de 400 espécies distribuídas em todos os continentes, exceto na Antártica e em ilhas mais afastadas do continente (Simmons, 2005; Gardner, 2008d). No Brasil ocorrem os gêneros *Eptesicus*, *Lasiurus*, *Rhogeessa*, *Histiotus* e *Myotis*, totalizando 24 espécies (Peracchi *et al.*, 2006). A família mostra variação cromossômica intergenérica e uma variação intragenérica reduzida, devido principalmente, a rearranjos do tipo fusões/fissões Robertsonianas, e mais raramente inversões (Bickham, 1979). Os números cromossômicos variam de 20 a 50 e números fundamentais de 46 a 58 (Moratelli e Morielle-Versute, 2007; Koubinová *et al.*, 2013). Alguns gêneros como *Myotis* e *Eptesicus* são muito conservados quanto ao número cromossômico (Bickham, 1979; Baker *et al.*, 1982; Bickham *et al.*, 1986; Moratelli e Morielle-Versute, 2007). Entretanto, grande variação inter e intraespecífica ocorre em *Rhogeessa*, servindo como importante exemplo de especiação cariotípica devido à fusões e fissões Robertsonianas (Baker *et al.*, 1985; Genoways e Baker, 1996). O cariótipo ancestral da família foi hipotetizado possuindo valores de  $2n$  e  $NF$  próximos aos de *Myotis* (Baker, 1970; Bickham, 1979). No presente estudo foram analisadas *Myotis albescens*, *Myotis riparius* e um exemplar de *Myotis* sp.

### **3.4.2 Material e Métodos**

As amostras de quirópteros utilizadas nas análises citogenéticas e filogenéticas foram coletadas em diferentes expedições entre os anos de 1998 e 2004, realizadas dentro dos projetos: (1) “Dinâmica da Transmissão da Infecção Chagásica em áreas

do Médio e Alto Rio Negro - Estado do Amazonas”, coordenado pelo Dr. J.R. Coura, (2) “Inventário e análise de distribuição de fauna de mamíferos do Parque Nacional do Viruá, Roraima, como subsidio a elaboração do Plano de Manejo”, coordenado pelo Dr. L.F.B. de Oliveira, (3) “Quirópteros do Nordeste do Brasil”, coordenado pelo Dr. A. Langguth, (4) “Diagnóstico de doenças e monitoramento da saúde em animais silvestres e domésticos no Corredor Cerrado-Pantanal”, coordenado pelo Dr. P.S. D'Andrea, totalizando 26 localidades (Figura 20). Todos os exemplares tiveram sua identificação taxonômica confirmada pelos Drs. D. Dias, R. Moratelli, F. Escarlata, e Dr. A. Langguth.

As células em suspensão, obtidas em campo, já estavam disponíveis e armazenadas a  $-20^{\circ}\text{C}$ , no Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres do Instituto Oswaldo Cruz (LBPMR - IOC). Posteriormente, para a realização deste estudo, foram utilizadas células em suspensão de exemplares coletados nos municípios de Barcelos e Santa Isabel do Rio Negro, no estado do Amazonas (Figura 21), no município de Itupiranga, estado do Pará e no município de Caracaraí, no Parque Nacional do Viruá, estado de Roraima. As amostras foram coletadas em oito localidades no município de Barcelos e duas no município de Santa Isabel do Rio Negro, no Amazonas (Figura 21), uma em Itupiranga (Programa de Assentamento Benfica I) e uma em Caracaraí (Serra do Preto; Tabela 14; Figura 20). As análises citotaxonômicas utilizaram 115 exemplares de 35 espécies de Chiroptera, cinco espécies da família Emballonuridae, 21 de Phyllostomidae, uma de Mormoopidae, duas de Noctilionidae, quatro de Molossidae e duas de Vespertilionidae (Tabela 14).

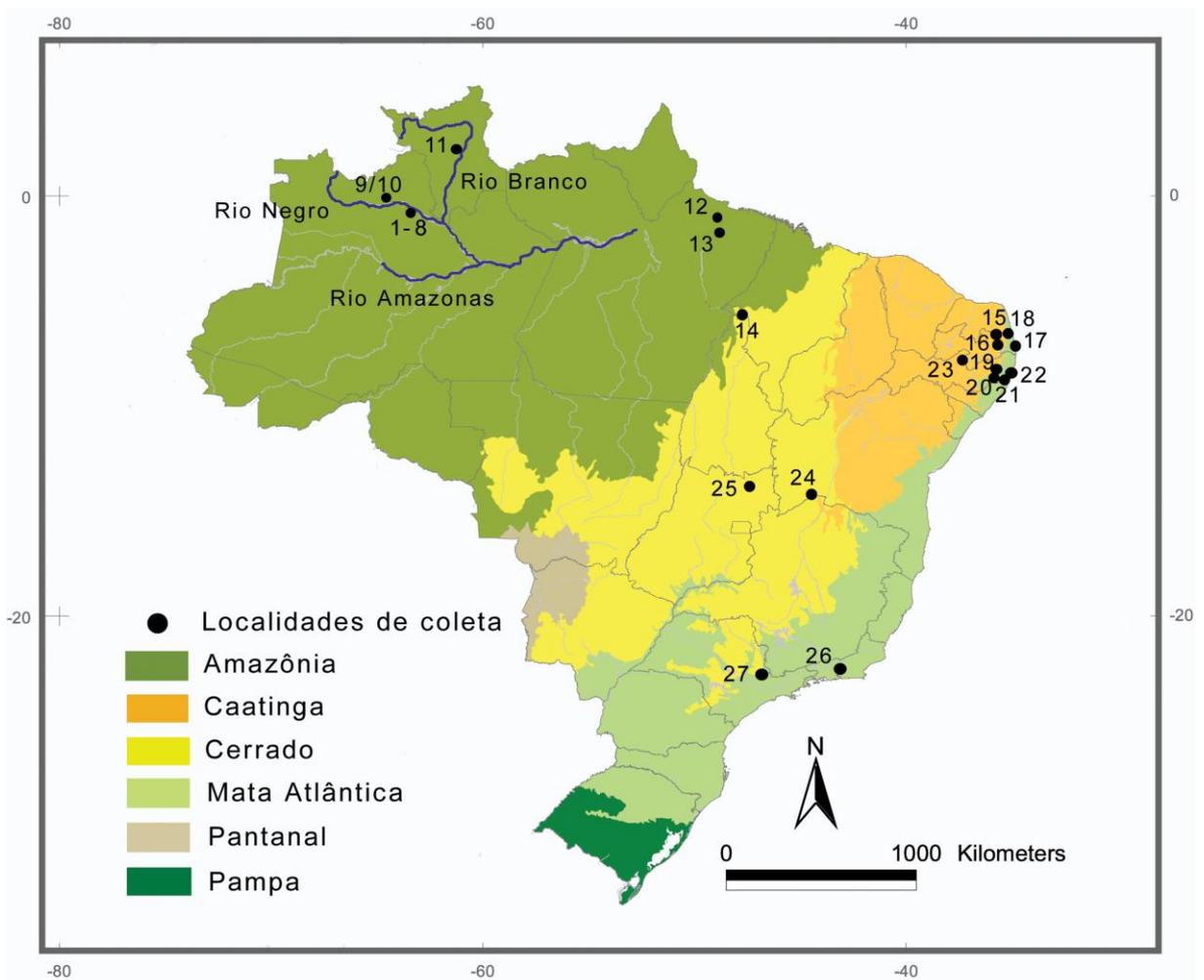


Figura 20 - Mapa do Brasil indicando as localidades de coleta dos exemplares estudados. Brasil: estado do Amazonas, (1) a (8) Barcelos, (9) a (10) Santa Isabel do Rio Negro, estado de Roraima, (11) Caracarái, estado do Pará, (12) Abaetetuba, (13) Itupiranga, estado de Tocantins, (14) Axixá, estado da Paraíba (15) Araruna, (16) Areia, (17) João Pessoa, (18) Mataraca; estado de Pernambuco, (19) Brejo Madre de Deus, (20) Bezerros (21) Ipojuca,(22) Aldeia, (23) Goiana; estado da Bahia (24) Cocos, estado de Goiás, (25) Cavalcante, estado do Rio de Janeiro, (26) Petrópolis, estado de São Paulo, (27) Pedreira.

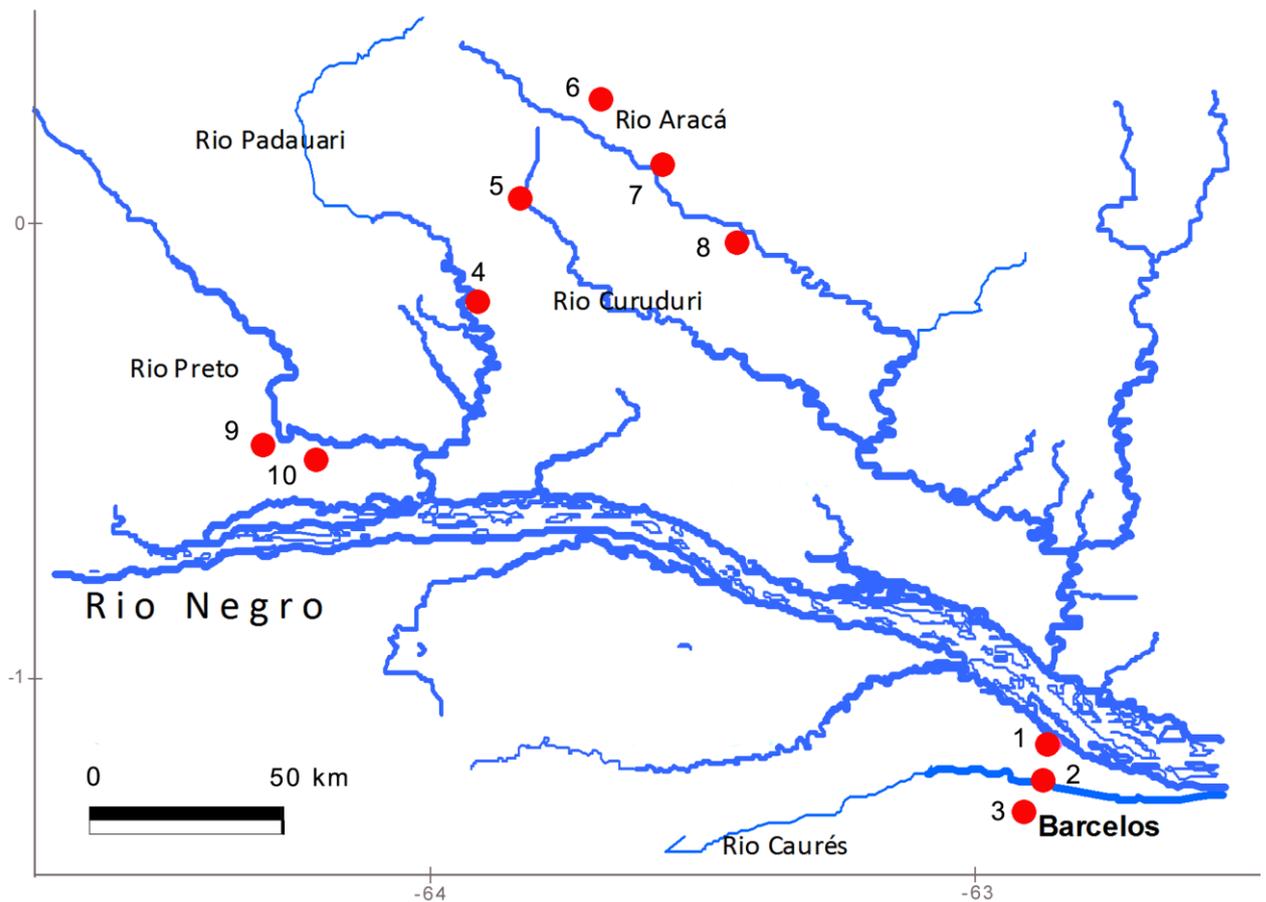


Figura 21 – Pontos de coleta nas localidades de Barcelos e Santa Isabel do Rio Negro, estado do Amazonas. Círculos vermelhos= pontos de coleta, linha azul= Rio Negro. Barcelos: (1) Centro da Cidade, (2) km 10 da Estrada Barcelos- Caurés, Sítio do Francisco, (3) km 20 da Estrada Barcelos- Caurés, Sítio Nova Vida, (4) margem esquerda do Rio Paduari, Igarapé Japomeri, (5) Rio Curuduri, Igarapé Curudurizinho, (6) Rio Aracá, Igarapé Jauari, Colocação Três Barracas, (7) margem esquerda do Rio Aracá, lago do Igarapé do Paula, (8) margem direita do Rio Aracá, Igarapé Jauari, Colocação Ucuqui e margem direita do Rio Aracá, Igarapé Limão, Igarapé Bigorna; Santa Isabel do Rio Negro: (9) Rio Preto, margem esquerda do Igarapé Malalaha, Igarapé Coatá, (10) Rio Preto, margem esquerda do Igarapé Malalaha, Igarapé Araújo.

Nas análises das relações filogenéticas e filogeográficas dos gêneros *Artibeus*, *Carollia* e *Phyllostomus*, família Phyllostomidae, foram utilizadas sequências dos genes mitocondriais *mt-Cytb* e *mt-Co1*. Nestas análises foram utilizadas amostras de 12 localidades na Amazônia e de mais 14 localidades em diferentes domínios morfoclimáticos brasileiros (Apêndice 3, Figura 20).

### Preparações Cromossômicas

As células em suspensão foram obtidas no campo conforme metodologia descrita em Andrade *et al.* (2004). No laboratório, as células em suspensão foram centrifugadas por cinco minutos a 1500 rpm e o sobrenadante descartado. Foram então adicionados 10 ml de “Carnoy” (3 metanol: 1 ácido acético) e a solução foi homogeneizada. Essa etapa foi repetida mais duas vezes antes de pingar as lâminas. Uma lâmina limpa foi mergulhada em solução de metanol 70%, onde foi pingada uma gota das células em suspensão e depois a lâmina foi flambada. Após um dia, as lâminas foram coradas com solução de Giemsa a 5%, durante 10 minutos, e lavadas com água destilada e deixadas para secar em temperatura ambiente.

As lâminas foram examinadas em um microscópio óptico Axioskop ZEISS. As melhores metáfases foram fotografadas utilizando o programa Q Capture®, versão 7. Os cariótipos foram montados com os cromossomos em ordem decrescente de tamanho, de acordo com a classificação dos cromossomos, usando o programa Adobe Photoshop® CS, versão 6. A classificação dos cromossomos foi realizada visualmente, considerando a posição dos centrômeros, sendo: metacêntrico = centrômero no centro ou próximo ao centro; submetacêntrico = centrômero acima do centro; acrocêntrico = centrômero na extremidade ou muito próximo a extremidade do cromossomo. Os números fundamentais foram calculados considerando metacêntricos e submetacêntricos como cromossomos de dois braços, e acrocêntricos como de um braço. Foram montadas no mínimo cinco metáfases para cada indivíduo estudado. Nos casos em que o material celular não estava em boas condições, não foi possível atingir este número mínimo de metáfases montadas e as análises foram realizadas com um número menor.

A marcação das regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs) foi realizada segundo a técnica de Howell e Black (1980), com algumas modificações como descrita a seguir: pingar uma gota das células em suspensão a ser analisada em uma lâmina previamente lavada, e no mesmo dia realizar a hidrólise em solução de 1N de ácido clorídrico (HCl), em temperatura ambiente, durante aproximadamente 20 minutos. Retirar a lâmina da solução e deixar secar em temperatura ambiente, sem lavar. Pingar uma gota de solução coloidal reveladora (gelatina a 2%) e duas gotas de solução de nitrato de prata a 50%, sobre o material pingado na lâmina. Misturar as duas soluções e colocar uma lamínula sobre a lâmina. Incubar a lâmina em estufa a 60°C em uma placa de Petri forrada com papel absorvente umedecido, durante 3 a 5 minutos. Lavar com água destilada, retirando a lamínula e corar com solução de Giemsa a 5%, durante 30 segundos. Lavar com água destilada e secar em temperatura ambiente.

A obtenção dos padrões de distribuição da heterocromatina constitutiva (bandeamento-CBG) foi realizada segundo Sumner (1982; com algumas modificações), como descrita a seguir: pingar uma gota das células em suspensão a ser analisada em uma lâmina previamente lavada, e envelhecer durante aproximadamente uma semana. Após este tempo, tratar com solução de 0,2 N de ácido clorídrico (HCl) à temperatura ambiente, durante 15 minutos, e lavar com água destilada e secar. Incubar a lâmina em solução de 2XSSC a 60°C, em banho-maria, durante 15 minutos, elavar com água destilada e secar. Incubar a lâmina em solução de hidróxido de bário octahidratado a 5%, a 60°C, de 20 segundos a 1 minuto e 30 segundos (o tempo de incubação nesta solução vai depender do tempo de envelhecimento da lâmina). Lavar rapidamente em solução 1N de HCl, a 60°C. Lavar com água destilada e deixar secar. Incubar a lâmina em solução de 2XSSC a 60°C,

em banho-maria, durante 30 minutos. Lavar com água destilada e secar. Corar com solução de Giemsa a 5%, durante 30 a 40 minutos.

Os padrões de distribuição das bandas-GTG foram obtidos segundo a técnica de Seabright (1971) com modificações, como descrito a seguir: pingar uma gota das células em suspensão a ser analisada em uma lâmina previamente lavada, e envelhecer por 5 a 20 dias, e mergulhar em um tubo de polipropileno de 50 ml com solução de tripsina à 37°C, de 10 a 30 segundos. Lavar com água destilada e secar. Corar com solução de Giemsa a 5%, durante 20 a 30 minutos.

As sequências teloméricas presentes no genoma das espécies estudadas foram visualizadas em experimentos de hibridação “*in situ*” fluorescente (FISH). Para isso, foram sintetizadas sequências (TTAGGG)<sub>4</sub> com molécula de biotina na extremidade (Invitrogen). As condições de hibridação estão descritas a seguir: (1) pingar uma gota das células em suspensão a ser analisada em uma lâmina previamente lavada e deixar envelhecendo a 37 °C, overnight. Incubar as lâminas em pepsina (100 µg/mL em HCl 0,01N) a 37°C, por 10 minutos. Mergulhar as lâminas em três banhos de água destilada, à temperatura ambiente, por 3 minutos cada. Incubar as lâminas em um banho de 2xSSC a 60°C, por 10 minutos. Mergulhar as lâminas em três banhos de água destilada, à temperatura ambiente, por 3 minutos cada. Desidratar as lâminas, à temperatura ambiente, em 3 banhos de 3 minutos, em etanol 50%, 70% e 100%, consecutivamente. Deixar as lâminas secarem em temperatura ambiente. (2) Incubar as lâminas por 2 minutos na solução de desnaturação (formamida 70% - 35 mL de formamida desionizada, 5 mL de 20xSSC e 10 mL de água destilada) a 70°C. Mergulhar as lâminas em 2xSSC gelado e em seguida imergi-las em banhos de 3 minutos em etanol 50%, 70% e 100% gelados. Secar as lâminas ao ar. (3) Pipetar a sonda (8 µL de sonda, 138 ng/µL, e 5 µL de meio de hibridação) sobre a área de hibridação, cobrir com a lamínula e incubar as lâminas

em câmara de hibridação (papel umedecido com água destilada) a 37°C, por um a dois dias. (4) Após a hibridação, lavar as lâminas em um banho de 2xSSC a 37°C, durante 5 minutos. Transferir as lâminas para um banho de PBT (0,1% de Tween 20 em PBS) à temperatura ambiente, por 5 minutos. Pipetar 100 µl do anticorpo (neutravidina conjugada com rodamina (Roche Applied Science) (1:100 em PBT) em cada área de hibridação, cobrindo-as com uma lamínula de vidro. Incubar na câmara úmida em estufa 37°C, por 45 minutos. Manter as lâminas em 2 banhos de PBT à temperatura ambiente, por 5 minutos cada. Lavar as lâminas com jatos de PBS e montá-las com DAPI (0,8 ng/µL) em SlowFade (Invitrogen). Analisar ao microscópio de fluorescência.

#### Obtenção, amplificação, sequenciamento

O ADN foi extraído segundo o protocolo de fenol/clorofórmio (Sambrook e Russel, 2001), com modificações, como descrito nas duas etapas a seguir:

Na etapa 1, colocar em um tubo de microcentrífuga de 1,5 ml um pedaço do tecido do animal de cerca de 1mm<sup>2</sup> e acrescentar 500 µl de tampão de lise de tecidos (1,21g de Tris base 10 mM; 37,4g de EDTA 100mM). Macerar o tecido com a ajuda de uma ponteira. Acrescentar 25 µl de SDS a 20%, 5 µl de proteinase XIV e 5µl de RNase. Deixar o tubo à temperatura ambiente em um agitador, durante um ou dois dias, até a realização da segunda etapa.

Na etapa 2, acrescentar no tubo contendo a amostra, 500 µl fenol/clorofórmio no tubo e centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm. Retirar a fase de baixo do tubo e repetir o procedimento anterior. Retirar a fase de baixo do tubo e acrescentar 500 µl de clorofórmio no tubo e centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm. Retirar a fase de baixo do tubo e repetir o procedimento anterior. Retirar a fase de baixo do tubo e centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm. Retirar a fase de cima do tubo e transferir para um tubo novo. Acrescentar 800 µl de etanol 100% gelado e virar o

tubo várias vezes. Centrifugar durante 20 minutos, a 4°C, a 13.000 rpm. Descartar o etanol e acrescentar 100 µl de etanol 70% gelado e centrifugar durante 30 minutos, a 4°C, a 13.000 rpm. Descartar o etanol e deixar o tubo aberto “overnight” para secar em temperatura ambiente. Acrescentar 30 µl de água MilliQ no tubo e guardar em geladeira. Verificar a qualidade e quantidade de ADN através de géis de agarose a 0,8%, e/ou através de quantificação direta do ADN em Nanodrop. Armazenar os extratos de ADN em “freezer” à -20°C.

As sequências foram amplificadas através da técnica da reação em cadeia pela polimerase (PCR do inglês *polymerase chain reaction*). As reações foram realizadas em um termociclador (Applied Biosystems modelo Veriti® 96 - *Well Thermal Cycler*). Para um total de 50,0 µl de reação, foi adicionado: 39,3 µl de água Ultrapura, 1 µl de ADN (de 25 ng a 200 ng), 0,4 µl de dNTPs (25 mM/ml), 1 µl de cada iniciador (10 pmol), 5µl de tampão de amplificação 10X, 2 µl de MgSO<sub>4</sub> (100 nM) e 0,3 µl de polimerase Taq Platinum (invitrogen) 1,5 unidade. Para verificar a qualidade do produto amplificado, estes foram submetidos à eletroforese horizontal com tampão NaOH 1X (670mM de Tris pH 8,8; 67mM de MgSO<sub>4</sub> a; 166mM de NH<sub>4</sub>(SO<sub>4</sub>); 100mM de β mercaptoethanol). Foi aplicada 2,0 µl do produto amplificado em gel de agarose 1,5% corado com GelRed (0,3µg/ml). A análise e o registro das imagens dos géis de agarose foram realizados em um transiluminador de UV e sistema digital de foto-documentação. O tamanho dos fragmentos foi estimado utilizando um marcador de 100 pb (“100pb DNA Ladder” - GE Healthcare).

Com o objetivo de retirar os iniciadores e nucleotídeos livres na solução, todos os produtos de *PCR* foram purificados com o conjunto de reagentes para purificação “*GFXTM PCR DNA and Gel Band Purification Kit*” (GE Healthcare), de acordo com as especificações dos fabricantes. Uma alíquota de 2,0 µl do produto purificado foi

corrida em gel de agarose 1,5% e corada com GelRed (0,3µg/ml) para verificar a presença e integridade do material.

As sequências completas do *mt-Cytb* das espécies de *Artibeus*, *Carollia* e *Phyllostomus*, família Phyllostomidae, foram amplificadas por PCR com os iniciadores Cytb-Rhino F e Cytb-Rhino R (Tabela 13), desenhados para este estudo. A ciclagem utilizada foi desnaturação inicial a 94°C durante 2', seguido de 35 ciclos de desnaturação a 94°C durante 45", pareamento a 48°C durante 45", extensão a 72°C durante 1'30", e extensão final a 72°C durante 4' e 8°C infinito.

A amplificação das sequências do *mt-Co1* ("DNA barcode") das espécies aqui estudadas foi realizada utilizando os iniciadores FishF1-COI e FishR1-COI (Ward *et al.*, 2005;Tabela 13). Foi utilizada a seguinte ciclagem para amplificar amostras do gênero *Carollia*: desnaturação inicial a 94°C durante 2', seguido de 35 ciclos de desnaturação a 94°C durante 45", pareamento a 50°C durante 30", extensão a 72°C durante 2'30", e extensão final 72°C durante 4' e 8°C infinito. Para amplificar amostras dos gêneros *Artibeus* e *Phyllostomus* foi utilizada a mesma ciclagem com temperatura de pareamento de 56°C.

Tabela 13 – Relação dos iniciadores utilizados para amplificação e sequenciamento dos genes analisados, discriminando suas sequências, táxon em que foi utilizado e as referências. 1= Bonvicino e Lemos (2001), 2= Cassens *et al.* (2000), 3= Silva e Patton (1993), 4= Ward *et al.* (2005), 5= presente estudo.

Gene	Iniciador	Sequência	Táxon	Refs
<b>Mt-Cytb</b>	Cytb-Rhino F	5'CCAYGACYAATGRCATGAA3'	<i>Artibeus Carollia Phyllostomus</i>	5
	Cytb-Rhino R	5'TAGAATMTCAGCTTTGGGTGTT3'		
	CB-in2	5'TGAGGACAAATATCATTYTGAG3'		2
	Cit-alo	5'ATAGCCACAGCATTTCATAGGC3'		1
	CB-in1/ MVZ16	5'AAATAGGAARTATCAYTCTGGTTTTRAT3'		3
<b>mt-Co1</b>	FishF1-COI	5'TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC3'	<i>Artibeus CarolliaPhyll ostomus</i>	4
	FishR1-COI	5'TAGCTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA3'		

Todas as sequências foram obtidas utilizando-se o sequenciador automático ABI 3130 xl. O protocolo utilizado para um volume final de 10 µl de reação foi: 2 µl do produto de PCR purificado, 1 µl (3,2 pmol) do iniciador, 1 µl do *Ready Reaction Kit*, 1,5 µL do tampão *BigDye Sequencing Buffer (5X)* reagente de sequenciamento “*DYEnamic™ ET Terminator Cycle Sequencing Premix for MegaBACE DNA Analysis Systems*” da *Amersham Biosciences*) e 4,5 µl de água deionizada. As quantidades seguem recomendação para montagem da reação de sequenciamento com o *BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit v3.1*. Os produtos das reações de sequenciamento foram precipitados utilizando os protocolos do sequenciador.

Para o sequenciamento do *mt-Cytb* utilizou-se os mesmos iniciadores de amplificação, além dos iniciadores internos CB-in2 (Cassens *et al.*, 2000) e Cit-alo (Bonvicino *et al.*, 2001;Tabela 13). Para o sequenciamento do *mt-Co1* utilizou-se os mesmos iniciadores de amplificação (FishF1-COI e FishR1-COI;Tabela 13).

As sequências senso e antisense foram alinhadas com o auxílio dos programas

Chromas versão 1.45 e Chromas Pro versão 1.41

([www.technelysium.com.au/chromas.html](http://www.technelysium.com.au/chromas.html)) e editadas manualmente, para a obtenção de uma sequência consenso para cada exemplar estudado.

### Análises das sequências de ADN

As estimativas de divergências entre as sequências foram calculadas a partir do modelo de distância Kimura 2-parâmetros (Kimura, 1980), com o programa “Molecular Evolutionary Genetics Analysis” – MEGA versão 6 (Tamura *et al.*, 2013).

O modelo de evolução para as análises filogenéticas para cada conjunto de dados foi escolhido com o teste de Critério de Informação Akaike 2 (“Akaike information criterion” 2 - AIC2), AIC com correção, ou do Critério de Informação Bayesiana (“Bayesian information criterion” - BIC), com o ModelGenerator 0.85 (Keane *et al.*, 2006), optando-se pelo modelo mais paramétrico. As topologias de máxima verossimilhança (MV) com haplótipos de *Phyllostomus* foram obtidas por busca heurística, com o programa PhyML3.0 (Guindon e Gascuel, 2003), utilizando o procedimento de bootstrap para o suporte dos ramos. Para as análises de *Carollia* e *Artibeus*, com um número grande de sequências, utilizou-se o procedimento de aLRT. Este procedimento é conservativo e acurado como o *bootstrap* e utiliza um menor tempo computacional (Anisimova e Gascuel, 2006; Guindon *et al.*, 2010). As análises Bayesianas (IB) de probabilidade posterior foram realizadas com o programa Mr.Bayes 3.1 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003) usando cadeia de Markov Monte Carlo com diferentes números de gerações. A probabilidade posterior (pp) da análise Bayesiana foi calculada através de árvores que foram amostradas a cada 100 gerações, após remoção de 10% das gerações iniciais.

A rede de haplótipos de *Median-joining* (MJ) foi utilizada para analisar filogenia a intraespecífica e avaliar a estrutura populacional e padrões de distribuição geográfica, utilizando-se o programa NETWORK (Bandelt *et al.*, 1999; Posada e

Crandall, 2001).

As análises filogenéticas foram realizadas para três gêneros da família Phyllostomidae, *Phyllostomus*, *Carollia* e *Artibeus*. Para as análises de *Phyllostomus* foram utilizadas 23 sequências do *mt-Cytb* obtidas no presente trabalho, sendo 12 de *P. hastatus*, cinco de *P. elongatus*, seis de *P. discolor*, e duas retiradas do GenBank, uma de *P. elongatus* (KC783056) e uma de *P. hastatus* (FJ155479; Tabela 18). Foram utilizadas como grupo externo sequências de *Phylloderma stenops* (FJ155480), *Mimon crenulatum* (FJ155478), *Lophostoma silvicolum* (JF923862) e *Chrotopterus aurita* (FJ155481).

Para as análises de *Carollia* foram utilizadas 154 sequências do *mt-Cytb*, 40 sequenciadas no presente trabalho (36 de *C. perspicillata* e quatro de *C. brevicauda*) e 114 do GenBank (84 de *C. perspicillata* e 30 de *C. brevicauda*). As análises do *mt-Co1* de *Carollia* utilizaram 48 sequências, 35 de *C. perspicillata* (12 sequenciadas no presente trabalho) e 13 de *C. brevicauda* retiradas do GenBank (Tabela 21). Devido ao grande número de sequências do *mt-Co1* desta espécie, disponíveis no GenBank, foram selecionadas uma de cada localidade de coleta existente e as mais completas (Tabela 22). Foram também incluídas nas análises sequências do GenBank de *C. castanea* (AF187022, JF448769), *C. sowellii* (AF511973, JF446754) e *C. subrufa* (AF187024, JF446770), e como grupo externo foram utilizadas sequências do GenBank de *Glyphonycteris daviesi* (AY380747, JF448848), *R. aethina* (AF187028, JF449071) e *Artibeus lituratus* (FJ179233, JF448577) do *mt-Cytb* e do *mt-Co1*, respectivamente.

Para as análises de *Artibeus* foram sequenciadas 18 amostras do *mt-Cytb* no presente estudo (três de *A. fimbriatus*, quatro de *A. lituratus*, sete de *A. obscurus*, e quatro de *A. planirostris*) e 52 outras sequências destas espécies foram obtidas do GenBank, totalizando 69 sequências (Tabela 27). As análises do *mt-Co1* de *Artibeus*

utilizaram 28 sequências aqui obtidas (17 de *A. obscurus*, seis de *A. planirostris* e quatro de *A. lituratus*), e 32 outras sequências destas espécies foram obtidas do GenBank, totalizando 60 sequências (Tabela 28). Devido ao grande número de sequências dos dois genes para esta espécie, disponíveis no GenBank, foram selecionadas uma de cada localidade de coleta existente e as mais completas. Foram também incluídas nas análises sequências do GenBank de *Artibeus amplus* (AY642924, JF447888), *Artibeus jamaicensis* (GQ861649, JF498916), *Artibeus concolor* (U66518, HQ919731) e como grupo-externo, sequências de *Dermanura cinerea* (EU805598, HQ919748) e *Enchistenes hartii* (U66517, JF447408) do *mt-Cytb* e do *mt-Co1*, respectivamente.

### **3.4.3. Resultados**

Família Emballonuridae

#### Cariótipo

Foram cariotipadas três espécies de *Saccopteryx*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB1784 e da fêmea CRB2515 de *Saccopteryx bilineata* (Temminck, 1838) mostrou  $2n=26$  e  $NF=36$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em seis pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos grandes e seis pares de cromossomos acrocêntricos pequenos. O par cromossômico número dois apresentou uma constrição secundária intersticial no braço longo. O cromossomo X é um acrocêntrico médio e o cromossomo Y um acrocêntrico pequeno (Figura 22a e b). O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea CRB2515 mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive nos cromossomos X (Figura 22c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata da fêmea CRB2515 mostrou as marcações das regiões organizadoras de

nucléolos (Ag-RONs) na região intersticial do braço longo do par número dois e são coincidentes com a constrição secundária (Figura 22d).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2648 de *Saccopteryx leptura* (Schreber, 1774) mostrou  $2n=28$  e  $NF=38$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em seis pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos variando de grandes a médios e sete pares de cromossomos acrocêntricos, variando de médios a pequenos. O cromossomo X é um acrocêntrico médio e o Y é um acrocêntrico pequeno (Figura 23).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea de *Saccopteryx* sp. (CRB2464) mostrou  $2n=44$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em sete pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a médios e 15 pares de cromossomos acrocêntricos, variando de médios a pequenos (Figura 24a). Como o único exemplar estudado era uma fêmea, não foi possível identificar o par sexual, nem calcular o valor de NF. O bandeamento-CBG mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos (Figura 24b).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa dos dois machos CRB2469 e CRB2473 de *Rhynchonycteris naso* (Wied-Neuwied, 1820) mostrou  $2n=22$  e  $NF=36$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em oito pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a médios e dois pares de cromossomos acrocêntricos pequenos. O cromossomo X é um acrocêntrico médio e o cromossomo Y é o menor metacêntrico do complemento cromossômico. O par cromossômico número dois apresenta uma constrição secundária intersticial no braço longo (Figura 25a). O cariótipo com coloração de nitrato de prata do macho CRB2469 mostrou as marcações das Ag-RONs na região intersticial do braço longo do segundo par, coincidentes com a constrição secundária (Figura 25b).

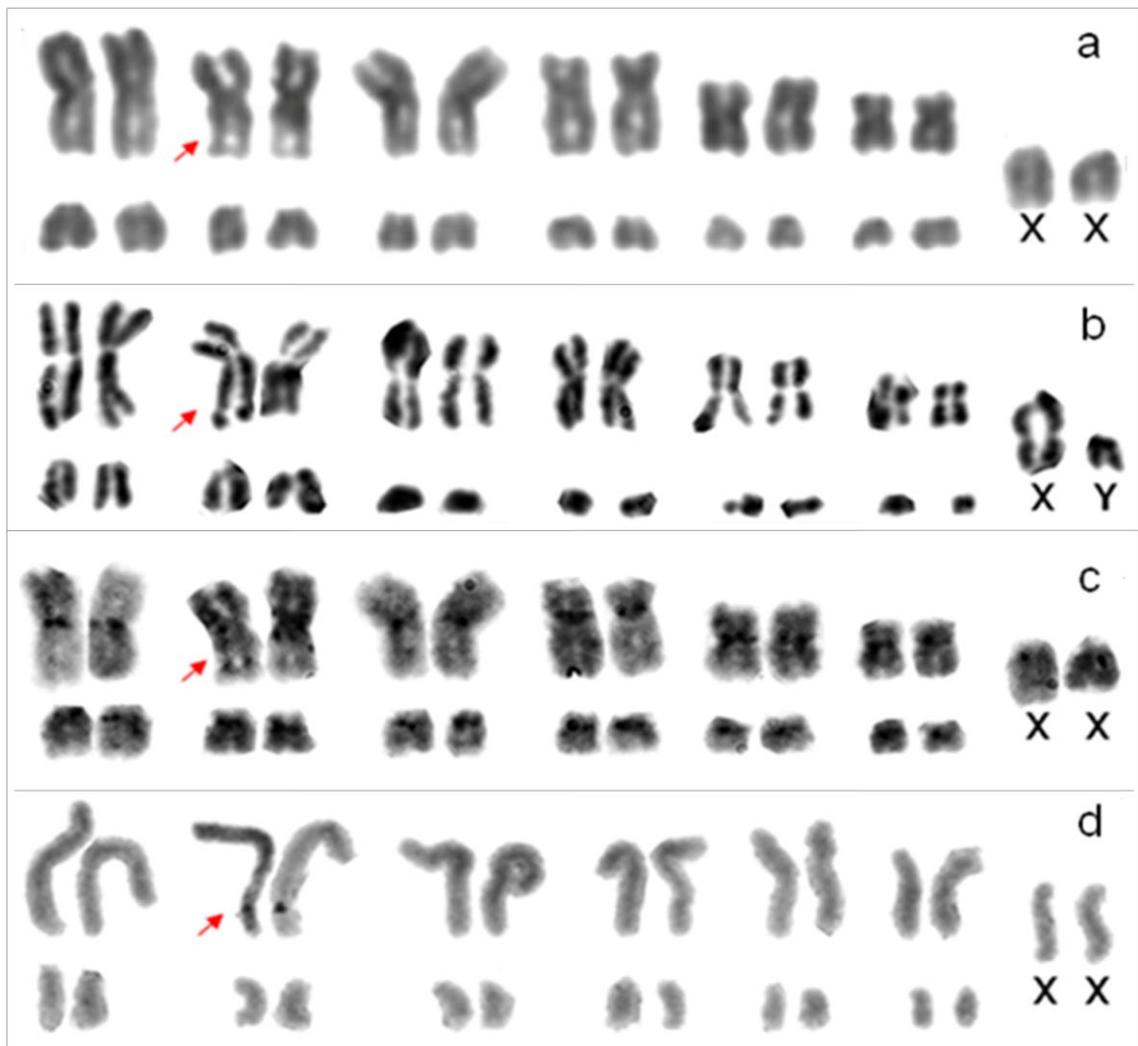


Figura 22 - Cariótipo de *Saccopteryx bilineata* com  $2n=26$  e  $NF=36$ , fêmea CRB2515, (a) coloração convencional de Giemsa, (c) bandeamento CBG, (d) marcação de Ag-RONs, e macho CRB1784 (b) coloração convencional. A seta indica as constrições secundárias e as Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.

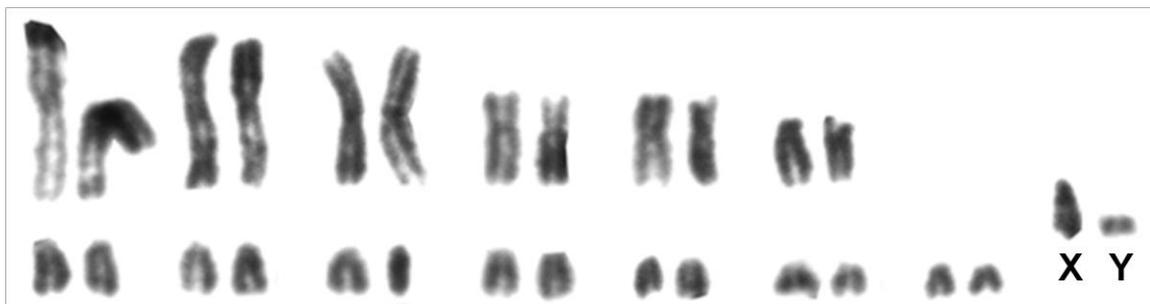


Figura 23 - Cariótipo com coloração convencional de Giemsa de *Saccopteryx leptura* macho CRB2648 com  $2n=28$  e  $NF=38$ . XY= par sexual masculino.

Tabela 14 - Espécimes cariotipados no presente estudo, com número de identificação (n° de campo e/ou de museu), sexo (S) e localidades de coleta, número diploide (2n) e número fundamental (NF), macho (M), fêmea (F), margem direita (m.d.), margem esquerda (m.e.), Igarapé (Ig). As abreviações referem-se ao n° de campo de CRB=Cibele Rodrigues Bonvicino, LBCE=Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Silvestres Reservatórios, JAO=João Alves de Oliveira. Estados brasileiros: Amazonas (AM), Pará (PA), Roraima (RR). Os números das localidades correspondem aqueles dos mapas das Figuras 20 e 21.

Espécie	Número de identificação	2n	NF	S	Localidades
<b>Emballonuridae</b>					
<i>Saccopteryx bilineata</i>	CRB1784	26	36	M	AM, Barcelos, Rio Curuduri, Ig. Curudurizinho (5)
<i>Saccopteryx bilineata</i>	CRB2515(MN69241)	26	36	F	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Saccopteryx leptura</i>	CRB2648(MN69346)	28	38	M	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Saccopteryx</i> sp.	CRB2464(MN69196)	44	-	F	AM, Barcelos, centro da cidade (1)
<i>Rhynchonycteris naso</i>	CRB2469(MN69199), CRB2473(MN69202)	22	36	M	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto, m.e. Ig. Malalaha, Ig. Coatá (9)
<b>Phyllostomidae</b>					
<i>Desmodus rotundus</i>	CRB2106(MN69401)	28	52	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Desmodus rotundus</i>	LBCE6728	28	52	F	PA, Itupiranga, Prog. Assentamento Benfica I (13)
<i>Chrotopterux auritus</i>	CRB2657(MN69355)	28	52	M	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Lophostoma silviculum</i>	CRB2536(MN69260), CRB2631(MN69330)	34	60	F	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Mimon crenulatum</i>	CRB2430(MN69178)	32	60	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Três Barracas (6)
<i>Phylloderma stenops</i>	CRB2607(MN69307)	32	58	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)
<i>Phyllostomus discolor</i>	CRB2475(MN69204)	32	60	M	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto, m.e. Ig. Malalaha, Ig. Coatá (9)
<i>Phyllostomus elongatus</i>	CRB2173	32	58	F	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto m.e., Ig. Malalaha, Ig. Araujo (10)
<i>Phyllostomus elongatus</i>	CRB2560(MN69278)	32	58	M	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)

Tab. 14 - Continuação

Espécie	Número de identificação	2n	NF	S	Localidades
<i>Phyllosotmus elongatus</i>	CRB2638(MN69278), CRB2683(MN69378)	32	58	F	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4); km20Estrada Barcelos-Caurés, St Nova Vida (3)
<i>Phyllostomus hastatus</i>	CRB2038(MN69080)	32	58	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Phyllostomus hastatus</i>	JAO1942(MN70282)	32	58	F	RR, Caracará, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto(11)
<i>Trachops cirrhosus</i>	CRB2428(MN69176)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Três Barracas(6)
<i>Trachops cirrhosus</i>	CRB2620(MN69320)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)
<i>Trachops cirrhosus</i>	CRB2527(MN69252)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Tryncteris nicefori</i>	CRB2655(MN69353)	28	52	M	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Carollia perspicillata</i>	CRB2061(MN69097), CRB2160(MN69468), CRB2174(MN69469), CRB2179(MN69470)	21	36	M	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto m.e., Ig. Malalaha, Ig. Araujo (10)
<i>Carollia perspicillata</i>	CRB2119, CRB2130(MN69456), CRB2149(MN69460), CRB2150(MN69461)	21	36	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Colocação Ucuqui(8)
<i>Carollia perspicillata</i>	CRB2195(MN69471), CRB2219(MN69472),	21	36	M	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Carollia perspicillata</i>	CRB2853, CRB2868, CRB2856	21	36	M	AM, Barcelos, km10Estrada Barcelos-Caurés,(2)
<i>Carollia perspicillata</i>	CRB2127(MN69455), CRB2153(MN69463), CRB2158(MN69467), CRB2854	20	36	F	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Carollia perspicillata</i>	JAO1937(MN70277)	20	36	F	RR, Caracará, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<i>Carollia perspicillata</i>	LBCE6730, LBCE6731, LBCE6727, LBCE6725, LBCE6724	20	36	F	PA, Itupiranga, Prog. Assen. Benfica I (13)

Tab. 14 - Continuação

Espécie	Número de identificação	2n	NF	S	Localidades
<i>Carollia brevicauda</i>	CRB2016(MN69061)	21	36	M	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.d. Ig.Limão, Ig.Bigorna (8)
<i>Carollia brevicauda</i>	CRB2474(MN69203), CRB2492(MN69219)	21	36	M	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto, m.e. Ig.Malalaha, Ig. Coatá (9)
<i>Ametrida centurio</i>	CRB2145(MN69459)	31	56	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig.Jauari, Colocação Ucuaii (8)
<i>Artibeus lituratus</i>	CRB2606(MN69306)	31	56	M	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)
<i>Artibeus lituratus</i>	CRB2642(MN69340), CRB2650(MN69348)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Artibeus lituratus</i>	JAO1932(MN70272)	31	56	M	RR, Caracará, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto(11)
<i>Artibeus obscurus</i>	CRB2020(MN69064), CRB2644(MN69342)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.d. Ig.Limão, Ig.Bigorna (8)
<i>Artibeus obscurus</i>	CRB2639(MN69337), CRB2641(MN69339)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Artibeus obscurus</i>	CRB2659(MN69357)	30	56	F	AM, Barcelos, R Paduari m.e, Ig.Japomeri (4)
<i>Artibeus obscurus</i>	CRB2032(MN69074)	31	56	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig.Jauari,Colocação Ucuaii (8)
<i>Artibeus obscurus</i>	CRB2513(MN69239), CRB2526(MN69251), CRB2528(MN69253), CRB2637(MN69335), CRB2643(MN69341), CRB2645(MN69343), CRB2652(MN69350), CRB2653(MN69351)	31	56	M	AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Artibeus obscurus</i>	CRB2865	31	56	M	AM, Barcelos, km10Estrada Barcelos-Caurés, (2)
<i>Artibeus planirostris</i>	CRB1468(MN51731), CRB1469(MN51713)	30	56	F	AM, Barcelos, km10Estrada Barcelos-Caurés (2)

Tab. 14 - Continuação

Espécie	Número de identificação	2n	NF	S	Localidades
<i>Chiroderma trinitatum</i>	CRB2427(MN69175)	26	48	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Três Barracas (6)
<i>Dermanura cinerea</i>	CRB2107(MN69403), CRB2120(MN265), CRB2128(MN69408)	30	56	F	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Colocação Ucuqui (8)
<i>Dermanura gnoma</i>	CRB2060(MN69096), CRB2180(MN69277), CRB2187(MN69420)	30	56	M	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto m.e., Ig. Malalaha, Ig. Araujo (10)
<i>Uroderma bilobatum</i>	CRB2640(MN69338)	42	50	F	AM, Barcelos, Rio Padauari m.e, Ig. Japomeri (4)
<i>Vampyriscus bidens</i>	JAO1988(MN70328)	26	48	F	RR- Caracaráí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<b>Mormoopidae</b>					
<i>Pteronotus parnelli</i>	CRB2172	38	60	M	AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto m.e., Ig. Malalaha, Ig. Araujo (10)
<b>Noctilionidae</b>					
<i>Noctilio albiventris</i>	CRB2610(MN69310)	34	62	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)
<i>Noctilio albiventris</i>	CRB2618(MN69318), CRB2621(MN69446)	34	62	M	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)
<i>Noctilio albiventris</i>	JAO1931(MN70271), JAO1946(MN70286)	34	62	F	RR, Caracaráí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<i>Noctilio albiventris</i>	JAO2299(MN70631)	M	34	62	RR, Caracaráí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<i>Noctilio leporinus</i>	CRB2595(MN69295), CRB2601(MN69301), CRB2613(MN69313)	34	62	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)
<i>Noctilio leporinus</i>	CRB2605(MN69305), CRB2608(MN69308), CRB2609(MN69309), CRB2617(MN69317)	34	62	M	AM, Barcelos, Rio Aracá, m.e., lago do Ig. do Paula (7)

Tab. 14 - Continuação

Espécie	Número de identificação	2n	NF	S	Localidades
<b>Molossidae</b>					
<i>Cynomops planirostris</i>	JAO1936(MN70276), JAO1947(MN70287)	34	60	M	RR, Caracaraí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<i>Cynomops planirostris</i>	JAO1948(MN70288)	34	60	F	RR, Caracaraí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<i>Eumops hansae</i>	CRB2410(MN69161), CRB2450(MN69190)	48	58	M	AM, Barcelos, Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Três Barracas (6)
<i>Eumops perotis</i>	CRB2411(MN69162)	48	58	F	AM, Barcelos, Rio Aracá, Ig. Jauari, Colocação Três Barracas (6)
<i>Molossus molossus</i>	CRB2028(MN69070), CRB2031(MN69073)	48	64	F	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Molossus molossus</i>	CRB2030(MN69072)	48	64	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Molossus molossus</i>	JAO1949(MN70289)	48	64	M	RR, Caracaraí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (11)
<b>Verperilionidae</b>					
<i>Myotis albescens</i>	CRB2114(MN69404), CRB2115(MN69405), CRB2116(MN69406)	44	52	F	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Myotis riparius</i>	CRB2151(MN69410)	44	52	F	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)
<i>Myotis</i> sp.	CRB2118(MN69407)	44	52	M	AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (8)

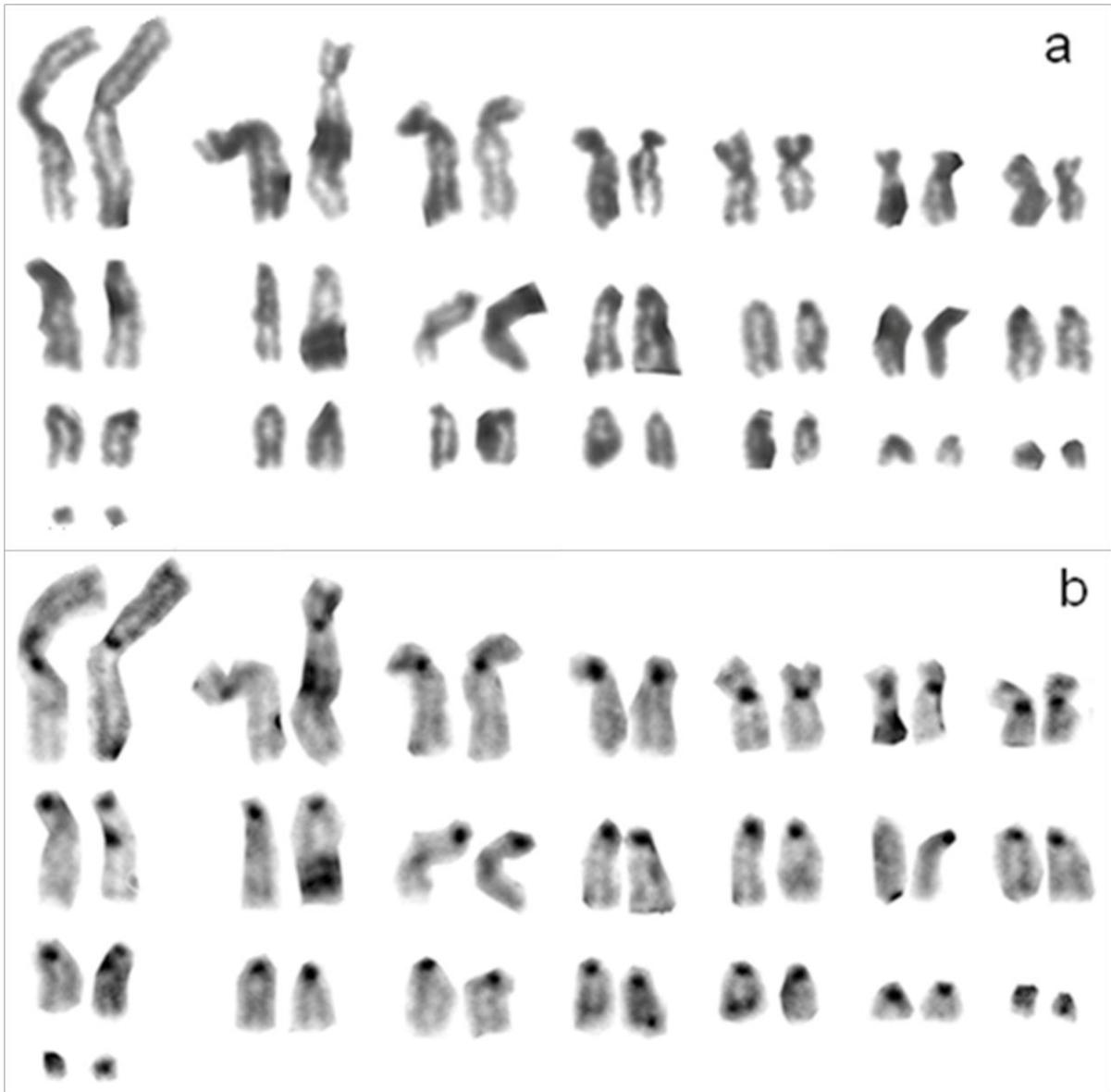


Figura 24 - Cariótipo do *Saccopteryx* sp. fêmea CRB2464 com 2n=44, (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento CBG.

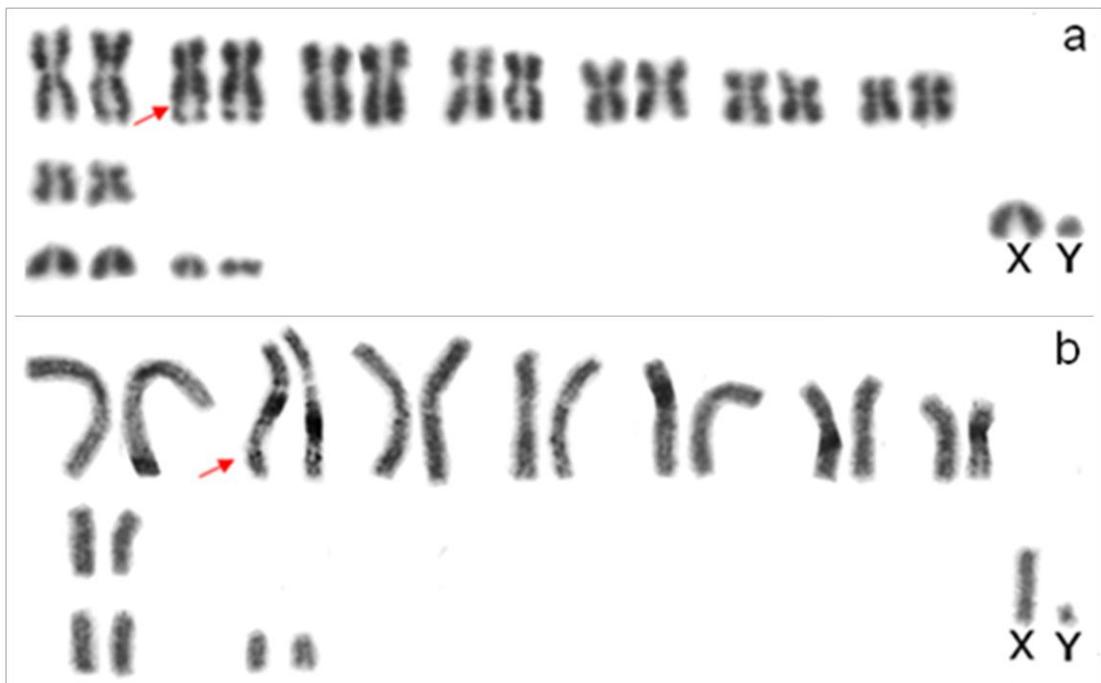


Figura 25 - Cariótipo de *Rhynchonycteris naso* macho CRB2469 com  $2n=22$  e  $NF=36$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias e as Ag-RONs. XY= par sexual masculino.

Tabela 15 – Cariótipos de Emballonuridae. Número diploide ( $2n$ ), número fundamental ( $NF$ ), X= cromossomo X, Y=cromossomo Y. Referências bibliográficas (Refs), 1= Baker (1970), 2= Baker e Jordan (1970), 3= Baker *et al.* (1981a), 4= Baker *et al.* (1982), 5= Hood e Baker (1986), 6= presente estudo. **CO**= Colômbia, **SR**= Suriname, **TT**= Trindade e Tobago, **VE**= Venezuela. Estados brasileiros (**BR**): AM= Amazonas.

Espécie	$2n$	$NF$	X	Y	Localidades	Refs
<i>Rhynchonycteris naso</i>	22	36	A	A	<b>TT, VE, SR, BR: AM</b>	1, 2, 5, 6
<i>Saccopteryx bilineata</i>	26	36	A/ST	A/ST	<b>TT, SR, CO, BR: AM</b>	1, 2, 5, 6
<i>Saccopteryx canescens</i>	24	38	A	A	<b>VE</b>	4, 5
<i>Saccopteryx leptura</i>	28	38	A/SM	A/M	<b>TT, VE, SR, CO, BR: AM</b>	2, 3, 6
<i>Saccopteryx</i> sp.	44	-	-	-	<b>BR: AM</b>	6

Família Phyllostomidae, Subfamília Desmodontinae

Cariótipo

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2106 e da fêmea LBCE6728 de *Desmodus rotundus* (É Geoffroy St.-Hilaire, 1810), mostrou  $2n=28$  e  $NF=52$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 13 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico grande e o cromossomo Y é um metacêntrico pequeno, o menor cromossomo do complemento (Figura 26a e b). Uma constrição secundária foi observada na região centromérica do 8º par cromossômico. O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea LBCE6728 mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive nos cromossomos sexuais X (Figura 26c).



Figura 26 - Cariótipos de *Desmodus rotundus* com  $2n=28$  e  $NF=52$ , da fêmea LBCE6728 (a) coloração convencional de Giemsa e (c) bandeamento CBG, e do macho CRB2106 (b) com coloração convencional. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino. O traço indica o homólogo do 11º par de cromossomos ausente e a seta indica a constrição secundária.

Tabela 16 – Cariótipos de Phyllostomidae, subfamília Desmodontinae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X=cromossomos X, Y=cromossomo Y. Referências bibliográficas (Refs), 1= Yonenaga *et al.* (1969); 2= Toledo (1973); 3= Cadena e Baker (1976); 4= Baker (1979); 5= Souza (1985); 6= Morielle *et al.* (1986); 7= Morielle e Varella-Garcia (1988); 8= Varella-Garcia *et al.* 1989); 9= Santos *et al.* (2001); 10= Sotero-Caio *et al.* (2010); 11= presente estudo. **MX**= México, **NI**= Nicarágua. Estados brasileiros (**BR**): AM= Amazonas, BA= Bahia, RJ= Rio de Janeiro, PA= Pará, PE= Pernambuco, SP= São Paulo.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
<i>Desmodus rotundus</i>	28	52	SM/M	A/ST	<b>MX, BR:</b> SP,RJ, PE,PA, AM	1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11
<i>Diaemus youngi</i>	32	60	SM	A	<b>NI, BR:</b> SP, PE	3, 4,8,9,10
<i>Diphylla ecaudata</i>	32	60	SM	A	<b>MX, BR:</b> PE	1,3,4,8, 9,10

### Família Phyllostomidae, Subfamília Phyllostominae

#### Cariótipo

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2657 de *Chrotopterus auritus* (Peters, 1856) mostrou 2n=28 e NF=52 (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 13 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a médios. O primeiro par do complemento apresenta uma constrição secundária intersticial proximal no braço longo. O cromossomo X é um submetacêntrico médio e o cromossomo Y um acrocêntrico pequeno, correspondendo ao menor cromossomo do complemento (Figura 28a). O cariótipo com bandeamento-CBG, do mesmo indivíduo (CRB2657), mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive no cromossomo X. O cromossomo Y é totalmente heterocromático e a constrição secundária é banda-C negativa (Figura 28b). O cariótipo com coloração de nitrato de prata mostrou as marcações das Ag-RONs na região intersticial proximal no braço longo do primeiro par do complemento, coincidente com a constrição secundária (Figura 28c).

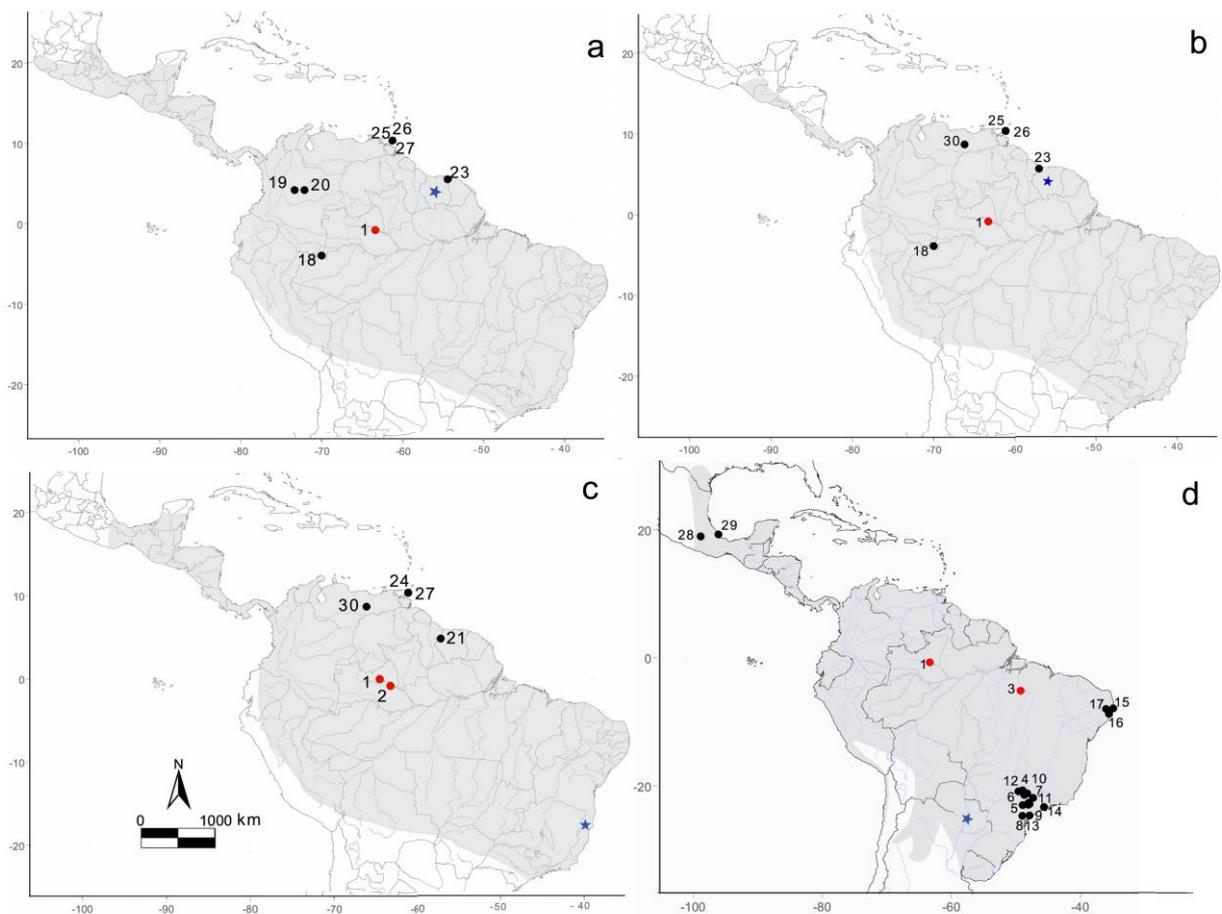


Figura 27 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, com localidade-tipo (estrela azul), localidades de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos) e nesse estudo (pontos vermelhos). Emballonuridae (a) *Saccopteryx bilineata* com localidade-tipo no Suriname, (b) *Saccopteryx leptura* com localidade-tipo no Suriname, (c) *Rhynchonycteris naso* com localidade-tipo no Rio Mucuri, Bahia. Phyllostomidae, Desmodontinae (d) *Desmodus rotundus* com localidade-tipo no Paraguay, Asunción. Distribuição (a e b) baseado em Yancey *et al.* (1998) e Hood e Gardner (2008), (c) baseado em Plumpton e Jones (1992) e Hood e Gardner (2008), e (d) baseada em Greenhallet *al.*(1983) e Kwon e Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Pará (3) Itupiranga, São Paulo (4) Engenheiro Schmdit, (5) Anhembi, (6) Botucatu, (7) Fernando Prestes (8) Itapua, (9) Jacupiranga, (10) Mirassol, (11) Pirassununga, (12) São José do Rio Preto, (13) Vale da Ribeira, Rio de Janeiro (14) Itaguaí, Pernambuco (15) São Lourenço da Mata, (16) Agua Preta, (17) Toritama; Colômbia, (18) Leticia, (19) Puerto Lopez, (20) Villavicencio; Suriname, (21) Nickerie, (22) Para, (23) Marowijine; Trinidad e Tobago, (24) Blanchisseuse, (25) Las Cuevas, (26) Guayaguayare, (27) West Indies; México (28) Vera Cruz, (29) Morelos; Venezuela: (30) Guarico.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das fêmeas CRB2536 e CRB2631 de *Lophostoma silvicola* d'Orbigny, 1836 mostrou  $2n=34$  e  $NF=60$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos e dois pares de cromossomos acrocêntricos (Figura 29a). O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea CRB2631 mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive no cromossomo X (Figura 29b).

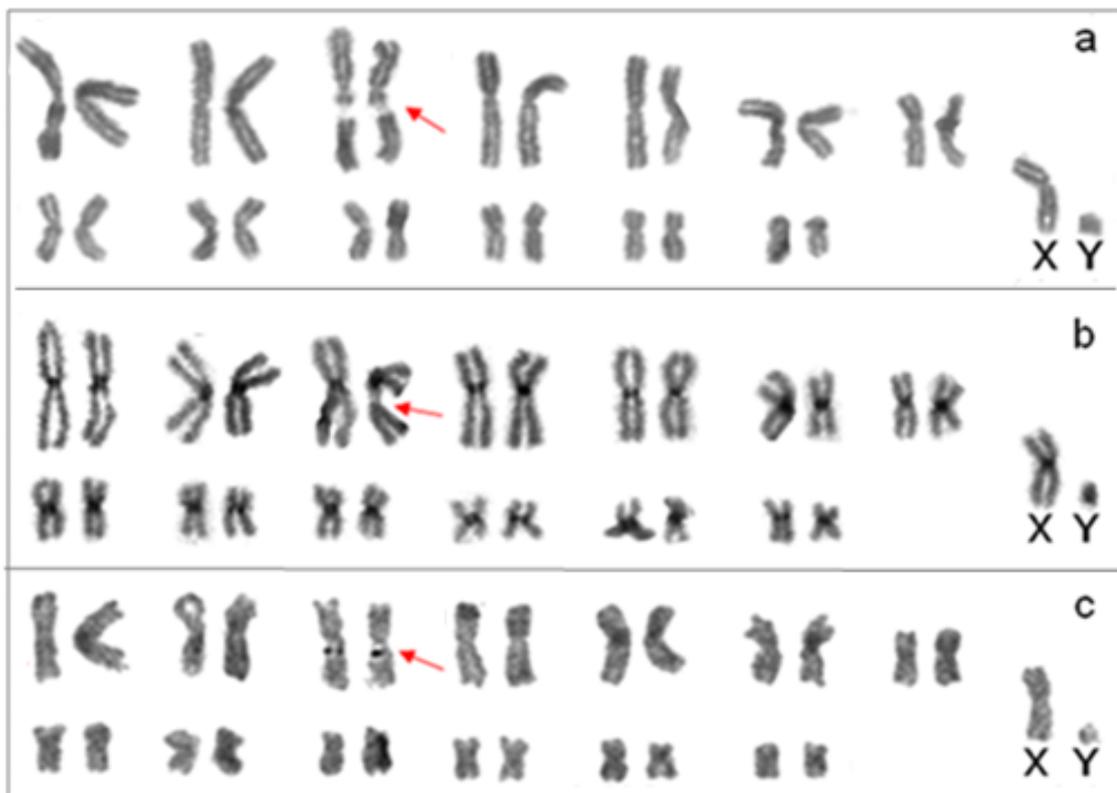


Figura 28 - Cariótipo de *Chrotopterus auritus* macho CRB2657 com  $2n=28$  e  $NF=52$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento CBG, (c) marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias e as Ag-RONs. XY= par sexual masculino.



Figura 29- Cariótipo de *Lophostoma silvicola* com  $2n=34$  e  $NF=60$ , (a) coloração convencional de Giemsa da fêmea CRB2536, (b) bandeamento CBG da fêmea CRB2631. XX= par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea CRB2430 de *Mimon crenulatum* (E. Geoffroy, 1803) mostrou  $2n=32$  e  $NF=60$ , com o complemento cromossômico consistindo de todos os autossomos metacêntricos ou submetacêntricos (Tabela 14). O quinto par de autossomos apresentou um heteromorfismo com um dos elementos apresentando a morfologia de submetacêntrico e o outro elemento com a morfologia de metacêntrico. O cromossomo X é um submetacêntrico grande (Figura 30a). O cariótipo com coloração de nitrato de prata mostrou as marcações das Ag-RONS na região telomérica do braço curto do último par de autossomos (Figura 30b).



Figura 30 - Cariótipo de *Mimon crenulatum* fêmea CRB2430 com  $2n=32$  e  $NF=60$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) marcação de Ag-RONs. A seta indica as Ag-RONs e o detalhe mostra o heteromorfismo no quinto par de cromossomos. XX= par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea CRB2607 de *Phylloderma stenops* Peters, 1865 mostrou  $2n=32$  e  $NF=58$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste de 15 pares de cromossomos autossomos metacêntricos ou submetacêntricos e o cromossomo X é um submetacêntrico grande (Figura 30a). O cariótipo com bandeamento-CBG mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive no cromossomo sexual X (Figura 31b).

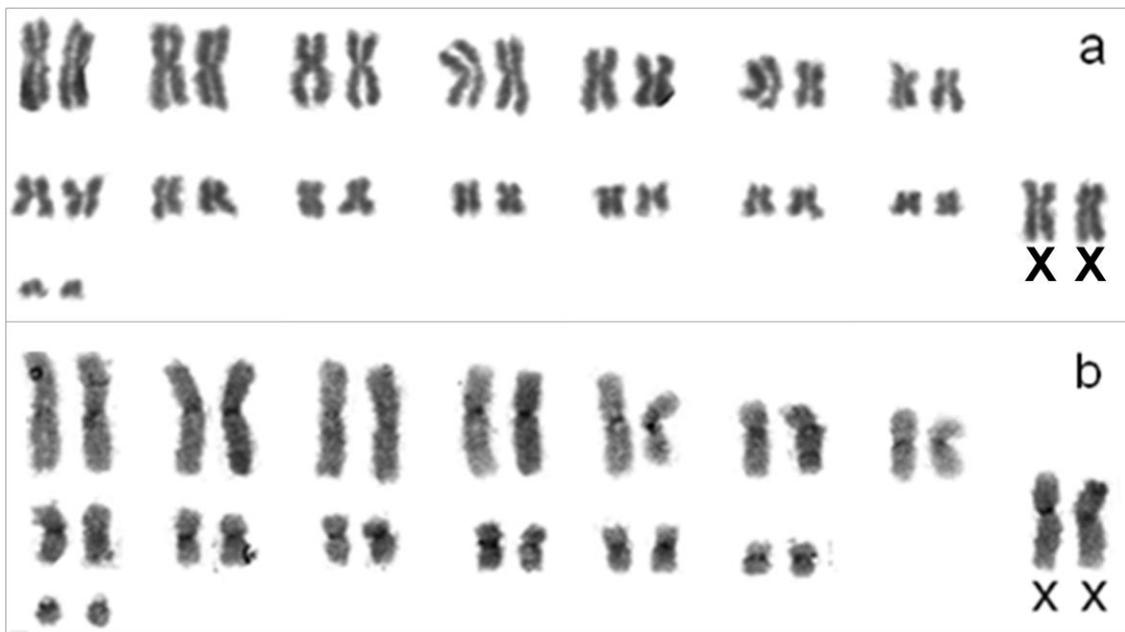


Figura 31- Cariótipo de *Phylloderma stenops* fêmea CRB2607 com  $2n=32$  e  $NF=58$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento CBG. XX= par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das fêmeas CRB2428, CRB2527 e CRB2620 de *Trachops cirrhosus* (Spix, 1823) mostrou  $2n=30$  e  $NF=56$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos variando de grandes a médios. O cromossomo X é um submetacêntrico médio. O 11<sup>o</sup> par cromossômico apresenta uma constrição secundária na região intersticial do braço longo (Figura 33a). O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea CRB2620 mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos. O cromossomo sexual X apresenta heterocromatina em todo o braço curto e na região proximal do centrômero do braço longo (Figura 33b). O cariótipo com coloração de nitrato de prata da fêmea CRB2620 mostrou as marcações das Ag-RONs na região intersticial do braço longo do par cromossômico número 11, coincidente com a constrição secundária (Figura 33c).

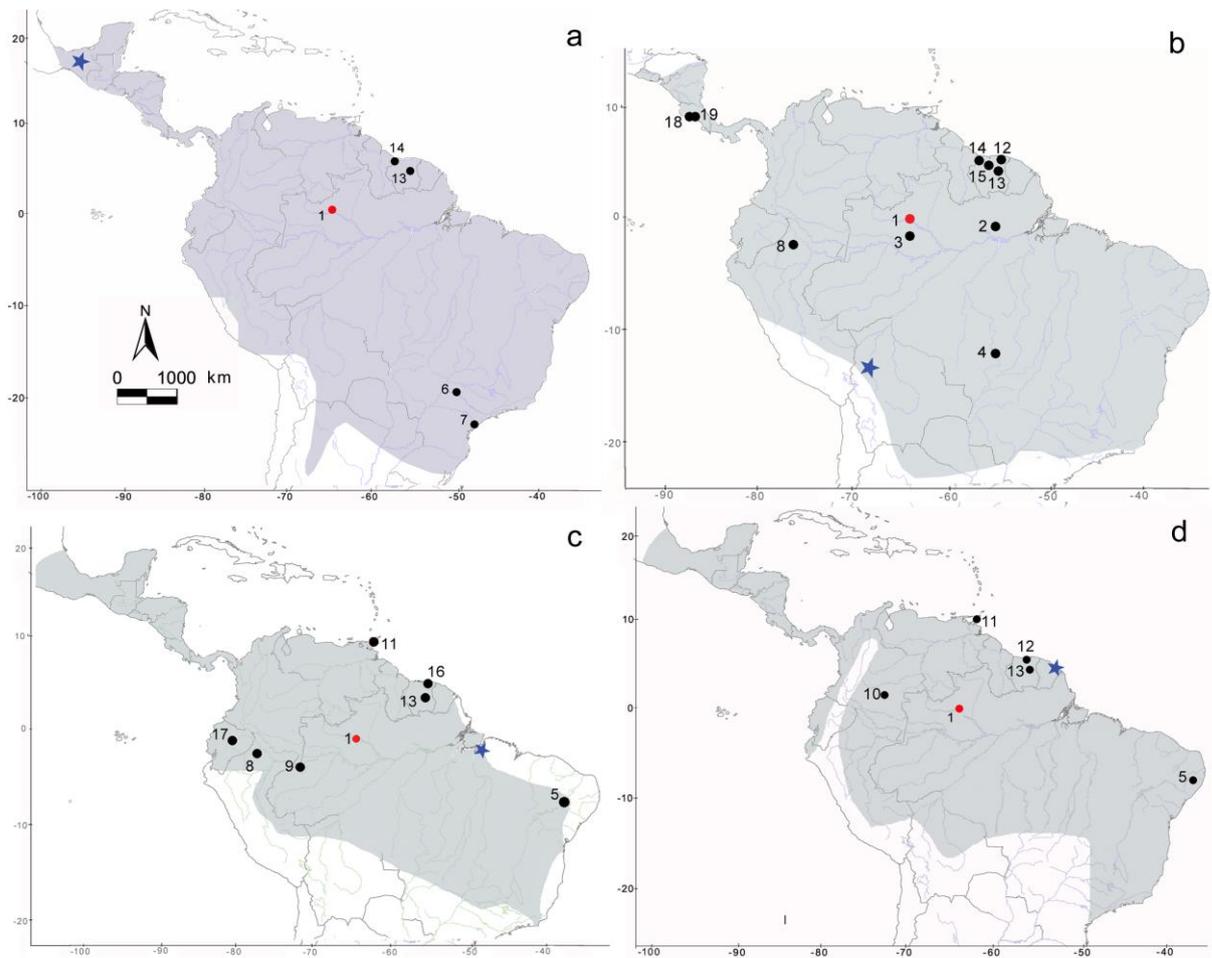


Figura 32 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Chrotopterus auritus* com localidade-tipo no México, (b) *Lophostoma silvicolum* com localidade-tipo em Yungas, Bolívia, (c) *Mimon crenulatum* com localidade-tipo em Belém, Pará, (d) *Phylloderma stenops* com localidade-tipo em Caiena, Guiana Francesa. Distribuições baseadas em (a) Medellín (1989) e Williams e Genoways (2007), (b) Medellín Arita (1989), (c e d) Nogueira *et al.* (2007) e Williams e Genoways (2007). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos; (2) Pará; (3) Amazonas; (4) Mato Grosso; (5) Pernambuco; São Paulo (6) São José do Rio Preto, (7) Jacupiranga; Peru (8) Loreto; Colômbia (9) Letícia; Colômbia; Trinidad e Tobago (11) San Rafael, Las Cuevas, Caura Valley, Blachisseuse, Suriname (12) Saramacca, (13) Brokopondo, (14) Nickerie, (15) Bitagron, (16) Commenwijnne; (17) Equador; Costa Rica (18) Puntarenas, (19) Rincon de Osa.

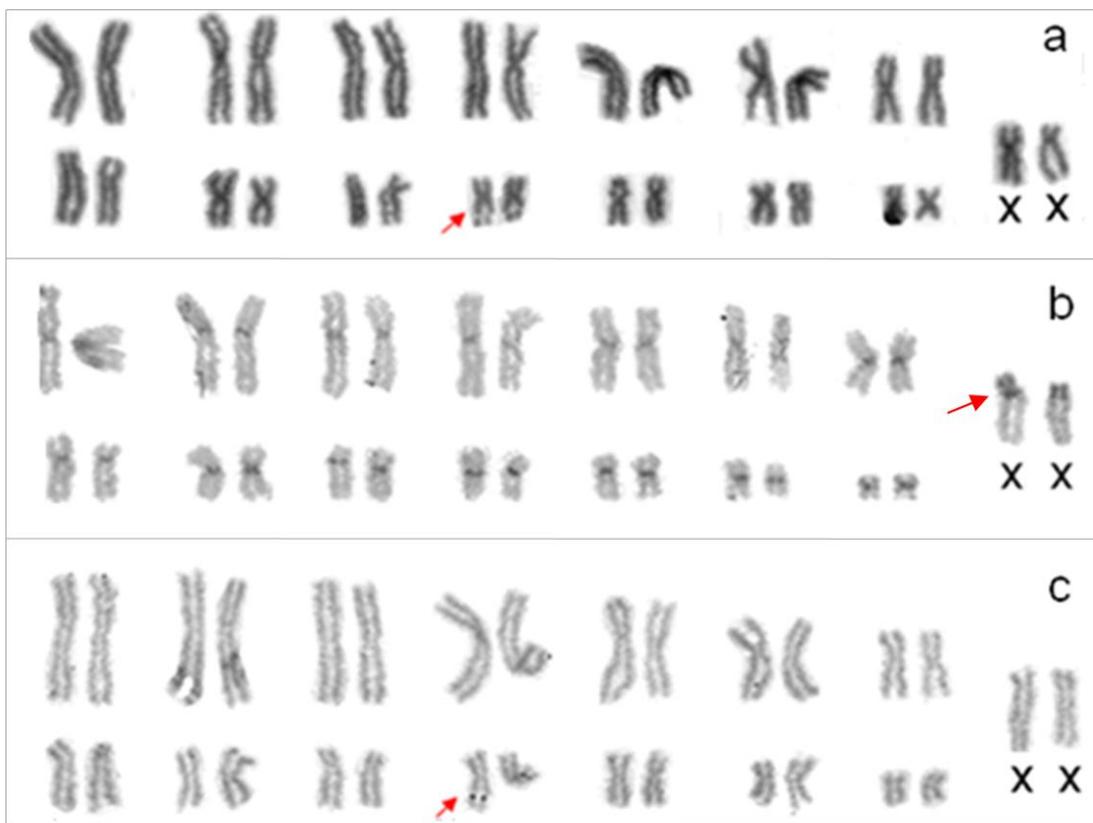


Figura 33 - Cariótipo de *Trachops cirrhosus* fêmea CRB2620 com  $2n=30$  e  $NF=56$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento CBG, (c) marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias, Ag-RONs e a heterocromatina constitutiva no braço curto do cromossomo X. XX= par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2655 de *Trinectes nicefori* (Sanborn, 1949) mostrou  $2n=28$  e  $NF=52$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 13 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico grande e o cromossomo Y um metacêntrico pequeno, correspondendo ao menor cromossomo do complemento (Figura 34).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2475 de *Phyllostomus discolor* Wagner, 1843 mostrou  $2n=32$  e  $NF=60$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 15 pares de cromossomos metacêntricos

ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um metacêntrico médio e o cromossomo Y é um metacêntrico pequeno, o menor cromossomo do complemento (Figura 36).

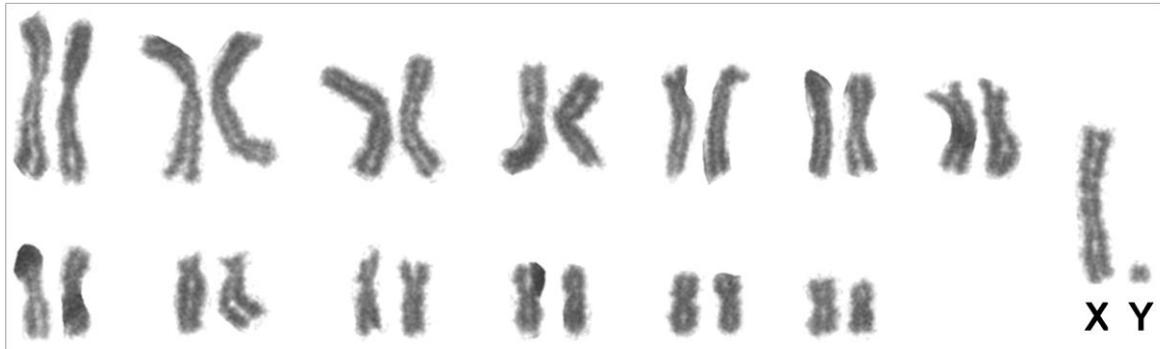


Figura 34 - Cariótipo de *Trinycteris nicefori* macho CRB2655  $2n=28$  e  $NF=52$ , com coloração convencional de Giemsa. XY = par sexual masculino.

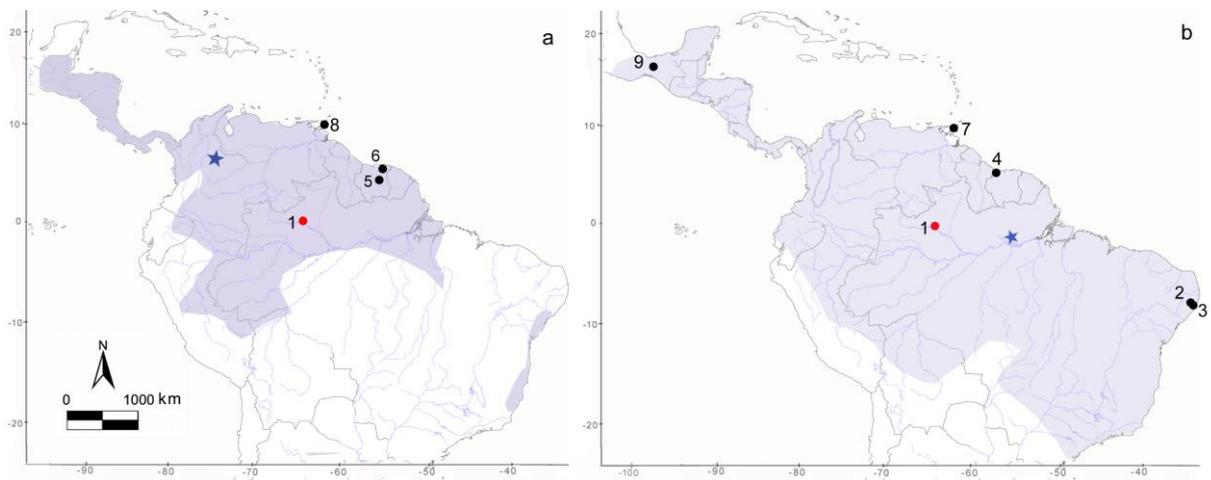


Figura 35 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Trinycteris nicefori* com localidade-tipo em Cucuta, norte de Santander, Colômbia, (b) *Trachops cirrhosus* com localidade-tipo no Pará, Brasil. Distribuições baseadas em (a) Rocha *et al.* (2013) e Williams e Genoways (2007), (b) Sousa *et al.* (2013) e Williams e Genoways (2007). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos; Pernambuco (2) Toritama, (3) Rio Formoso; Suriname (4) Nickerie, (5) Brokopondo, (6) Commenwijne, (7) Trinidad e Tobago, Trinidad (8) Guaguayare; México (9) Chiapas.

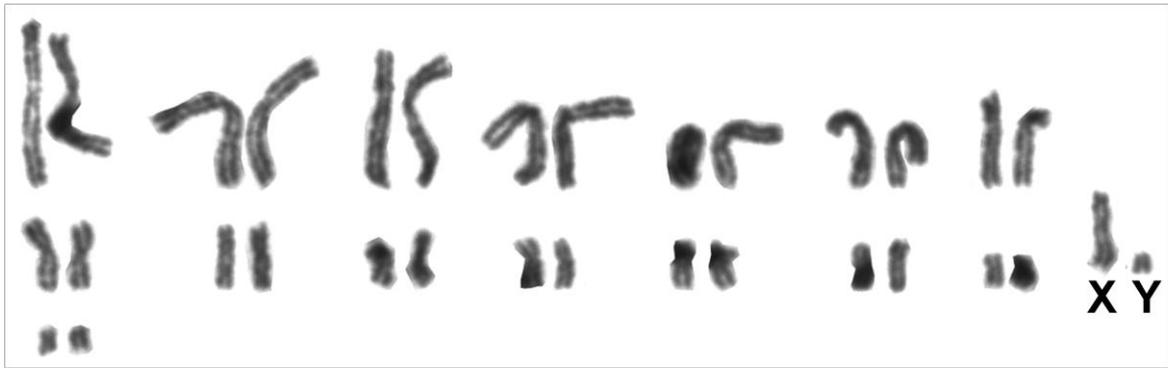


Figura 36 - Cariótipo de *Phyllostomus discolor* macho CRB2475 com  $2n=32$  e  $NF=60$ , com coloração convencional de Giemsa. XY = par sexual masculino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das três fêmeas CRB2173, CRB2638, CRB2683 e do macho CRB2560 de *Phyllostomus elongatus* (E. Geoffroy, 1810) mostrou  $2n=32$  e  $NF=58$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos e um par de cromossomos acrocêntricos, correspondendo ao menor par do complemento. O cromossomo X é um metacêntrico grande (Figura 37a e b).

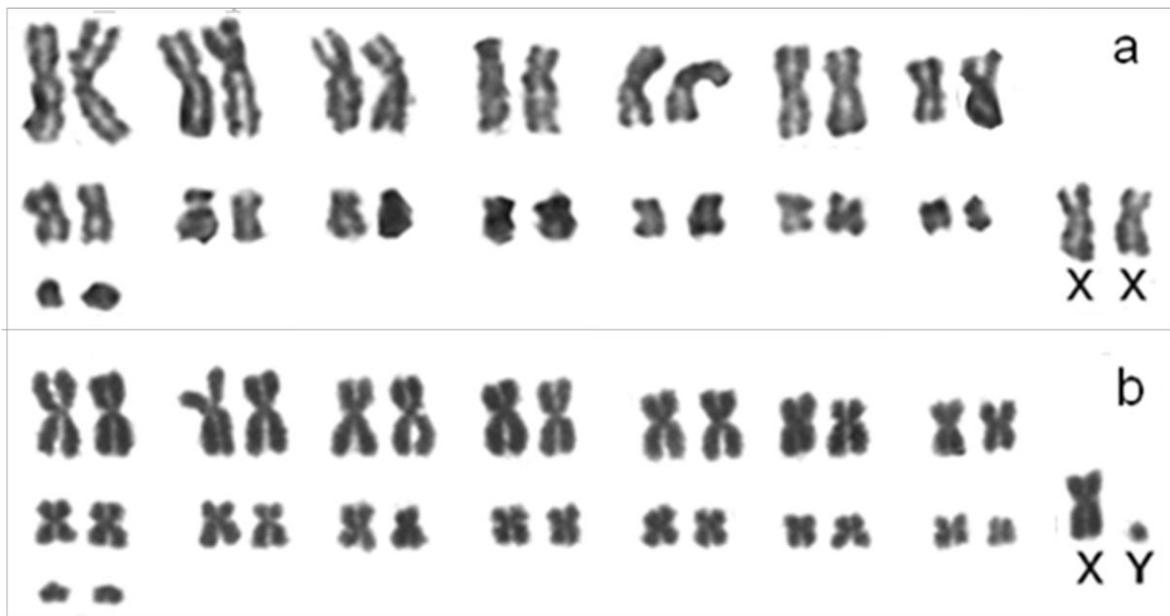


Figura 37 - Cariótipo de *Phyllostomus elongatus* com  $2n=32$  e  $NF=58$ , com coloração convencional de Giemsa, (a) fêmea CRB2173 e (b) macho CRB2560. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea JAO1942 e do macho CRB2038 de *Phyllostomus hastatus* (Pallas, 1767) mostrou  $2n=32$  e  $NF=58$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos e um par de cromossomos acrocêntricos, correspondendo ao menor par do complemento. O cromossomo X é um metacêntrico médio e o cromossomo Y o menor acrocêntrico do complemento (Figura 38a e b). O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea JAO1942 mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive no cromossomo X (Figura 38c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata da fêmea JAO1942 mostrou as marcações das Ag-RONs na região telomérica do braço curto do último par de cromossomos autossomos (Figura 38d).

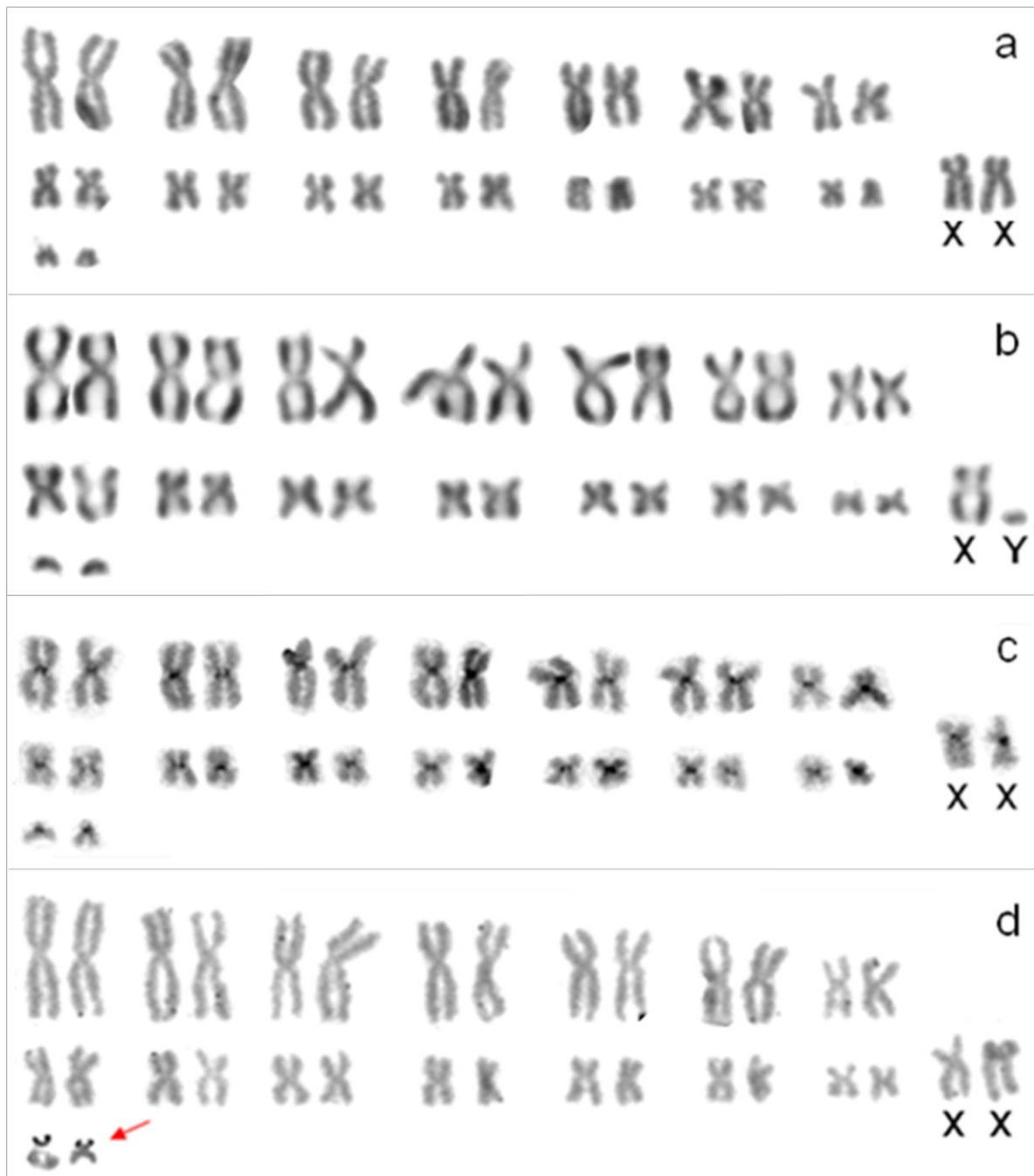


Figura 38 - Cariótipo de *Phyllostomus hastatus* com  $2n=32$  e  $NF=58$ , (a) fêmea JAO1942 com coloração convencional de Giemsa, (b) macho CRB2038 com coloração convencional, fêmea JAO1942 (c) com bandeamento CBG, (d) com marcação de Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY = par sexual masculino. A seta indica as Ag-RONs.

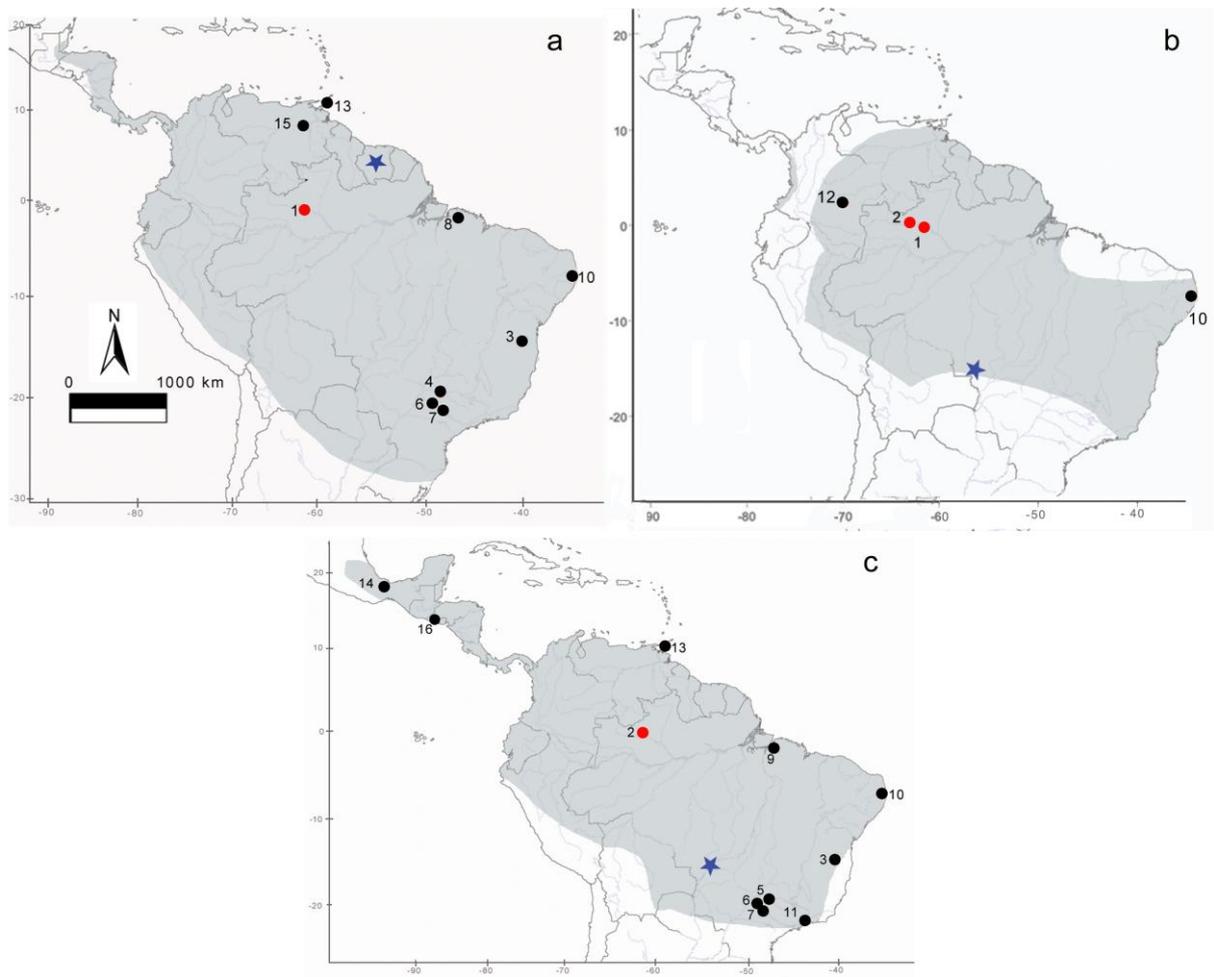


Figura 39 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Phyllostomus hastatus* com localidade-tipo no Suriname, (b) *Phyllostomus elongatus* com localidade-tipo no Rio Branco, Mato Grosso, (c) *Phyllostomus discolor* com localidade-tipo em Cuiabá, Mato Grosso. As distribuições foram baseadas em: (a) Santos *et al.* (2003) e Williams e Genoways (2007), (b) Williams e Genoways (2007), (c) Kwiecinski (2006) e Williams e Genoways (2007). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Bahia (3) Itagibá, Minas Gerais (4) Frutal, São Paulo (5) São José do Rio Preto, (6) Mirassol, (7) Novo Horizonte; Pará (8) Peixe-Boi, (9) Belém; (10) Pernambuco; Rio de Janeiro (11) Itaguaí, (12) Colômbia; (13) Trinidad e Tobago; México (14) Chiapas; (15) Venezuela; (16) El Salvador.

Tabela 17–Cariótipos de Phyllostominae, subfamília Phyllosotminae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X=cromossomos X, Y=cromossomo Y, referências bibliográficas (Refs), 1= Hsu *et al.* (1968); 2= Baker, 1967; 3= Yonenaga (1969), 4= Baker e Hsu (1970), 5= Baker *et al.* (1973), 6= Toledo (1973), 7= Gardner (1977), 8= Patton e Baker (1978); 9= Baker (1979), 10= Honeycutt *et al.* (1980), 11= Baker *et al.* (1981a), 12= Tucker e Bickham (1986), 13= Morielle e Varella-Garcia (1988), 14= Rodrigues *et al.* (2000), 15= Santos *et al.* (2002), 16= presente estudo. Estados brasileiros: AM= Amazonas, BA= Bahia, MG= Minas Gerais, PA= Pará, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, SP= São Paulo.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs.
<i>Chrotopterus auritus</i>	28	52	SM	A	Suriname, Brasil: SP, AM	3, 6, 16
<i>Lophostoma brasiliense</i>	30	56	ST	A	Suriname, Trindade e Tobago	9
<i>Lophostoma carrikeri</i>	26	46	-	-	Brasil: PE, Suriname, Trindade e Tobago	3, 11, 7
<i>Lophostoma schulzi</i>	28	36	A	A	Suriname	10
<i>Lophostoma silvicola</i>	34	60	SM	A	Costa Rica, Suriname, Peru, Brasil: PA, AM, MT	7, 10, 12, 16
<i>Mimon bennettii</i>	30	56	M	M	Suriname	11
<i>Mimon crenulatum</i>	32	60	M/SM	M/A	Trindade e Tobago, Suriname, Peru, Colômbia, Equador, Brasil: PE, AM	4, 8, 9, 16
<i>Phylloderma stenops</i>	32	58	M/SM	A	Trindade e Tobago, Suriname, Colômbia, Brasil: SP, PE	4, 5, 9, 15
<i>Phyllostomus discolor</i>	32	60	SM/M	A/M	México, Trindade e Tobago, El Salvador, Brasil: SP, BA, PE, MG, PA, AM	1, 2, 3, 4, 6, 8, 13, 14, 15, 16
<i>Phyllostomus elongatus</i>	32	58	SM	A	Colômbia, Brasil: PE, AM	4, 5, 9, 13, 15, 16
<i>Phyllostomus hastatus</i>	32	58	SM/M	A	Trindade e Tobago, Brasil: SP, BA, PE, MG, PA, AM	3, 4, 6, 8, 9, 13, 14, 15, 16
<i>Phyllostomus latifolius</i>	32	60	SM	A	Suriname	10
<i>Trachops cirrhosus</i>	30	56	ST/A	A	México, Trindade e Tobago, Suriname, Brasil: SP, PE, AM	1, 2, 3, 9, 15, 16
<i>Trinycteris nicefori</i>	28	52	SM	M	Trindade e Tobago, Suriname, Brasil: AM	4, 8, 9, 16

## Família Phyllostomidae, Subfamília Phyllostominae

### Análises Filogenéticas

Na análise das 25 sequências de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb* foi encontrado um total de 22 haplótipos (Tabela 18). Foram utilizadas 13 sequências e identificados 11 haplótipos de *Phyllostomus hastatus*, sendo o H2 compartilhado por três amostras, uma do estado do Tocantins (Axixá), uma do estado do Pará (Itupiranga) e uma do estado do Amazonas (Barcelos; Tabela 18). Foram encontrados cinco haplótipos em seis sequências de *P. elongatus*, o H15 compartilhado por duas amostras do estado do Amazonas, em Barcelos, no Rio Paduari e foram identificados seis haplótipos em seis sequências de *P. discolor* (Tabela 18). A média das estimativas de distância genética intragenérica Kimura-2 parâmetros (k-2p) de *Phyllostomus* foi 8,35%. As médias das distâncias genéticas intraespecíficas de *P. hastatus* foi 0,79%, de *P. elongatus* foi 0,55% e de *P. discolor* foi 4,74%. As médias das distâncias K-2p entre *P. hastatus* e *P. elongatus* foi 10,57%, entre *P. hastatus* e *P. discolor* foi 12,29% e entre *P. elongatus* e *P. discolor* foi 8,95% (Tabela 19).

As análises de Inferência Bayesiana (IB) e de Máxima Verossimilhança (MV) de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb* foram realizadas usando o modelo evolutivo de substituição de bases GTR - *General time reversible* (Rodrigues *et al.*, 1990) + I (sítios invariáveis) + G (distribuição gama). As reconstruções filogenéticas foram iguais para ambas as análises e somente a topologia de IB foi mostrada (Figura 40-42). Estas análises mostraram a monofilia do gênero *Phyllostomus* (bootstrap 84,7%, pp 0,99) e das espécies *P. hastatus*, *P. elongatus* e *P. discolor*, com altos valores de suporte. O gênero *Phyllostomus* mostrou-se dividido em dois clados, um formado por *P. discolor* e o outro formado por *P. hastatus* e *P. elongatus* como espécies-irmãs. Dentro de *P. hastatus*, as análises mostraram um haplótipo de um

indivíduo de Roraima (H6) separado do clado com haplótipos de indivíduos do Amazonas, Pará, Pernambuco, Tocantins e Venezuela (Figura 40-42). Dentro de *P. elongatus*, haplótipos com amostras de Barcelos (H13 e H15) e Santa Isabel do Rio Negro (H12 e H14), no Amazonas e da Venezuela (H16), mostraram-se colapsados (Figura 38). *Phyllotomus discolor* apresentou-se separada em dois clados (bootstrap 100%, pp 1), um deles formado por haplótipos da Paraíba (H17 e H20) e de Pernambuco (H21 e H19) e outro formado por haplótipos somente da Paraíba (H18 e H22; Figura 42).

As análises de MJ de *P. discolor* com *mt-Cytb* recuperou a topologia das análises de MV e IB mostrando duas linhagens separadas por 43 substituições nucleotídicas, tendo uma das linhagens três vetores médios (Figura 43).

Tabela 18 - Lista das amostras de *Phyllostomus* utilizadas nas análises com *mt-Cytb*, com o haplótipo (H), referências bibliográficas (Refs), n° de campo ou do GenBank (Identificação), localidades de coleta e n° de pares de base (pb) sequenciados. Ig= Igarapé, m.d.= margem direita, m.e.= margem esquerda. As abreviações referem-se ao n° de campo de CRB=Cibele Rodrigues Bonvicino, LBCE= Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres, JAO=João Alves de Oliveira, KS, TL e AL= Alfredo Langguth. **VE**= Venezuela. Estado brasileiro (**BR**): Amazonas (AM), Pará (PA), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Tocantins (TO), Roraima (RR). 1= Hoffman *et al.* (2008); 2= Dumont *et al.* (2014); 3= presente estudo.

Táxon	H	Identificação	Localidade	pb	Refs
<i>P. hastatus</i>	1	CRB1797	<b>BR</b> : AM, Barcelos, Rio Aracá, m.d. Ig.Limão, Ig.Bigorna	1140	3
<i>P. hastatus</i>	2	LBCE13107, LBCE6726, CRB2207	<b>BR</b> : TO, Axixá, PA, Itupiranga, AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri	1139	3
<i>P. hastatus</i>	3	CRB2038	<b>BR</b> : AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig.Jauari, Ucuqui	1140	3
<i>P. hastatus</i>	4	LBCE13105	<b>BR</b> : TO, Axixá	1134	3
<i>P. hastatus</i>	5	CRB2041	<b>BR</b> : AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri	1140	3
<i>P. hastatus</i>	6	JAO1942	<b>BR</b> : RR, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto	1116	3
<i>P. hastatus</i>	7	LBCE13106	<b>BR</b> : TO, Axixá	1128	3
<i>P. hastatus</i>	8	CRB2039	<b>BR</b> : AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig.Jauari, Ucuqui	1140	3
<i>P. hastatus</i>	9	FJ155479	<b>VE</b> : Bolívar	1140	1
<i>P. hastatus</i>	10	CRB2122	<b>BR</b> : AM, Barcelos, Rio Aracá m.d., Ig.Jauari, Ucuqui	1140	3
<i>P. hastatus</i>	11	TL29	<b>BR</b> : PE, Ipojuca, Mata do Mingú	1126	3
<i>P. elongatus</i>	12	CRB2173	<b>BR</b> :AM, Santa Isabel do Rio Negro,Rio Preto m.e., Ig. Malalaha, Ig.Araujo	1140	3
<i>P. elongatus</i>	13	CRB2690	<b>BR</b> : AM, Barcelos,Est.Barcelos-Caurés, km20,St Nova Vida	1115	3
<i>P. elongatus</i>	14	CRB2052	<b>BR</b> :AM, Santa Isabel do Rio Negro, Rio Preto m.e., Ig. Malalaha, Ig.Araujo	1055	3
<i>P. elongatus</i>	15	CRB2638, CRB2560	<b>BR</b> : AM, Barcelos, Rio Paduari m.e, Ig. Japomeri	1140	3
<i>P. elongatus</i>	16	KC783056	<b>VE</b> : Bolívar	1139	2
<i>P. discolor</i>	17	KS206	<b>BR</b> : PB, Araruna, Parque Estadual	1098	3
<i>P. discolor</i>	18	KS205	<b>BR</b> : PB, Araruna, Parque Estadual	1090	3
<i>P. discolor</i>	19	TL30	<b>BR</b> : PE, Ipojuca, Mata do Mingú	1121	3
<i>P. discolor</i>	20	KS153	<b>BR</b> : PB, João Pessoa, Campus I da UFPB, Mata da Prefeitura	1101	3
<i>P. discolor</i>	21	KS05	<b>BR</b> : PE, Aldeia, Chácara Vale	1096	3
<i>P. discolor</i>	22	AL3837	<b>BR</b> : PB, Mata Pau Ferro	1125	3

Tabela 19 - Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb*.

H	Espécie	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21
1	<i>P. hastatus</i>																					
2	<i>P. hastatus</i>	0,35																				
3	<i>P. hastatus</i>	0,44	0,26																			
4	<i>P. hastatus</i>	0,62	0,44	0,53																		
5	<i>P. hastatus</i>	0,35	0,35	0,44	0,62																	
6	<i>P. hastatus</i>	0,54	0,54	0,63	0,82	0,54																
7	<i>P. hastatus</i>	0,72	0,54	0,63	0,63	0,72	0,91															
8	<i>P. hastatus</i>	0,80	0,80	0,89	1,08	0,80	1,00	0,99														
9	<i>P. hastatus</i>	1,07	1,07	1,16	1,35	1,07	1,28	1,45	1,16													
10	<i>P. hastatus</i>	0,80	0,80	0,89	1,08	0,80	1,00	0,99	0,89	0,98												
11	<i>P. hastatus</i>	0,18	0,54	0,63	0,82	0,54	0,73	0,91	1,00	1,27	0,99											
12	<i>P. elongatus</i>	10,50	10,77	10,61	10,30	10,50	10,38	10,72	11,14	11,25	11,12	10,66										
13	<i>P. elongatus</i>	10,62	10,89	10,73	10,30	10,62	10,37	10,71	11,27	11,38	11,25	10,71	0,91									
14	<i>P. elongatus</i>	10,05	10,33	10,16	9,92	10,05	9,74	10,34	10,72	10,71	10,71	10,09	0,38	0,97								
15	<i>P. elongatus</i>	10,25	10,51	10,36	10,05	10,25	10,13	10,46	10,88	10,99	10,87	10,40	0,18	0,73	0,19							
16	<i>P. elongatus</i>	10,39	10,65	10,50	10,19	10,39	10,26	10,60	11,02	11,13	11,00	10,54	0,62	0,45	0,67	0,44						
17	<i>P. discolor</i>	11,27	11,67	11,65	11,48	11,54	11,17	12,04	11,94	12,67	11,82	11,54	13,62	13,76	13,27	13,62	13,78					
18	<i>P. discolor</i>	11,09	11,49	11,74	11,30	11,22	11,39	11,59	12,03	12,49	11,91	11,36	13,47	13,33	12,41	13,18	13,34	4,87				
19	<i>P. discolor</i>	11,67	12,07	12,05	11,99	11,93	11,57	12,55	12,34	13,05	12,22	11,67	13,17	13,47	13,11	13,17	13,32	0,74	5,12			
20	<i>P. discolor</i>	11,50	11,64	11,75	11,45	11,77	11,14	12,01	11,91	12,63	11,79	11,77	13,75	13,92	12,98	13,75	13,90	1,80	5,74	1,69		
21	<i>P. discolor</i>	12,52	12,94	12,92	12,74	12,80	12,42	13,33	13,22	13,97	13,10	12,80	15,11	15,25	14,30	15,11	15,28	1,59	5,86	1,40	1,51	
22	<i>P. discolor</i>	13,04	13,59	13,70	13,38	13,04	13,55	13,55	14,01	14,46	13,89	13,31	14,63	15,03	14,00	14,34	14,50	9,49	2,08	9,16	9,98	10,03

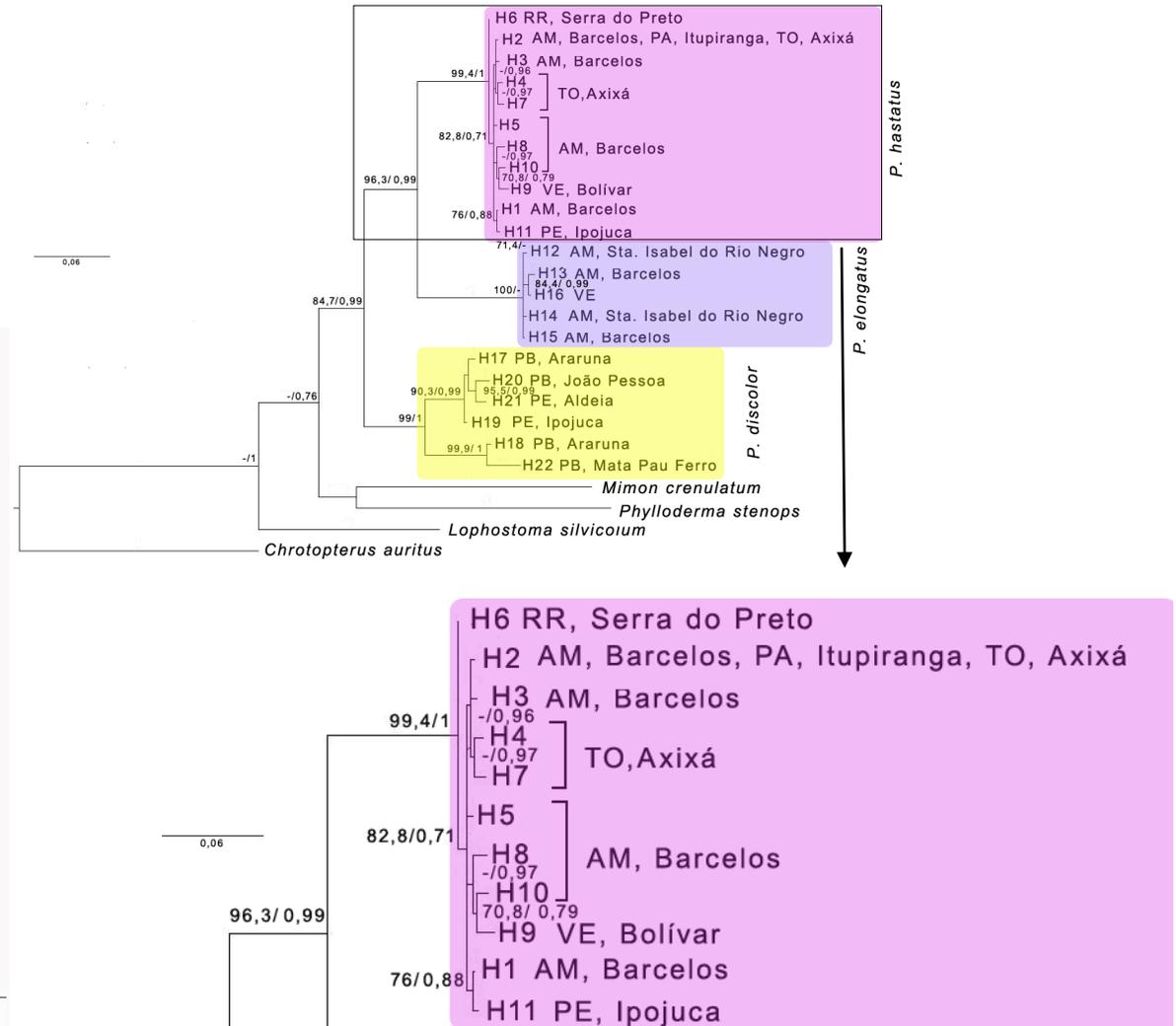
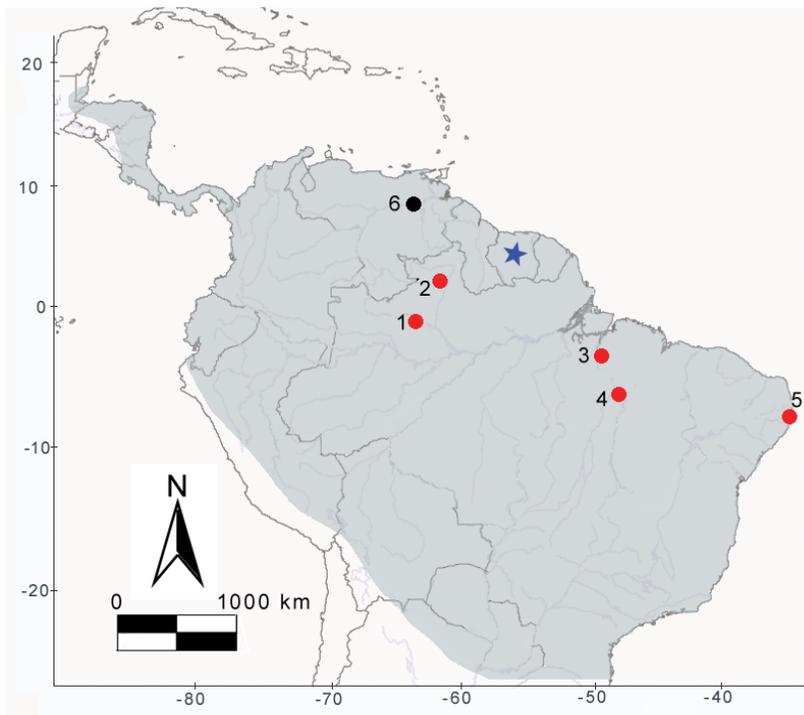


Figura 40 - Topologia de IB de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *P. hastatus* em destaque. Mapa com a distribuição de *P. hastatus* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Localidade-tipo (estrela azul): Suriname. Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Roraima (2) Caracaraí, Pará, (3) Itupiranga, Tocantins (4) Axixá, Pernambuco (5) Ipojuca; Venezuela (6) Bolívar. AM= Amazonas, PE= Pernambuco, RR= Roraima, TO= Tocantins, VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.

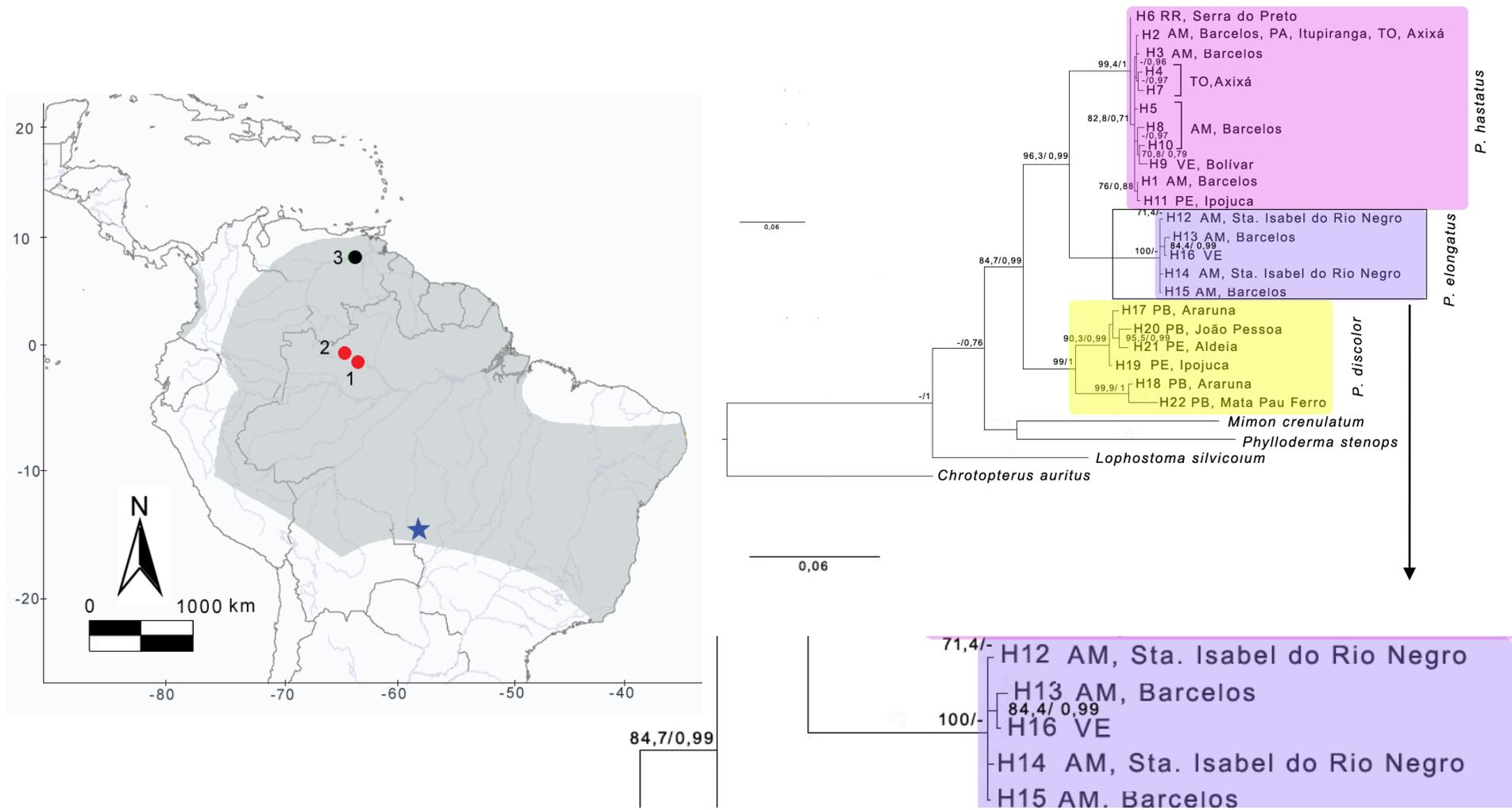


Figura 41—Topologia de IB de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb*. Números próximos aos nós, à esquerda representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *P. elongatus* em destaque. Mapa com a distribuição de *P. elongatus* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Localidade-tipo (estrela azul): Rio Branco, Mato Grosso, Brasil. Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Venezuela (3) Bolívar. AM= Amazonas, VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.

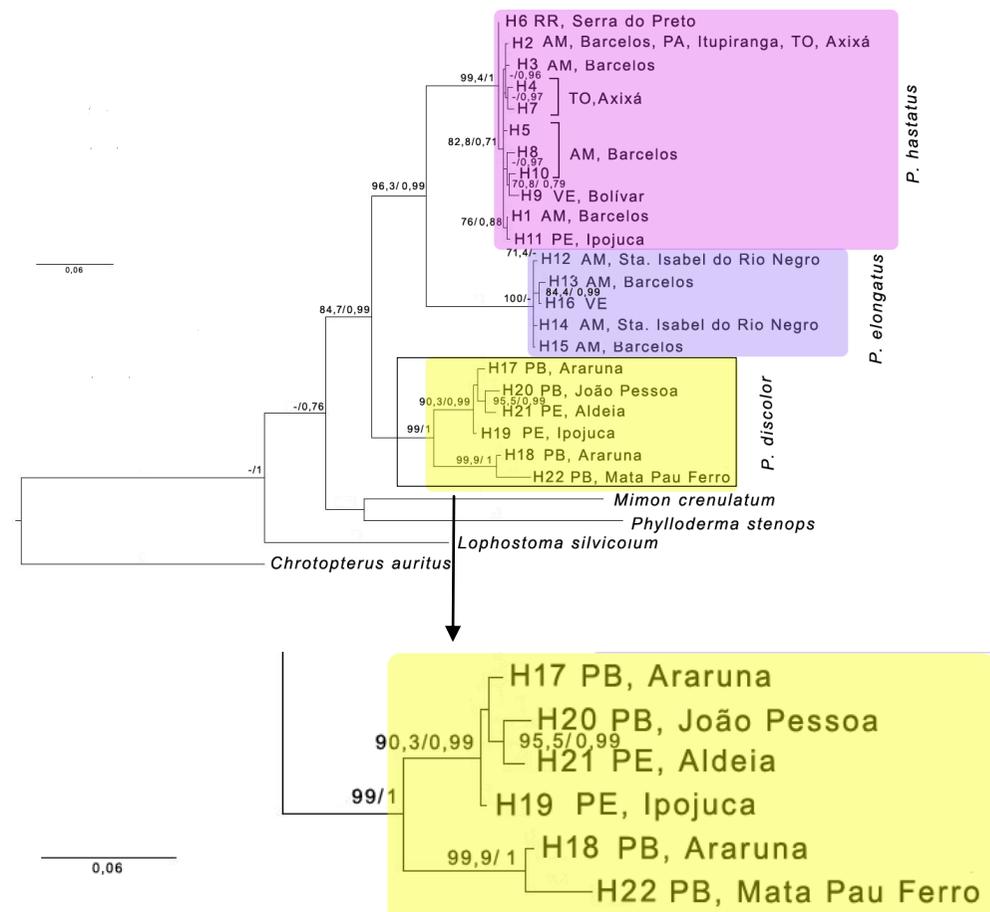


Figura 42–Topologia de IB de *Phyllostomus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de bootstrap  $\geq 70$  e à direita representam os valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *P. discolor* em destaque. Mapa com a distribuição de *P. discolor* e os pontos de coleta das amostras de *P. discolor* estudadas com o *mt-cytb*. Pontos vermelhos= amostras sequenciadas no presente trabalho, Localidade-tipo (estrela azul): Cuiabá, Mato Grosso, Brasil. Paraíba, (1) Araruna, (2) Parque Estadual Mata do Pau Ferro, (3) João Pessoa, Pernambuco, (4) Ipojuca, (5) Aldeia. PE= Pernambuco, PB= Paraíba. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.

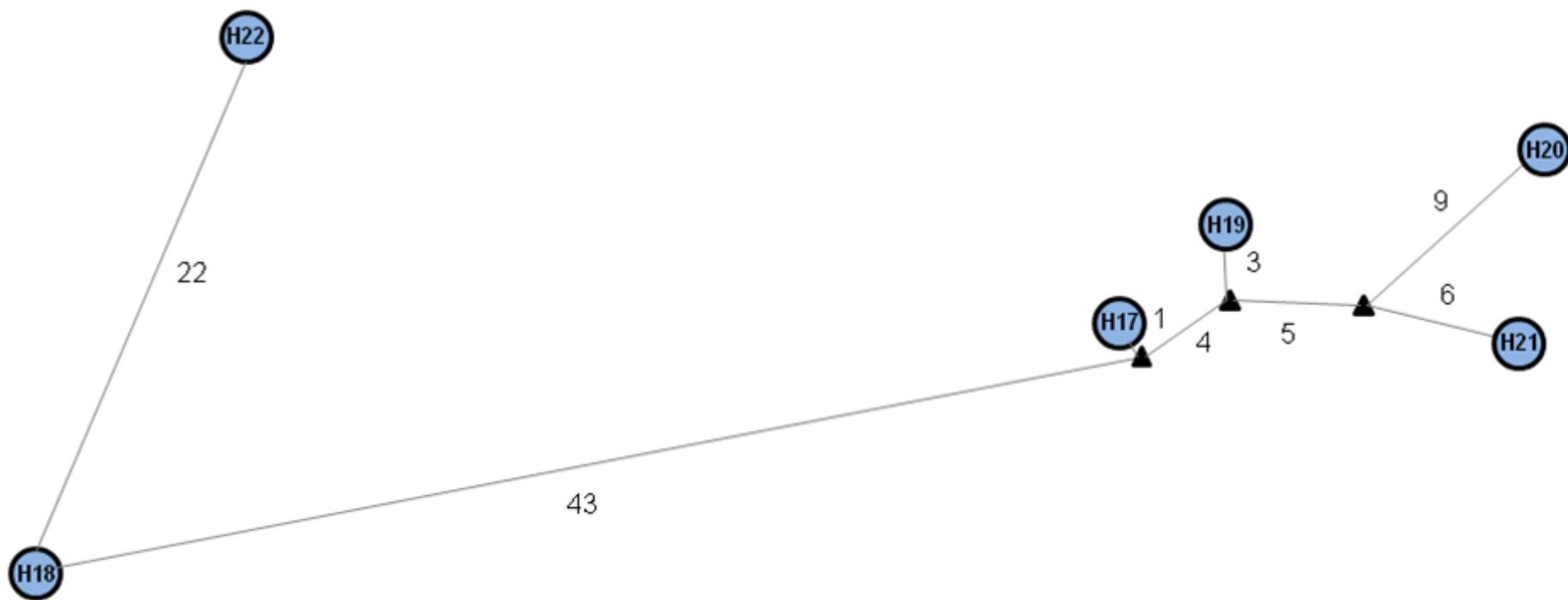


Figura 43 - Rede de haplótipos de *Phyllostomus discolor* com *mt-Cytb*. Os círculos correspondem aos haplótipos, e os triângulos pretos indicam vetores médios. Números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 18.

## Família Phyllostomidae, Subfamília Carollinae

### Cariótipo

Foram cariotipadas duas espécies de *Carollia*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa de 18 machos (CRB2061, CRB2160, CRB2174, CRB2179, CRB2119, CRB2130, CRB2149, CRB2150, CRB2195, CRB2219, CRB2853, CRB2868, CRB2856, LBCE6724, LBCE6725, LBCE6727, LBCE6730, LBCE6731) e cinco fêmeas (CRB2127, CRB2153, CRB2158, CRB2854, JAO1937) de *Carollia perspicillata* (Linnaeus, 1758) mostrou  $2n=21$  nos machos e  $2n=20$  nas fêmeas e  $NF=36$  em ambos os sexos (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em nove pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. Estes espécimes apresentam cromossomos sexuais múltiplos do tipo  $XX/XY_1Y_2$ , sendo o cromossomo X um submetacêntrico grande, o cromossomo  $Y_1$  um acrocêntrico pequeno (o menor do complemento) e o  $Y_2$  um acrocêntrico médio. O cromossomo X apresenta uma constrição secundária conspícua intersticial, localizada no braço longo (Figura 44a e b). O cariótipo com bandeamento-CBG de três machos (CRB2119, CRB2179, CRB2219) e sete fêmeas (CRB2127, CRB2854, LBCE6724, LBCE6725, LBCE6727, LBCE6730, LBCE6731) mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos autossomos e nos cromossomos X e  $Y_2$ . O cromossomo  $Y_1$  é totalmente heterocromático. Adicionalmente, o primeiro par cromossômico apresenta uma banda intersticial no braço curto e o 2º, 3º, 5º parese o cromossomo X apresentam uma banda telomérica nos braços curtos (Figura 44c e d). O cariótipo com coloração de nitrato de prata do macho CRB2868 mostrou as marcações das Ag-RONs na região intersticial proximal do braço longo do cromossomo X, coincidente com a constrição secundária (Figura 44e).

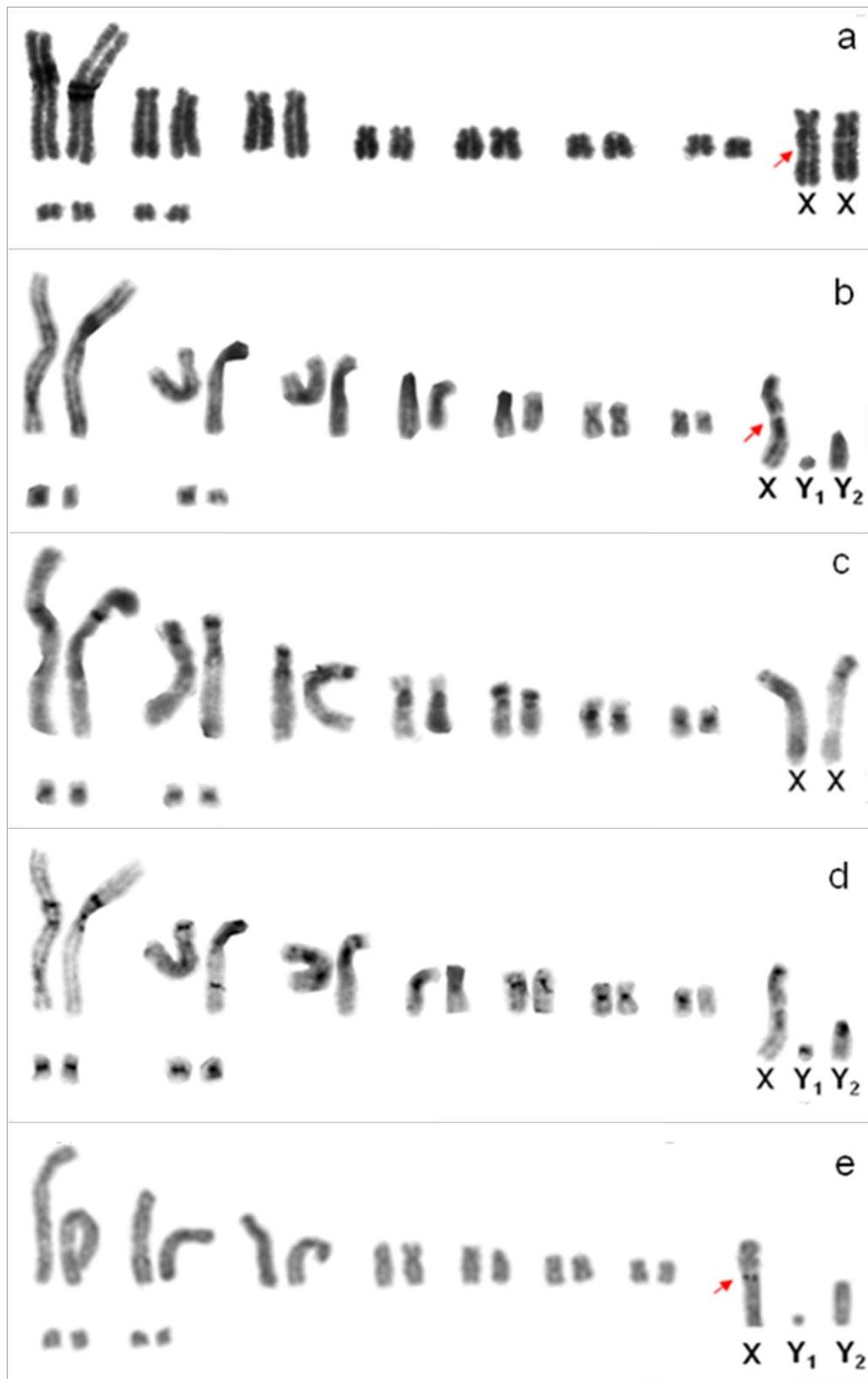


Figura 44 - Cariótipo de *Carollia perspicillata*, fêmeas com  $2n=20$  e  $NF=36$ , machos com  $2n=21$  e  $NF=36$ , coloração convencional de Giemsa (a) fêmea JAO1937 e (b) macho CRB2179, bandeamento CBG (c) fêmea CRB2854 e (d) macho CRB2179, (e) macho CRB2868, com marcação de Ag-RONs. As setas indicam as constrições secundárias e as Ag-RONs. XX= par sexual feminino,  $XY_1Y_2$  = par sexual masculino (sistema sexual múltiplo).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa dos três machos (CRB2016, CRB2474, CRB2492) de *Carollia brevicauda* (Schinz, 1821) mostrou  $2n=21$  e  $NF=36$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em nove pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. Estes espécimes apresentam cromossomos sexuais múltiplos do tipo  $XX/XY_1Y_2$ , sendo o cromossomo X um submetacêntrico grande, o cromossomo  $Y_1$  um acrocêntrico pequeno (o menor do complemento) e o  $Y_2$  um acrocêntrico médio. O cromossomo X apresenta uma constrição secundária conspícua intersticial, localizada no braço longo (Figura 45a). O cariótipo com bandeamento-CBG do macho CRB2474 mostrou bandas pericentroméricas em todos os autossomos e nos cromossomos X e  $Y_2$ . O cromossomo  $Y_1$  é totalmente heterocromático. Adicionalmente, o cromossomo número um apresenta uma banda intersticial no braço curto e os cromossomos 2, 3 e 5 e o cromossomo X apresenta marcações nas regiões teloméricas dos braços curtos (Figura 45b). O cariótipo com coloração de nitrato de prata do macho CRB2492 de *C. brevicauda* mostrou marcações de Ag-RONs na região intersticial proximal do braço longo do cromossomo X, coincidente com a constrição secundária (Figura 45c). O cariótipo com FISH de sonda telomérica do macho CRB2474 mostrou sinais terminais em todos os cromossomos e marcações nas regiões pericentroméricas do 1º, 2º, 3º, 4º, 5º e 8º pares, e do cromossomo X. Adicionalmente, o cromossomo X mostrou um sinal na constrição secundária e o  $Y_1$  hibrida ao longo de toda a sua extensão (Figura 45d).

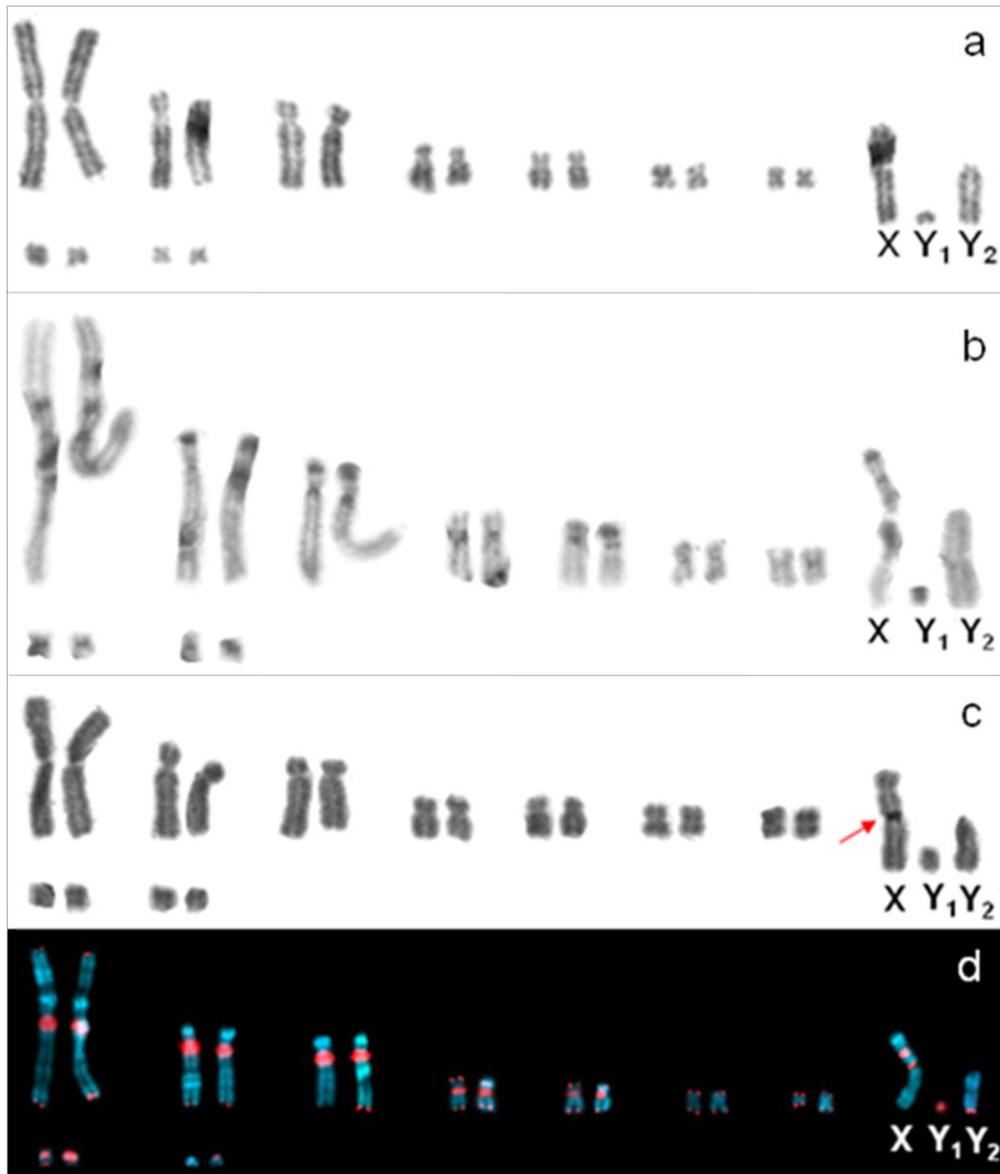


Figura 45 - Cariótipo de *Carollia brevicauda* macho, com  $2n=21$  e  $NF=36$ , (a) CRB2016 com coloração convencional de Giemsa, (b) CRB2474 com bandeamento-CBG, (c) CRB2492 com marcações de Ag-RONs, (d) CRB2474 com FISH de sondas teloméricas. A seta indica as constrições secundárias.  $XY_1Y_2$  = par sexual masculino (sistema sexual múltiplo).

Tabela 20 - Cariótipos de *Carollia* discriminando os números diploide (2n) e fundamental (NF), cromossomos sexuais feminino (X) e masculino (Y), Y original (Y<sub>1</sub>), Y novo (Y<sub>2</sub>), regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs), heterocromatina constitutiva (HC), braço curto (p), braço longo (q), referências bibliográficas (Refs). 1=Baker(1967); 2= Hsu *et al.* (1968); 3= Yonenaga *et al.* (1969); 4= Baker e Bleier (1971); 5= Patton e Gardner (1971); 6= Toledo (1973); 7= Stock (1975); 8= Morielle e Varella-Garcia (1988); 9= Tucker e Bickham (1989); 10= Santos e Souza (1998); 11= Baker *et al.* (2002); 12= Noronha *et al.* (2004); 13= Pieckarza (2005); 14= Solari e Baker (2006); 15= Garcia *et al.* (2010); 15= presente estudo. **CO**= Colômbia, **CR**= Costa Rica, **HN**= Honduras, **MX**= México, **PE**= Peru, **TT**= Trinidad e Tobago; estados brasileiros (**BR**): Amazonas (AM), Pará (PA) e Pernambuco (PE).

Espécie	2n	NF	X	Y <sub>1</sub>	Y <sub>2</sub>	Ag-RON	Bandas-C				Localidade	Refs
							Pericentromérica	Terminal	Intersticial	Total		
<i>C. benkeithi</i>	22	38	SM	-	-	-	Pouca HC comparada a <i>C. brevicauda</i> e <i>C. perspicillata</i>				PE	5
<i>C. benkeithi</i>	22	38	SM	-	-	-	Autossomos, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p, 6p	-	Y <sub>1</sub>	PE	8, 14
<i>C. brevicauda</i>	20/21	36	ST	-	-	-	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p	1p, Xp	Y <sub>1</sub>	PE	7
<i>C. brevicauda</i>	20/21	36	St	A	-	Xq	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p	1p, Xp	Y <sub>1</sub>	BR: PA	13
<i>C. brevicauda</i>	20/21	36	St	A	-	Xq	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p	1p, Xp	Y <sub>1</sub>	BR: AM	16
<i>C. castanea</i>	20/21	36	ST	A	A	-	-	-	-	-	CO	4
<i>C. castanea</i>	20/21	36	ST	A	A	-	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p	Xp	6p, Y <sub>1</sub>	CR, PE	9
<i>C. perspicillata</i>	20/21	36	ST	A	A	-	-	-	-	-	MX, CO, TT, BR: BA	1, 2, 4, 6, 7, 8
<i>C. perspicillata</i>	20/21	36	ST	A	A	Xq	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, Xp	1p	-	BR: RJ	15
<i>C. perspicillata</i>	20/21	36	ST	A	A	-	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p	1p, Xp	Y <sub>1</sub>	CR	9
<i>C. perspicillata</i>	20/21	36	ST	A	-	Xq	-	-	-	-	BR: PA	12
<i>C. perspicillata</i>	20/21	36	ST	A	A	Xq	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	2p, 3p, 5p	1p, Xp	Y <sub>1</sub>	BR: PE, AM	10, 16
<i>C. perspicillata</i>	20/21	36	ST	A	A	Xq	-	-	-	-	BR: SP	3, 8
<i>C. sowelli</i>	21	36	ST	A	A	-	-	-	-	-	MX, CO, HN	1, 5, 11
<i>C. subrufa</i>	21	36	ST	A	A	-	-	-	-	-	MX	1

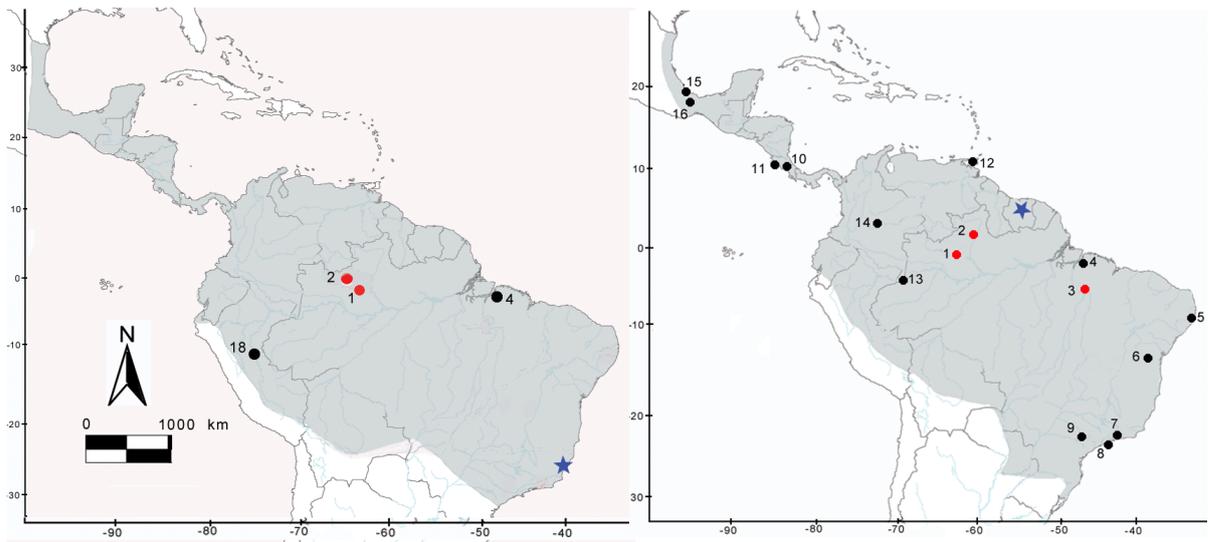


Figura 46 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Phyllostomidae (a) *Carollia brevicauda* com localidade-tipo no Rio Jucu, Fazenda Coroaba, Rio de Janeiro, Brasil, (b) *Carollia perspicillata* com localidade-tipo no Suriname, Distribuição baseada em (a) MacLellan e Gardner (2008), (b) Clutier e Thomas (1992) e MacLellan e Gardner (2008), Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro, Pará (3) Itaipiranga, (4) Belém, Pernambuco (5) Igarapé; (6) Bahia; Rio de Janeiro (7) Angra dos Reis; São Paulo (8) São Sebastião, (9) Botucatu; Costa Rica (10) Guanacaste, (11) Heredia; (12) Trinidad e Tobago, Colômbia (13) Letícia, (14) Restrepo, México (15) Vera Cruz, (16) Tuxtla.

## Família Phyllostomidae, Subfamília Caroliniinae

### Análises Filogenéticas

Nas análises das 118 sequências de *Carollia perspicillata* com o *mt-Cytb* foram identificados 108 haplótipos, nove deles compartilhados. Alguns haplótipos foram compartilhados por amostras da mesma localidade, como H53 compartilhado por duas amostras do Sergipe (Santo Amaro das Brotas), H54 por duas amostras de Pernambuco (Tamandaré), H77 por duas de Minas Gerais (Caratinga) e H102 por duas do México (Chiapas; Tabela 21). Outros haplótipos foram compartilhados por amostras de localidades diferentes, como: H1 que foi compartilhado por duas amostras, uma do Rio de Janeiro em Petrópolis na localidade Itaipava, e outra da Paraíba em Areia na Reserva Estadual Mata de Pau Ferro, H4 compartilhado por uma amostra do estado do Amazonas em Barcelos, e uma do estado do Amapá no Rio Anacuí, H17 por três amostras, uma do estado de Pernambuco em Bezerros e

duas do Rio Grande do Norte em Baía Formosa, H33 duas amostras, uma da Bahia em Cocos e outra de Goiás em Cavalcante, e H99 duas amostras, uma do México e outra da Guatemala (Tabela 21). Nas análises das 32 sequências de *Carollia brevicauda* com o *mt-Cytb* foram identificados 31 haplótipos, com H1 compartilhado entre duas amostras do Amazonas, sendo uma do Rio Aracá, Igarapé Bigorna e outra do Rio Paduari, Igarapé Japomeri, ambos afluentes da margem esquerda do Rio Negro (Barcelos;Tabela 22).

O modelo evolutivo de substituição de bases que melhor explicou o padrão de diferenciação entre as sequências de *Carollia* com o *mt-Cytb* foi o HKY (Hasegawa *et al.*, 1985) + I (sítios invariáveis) + G (distribuição gamma), usado nas análises de IB e de MV. A média das distâncias genética intraespecíficas K-2p de *C. brevicauda* foi de 1,93% e de *C. perspicillata* foi de 1,77% e entre as duas espécies (interespecíficas) foi 4,01%.

As reconstruções filogenéticas de *Carollia* com o *mt-Cytb* apresentaram a mesma topologia nas análises MV e IB, e somente a topologia de MV foi mostrada (Figuras 47, 49-52). Estas análises mostraram o monofiletismo do gênero *Carollia* com altos valores de suporte (aLRT 1, pp 1). O clado formado por *Carollia* mostrou *C. castanea* divergindo do clado contendo *C. perspicillata*, *C. brevicauda*, *C. sowellii* e *C. subrufa*. Neste clado, *C. subrufa* foi a primeira a divergir do clado contendo dois subclados, um formado por *C. sowellii*, e outro contendo *C. perspicillata* e *C. brevicauda* como espécies-irmãs, com baixo suporte de aLRT e probabilidade posterior 0,84.

O clado de *C. brevicauda* se divide em dois (aLRT 0,82, pp 1), um com amostras do Suriname, Venezuela, Guiana e Brasil (Amazonas, Barcelos e Santa Isabel do Rio Negro), e outro com amostras da Bolívia, Equador, Panamá, Peru e Brasil (Amazonas, Santa Isabel do Rio Negro e Mato Grosso, Aripuanã; Figura 47).

O clado de *C. perspicillata* também se divide em dois grandes clados, o clado 1 contendo haplótipos do sudeste, incluindo Una na Bahia (Figura 49) e o clado 2 contendo indivíduos de todas as regiões amostradas, incluindo amostras do sudeste (aLRT 0,94, pp 0,99; Figura 47). O clado 2 se subdivide nos clados 2A, 2B e 2C. O clado 2A inclui os haplótipos do Amazonas (Barcelos, H28, H30, H31), Bahia (Cocos, H5, H6), Pará (Itupiranga, H23) e São Paulo (Pedreira, H10), aqui sequenciados, e vários haplótipos do México, Equador, Guatemala e Suriname (Figura 50). O clado 2B inclui haplótipos de Goiás (Cavalcante, H7 e H9), Pernambuco (Brejo Madre de Deus, H24) e Amazonas (Barcelos, H32), aqui sequenciados e vários haplótipos do Peru, Equador, Guiana e de localidades do Sudeste (Jundiaí, SP; Itacarambi, MG), Norte (Santa Isabel do Rio Negro, AM), Nordeste (Cândido Mendes, MA) e Centro-Oeste (Aripuanã, MT) do Brasil (Figura 51). O clado 2C inclui haplótipos do Amazonas (Barcelos, H3, H4, H8, H18, H20, H21, H60, H61, H62; Santa Isabel do Rio Negro, H19, H39, H41, H43, H44, H46), Pará (Itupiranga, H13, H14, H22), Pernambuco (Bezerros, H15, H16, H17, H25), Bahia (Cocos, H33) e Goiás (Cavalcante, H33) aqui sequenciados e vários haplótipos do Equador, Guiana, Venezuela, e de localidades do Norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste do Brasil (Figura 52).

Tabela 21- Amostras de *Carollia perspicillata* analisadas com *mt-Cytb*, especificando o haplótipo (H), referências bibliográficas (Refs); n° de campo ou de acesso do GenBank (Identificação), localidades de coleta e n° de pares de base (pb) sequenciados. **EC**= Equador; **GY**= Guiana; **GT**= Guatemala.; **MX**= México; **PE**= Peru; **SR**= Suriname; **VE**= Venezuela. Estados brasileiros (**BR**): Amazonas (AM), Amapá (AP), Bahia (BA), Espírito Santo (ES), Goiás (GO), Maranhão (MA), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), Rio Grande do Norte (RN), Sergipe (SE), São Paulo (SP). 1= Wright *et al.* (1999); 2= Hoffmann e Baker (2003); 3= Pavan *et al.* (2011); 4= Velazco (2013); 5= presente estudo.

H	Identificação	Localidades	pb	Refs
1	LBCE13175,AL3839	<b>BR</b> :RJ, Petrópolis; PB, Areia	1125	5
2	LBCE11826	<b>BR</b> :PA, Abaetetuba	1125	5
3	CRB1777	<b>BR</b> :AM,Barcelos	1140	5
4	CRB1776, FJ589715	<b>BR</b> :AM, Barcelos; AP,Rio Anacuí	1129	5
5	CRB1629	<b>BR</b> :BA, Cocos	1140	5
6	CRB1628	<b>BR</b> :BA, Cocos	1140	5
7	CRB915	<b>BR</b> :GO, Cavalcante	1140	5
8	CRB2559	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1140	5
9	CRB914	<b>BR</b> : GO, Cavalcante	1120	5
10	CRB805	<b>BR</b> : SP, Pedreira	1140	5
11	CRB808	<b>BR</b> : SP, Pedreira	1119	5
12	LBCE13182	<b>BR</b> : RJ, Petrópolis, Itaipava	1140	5
13	LBCE6730	<b>BR</b> : PA, Itupiranga	1119	5
14	LBCE6724	<b>BR</b> : PA, Itupiranga	1125	5
15	EG195	<b>BR</b> : PE, Bezerros	1075	5
16	EG194	<b>BR</b> : PE, Bezerros	1137	5
17	EG181, FJ589698, AF511980	<b>BR</b> : PE, Bezerros; RN, Baía Formosa	1126	2,3, 5
18	CRB2879	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1126	5
19	CRB2061	<b>BR</b> : AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	5
20	CRB2890	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1126	5
21	CRB1773	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1126	5
22	LBCE6727	<b>BR</b> : PA, Itupiranga	1126	5
23	LBCE6725	<b>BR</b> : PA, Itupiranga	1130	5
24	EG232	<b>BR</b> : PE, Brejo Madre de Deus	1121	5
25	EG182	<b>BR</b> : PE, Bezerros	1134	5
26	CRB2880	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1121	5
27	CRB2887	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1139	5
28	CRB2868	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1140	5
29	CRB2130	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1140	5

Tab. 21- Continuação

H	Identificação	Localidade	pb	Refs
30	CRB2856	BR: AM, Barcelos	1121	5
31	CRB2127	BR: AM, Barcelos	1121	5
32	CRB2854	BR: AM, Barcelos	1139	5
33	CRB1623, CRB916	BR: BA, Cocos; GO, Cavalcante	1140	5
34	AF187026	PE: Cuzco	1139	1
35	AF187025	SR: Nickerie	1138	1
36	KF019723	PE: San Martín	1140	4
37	KF019722	PE: San Martín	1140	4
38	FJ589714	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
39	FJ589713	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
40	FJ589712	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
41	FJ589711	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
42	FJ589710	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
43	FJ589709	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
44	FJ589708	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
45	FJ589707	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
46	FJ589706	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
47	FJ589705	BR: AM, Sta. Isabel Rio Negro	1140	3
48	FJ589704	BR: MA, Cândido Mendes	1140	3
49	FJ589703	BR: MA, Cândido Mendes	1140	3
50	FJ589702	BR: MA, Cândido Mendes	1140	3
51	FJ589701	BR: PE, Olinda	1140	3
52	FJ589700	BR: PE, Olinda	1140	3
53	FJ589699, AF511982	BR: SE, Sto. Amaro das Brotas	1140	2, 3
54	FJ589697, AF511981	BR: PE, Tamandaré	1140	2, 3
55	FJ589696	BR: PE, Tamandaré	1140	3
56	FJ589695	BR: MA, São Luis	1140	3
57	FJ589694	BR: MT, Aripuanã	1140	3
58	FJ589693	BR: MT, Aripuanã	1140	3
59	FJ589692	BR: MT, Aripuanã	1140	3
60	FJ589691	BR: AM, Barcelos	1140	3
61	FJ589690	BR: AM, Barcelos	1140	3

Tab. 21- Continuação

H	Identificação	Localidades	pb	Refs
62	FJ589689	<b>BR:</b> AM, Barcelos	1140	3
63	FJ589688	<b>BR:</b> RJ,Mangaratiba	1140	3
64	FJ589686	<b>BR:</b> MG, Unaí	1140	3
65	FJ589687	<b>BR:</b> RJ,Mangaratiba	1140	3
66	FJ589685	<b>BR:</b> MG, Itacarambí	1140	3
67	FJ589684	<b>BR:</b> MG, Itacarambí	1140	3
68	FJ589683	<b>BR:</b> MG, Itacarambí	1140	3
69	FJ589682	<b>BR:</b> MG, Itacarambí	1140	3
70	FJ589681	<b>BR:</b> MG, Sta.Bárbara	1140	3
71	FJ589680	<b>BR:</b> MG, Sta. Bárbara	1140	3
72	FJ589679	<b>BR:</b> MG, Marliéria	1140	3
73	FJ589678	<b>BR:</b> MG, Marliéria	1140	3
74	FJ589677	<b>BR:</b> MG, Marliéria	1140	3
75	FJ589676	<b>BR:</b> MG, Marliéria	1140	3
76	FJ589675	<b>BR:</b> MG, Marliéria	1140	3
77	FJ589674, AF511974	<b>BR:</b> MG, Caratinga	1140	2, 3
78	FJ589673	<b>BR:</b> MG, Caratinga	1140	3
79	FJ589672	<b>BR:</b> ES, Linhares	1140	3
80	FJ589671	<b>BR:</b> ES, Aracruz	1140	3
81	FJ589670	<b>BR:</b> ES, Aracruz	1140	3
82	FJ589669	<b>BR:</b> SP, Mogi das Cruzes	1140	3
83	FJ589668	<b>BR:</b> SP, Embu Guaçu	1140	3
84	FJ589667	<b>BR:</b> SP, Jundiá	1140	3
85	FJ589666	<b>BR:</b> SP, Ribeirão Grande	1140	3
86	FJ589665	<b>BR:</b> SP, Salesópolis	1140	3
87	FJ589664	<b>BR:</b> SP, Ilha Bela	1140	3
88	FJ589663	<b>BR:</b> SP, Ilha Bela	1140	3
89	FJ589662	<b>BR:</b> BA, Una	1140	3
90	FJ589661	<b>BR:</b> BA, Una	1140	3
91	FJ589660	<b>BR:</b> ES, Cariacica	1140	3
92	FJ589659	<b>BR:</b> ES, Cariacica	1140	3
93	FJ589658	<b>BR:</b> ES, Águia Branca	1140	3
94	FJ589657	<b>BR:</b> ES, Águia Branca	1140	3

Tab. 21- Continuação

H	Identificação	Localidades	pb	Refs
95	FJ589656	<b>BR:</b> ES, Águia Branca	1140	3
96	FJ589655	<b>BR:</b> ES, Águia Branca	1140	3
97	AF511991	<b>EC:</b> Napo, P.N. Yasuni	1140	2
98	AF511990	<b>EC:</b> Napo, P.N. Yasuni	1140	2
99	AF511989, AF511988	<b>MX:</b> Campeche, Escarcega, <b>GT:</b> El Peten, Poptun	1140	2
100	AF511987	<b>MX:</b> Quintana Roo, Laguna Noh-Bec	1140	2
101	AF511986	<b>MX:</b> Tulum	1140	2
102	AF511985, AF511984	<b>MX:</b> Chiapas, Agua Azul	1140	2
103	AF511983	<b>VE:</b> Barinas, Barinitas	1140	2
104	AF511979	<b>GY:</b> Berbice District, Dubulay Ranch	1140	2
105	AF511978	<b>GY:</b> Berbice District, Dubulay Ranch	1140	2
106	AF511977	<b>GY:</b> Northwest District, Baramita	1140	2
107	AF511976	<b>EC:</b> Esmeraldas, San Lorenzo	1140	2
108	AF511975	<b>EC:</b> Esmeraldas, San Lorenzo	1140	2

A análise de MJ de *C. brevicauda* com *mt-Cytb* recuperou a topologia das análises de MV e IB, mostrando duas linhagens separadas por 16 substituições nucleotídicas e nenhum vetor médio (Figura 48).

Tabela 22- Amostras de *Carollia brevicauda* analisadas com *mt-Cytb*, especificando o haplótipo (H), referências bibliográficas (Refs), nº de campo ou de acesso do GenBank, localidades de coleta e nº de pares de base (pb) sequenciados. **BO**= Bolívia, **EC**= Equador, **GY**= Guiana, **PA**= Panamá, **PE**= Peru, **SR**= Suriname, **VE**= Venezuela. Estados brasileiros (**BR**): Amazonas (AM), Bahia (BA), Mato Grosso (MT). 1= Wright *et al.* (1999); 2= Hoffmann e Baker (2003); 3= Pavan *et al.*, (2011); 4= Velazco (2013); 5= presente estudo.

H	Identificação	Localidade	pb	Refs
1	CRB2545, CRB2016	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1115	5
2	CRB2492	<b>BR</b> : AM, Santa Isabel Rio Negro	1115	5
3	CRB2474	<b>BR</b> : AM, Santa Isabel Rio Negro	1069	5
4	AF511951	<b>BO</b> : Santa Cruz, Buen Retiro	1140	2
5	AF511960	<b>PA</b> : Panama, P.N. Altos de Campana	1140	2
6	KF019711	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4
7	KF019710	<b>PE</b> : Madre de Dios	1140	4
8	KF019709	<b>PE</b> : Cuzco, Paucartambo	1140	4
9	KF019708	<b>PE</b> : Cuzco, Paucartambo	1140	4
10	FJ589654	<b>BR</b> : AM, Santa Isabel Rio Negro	1140	3
11	FJ589653	<b>BR</b> : AM, Santa Isabel Rio Negro	1140	3
12	FJ589652	<b>BR</b> : MT, Aripuanã	1140	3
13	FJ589651	<b>BR</b> : MT, Aripuanã	1140	3
14	FJ154120	<b>PE</b> : Cuzco, Paucartambo	1140	3
15	AF511959	<b>VE</b> : Barinas, Barinitas	1140	2
16	AF511958	<b>GY</b> : Northwest District, Baramita	1140	2
17	AF511957	<b>VE</b> : Bolívar, El Pamar	1140	2
18	AF511956	<b>EC</b> : Napo, P.N. Yasuni	1140	2
19	AF511955	<b>SR</b> : Saramacca, Raleigh Falls	1140	4
20	AF511954	<b>EC</b> : Napo, P.N. Yasuni	1140	4
21	AF511953	<b>EC</b> : Esmeraldas, San Lorenzo	1140	4
22	AF511952	<b>BO</b> : Santa Cruz	1140	4
23	AF187019	<b>PE</b> : Cuzco, La Convencion	1140	1
24	AF187018	<b>PE</b> : Loreto, Aguas Negras	1140	1
25	KF019718	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	1
26	KF019717	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4
27	KF019716	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4
28	KF019715	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4
29	KF019714	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4
30	KF019713	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4
31	KF019712	<b>PE</b> : San Martín, Moyobamba	1140	4

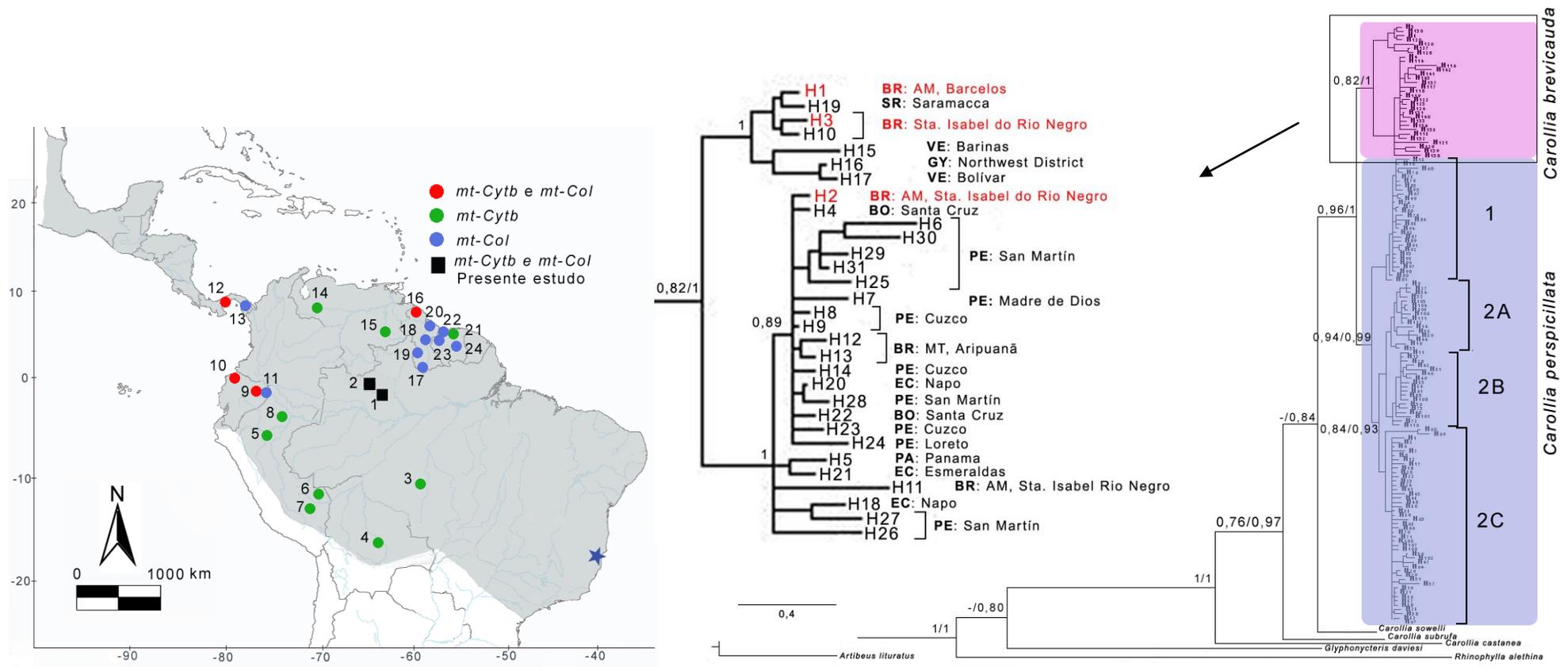


Figura 47 - Topologia de MV de *Carollia* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *C. brevicauda* em destaque, com as amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com a distribuição de *C. brevicauda* e os pontos de coleta das amostras de seqüências dos genes *mt-Cytb* e *mt-Co1* utilizadas no presente trabalho. Brasil, Barcelos (1) Rio Paduari (Igarapé Japomeri) e Rio Aracá (Igarapé Bigorna), Santa Isabel do Rio Negro (2) Rio Preto (Igarapé Coatá); Mato Grosso (3) Aripuanã; Bolívia (4) Santa Cruz; Peru (5) San Martín, (6) Madre de Dios, (7) Cuzco, (8) Loreto; Equador (9) Napo, (10) Esmeraldas, (11) Orellana; Panamá (12) P.N. Altos de Campana; (13) Darien; Venezuela (14) Barinas, (15) Bolívar; Guiana (16) Northwest District, (17) Upper Takutu-Upper Essequibo, (18) Upper Demerara-Berbice, (19) Potaro-Siparuni, (20) Demerara-Mahaica; Suriname (21) Saramacca, (22) Sipaliwini, (23) Nickerie, (24) Brokopondo. Localidade-tipo (estrela azul): Rio Jucu, Fazenda de Coroaba, Espírito Santo, Brasil. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 22.

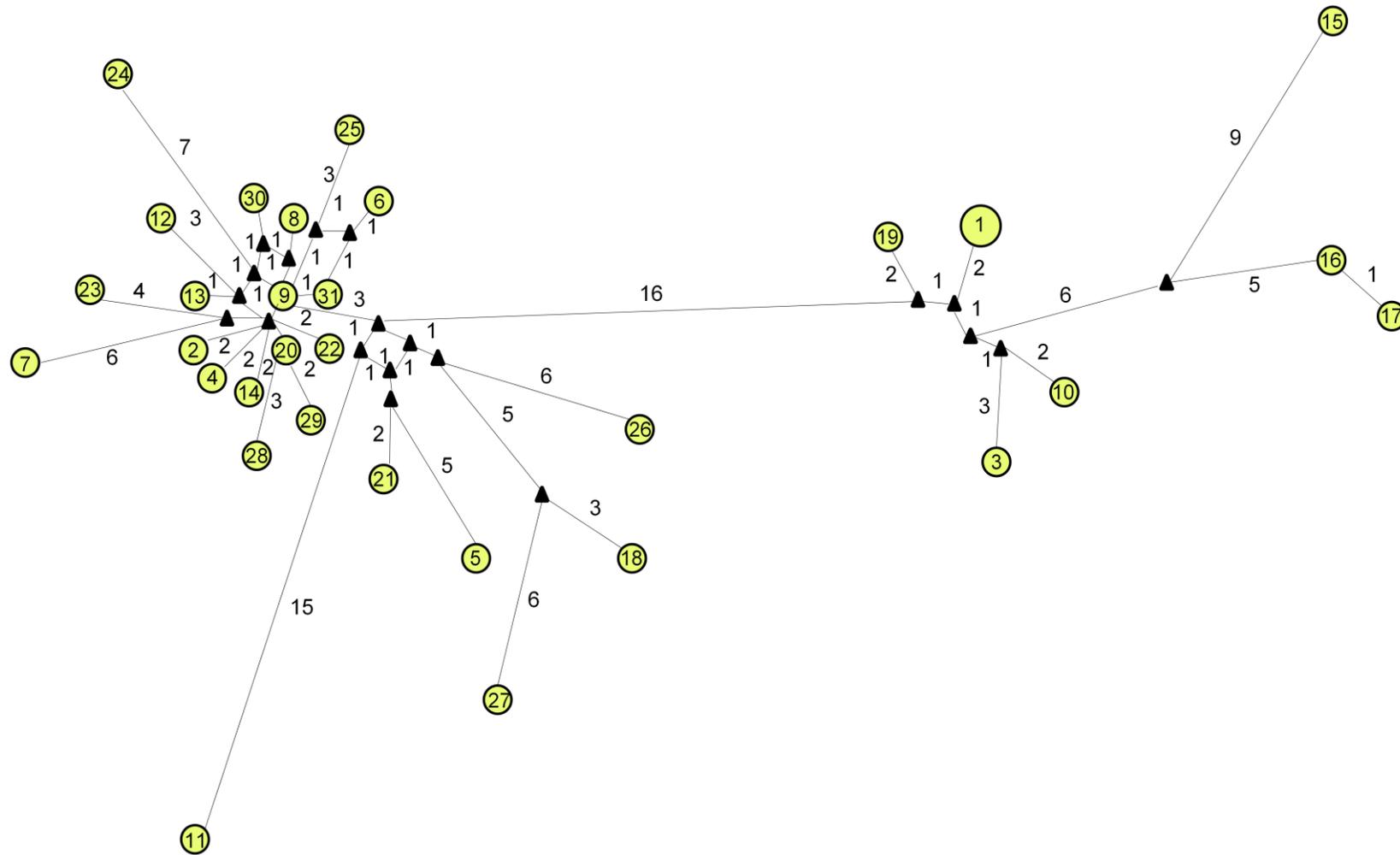


Figura 48 - Rede de haplótipos de *Carollia brevicauda* com *mt-Cytb*. Os círculos correspondem aos haplótipos, e os triângulos pretos indicam vetores médios. Números dentro dos círculos correspondem aos números dos haplótipos e os números próximos as linhas indicam o número de substituições nucleotídicas. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 22.

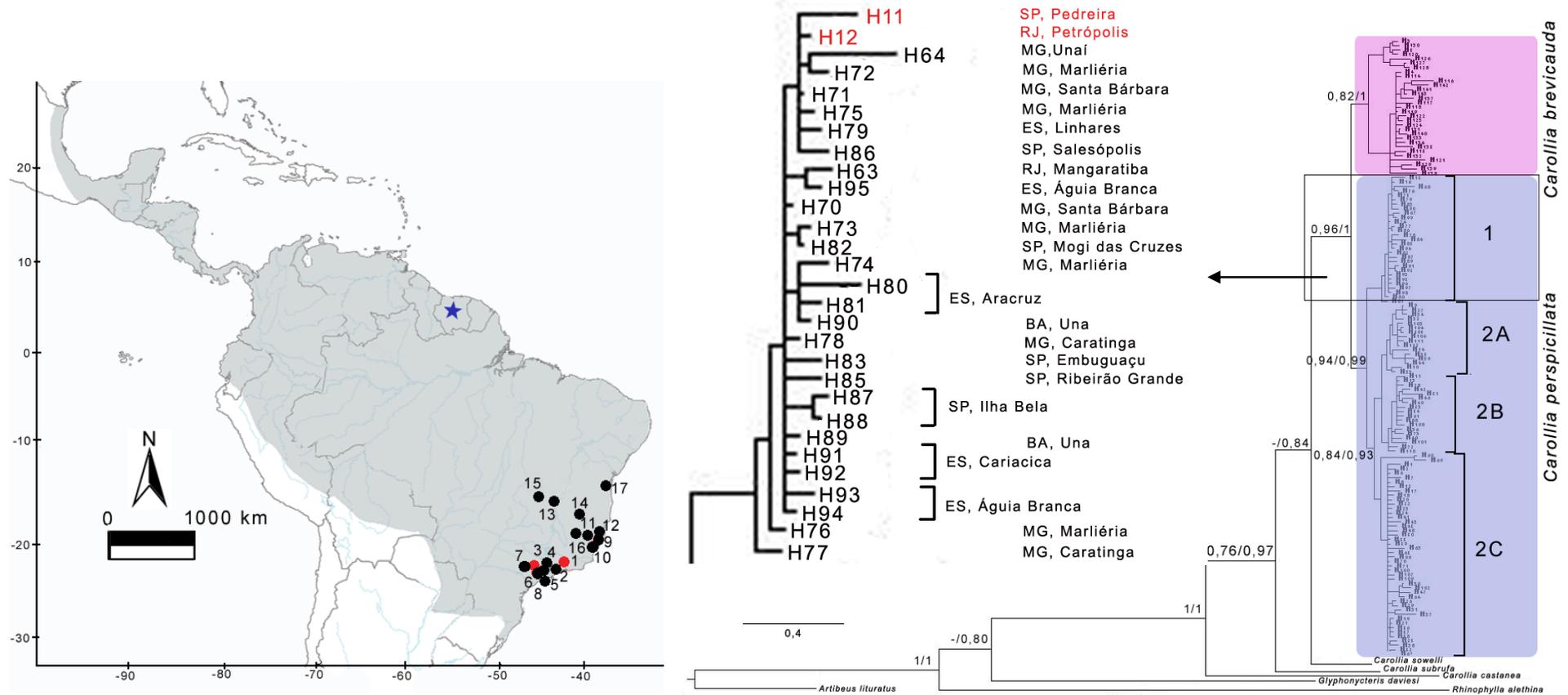


Figura 49 – Topologia de MV de *Carollia* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado 1 de *C. perspicillata* em destaque, com as amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com a distribuição de *C. perspicillata* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Rio de Janeiro (1) Petrópolis, (2) Mangaratiba; São Paulo (3) Pedreira, (4) Salesópolis, (5) Mogi das Cruzes, (6) Embuabaçu, (7) Ribeirão Grande, (8) Ilha Bela; Espírito Santo (9) Cariacica, (10) Aracruz, (11) Águia Branca, (12) Linhares; Minas Gerais (13) Unai, (14) Marliéria, (15) Santa Bárbara, (16) Caratinga; Bahia (17) Una. Localidade-tipo (estrela azul): Suriname. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.

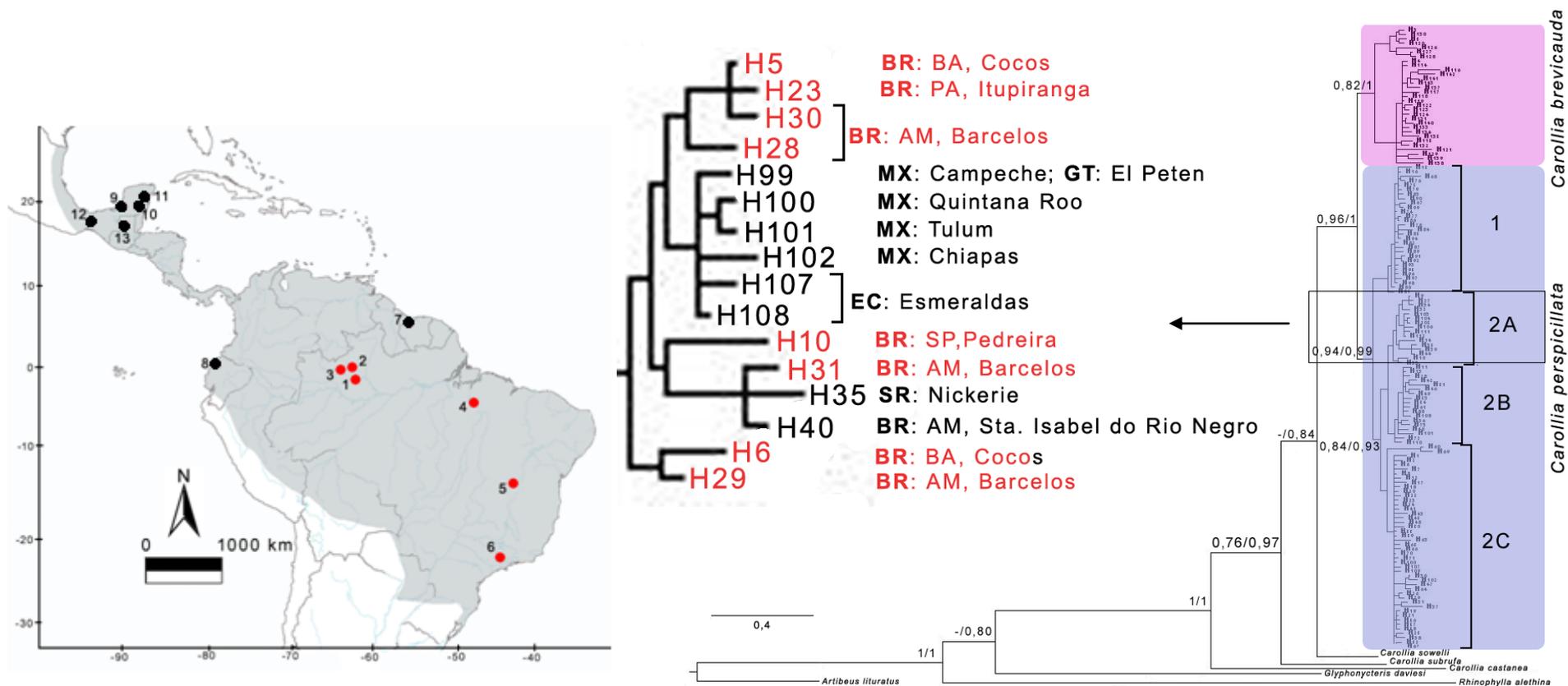


Figura 50 - Topologia de MV de *Carollia* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado 2A de *C. perspicillata* em destaque, com as amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com a distribuição de *C. perspicillata* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos Km 10 da Estrada Barcelos- Caurés, (2) Barcelos Rio Aracá, (3) Santa Isabel do Rio Negro; Pará (4) Itupiranga, Bahia (5) Cocos; São Paulo (6) Pedreira; Suriname (7) Nickerie; Equador (8) Esmeraldas; México (9) Campeche, (10) Quintana Roo, (11) Tulum, (12) Chiapas; Guatemala (13) El Peten. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.

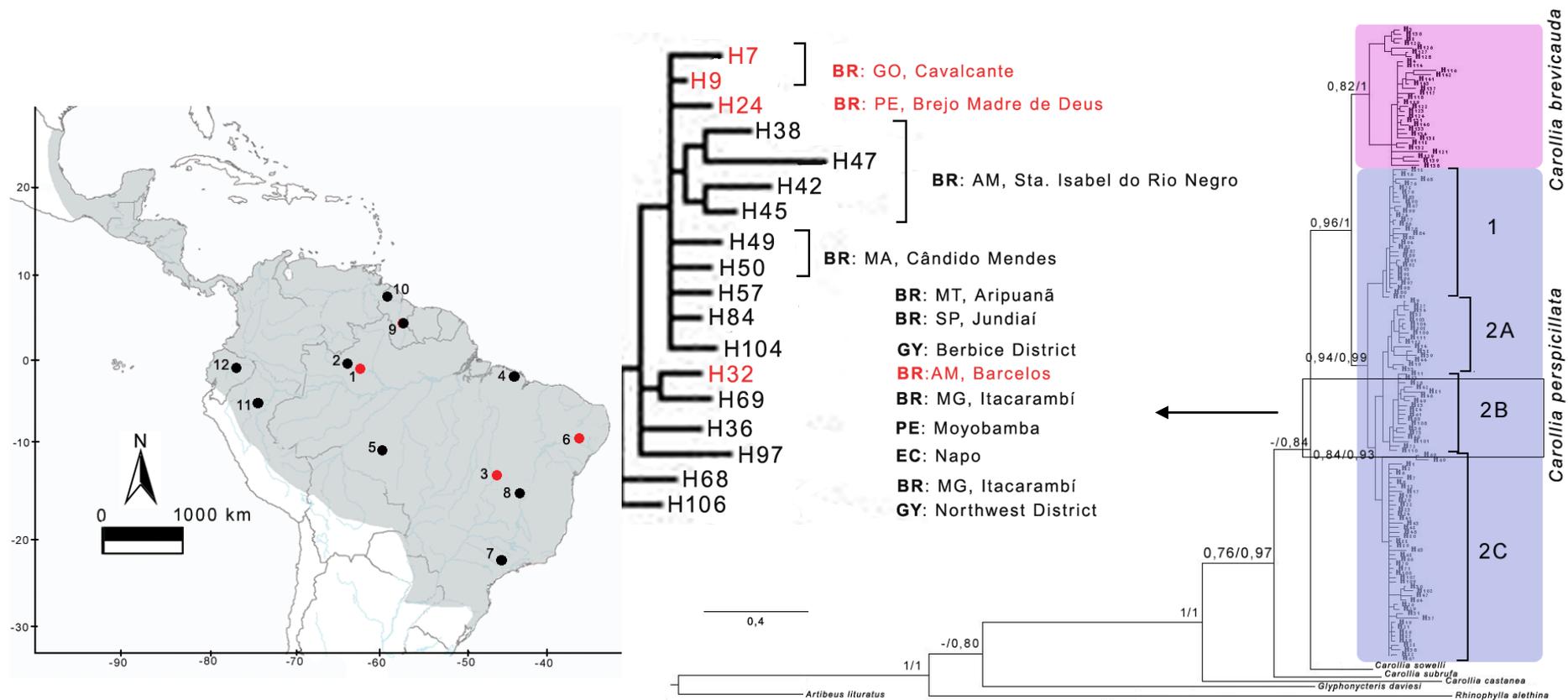


Figura 51 - Topologia de MV de *Carollia* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado 2B de *C. perspicillata* em destaque, com as amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com a distribuição de *C. perspicillata* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos, km 10 da Estrada Barcelos-Caurés, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Goiás (3) Cavalcanti; Maranhão (4) Cândido Mendes, Mato Grosso (5) Aripuanã; Pernambuco (6) Brejo Madre de Deus; São Paulo (7) Jundiá; Minas Gerais (8) Itacarambí; Guiana (9) Berbice District, (10) Northwest District; Peru (11) Moyobamba; Equador (12) Napo. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.

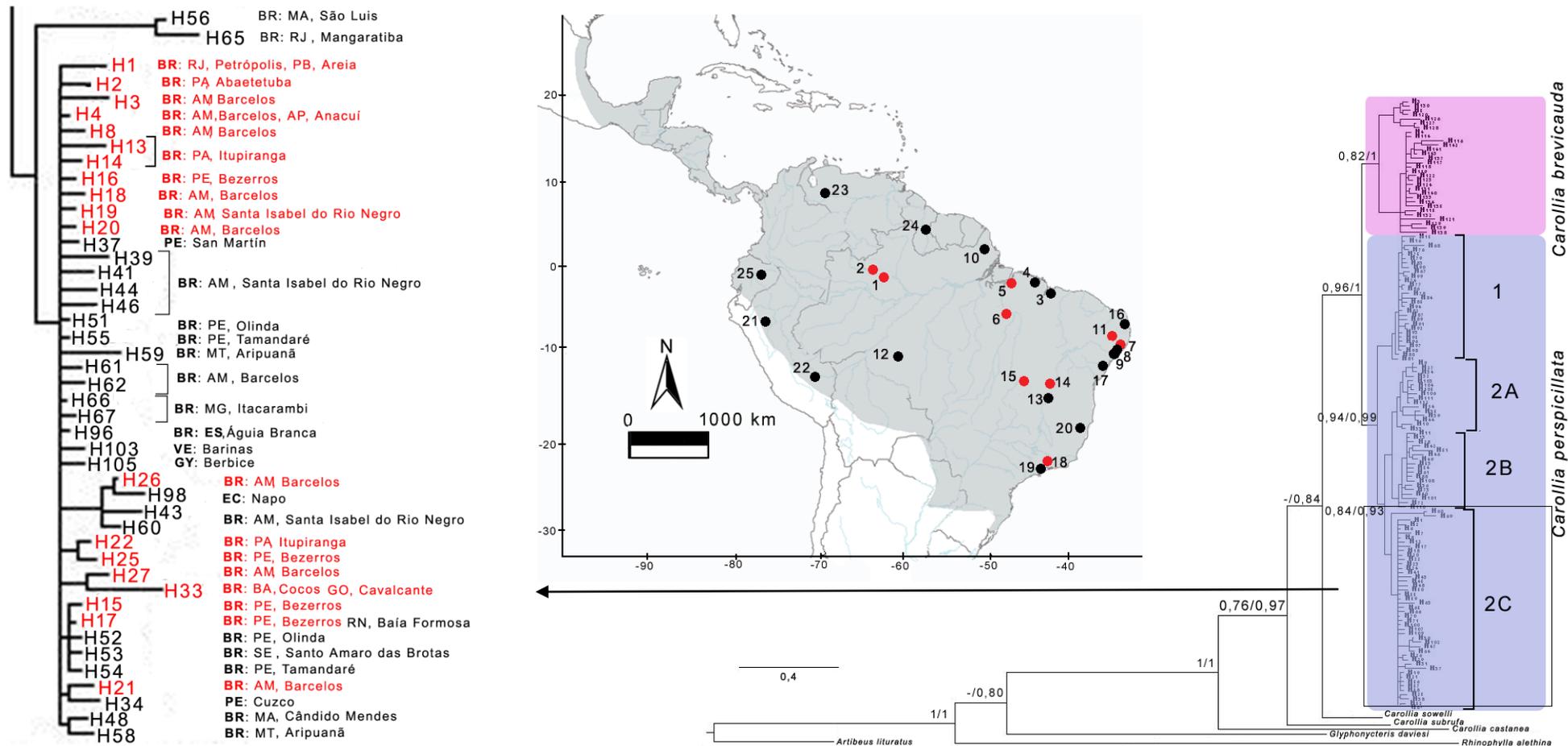


Figura 52 - Topologia de MV de *Carollia* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado 2C de *C. perspicillata* em destaque, com as amostras obtidas no presente trabalho em vermelho. Mapa com a distribuição de *C. perspicillata* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Maranhão (3) São Luis, (4) Cândido Mendes; Pará (5) Abaetetuba, (6) Itupiranga; Pernambuco (7) Bezerros, (8) Olinda, (9) Tamandaré; Amapá, (10) Anacuí; Paraíba (11) Areia; Mato Grosso (12) Aripuanã; Minas Gerais (13) Itacarambi; Bahia (14) Cocos; Goiás (15) Cavalcanti; Rio Grande do Norte (16) Baía Formosa; Sergipe (17) Santo Amaro das Brotas; Rio de Janeiro (18) Petrópolis, (19) Mangaratiba; Espírito Santo (20) Águia Branca; Peru (21) San Martín, (22) Cuzco; Venezuela (23) Barinas; Guiana (25) Berbice; Equador (26) Napo. Para identificação dos haplótipos (H) veja Tabela 21.

Nas análises das 48 sequências de *Carollia perspicillata* com o *mt-Co1* foram identificados 35 haplótipos, quatro deles compartilhados. O haplótipo H1 foi compartilhado por nove amostras, duas do Amazonas (Barcelos), três da Guiana, duas do Suriname e uma do México. O H4 foi compartilhado por duas amostras, uma de Goiás (Cavalcante) e outra da Guiana, o H12 por quatro amostras, uma da Costa Rica, duas do Panamá e uma da Nicarágua, e H20 por uma da Guiana e outra da Venezuela. Nas análises das sequências de *Carollia brevicauda* com o *mt-Co1* das treze sequências analisadas foram identificados treze haplótipos (Tabela 24).

O modelo evolutivo de substituição de bases que melhor explicou o padrão de diferenciação entre as sequências do *mt-Co1* de *Carollia* foi o HKY (Hasegawa *et al.*, 1995) + I (sítios invariáveis) + G (distribuição gamma) usado nas análises de IB e de MV. A média da distância genética intraespecífica K-2p de *C. perspicillata* foi de 1,13% e de *C. brevicauda* foi de 1,84% e entre as duas espécies (interespecífica) foi 2,4% (Tabela 24).

As análises de MV e IB de *Carollia* com o *mt-Co1* apresentaram topologias distintas, mas ambas mostraram o monofiletismo do gênero *Carollia* com alto suporte (bootstrap 96,5%, pp 1). Na MV a linhagem de *C. Castanea* divergiu primeiro, seguida de *C. subrufa* e de *C. sowellii*, todas representadas por um único haplótipo, e com *C. perspicillata* e *C. brevicauda* se agrupando em um clado (espécies-irmãs). Neste último, somente *C. brevicauda* apresentou suporte (bootstrap 87,1%), se dividindo em dois clados (Figura 53). A análise de IB de *C. perspicillata* apresentou amostras colapsadas na base juntamente com amostras de *C. sowellii*, *C. castanea* e *C. subrufa*, enquanto as amostras de *C. brevicauda* ficaram agrupadas em um clado, mas com suporte baixo (Figura 54).

Tabela 23 - Amostras de *Carollia* analisadas com *mt-Co1*, com o haplótipo (H), referências bibliográficas (Refs), n° de campo ou do GenBank (Identificação), localidades de coleta e n° de pares de base (pb) sequenciados. **BZ**= Belize, **CR**= Costa Rica, **EC**= Equador, **GY**= Guiana, **MX**= México, **PA**= Panamá, **SR**= Suriname, **VE**= Venezuela. Estados brasileiros (**BR**): Amazonas (AM), Bahia (BA), Goiás (GO), São Paulo (SP). 1= Clare *et al.* (2011); 2= presente estudo.

H	Espécie	Identificação	Localidade	pb	Refs
1	<i>C. perspicillata</i>	CRB1773*, CRB1776*, JF454257 <sup>1</sup> , EF080211 <sup>2</sup> , JF454414 <sup>3</sup> , JF447210 <sup>4</sup> , JF447604 <sup>5</sup> , EU096688 <sup>6</sup>	<b>BR</b> : AM, Barcelos*; <b>GY</b> , Upper Takutu-Upper Essequibo <sup>1</sup> , Essequibo Islands- West Demerara <sup>2</sup> , Cuyuni-Mazaruni <sup>3</sup> ; <b>SR</b> : Sipaliwini <sup>4</sup> , Nickerie <sup>5</sup> ; <b>MX</b> : Quintana Roo <sup>6</sup> ,	657	1, 2
2	<i>C. perspicillata</i>	CRB1777	<b>BR</b> : AM, Barcelos	657	2
3	<i>C. perspicillata</i>	CRB917	<b>BR</b> : GO, Cavalcante	657	2
4	<i>C. perspicillata</i>	CRB915, JF454240	<b>BR</b> : GO, Cavalcante, <b>GY</b> : Potaro-Siparuni	654	1, 2
5	<i>C. perspicillata</i>	CRB1062	<b>BR</b> : GO, Cavalcante	580	2
6	<i>C. perspicillata</i>	CRB2664	<b>BR</b> : AM, Barcelos	570	2
7	<i>C. perspicillata</i>	CRB805	<b>BR</b> : SP, Pedreira	550	2
8	<i>C. perspicillata</i>	CRB914	<b>BR</b> : GO, Cavalcante	628	2
9	<i>C. perspicillata</i>	CRB1629	<b>BR</b> : BA, Cocos	587	2
10	<i>C. perspicillata</i>	JF448804	<b>EC</b> : Napo	657	1
11	<i>C. perspicillata</i>	JF446591 <sup>1</sup> , JF447403 <sup>2</sup> , JF447400 <sup>3</sup> , JF459379 <sup>4</sup>	<b>CR</b> : Limon <sup>1</sup> , <b>PA</b> : Chiriqui <sup>2</sup> , Darien <sup>3</sup> , <b>NI</b> <sup>4</sup>	657	1
12	<i>C. perspicillata</i>	JF447396	<b>PA</b> : Canal Zone	657	1
13	<i>C. perspicillata</i>	JF447795	<b>VE</b> : Amazonas, Pozon	657	1
14	<i>C. perspicillata</i>	JF446358	<b>BR</b> : SP, Estação Ecológica Caetetus	657	1
15	<i>C. perspicillata</i>	JF498956	<b>BZ</b> : Orange Walk	657	1
16	<i>C. perspicillata</i>	JF448777	<b>EC</b> : Esmeraldas	657	1
17	<i>C. perspicillata</i>	JF454449	<b>GY</b> : Upper Demerara-Berbice	657	1
18	<i>C. perspicillata</i>	JF454228	<b>GY</b> : Barima-Waini	657	1
19	<i>C. perspicillata</i>	JF454307, JF447794	<b>GY</b> : East Berbice- Corentyne, <b>VE</b> : Bolívar	657	1
20	<i>C. perspicillata</i>	JF453980	<b>GY</b> : Demerara- Mahaica	657	1
21	<i>C. perspicillata</i>	JF447207	<b>MX</b> : Campeche	657	1
22	<i>C. brevicauda</i>	JF447971	<b>EC</b> : Esmeraldas	657	1
23	<i>C. brevicauda</i>	JF453676	<b>GY</b> : Upper Demerara-Berbice	657	1
24	<i>C. brevicauda</i>	JF447984	<b>PA</b> : Darien	657	1
25	<i>C. brevicauda</i>	EU096633	<b>SU</b> : Sipaliwini	657	1
26	<i>C. brevicauda</i>	JF453709	<b>GY</b> : Demerara-Mahaica	657	1
27	<i>C. brevicauda</i>	JF447580	<b>SU</b> : Nickerie	657	1
28	<i>C. brevicauda</i>	JF453729	<b>GY</b> : Potaro-Siparuni	657	1
29	<i>C. brevicauda</i>	JF453790	<b>GY</b> : Upper Takutu, Upper Essequibo	657	1
30	<i>C. brevicauda</i>	JF448730	<b>EC</b> : Orellana	657	1
31	<i>C. brevicauda</i>	JF447379	<b>SU</b> : Brokopondo	657	1
32	<i>C. brevicauda</i>	JF448732	<b>GY</b> : Barima-Waini	657	1
33	<i>C. brevicauda</i>	JF453745	<b>EC</b> : Napo, P.N. Yasuni	657	1
34	<i>C. brevicauda</i>	JQ601306	<b>PA</b> : P.N. Altos de Campana	657	1

Tabela 24 – Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Carollia* com *omt-Co1*.

H	Espécie	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16
H1	<i>C. perspicillata</i>																
H2	<i>C. perspicillata</i>	0,31															
H3	<i>C. perspicillata</i>	0,46	0,77														
H4	<i>C. perspicillata</i>	0,62	0,93	1,08													
H5	<i>C. perspicillata</i>	0,88	1,23	0,52	1,60												
H6	<i>C. perspicillata</i>	2,01	2,38	2,38	2,39	2,58											
H7	<i>C. perspicillata</i>	0,75	1,12	1,12	0,75	1,51	1,92										
H8	<i>C. perspicillata</i>	0,81	1,14	1,30	0,16	1,79	2,58	0,94									
H9	<i>C. perspicillata</i>	0,69	1,04	1,22	1,05	1,46	2,43	0,75	1,22								
H10	<i>C. perspicillata</i>	0,93	1,24	1,40	0,31	1,97	2,78	0,94	0,48	1,40							
H11	<i>C. perspicillata</i>	0,15	0,46	0,61	0,46	1,06	2,20	0,56	0,65	0,52	0,77						
H12	<i>C. perspicillata</i>	0,31	0,61	0,77	0,93	1,06	2,20	0,94	1,14	1,05	1,25	0,46					
H13	<i>C. perspicillata</i>	0,62	0,93	1,08	0,93	1,60	2,78	1,13	1,14	1,05	1,25	0,46	0,93				
H14	<i>C. perspicillata</i>	1,09	1,40	1,56	0,46	2,16	2,58	1,32	0,65	1,59	0,77	0,93	1,41	1,41			
H15	<i>C. perspicillata</i>	0,31	0,46	0,77	0,62	1,24	2,39	0,75	0,81	0,69	0,93	0,15	0,62	0,62	1,09		
H16	<i>C. perspicillata</i>	0,31	0,61	0,77	0,93	1,23	2,38	1,12	1,14	1,04	1,24	0,46	0,61	0,77	1,40	0,61	
H17	<i>C. perspicillata</i>	0,93	1,24	1,40	0,31	1,97	2,78	1,13	0,48	1,40	0,62	0,77	1,25	1,25	0,46	0,93	1,24
H18	<i>C. perspicillata</i>	0,46	0,77	0,93	1,09	1,42	2,58	1,13	1,31	1,22	1,41	0,62	0,77	1,09	1,57	0,77	0,77
H19	<i>C. perspicillata</i>	0,46	0,77	0,93	1,09	1,24	1,63	0,94	1,14	0,87	1,41	0,62	0,77	1,09	1,57	0,77	0,77
H20	<i>C. perspicillata</i>	0,77	1,08	1,24	1,40	1,78	2,76	1,51	1,64	1,58	1,72	0,93	1,08	1,40	1,56	1,08	1,08
H21	<i>C. perspicillata</i>	0,46	0,61	0,93	0,77	1,42	2,58	0,94	0,97	0,87	1,09	0,31	0,77	0,77	1,25	0,15	0,77
H22	<i>C. brevicauda</i>	2,06	2,39	2,55	2,73	2,35	3,37	2,30	2,86	2,51	2,73	2,23	2,39	2,73	3,24	2,39	2,39
H23	<i>C. brevicauda</i>	1,89	1,89	2,38	2,22	2,53	3,56	2,30	2,33	2,50	2,22	2,06	1,89	2,56	2,72	2,22	2,22
H24	<i>C. brevicauda</i>	1,73	2,05	2,21	2,39	2,34	3,56	2,70	2,50	2,50	2,72	1,89	2,05	2,39	2,89	2,05	2,05
H25	<i>C. brevicauda</i>	2,55	2,55	3,04	2,89	3,30	4,38	2,91	2,68	3,26	2,89	2,72	2,55	3,23	3,06	2,89	2,88
H26	<i>C. brevicauda</i>	2,06	2,39	2,55	2,73	2,54	3,17	2,51	2,86	2,32	2,73	2,23	2,39	2,73	3,24	2,39	2,39
H27	<i>C. brevicauda</i>	2,39	2,39	2,88	2,73	2,92	3,98	2,71	2,33	2,89	2,73	2,56	2,39	3,07	2,90	2,73	2,72
H28	<i>C. brevicauda</i>	1,73	2,05	2,21	2,39	2,16	2,78	2,10	2,51	1,95	2,39	1,90	2,06	2,39	2,90	2,06	2,05
H29	<i>C. brevicauda</i>	2,56	2,55	3,05	2,90	3,31	4,39	2,91	3,04	3,27	2,90	2,73	2,56	3,24	3,41	2,90	2,89
H30	<i>C. brevicauda</i>	1,73	2,05	2,21	2,39	2,34	3,56	2,50	2,50	2,32	2,72	1,89	1,73	2,39	2,89	2,05	2,05
H31	<i>C. brevicauda</i>	1,72	2,04	2,20	2,38	2,33	3,55	2,69	2,49	2,50	2,71	1,89	2,05	2,38	2,88	2,05	2,04
H32	<i>C. brevicauda</i>	1,56	1,88	2,04	2,05	2,52	3,35	2,29	2,15	2,31	2,38	1,72	1,89	2,21	2,55	1,89	1,56
H33	<i>C. brevicauda</i>	1,90	2,22	2,38	2,56	2,35	2,97	2,30	2,68	2,14	2,56	2,06	2,23	2,56	3,07	2,23	2,22
H34	<i>C. brevicauda</i>	2,06	2,05	2,55	2,39	2,73	3,77	2,51	2,51	2,70	2,39	2,23	2,06	2,73	2,90	2,39	2,39

Tab. 24 - Continuação

H	Espécie	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29	H30	H31	H32	H33
H17	<i>C. brevicauda</i>	1,41																
H18	<i>C. brevicauda</i>	1,41	0,93															
H19	<i>C. brevicauda</i>	1,72	1,24	1,24														
H21	<i>C. brevicauda</i>	1,09	0,93	0,93	1,24													
H22	<i>C. brevicauda</i>	3,07	2,23	2,23	2,88	2,56												
H23	<i>C. brevicauda</i>	2,56	2,39	2,06	2,71	2,39	1,41											
H24	<i>C. brevicauda</i>	2,72	2,22	1,89	2,54	2,22	2,22	2,05										
H25	<i>C. brevicauda</i>	2,89	3,06	2,72	3,39	3,06	2,05	0,93	2,71									
H26	<i>C. brevicauda</i>	3,07	2,56	1,90	2,88	2,56	1,57	1,41	2,22	2,05								
H27	<i>C. brevicauda</i>	2,73	2,90	2,56	3,22	2,90	1,90	0,77	2,55	0,46	1,90							
H28	<i>C. brevicauda</i>	2,73	2,23	1,57	2,55	2,23	1,25	1,09	1,89	1,73	0,31	1,57						
H29	<i>C. brevicauda</i>	3,24	3,07	2,73	3,39	3,07	2,06	0,93	2,72	1,57	2,06	1,41	1,73					
H30	<i>C. brevicauda</i>	2,72	2,22	1,89	2,54	2,22	2,22	1,73	0,93	2,38	2,22	2,22	1,89	2,39				
H31	<i>C. brevicauda</i>	2,71	2,21	1,89	2,53	2,21	2,21	2,05	0,31	2,71	2,21	2,55	1,89	2,71	0,93			
H32	<i>C. brevicauda</i>	2,38	2,05	1,40	2,37	2,05	2,38	2,05	1,09	2,71	2,38	2,55	2,05	2,71	1,09	1,08		
H33	<i>C. brevicauda</i>	2,90	2,39	1,73	2,71	2,39	1,41	1,25	2,05	1,89	0,46	1,73	0,15	1,90	2,05	2,05	2,21	
H34	<i>C. brevicauda</i>	2,73	2,56	2,23	2,88	2,56	1,57	0,46	2,22	1,09	1,57	0,93	1,25	1,09	1,89	2,21	2,21	1,41

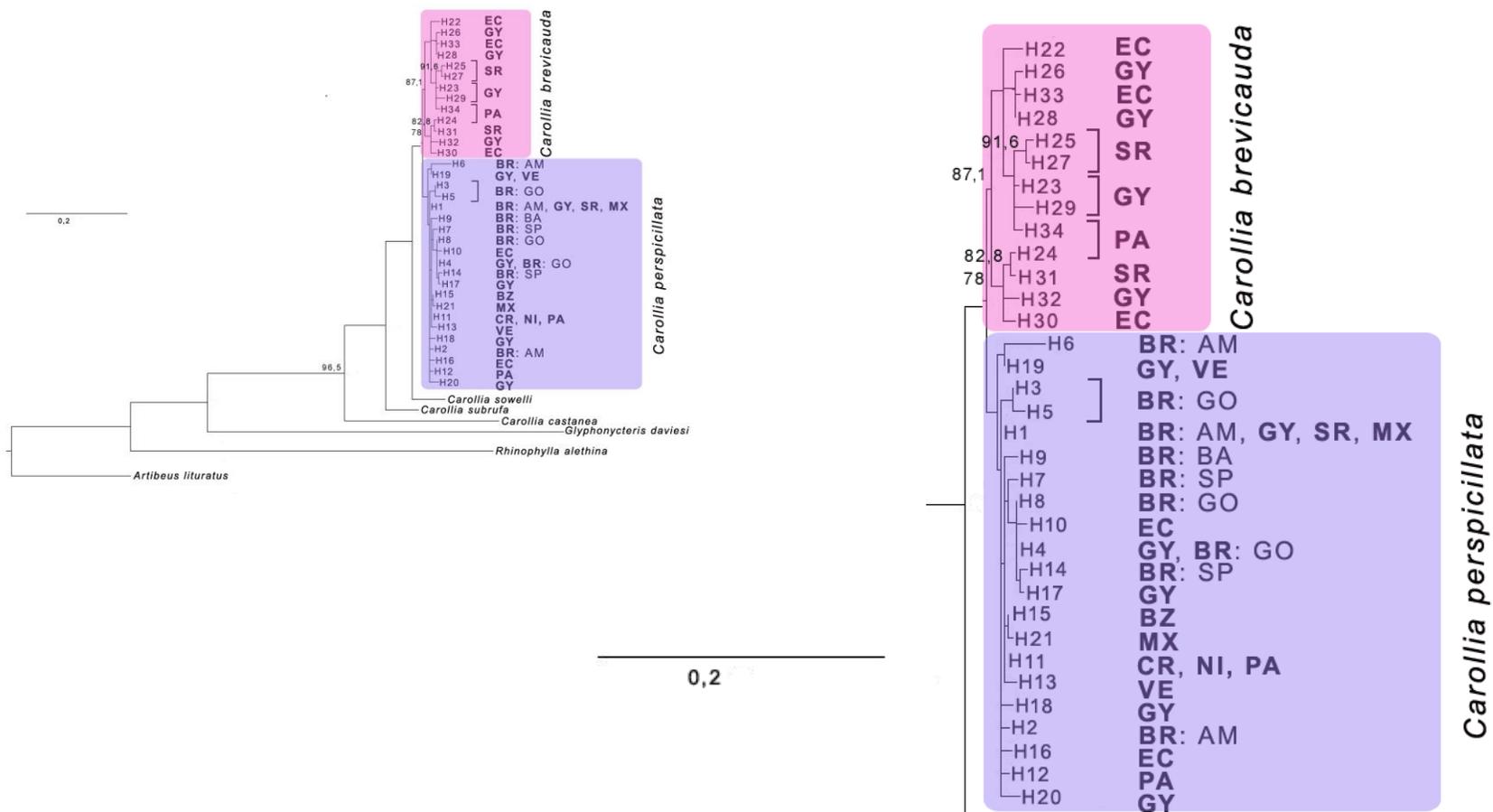


Figura 53 - Topologia de MV de *Carollia* com o *mt-Co1*. Os números próximos aos nós representam valores de bootstrap  $\geq 70$ . AM= estado do Amazonas, BA= Bahia, GO= Goiás, SP= São Paulo, BR= Brasil, BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GY= Guiana, MX= México, NI= Nicarágua, PA= Panamá, SR= Suriname, VE= Venezuela.

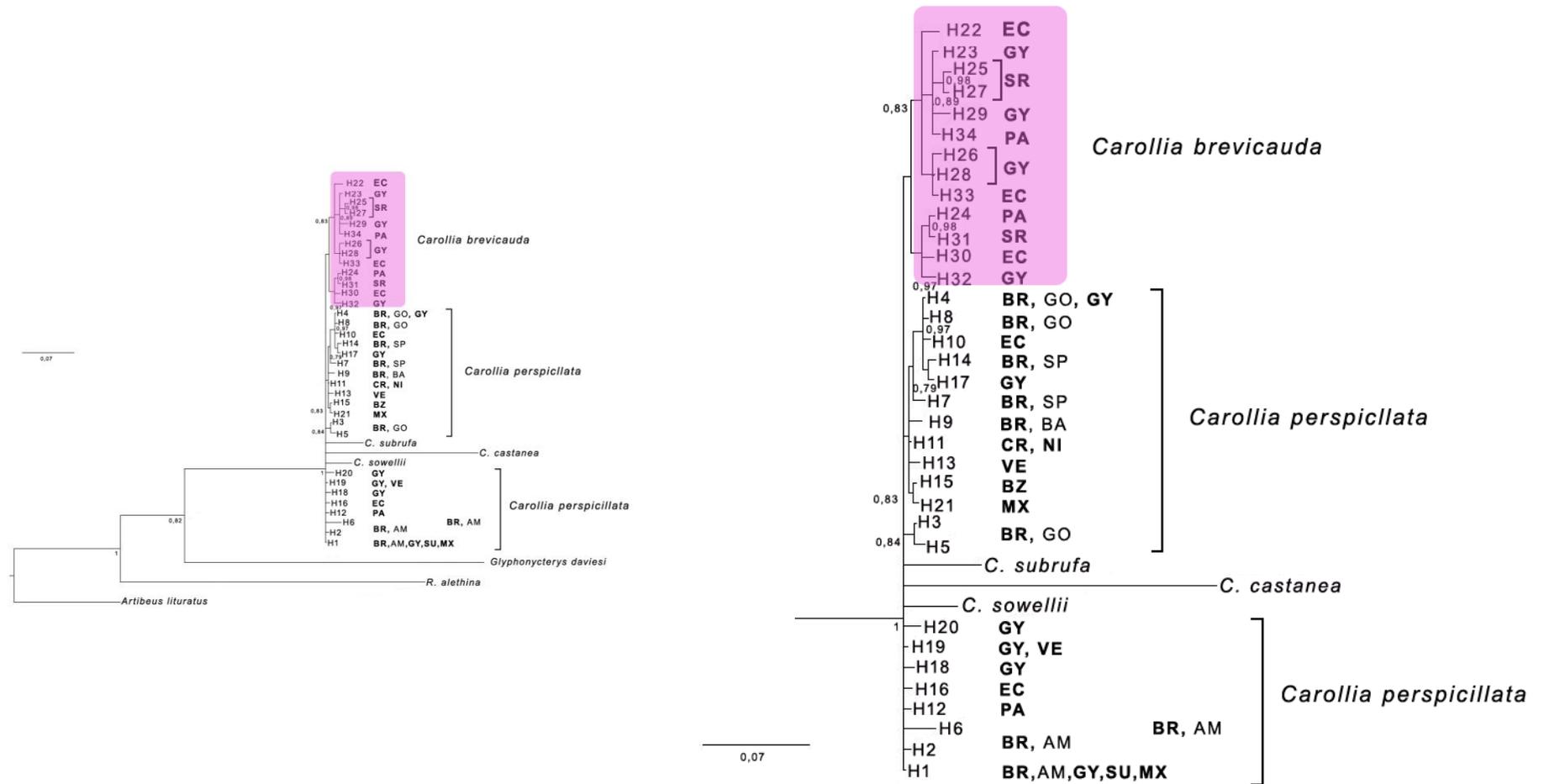


Figura 54 - Topologia de IB de *Carollia* com o *mt-Co1*. Os números próximos aos nós representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . AM= estado do Amazonas, BA= Bahia, GO= Goiás, SP= São Paulo, BR= Brasil, BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GY= Guiana, MX= México, NI= Nicarágua, PA= Panamá, SR= Suriname, VE= Venezuela.

## Família Phyllostomidae, Subfamília Stenodermatinae

### Cariótipo

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2145 de *Ametrida centurio* Gray, 1847 mostrou  $2n=31$  e  $NF=56$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. Esta espécie apresenta cromossomos sexuais múltiplos do tipo  $XX/XY_1Y_2$ , sendo o cromossomo X um submetacêntrico grande, o cromossomo  $Y_1$  um acrocêntrico pequeno (o menor do complemento) e o  $Y_2$  um metacêntrico pequeno (Figura 55).



Figura 55- Cariótipo de *Ametrida centurio* macho CRB2145 com  $2n=31$  e  $NF=56$ , com coloração convencional.  $XX$ = par sexual feminino,  $XY_1Y_2$ = par sexual masculino (sistema sexual múltiplo).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea CRB2427 de *Chiroderma trinitatum* Goodwin, 1958 mostrou  $2n=26$  e  $NF=48$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 12 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico médio (Figura 56a). O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea CRB2427 mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e no cromossomo sexual X (Figura 56b).

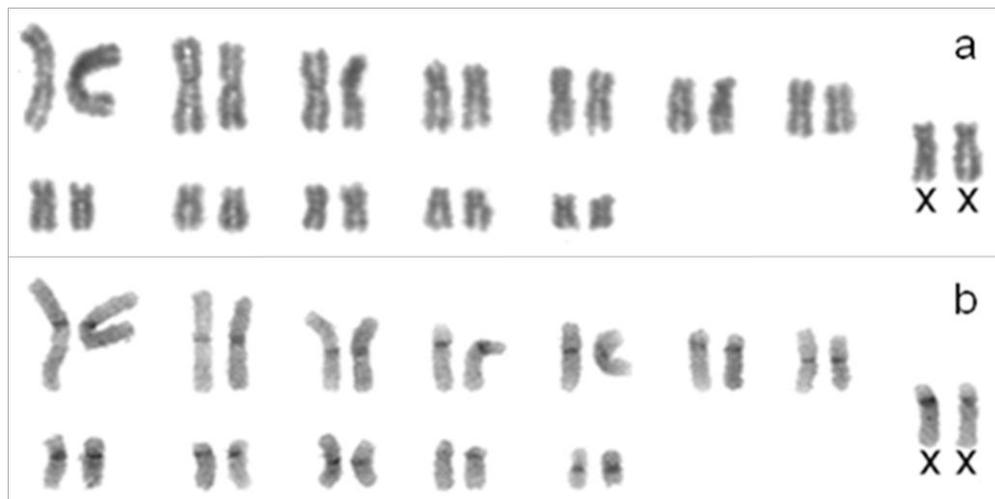


Figura 56 - Cariótipo de *Chiroderma trinitatum* fêmea CRB2427 (a) com coloração convencional de Giemsa, (b) com bandeamento CBG, com  $2n=26$  e  $NF=48$ . XX= par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das duas fêmeas CRB2107 e CRB2120 e do macho CRB2128 de *Dermanura cinerea* Gervais, 1856 mostrou  $2n=30$  e  $NF=56$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico grande e o cromossomo Y é um acrocêntrico pequeno, o menor do complemento (Figura 57a e b).

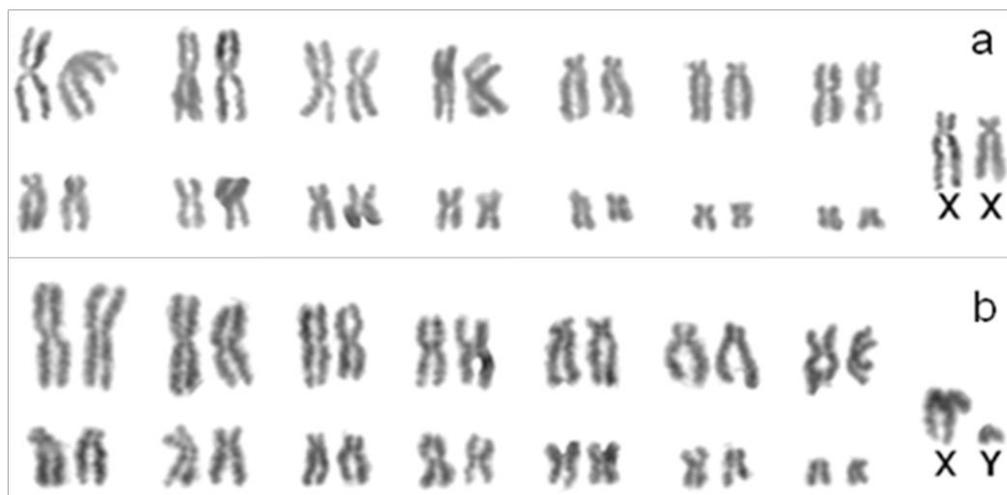


Figura 57 - Cariótipo de *Dermanura cinerea* com  $2n=30$  e  $NF=56$ , com coloração convencional de Giemsa, (a) fêmea CRB2107 e (b) macho CRB2128. XX= par sexual feminino, XY = par sexual masculino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa dos três machos CRB2060, CRB2180 e CRB2187 de *Dermanura gnoma* (Handley, 1987) mostrou  $2n=30$  e  $NF=56$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em dez pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos e quatro pares de cromossomos subtelo-cêntricos, variando de grandes a médios. O cromossomo X é um submetacêntrico grande e o cromossomo Y é um metacêntrico pequeno, o menor do complemento (Figura 58).

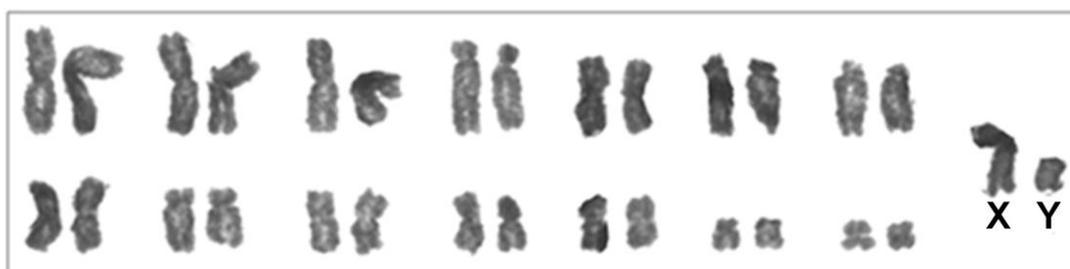


Figura 58 - Cariótipo de *Dermanura gnoma* macho CRB2060 com  $2n=30$ ,  $NF=56$ , coloração convencional de Giemsa. XY = par sexual masculino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2640 de *Uroderma bilobatum* Peters, 1866 mostrou  $2n=42$  e  $NF=50$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em cinco pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos e 14 pares de cromossomos acrocêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico grande (Figura 59a). O cariótipo com bandeamento-CBG mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e no cromossomo sexual X (Figura 60b).

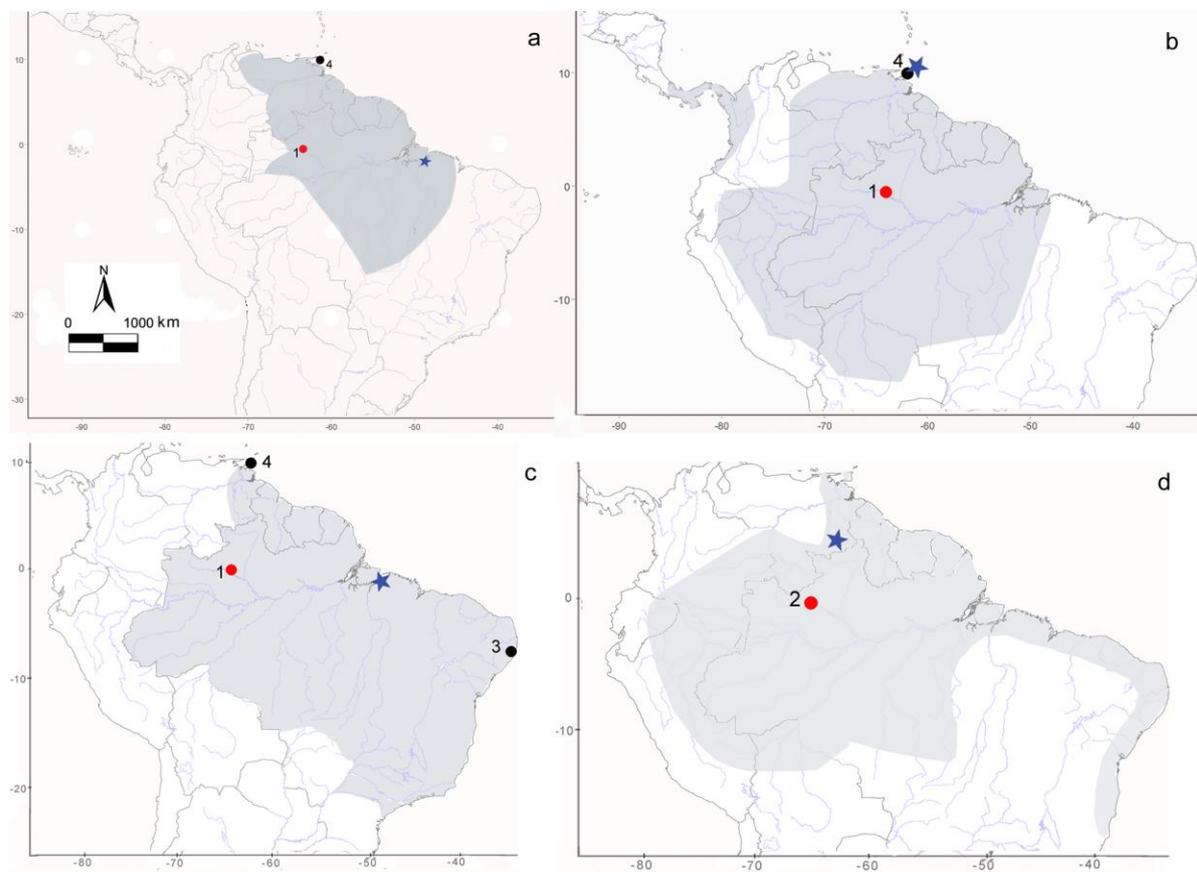


Figura 59 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Stenodermatinae (a) *Ametrida centurio* com localidade-tipo em Belém, Pará, Brasil, (b) *Chiroderma trinitatum* com localidade-tipo em Cumaca, Trinidad, Trinidad e Tobago, (c) *Dermanura cinerea* com localidade-tipo em Belém, Pará, (d) *Dermanura gnoma* com localidade-tipo em El Manaco, Bolivar, Venezuela. Distribuição baseada em (a) Lee e Dominguez (2000) e Gardner (2007c), (b) Gardner (2007c) e Reis *et al.* (2013e), (c e d) Gardner (2007c). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; (3) Pernambuco; (4) Trinidad e Tobago.

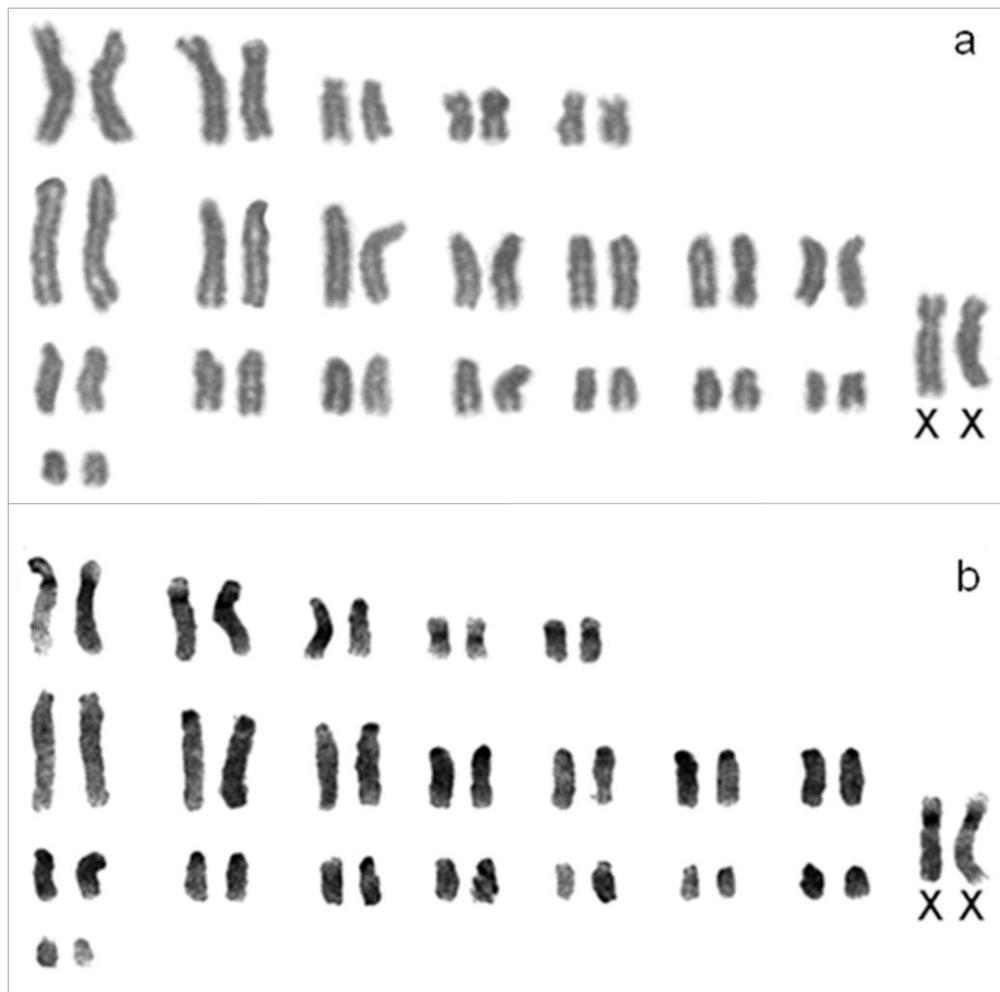


Figura 60 - Cariótipo de *Uroderma bilobatum* fêmea CRB2640 com  $2n=42$  e  $NF=50$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento-CBG. XX = par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea JAO1988 de *Vampyriscus bidens* (Dobson, 1878) mostrou  $2n=26$  e  $NF=48$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 12 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico grande (Figura 61a). O cariótipo com bandeamento-CBG da fêmea JAO1988 mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e no braço curto do cromossomo sexual X (Figura 61b).

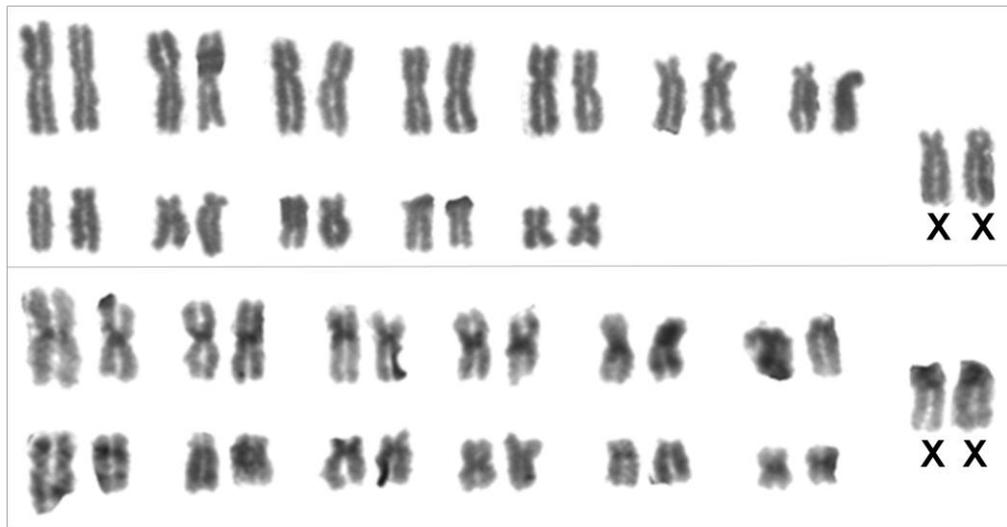


Figura 61 - Cariótipo de *Vampyriscus bidens* fêmea JAO1988 com  $2n=26$  e  $NF=48$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) bandeamento-CBG. XX = par sexual feminino.

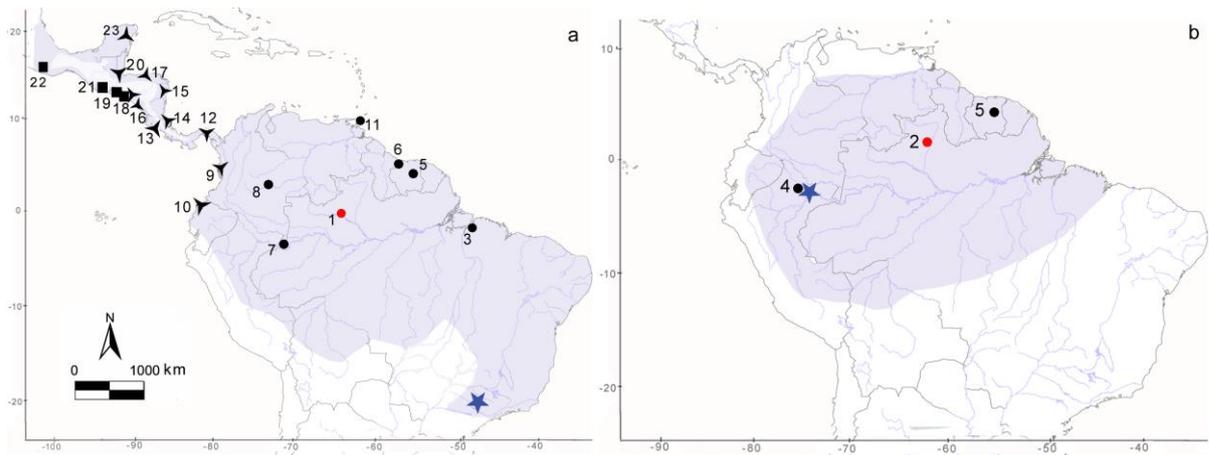


Figura 62 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores com cariomorfotipo  $2n=38$  e  $NF=44$  (triângulos pretos),  $2n=44$  e  $NF=48$  (quadrados pretos),  $2n=42$  e  $NF=50$  (círculos pretos) e nesse estudo (pontos vermelhos). Stenodermatinae (a) *Uroderma bilobatum* com localidade-tipo em São Paulo, Brasil, (b) *Vampyriscus bidens* com localidade-tipo em Santa Cruz, Loreto, Peru. Distribuição baseada em (a) Baker e Clark (1987) e Gardner (2007c), (b) Lee *et al.* (2001). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Roraima (2) Caracaraí; Pará (3) Belém; Peru (4) Loreto; Suriname (5) Brokopondo; (6) Nickerie; Colômbia (7) Leticia, (8) Puerto López, (9) Restrepo; (10) Equador; (11) Trinidad e Tobago (Blanchisseuse e Las Cuevas); (12) Panamá; (13) e (14) Costa Rica; (15) e (16) Nicarágua; (17) e (18) Honduras; (19) El Salvador; (20) e (21) Guatemala; (22) e (23) México.

Foram cariotipados três espécies de *Artibeus*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das duas fêmeas CRB2642 e CRB2650 e dos dois machos CRB2606 e JAO1932 de *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818) mostrou  $2n=30$  nas fêmeas,  $2n=31$  nos machos e  $NF=56$  em ambos os sexos (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. Estes espécimes apresentam cromossomos sexuais múltiplos do tipo  $XX/XY_1Y_2$ , sendo o cromossomo X um submetacêntrico médio, o cromossomo  $Y_1$  e o  $Y_2$  são acrocêntricos pequenos, sendo o  $Y_1$  o menor cromossomo do complemento (Figura 63a e b).

O cariótipo com bandeamento-CBG do macho JAO1932 mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e nos cromossomos sexuais X e  $Y_2$ . O cromossomo  $Y_1$  apresenta-se totalmente heterocromático (Figura 63c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata do macho JAO1932 mostrou marcações de Ag-RONsem dois pares ( $5^o$  e  $6^o$ ) na região telomérica do braço curto (Figura 63d). Foram também observadas células com três marcações e uma célula incompleta apresentou cinco marcações (Figura 64).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa de cinco fêmeas (CRB2020, CRB2639, CRB2641, CRB2644, CRB2659) e dez machos (CRB2032, CRB2513, CRB2526, CRB2528, CRB2637, CRB2643, CRB2645, CRB2652, CRB2653, CRB2865) de *Artibeus obscurus* (Schinz, 1821) mostrou  $2n=30$  na fêmea,  $2n=31$  no macho, e  $NF=56$  em ambos os sexos (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. Estes espécimes apresentam cromossomos sexuais múltiplos do tipo  $XX/XY_1Y_2$ , sendo o cromossomo X um submetacêntrico médio, o cromossomo  $Y_1$  e o  $Y_2$  são acrocêntricos pequenos, sendo o  $Y_1$  o menor cromossomo do complemento (Figura 65a e b). O cariótipo

combandeamento-GTG do macho CRB2865 auxiliou o pareamento de praticamente todos os cromossomos (Figura 65c).

O cariótipo com bandeamento-CBG dos três machos (CRB2528, CRB2637, CRB2652) e das três fêmeas (CRB2639, CRB2659, CRB2644) mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e nos cromossomos sexuais X e Y<sub>2</sub>. Adicionalmente, o primeiro par autossômico apresenta duas bandas heterocromáticas intersticiais, uma no braço curto e uma no braço longo, e o segundo, sexto e sétimo pares apresentam uma banda heterocromática intersticial no braço longo. O cromossomo Y<sub>1</sub> não apresenta heterocromatina constitutiva (Figura 65d). O cariótipo da fêmea CRB2020 com coloração DAPI mostrou bandas claras nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e nos cromossomos sexuais X. Adicionalmente, o primeiro par autossômico apresenta duas bandas claras intersticiais, uma no braço curto e uma no braço longo e o segundo, quarto e quinto pares apresentam uma banda clara intersticial no braço longo (Figura 65e).

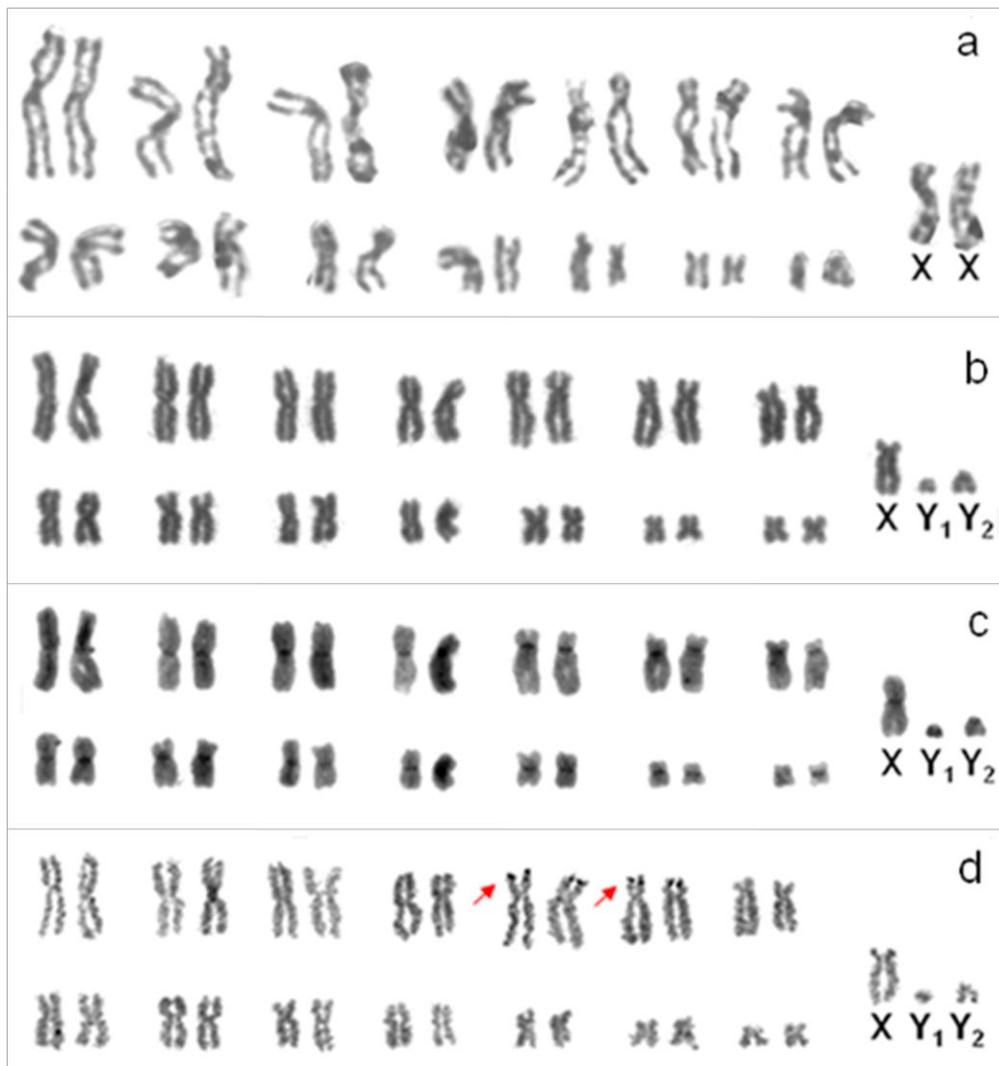


Figura 63 - Cariótipo de *Artibeus lituratus* fêmeas com  $2n=30$  e  $NF=56$ , machos com  $2n=31$  e  $NF=56$ , com coloração convencional de Giemsa (a) fêmea CRB2650 e (b) macho CRB2606, macho JAO1932 (c) bandeamento CBG, (d) marcações de Ag-RONs. As setas indicam as Ag-RONs. XX= par sexual feminino,  $XY_1Y_2$ = par sexual masculino.

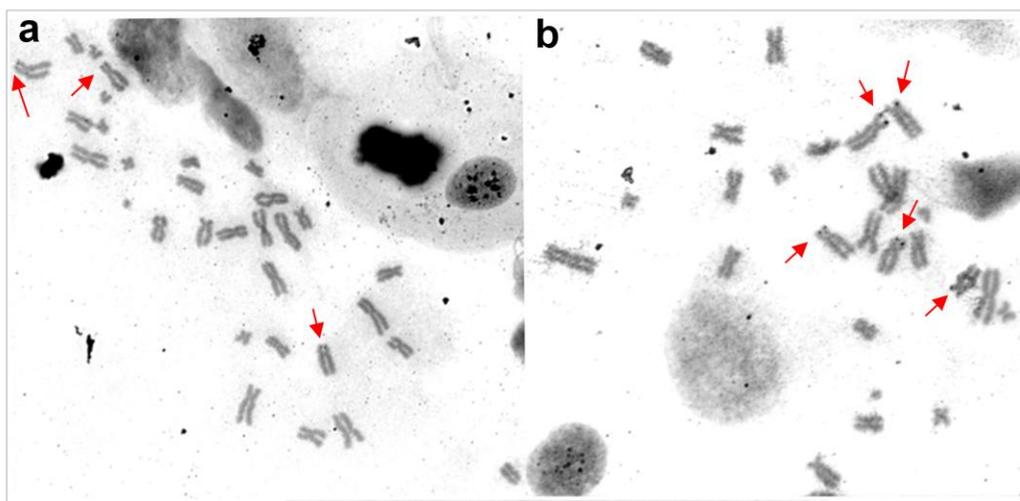


Figura 64 - Metáfases de *Artibeus lituratus* macho JAO1932 com coloração de nitrato de prata, (a) três marcações e (b) cinco marcações de Ag-RONs.

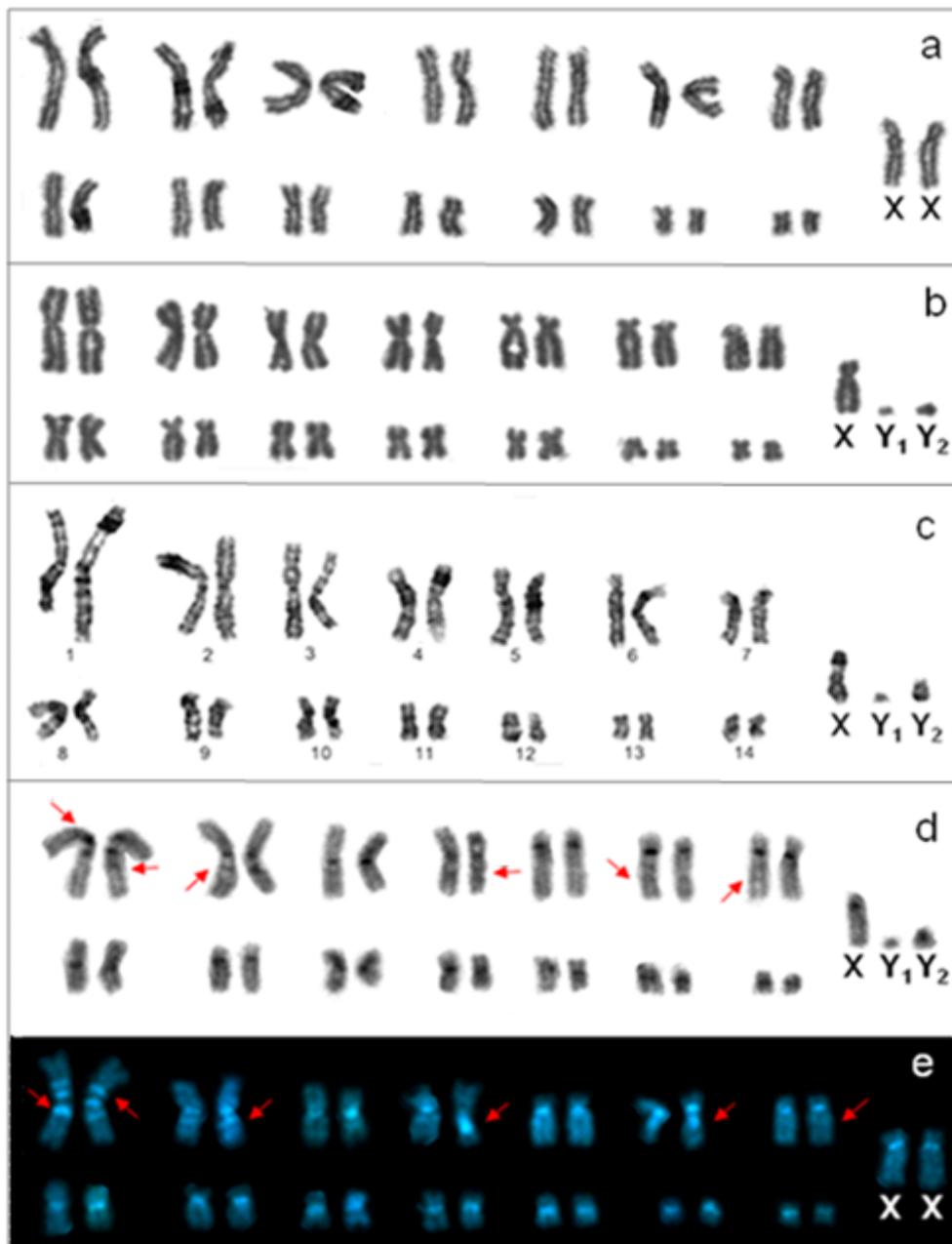


Figura 65 - Cariótipo de *Artibeus obscurus*, fêmeas com  $2n=30$  e  $NF=56$ , machos com  $2n=31$  e  $NF=56$ , com coloração convencional de Giemsa (a) fêmea CRB2659 e (b) macho CRB2526, (c) macho CRB2865 com bandeamento GTG, (d) macho CRB2652 com bandeamento CBG, (e) fêmea CRB2020 com coloração DA/DAPI. XX= par sexual feminino,  $XY_1Y_2$ = par sexual masculino. As setas indicam as bandas heterocromáticas adicionais.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das duas fêmeas CRB1468 e CRB1469 de *Artibeus planirostris* Spix, 1823 mostrou  $2n=30$  e  $NF=56$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos (Figura 66a).

O cariótipo com bandeamento-CBG (CRB1469) mostrou bandas positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e nos cromossomos sexuais X. Adicionalmente, os 5º, 6º e 7º pares autossômicos apresentaram pequenas bandas heterocromáticas teloméricas nos braços curtos (Figura 66b). O cariótipo com coloração de nitrato de prata da fêmea CRB1469 mostrou marcações de Ag-RONs nos 5º e 6º pares, na região telomérica do braço curto (Figura 66c).

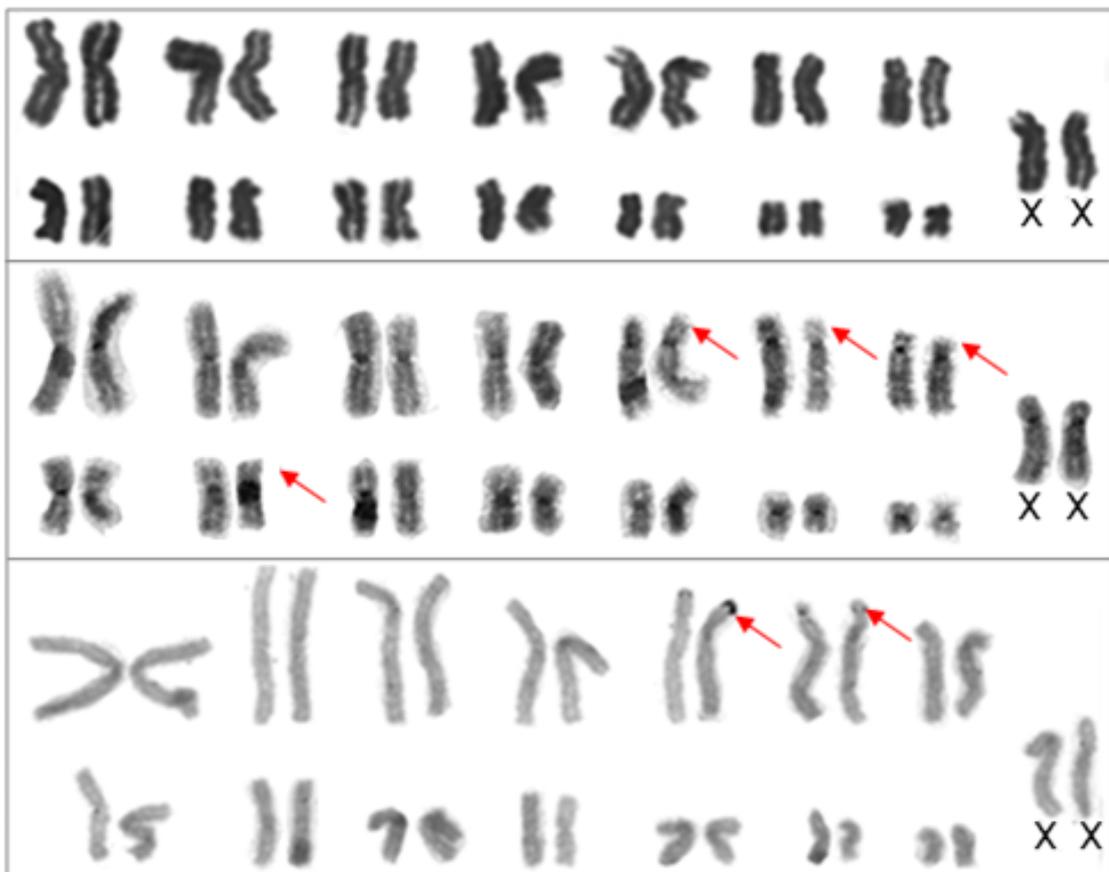


Figura 66 - Cariótipo de *Artibeus planirostris* com  $2n=30$  e  $NF=56$ , fêmeas (a) CRB1468 com coloração convencional de Giemsa, CRB1469 (b) com bandeamento CBG (c) com marcação de Ag-RONs. XX= par sexual feminino.

Tabela 25 - Cariótipos de *Artibeus* com regiões organizadoras de nucléolos (Ag-RONs), heterocromatina constitutiva (Bandas-C), braço curto (p), braço longo (q), cromossomos sexuais X, Y<sub>1</sub> e Y<sub>2</sub>, referências bibliográficas (Refs). 1= Pinto *et al.*(2012), 2= Garcia *et al.* (2010); 3= presente estudo. Estados brasileiros: AM= Amazonas e PE= Pernambuco.

Espécie	Ag-RONs	Bandas-C					Total	Distal	Local.	Refs
		Pericentromérica	Terminal	Intersticial	Dispersa					
<i>A. lituratus</i>	Terminal 5p, 6p,7p	Autossomos, X	5p, 6p, 7p	6q	Y <sub>1</sub> e Y <sub>2</sub>	-	-	PE, Igarassu, Água Preta Rio Formoso, Ipojuca, Recife	1	
<i>A. lituratus</i>	Terminal 5p, 6p,7p	Autossomos, X	6p	-	-	Y <sub>1</sub>	-	RJ, Angra dos Reis	2	
<i>A. lituratus</i>	Terminal 5p, 6p,7p	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	-	-	-	Y <sub>1</sub>	-	AM, Barcelos	3	
<i>A. obscurus</i>	Terminal 5p, 6p,7p	Autossomos, X	5p, 6p, 7p, 9p	1pq, 2q, 5q, 6q	Y <sub>1</sub> e Y <sub>2</sub>	-	-	PE, Igarassu, Água Preta Rio Formoso, Ipojuca, Recife	1	
<i>A. obscurus</i>	Terminal 5p, 6p	Autossomos, X	-	1q	-	Y <sub>1</sub>	-	RJ, Angra dos Reis	2	
<i>A. obscurus</i>	-	Autossomos, X, Y <sub>2</sub>	-	1pq, 2q, 4q, 6q, 7q	Y <sub>1</sub>	-	-	AM, Barcelos	3	
<i>A. planirostris</i>	Terminal 5p, 6p,7p	Autossomos, X	5p, 6p, 7p, 9p	1q, 2q, 5q, 6q	Y <sub>1</sub>	-	Y <sub>2</sub>	PE, Igarassu, Água Preta Rio Formoso, Ipojuca, Recife	1	
<i>A. planirostris</i>	Terminal 5p, 6p	Autossomos, X	5p, 6p, 7p, 9p	-	-	-	-	AM, Barcelos	3	

Tabela 26 – Cariótipos de Phyllostomidae, subfamília Stenodermatinae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), X=cromossomos X, Y=cromossomo Y, referências bibliográficas (Refs), 1= Baker (1967); 2= Yonenaga (1969), 3= Baker e Lopez (1970a); 4= Baker e Hsu (1970), 5= Baker *et al.* (1972), 6= Baker e McDaniell (1972); 7= Toledo (1973); 8= Baker *et al.*(1975); 9= Gardner (1977); 10= Baker (1979); 12= Baker *et al.*, (1980), 11= Honeycutt *et al.* (1980); 12= Morielle *et al.* (1985); 13= Tucker e Bickham (1986); 14= Morielle *et al.* (1987); 15= Morielle e Varella-Garcia (1988); 16= Souza e Araújo (1990); 17= Althoff e Sbalqueiro (1998); 18= Noronha *et al.* (2001); 19= Rodrigues *et al.* (2003); 20= Silva *et al.* (2005); 21= Garcia *et al.* (2010); 22= presente estudo. Estados brasileiros: BA= Bahia, GO= Goiás, MG= Minas Gerais, PA= Pará, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, RS= Rio Grande do Sul, SP= São Paulo.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
<i>Ametrida centurio</i>	30/31	56	SM	SM	<b>Trinidad e Tobago</b>	4, 10
<i>Artibeus concolor</i>	31	56	SM	A	<b>Suriname</b>	14
<i>Artibeus fimbriatus</i>	30/31	56			<b>Brasil: RS, RJ</b>	17
<i>Artibeus lituratus</i>	30/31	56	SM	A	<b>México, Trinidad e Tobago, Colômbia, Brasil: SP, RJ, PE, PA, AM</b>	1, 2, 4, 7, 9, 13, 15, 16,17, 18, 19, 21, 22
<i>Artibeus obscurus</i>	30/31	56	SM	A	<b>Brasil: PA, RS, RJ, AM</b>	17, 18, 21, 22
<i>Artibeus planirostris</i>	30/31	56	-	-	<b>Brasil: PE, SP</b>	9, 15, 16, 17
<i>Artibeus planirostris</i>	30/31	56	SM	A	<b>Brasil: AM</b>	22
<i>Chiroderma doriae</i>	26	48			<b>Brasil: MG, SP</b>	12, 14, 15
<i>Chiroderma trinitatum</i>	26	48	SM	SM	<b>Trinidad e Tobago</b>	4, 13
<i>Chiroderma trinitatum</i>	26	48	SM	-	<b>Brasil: AM</b>	22
<i>Chiroderma villosum</i>	26	48	SM	SM	<b>México, Trinidad e Tobago, Brasil: MG, SP</b>	1, 13, 15
<i>Dermanura cinerea</i>	30/31-30	56	SM	SM/M	<b>Trinidad e Tobago, Brasil: PE, PA</b>	4, 13, 16, 23
<i>Dermanura cinerea</i>	30	56	SM	A	<b>Brasil: AM</b>	22
<i>Dermanura gnoma</i>	30	56	SM	A	<b>Brasil: AM</b>	22
<i>Uroderma bilobatum</i>	38	44		SM	<b>Colômbia, Costa Rica</b>	5

Tab. 26 - Continuação

<b>Espécie</b>	<b>2n</b>	<b>NF</b>	<b>X</b>	<b>Y</b>	<b>Localidades</b>	<b>Refs</b>
<i>Uroderma bilobatum</i>	38	-	-	-	<b>Colômbia, Trinidad e Tobago, PE</b>	13
<i>Uroderma bilobatum</i>	38	48	SM	SM	<b>Porto Rico</b>	3, 5
<i>Uroderma bilobatum</i>	39	45	SM	SM	<b>Nicarágua</b>	5
<i>Uroderma bilobatum</i>	42	50	-	-	<b>Brasil: PA</b>	20
<i>Uroderma bilobatum</i>	42	50	SM	SM	<b>Trinidad e Tobago, Colômbia</b>	3, 4, 5
<i>Uroderma bilobatum</i>	42	50	SM	-	<b>Brasil: AM</b>	22
<i>Uroderma bilobatum</i>	44, 43	48	SM	SM	<b>El Salvador</b>	6
<i>Uroderma bilobatum</i>	44, 38	48	SM	M	<b>El Salvador</b>	8
<i>Uroderma bilobatum</i>	44	48	SM	SM	<b>México</b>	9
<i>Uroderma bilobatum</i>	44	48	SM	SM	<b>México</b>	1, 3
<i>Uroderma bilobatum</i>	43	48	SM	SM	<b>México, El Salvador</b>	5
<i>Uroderma bilobatum</i>	38,39,43,44	48	SM	M	<b>Honduras</b>	5
<i>Uroderma bilobatum</i>	39	45	SM	M	<b>Nicarágua</b>	5
<i>Uroderma magnirostrum</i>	35	62	SM	SM	<b>Colômbia</b>	3
<i>Uroderma magnirostrum</i>	36	60	SM	SM	<b>Colômbia</b>	3
<i>Uroderma magnirostrum</i>	36	62	SM	SM	<b>Brasil: PA</b>	20
<i>Vampyriscus bidens</i>	26	48	SM	-	<b>Peru, Suriname, Brasil: AM</b>	9, 11, 22
<i>Vampyriscus brockii</i>	24/26	44	-	-	<b>Suriname, Colômbia</b>	10, 11

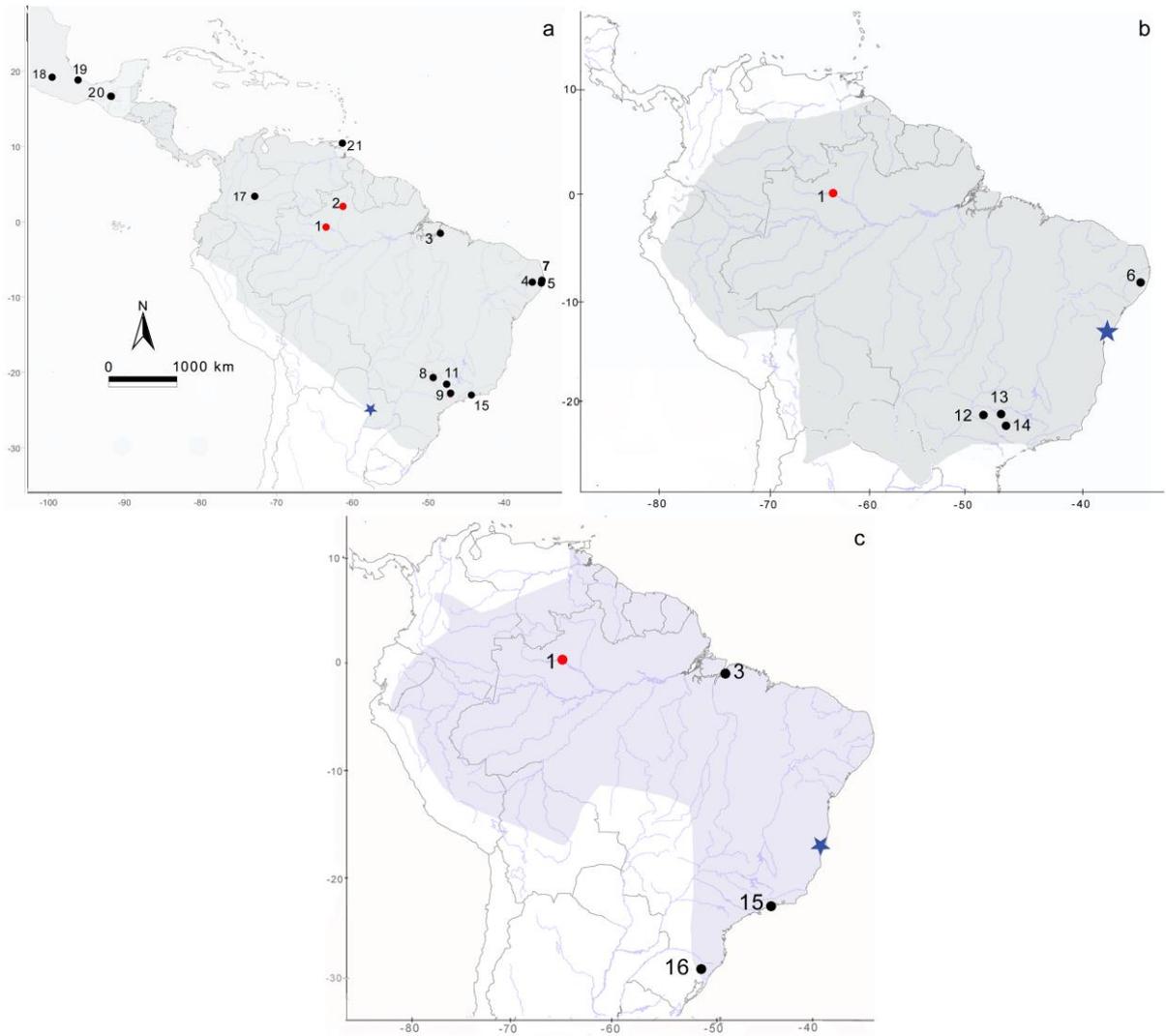


Figura 67 – Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Stenodermatinae (a) *Artibeus lituratus* com localidade-tipo em Asunción, Paraguai, (b) *Artibeus planirostris* com localidade-tipo em Salvador, Bahia, (c) *Artibeus obscurus* com localidade-tipo no Rio Peruhype, Villa Viçosa, Brasil. Distribuição baseada em (a) Gardner (2007c) e Reis *et al.*(2013e), (b) Hollis (2005), (c) Gardner (2007c). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Roraima (2) Caracará; Pará (3) Belém; Pernambuco (4) Caruaru, (5) São Lourenço da Mata, (6)Pernambuco, (7)Igaraçu; São Paulo (8) São José do Rio Preto, (9) Botucatu, (11) Campinas, (12) Neves Paulista, (13) Guapiaçu, (14) Araraquara; Rio de Janeiro (15) Angra dos Reis; (16) Rio Grande do Sul;(17) Colômbia; México (18) Morelos; (19) Vera Cruz; (20) Chiapas; (21) Trinidad e Tobago.

## Familia Phyllostomidae, Subfamilia Stenodermatinae

### Análises Filogenéticas

Nas análises das 130 sequências do gene *mt-Cytb* de *Artibeus* foram identificados 120 haplótipos, sete compartilhados com mais de uma amostra, sendo dois de *A. planirostris*, um de *A. obscurus*, três de *A. lituratus* e um de *A. fimbriatus*. Alguns haplótipos foram compartilhados por três amostras, como o H16 com amostras da Bahia (Andaraí) e de Pernambuco (Bezerros e Brejo Madre de Deus), o H33 com amostras do Amazonas, duas de Barcelos e uma de Santa Isabel do Rio Negro, H62 com amostras de São Paulo (Cajuru, Ubatuba e Sete Barras), e H103 com amostras de Pernambuco (Brejo Madre de Deus e Bezerros) e da Bahia (Rio de Contas). Outros haplótipos foram compartilhados por duas amostras, o H17 com uma amostra do Maranhão (São Luis) e uma de Minas Gerais (Brasilândia de Minas), o H63 com uma amostra de Pernambuco (Bezerros) e uma do Pará (Guaraqueçaba), H69 com uma amostra do Espírito Santo (Santa Tereza) e uma da Bahia (Entre Rios; Tabela 27). A média da distância genética K-2p intraespecífica dos haplótipos de *A. obscurus* 3,28 %, de *A. planirostris* 2%, de *A. lituratus* 1,89% e de *A. fimbriatus* 1,59%.

As análises IB e MV de *Artibeus* com o *mt-Cytb* foram realizadas usando o modelo evolutivo de substituição de bases GTR - *General time reversible* (Rodrigues *et al.*, 1990) + I (sítios invariáveis) + G (distribuição gamma). As reconstruções filogenéticas muito semelhantes para as duas análises (Figura 68). As duas análises mostraram o monofiletismo do gênero *Artibeus*, com suporte baixo (Alrt 0,37, pp 0,56), assim como o monofiletismo das espécies aqui estudadas, *A. obscurus*, *A. planirostris*, *A. lituratus* e *A. fimbriatus*, com alto suporte (Figuras 68- 71). Na análise de MV a espécie *A. concolor* foi a mais basal, divergindo do clado formado pelas demais espécies estudadas (*A. fimbriatus*, *A. jamaicensis*, *A. lituratus*, *A. amplus*, *A.*

*planirostris*, *A. obscurus* e *A. obscurus* sp2.). Este clado mostrou *A. fimbriatus* divergindo anteriormente seguido pelas demais espécies. *Artibeus jamaicensis* e *A. obscurus* sp2. aparecem como mais basais, divergindo do clado formado por *A. lituratus* como grupo-irmão de *A. amplus*, *A. planirostris* e *A. obscurus* e esta última como grupo-irmão do clado composto pelas espécies-irmãs *A. planirostris* e *A. amplus*. Todos estes clados apresentaram altos valores de suporte, exceto o clado que mostra *A. obscurus*, *A. planirostris* e *A. amplus* (Figura 71). Na análise de IB o terceiro clado mostrou *A. fimbriatus* como grupo mais basal divergindo do clado com *A. jamaicensis* e *A. obscurus* sp2. colapsados na base e um segundo clado dividido em dois, um formado por *A. lituratus* e o outro formado por haplótipos de *A. amplus*, *A. planirostris* e *A. obscurus*.

Tabela 27 - Lista das amostras de *Artibeus* utilizadas nas análises do *mt-Cytb*, especificando o haplótipo (H), referências bibliográficas (Refs), número de campo ou de acesso do GenBank, localidades de coleta e número de pares de base (pb) sequenciados. **BO**= Bolívia, **EC**= Equador, **GY**= Guiana, **GF**= Guiana Francesa, **HN**= Honduras, **PE**= Peru, **PY**= Paraguai, **SR**= Suriname, **VC**: Saint Vincent e Granadinas; **VE**= Venezuela. Estados brasileiros (**BR**): AC= Acre, AM= Amazonas, BA= Bahia, ES= Espírito Santo, MA= Maranhão, MG= Minas Gerais, MT= Mato Grosso, PA= Pará, PB= Paraíba, PE= Pernambuco, PI= Piauí. 1= Van Den Bussche *et al.* (1998); 2= Guerrero *et al.* (2004); 3= Lim *et al.* (2004); 4= Larsen *et al.* (2007), 5= Hoofer *et al.* (2008), 6= Redondo *et al.* (2008), 7= Larsen *et al.* (2010), 8= Carnieli *et al.* (2014); 9= presente estudo.

Espécie	H	Número de campo/Genbank	Localidade	Pb	Refs.
<i>Artibeus planirostris</i>	1	FO041	<b>BR</b> : PB, Mataraca	1109	9
<i>Artibeus planirostris</i>	2	EG556	<b>BR</b> : PB, Araruna	1075	9
<i>Artibeus planirostris</i>	3	KS154	<b>BR</b> : PB, João Pessoa	1121	9
<i>Artibeus planirostris</i>	4	AL3896	<b>BR</b> : PE, Usina Maravilhas	1139	9
<i>Artibeus planirostris</i>	5	AY642917	<b>VE</b> : Pozon	1140	4
<i>Artibeus planirostris</i>	6	AY642916	<b>VE</b> : Pozon	1140	3
<i>Artibeus planirostris</i>	7	CRB1469	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1118	9
<i>Artibeus planirostris</i>	8	CRB1468	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1129	9
<i>Artibeus planirostris</i>	9	U66508	<b>PE</b> : Madre de Dios	1140	1
<i>Artibeus planirostris</i>	10	U66503	<b>SR</b> : Nickerie	1140	5
<i>Artibeus planirostris</i>	11	U66504	<b>GF</b> : Sinnamary	1140	5
<i>Artibeus planirostris</i>	12	DQ869410	<b>EC</b> : Pastaza	1140	5
<i>Artibeus planirostris</i>	13	AY684718	<b>BO</b> : La Paz	1140	7
<i>Artibeus planirostris</i>	14	AY684775	<b>PY</b> : Concepción, Serrania San Luis	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	15	EU160909	<b>BR</b> : AC, Rodrigues Alves	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	16	EU160866, EU160877	<b>BR</b> : BA, Andaraí, PB, Mamangaue	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	17	EU160903, EU160901	<b>BR</b> : MA, São Luis; MG, Brasilândia de Minas	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	18	EU160944	<b>BR</b> : PA: Porto de Trombetas	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	19	EU160868	<b>BR</b> : PB, Campo Grande	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	20	EU160882	<b>BR</b> : PE, Tamandaré	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	21	EU160928	<b>BR</b> : PI: Floriano	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	22	EU160878	<b>BR</b> : RN, Baía Formosa	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	23	EU160914	<b>BR</b> : BA, Palmeiras	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	24	EU160921	<b>BR</b> : MG, Itacarambi	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	25	EU160918	<b>BR</b> : MG, Unaí	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	26	EU160926	<b>BR</b> : AM, Barcelos	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	27	EU160930	<b>BR</b> : PB, João Pessoa	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	28	EU160927	<b>BR</b> : PI, Uruçuí	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	29	EU160886	<b>BR</b> : PE, Olinda	1140	6

Tab. 27 - Continuação

Espécie	H	Número de campo/Genbank	Localidade	Pb	Refs.
<i>Artibeus planirostris</i>	30	EU160908	BR: MG, Brasilândia de Minas	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	31	EU160897	BR: AM, Sta Isabel do Rio Negro	1140	6
<i>Artibeus planirostris</i>	32	EU160888	BR: BA, Entre Rios	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	33	CRB2023, CRB2020, EU160836	BR: AM- Barcelos, AM, Santa Isabel do Rio Negro	1140	9
<i>Artibeus obscurus</i>	34	CRB2032	BR: AM, Barcelos	1120	9
<i>Artibeus obscurus</i>	35	CRB2653	BR: AM, Barcelos	1129	9
<i>Artibeus obscurus</i>	36	CRB2212	BR: AM, Barcelos	1118	9
<i>Artibeus obscurus</i>	37	CRB2652	BR: AM, Barcelos	1119	9
<i>Artibeus obscurus</i>	38	CRB2525	BR: AM- Barcelos	665	9
<i>Artibeus obscurus</i>	39	EU160840	BR: BA, Una	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	40	FJ179235	GY: N. W. District	1140	5
<i>Artibeus obscurus</i>	41	EU160859	BR: AC, Rodrigues Alves	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	42	U66507	GF: Sinnamary	1140	5
<i>Artibeus obscurus</i>	43	U66506	SR: Para	1140	5
<i>Artibeus obscurus</i>	44	EU160845	BR: ES, Aracruz	1140	5
<i>Artibeus obscurus</i> sp2.	45	EU160865	BR: AC, Rodrigues Alves	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	46	EU160855	BR: MT: Aripuanã	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	47	EU160856	BR: MG, Marliéria	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	48	EU160861	BR: PA, Porto de Trombetas	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	49	AY642921	VE: Bolívar	1140	3
<i>Artibeus obscurus</i>	50	AY684757	PE: Madre de Dios	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	51	EU160847	BR: MG, Caratinga	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	52	EU160864	BR: PA, Trombetas	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	53	EU160858	BR: AM, Barcelos	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	54	DQ869392	EC: Pastaza	1140	5
<i>Artibeus obscurus</i>	55	EU160838	BR: PB, João Pessoa	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	56	EU160844	BR: ES, Santa Tereza	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	57	EU160843	BR: BA, Valença	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	58	EU160846	BR: PR, Morretes	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	59	EU160842	BR: SP, Ilha Bela	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	60	EU160835	BR: RO, Ji-Paraná	1140	6
<i>Artibeus obscurus</i>	61	EU160839	BR: PB, Mamanguape	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	62	EU160753, EU160755, EU160782	BR: SP, Cajuru, Ubatuba, Sete Barras	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	63	EG169, EU160777	BR: PE, Bezerros, PA, Guaraqueçaba	1140	6, 9
<i>Artibeus lituratus</i>	64	EG161	BR: PE, Bezerros	1118	9

Tab. 27 - Continuação

Espécie	H	Número de campo/Genbank	Localidade	Pb	Refs.
<i>Artibeus lituratus</i>	65	CRB2606	BR: AM, Barcelos	1131	9
<i>Artibeus lituratus</i>	66	EU160747	BR: ES, Linhares	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	67	EU160748	BR: MG, Caratinga	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	68	EU160744	BR: ES, Aracruz	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	69	EU160739, EU160725	BR: ES, Santa Tereza, BA, Entre Rios	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	70	EU160735	BR: PA, Guaratuba	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	71	EU160734	BR: RJ, Duas Barras	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	72	EU160731	BR: RJ, Mangaratiba	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	73	EU160756	BR: SP, Jundiá	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	74	HQ702535	GY	1140	4
<i>Artibeus lituratus</i>	75	EU160829	BR: PI, Floriano	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	76	EU160813	BR: MG, Belo Horizonte	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	77	EU160788	BR: SP, Cunha	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	78	EU160798	BR: MT, Aripuanã	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	79	EU160830	BR: PI, Palmeira	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	80	U66505	TT: Trinidad	1140	4
<i>Artibeus lituratus</i>	81	EU160828	BR: MA, Porto Franco	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	82	EU160823	BR: MG, Santa Bárbara	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	83	EU160824	BR: MG, Unaí	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	84	GQ861607	HN:Atlantida	1140	7
<i>Artibeus lituratus</i>	85	EU160821	BR: MG, Marliéria	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	86	EU160814	BR: MG, Doresópolis	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	87	EU160803	BR: SP, Cubatão	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	88	AY684770	VE: Merida	1140	2
<i>Artibeus lituratus</i>	89	DQ869393	EC: Esmeralda	1140	5
<i>Artibeus lituratus</i>	90	DQ985485	BR: SC	1140	2
<i>Artibeus lituratus</i>	91	EU160802	BR: AC, Rodrigues Alves	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	92	GQ861668	VC: Union Island	1140	4
<i>Artibeus lituratus</i>	93	EU160799	BR: MG, Brasilândia de Minas	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	94	KP134572	BR: SP	1140	8
<i>Artibeus lituratus</i>	95	EU160795	BR: ES, Vitória	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	96	EU160793	BR: AM, Sta Isabel do Rio Negro	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	97	EU160787	BR: PA, Morretes	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	98	EU160785	BR: SP, Iguape	1140	6
<i>Artibeus lituratus</i>	99	FJ179234	VC: Union Island	1140	5
<i>Artibeus lituratus</i>	100	FJ179233	EC: Pastaza	1140	5

Tab. 27 - Continuação

Espécie	H	Número de campo/Genbank	Localidade	Pb	Refs.
<i>Artibeus lituratus</i>	101	EU160833	<b>BR:</b> PA, Porto de Trombetas	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	102	EU160711	<b>BR:</b> SP, Cunha	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	103	EG162, EG224, EU160722	<b>BR:</b> PE, Brejo Madre de Deus, Bezerros, BA, Rio de Contas	1140	6, 9
<i>Artibeus fimbriatus</i>	104	EG216	<b>BR:</b> PE, Brejo Madre de Deus	1109	9
<i>Artibeus fimbriatus</i>	105	DQ869391	<b>PY:</b> San Pedro	1140	7
<i>Artibeus fimbriatus</i>	106	EU160696	<b>BR:</b> ES, Santa Tereza	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	107	U66498	<b>BR:</b> SP	1140	1
<i>Artibeus fimbriatus</i>	108	EU160697	<b>BR:</b> MG, Caratinga	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	109	EU160693	<b>BR:</b> PR, Guaraqueçaba	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	110	EU160694	<b>BR:</b> RJ, Sumidouro	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	111	EU160723	<b>BR:</b> BA, Andaraí	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	112	EU160721	<b>BR:</b> MG, Santa Bárbar	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	113	EU160720	<b>BR:</b> BA, Mucugê	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	114	EU160717	<b>BR:</b> SP Moji das Cruzes	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	115	EU160716	<b>BR:</b> SP, Cunha	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	116	EU160708	<b>BR:</b> SP, Sete Barras	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	117	EU160703	<b>BR:</b> PA, Guaratuba	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	118	EU160701	<b>BR:</b> SP, Ubatuba	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	119	EU160692	<b>BR:</b> SP, Ilha Bela	1140	6
<i>Artibeus fimbriatus</i>	120	EU160690	<b>BR:</b> BA, Caravelas	1140	6

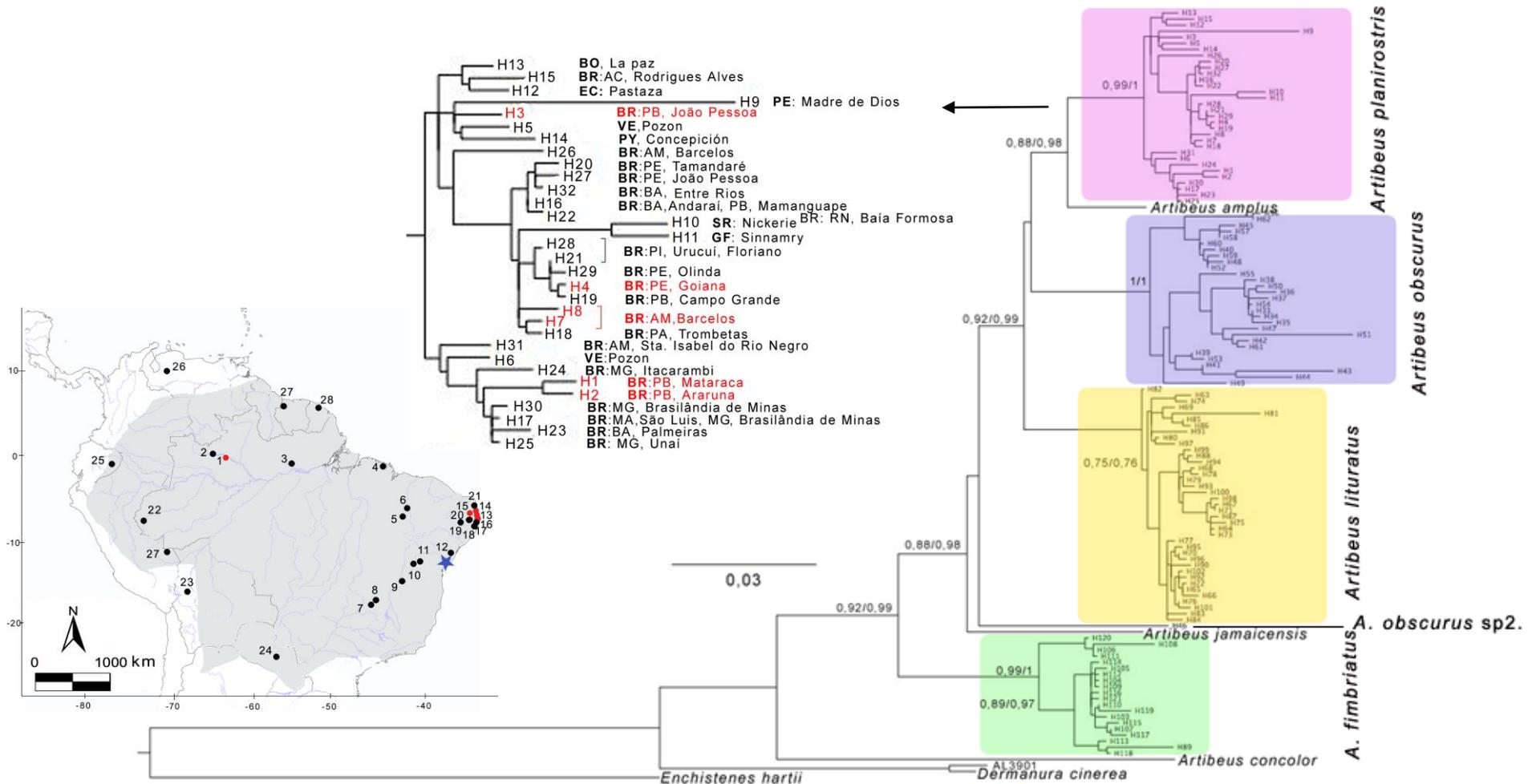


Figura 68 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT  $\geq 0,70$  e à direita representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Clado de *A. planirostris* em destaque. Mapa com a distribuição de *A. planirostris* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Pará (3) Porto de Trombetas; Maranhão (4) São Luis; Piauí(5) Urucuí, (6) Floriano; Minas Gerais (7) Brasilândia de Minas, (8) Unaí, (9) Itacarambí; Bahia (10) Palmeiras, (11) Andaraí, (12) Entre Rios, Paraíba (13) João Pessoa, (14) Araruna, (15) Mataraca, Pernambuco (16) Goiana, (17) Olinda, (18) Tamandaré, (19) Mamanguape; (20) Campo Grande; Rio Grande do Norte (21) Baía Formosa; Acre (22) Rodrigues Alves; Bolívia (23) La Paz; Paraguai (24) Concepción; Equador (25) Pastaza; Venezuela (26) Pozón; Suriname (27); Guiana Francesa (28). Localidade-tipo (estrela azul): Salvador, Bahia. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27.



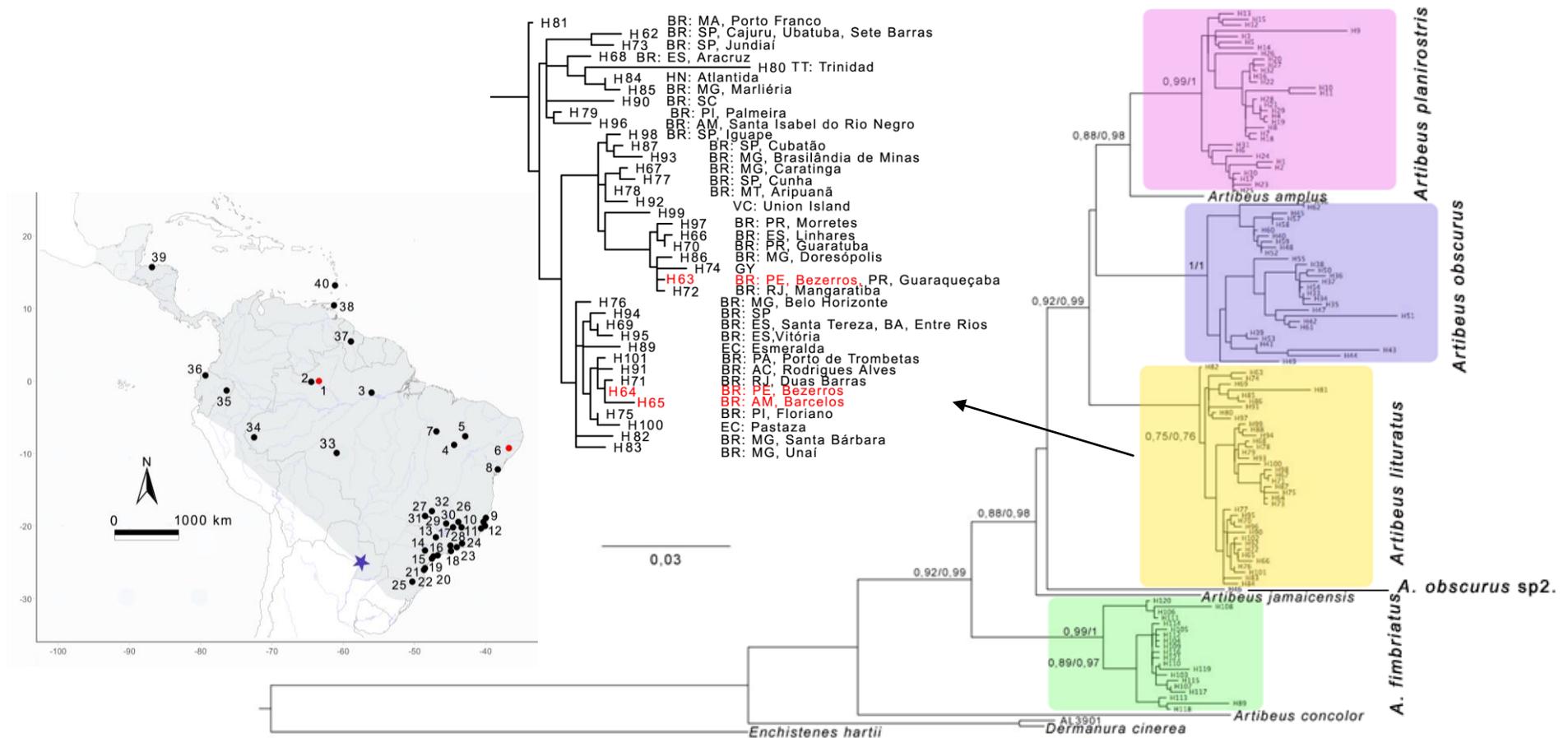


Figura 70 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT > 0,70 e à direita representam valores de probabilidade posterior > 0,70. Clado de *A. lituratus* em destaque. Mapa com a distribuição de *A. lituratus* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Pará (3) Porto de Trombetas; Piauí (4) Palmeira, (5) Floriano; Pernambuco (6) Bezerros; Maranhão (7) Porto Franco; Bahia (8) Entre Rios; Espírito Santo (9) Aracruz, (10) Linhares, (11) Santa Tereza, (12) Vitória; São Paulo (13) Cajuru, (14) Jundiá, (15) Iguape, (16) Cunha, (18) Ubatuba, (19) Sete Barras; Paraná (20) Guaratuba, (21) Guaraqueçaba, (22) Morretes; Rio de Janeiro (23) Mangaratiba, (24) Duas Barras; (25) Santa Catarina; Minas Gerais (26) Marliéria, (27) Brasilândia de Minas, (28) Caratinga, (29) Dorésópolis, (30) Belo Horizonte, (31) Santa Bárbara, (32) Unai; Mato Grosso (33) Aripuanã; Acre (34) Rodrigues Alves; Equador (35) Esmeraldas, (36) Pastaza; (37) Guiana; Trinidad e Tobago (38) Trinidad; Honduras (39) Atlântida; São Vicente e Granadinas (40) Unio Islanda. Localidade-tipo (estrela azul): Assunção, Paraguai. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27.

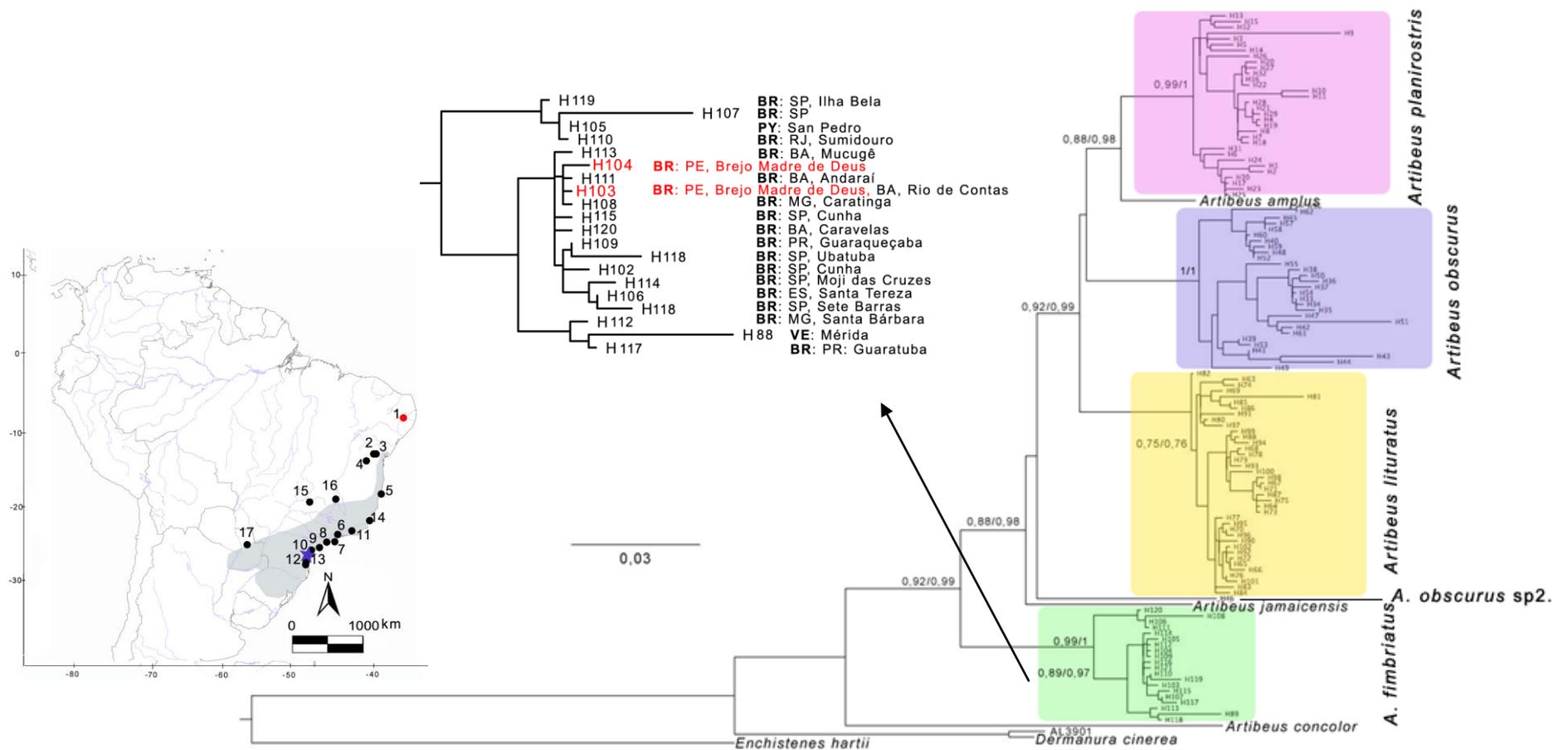


Figura 71 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Cytb*. Os números próximos aos nós, à esquerda representam valores de aLRT > 0,70 e à direita representam valores de probabilidade posterior > 0,70. Clado de *A. fimbriatus* em destaque. Mapa com a distribuição de *A. fimbriatus* e os pontos de coleta das amostras utilizadas no presente trabalho, ponto preto= GenBank, ponto vermelho= sequenciadas no presente trabalho. Brasil, Pernambuco (1) Bezerros; Bahia (2) Mucugê, (3) Andaraí, (4) Rio de Contas, (5) Caravelas; São Paulo (6) Cunha, (7) Ilha Bela, (8) Ubatuba, (9) Moji das Cruzes, (10) Sete Barras; Rio de Janeiro (11) Sumidouro; Paraná (12) Guaratuba, (13) Guaraqueçaba; Espírito Santo (14) Santa Tereza; Minas Gerais (15) Santa Bárbara, (16) Caratinga; Paraguai (17) San Pedro. Localidade-tipo (estrela azul): Morretes, Paraná. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27.

Nas análises das 52 sequências do gene *mt-Co1* de *Artibeus* foram identificados 36 haplótipos, oito deles compartilhados. Alguns haplótipos foram compartilhados por amostras da mesma localidade, como H1 e H2 que tiveram amostras compartilhadas por cinco e sete indivíduos do Amazonas (Barcelos), respectivamente. Outros haplótipos foram compartilhados por duas amostras de localidades diferentes, como H4, compartilhado por uma amostra do Amazonas (Barcelos) e uma do Suriname, H18 compartilhado por uma amostra da Venezuela e uma da Guiana, H29 uma do Equador e uma de Belize e H34 uma amostra de São Paulo e outra de Minas Gerais. O haplótipo H23 foi compartilhado por quatro amostras, duas da Paraíba (Mataraca), uma de Pernambuco (Bezerros) e uma da Bahia, e H30 com quatro amostras compartilhadas do Suriname, Guiana, São Paulo e Pernambuco (Brejo Madre de Deus; Tabela 28).

A média da distância genética K-2p intraespecífica dos haplótipos de *Artibeus obscurus* com o *mt-Co1* foi 2,01%, de *A. planirostris* foi 1,43 %, de *A. lituratus* foi 1,8% e de *A. fimbriatus* foi 0,68% (Tabela 29).

Tabela 28 - Lista das amostras de *Artibeus* utilizadas nas análises com *mt-Co1*, especificando o haplótipo (H), referências bibliográficas (Refs), nº de campo ou do GenBank, localidades de coleta e nº de pares de base (pb) sequenciados. As abreviações referem-se aos números de campo CRB= Cibele Rodrigues Bonvicino, EG, KS, FO= Alfredo Langutth. **BO**= Bolívia, **EC**= Equador, **GY**= Guiana, **GF**= Guiana Francesa, **HN**= Honduras, **PE**= Peru, **PY**= Paraguai, **SR**= Suriname, **VE**= Venezuela. Estados brasileiros (**BR**): AM= Amazonas, BA= Bahia, ES= Espírito Santo, MA= Maranhão, MG= Minas Gerais, MT= Mato Grosso, PB= Paraíba, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, SP= São Paulo. 4= Redondo *et al.* (2008), 2= Clare *et al.* (2011), 3= presente estudo.

Táxon	H	Nº de Campo/GenBank	Localidade	pb	Refs
<i>A. obscurus</i>	1	CRB2020, CRB2866, CRB2023, CRB2018, CRB2546	<b>BR</b> : AM, Barcelos	657	3
<i>A. obscurus</i>	2	CRB2524, CRB2645, CRB2652, CRB2616, CRB2637, CRB2643, CRB2653	<b>BR</b> : AM, Barcelos	657	3
<i>A. obscurus</i>	3	EU161042	<b>BR</b> : MT	657	1
<i>A. obscurus</i>	4	CRB2661, HQ545650	<b>BR</b> : AM, Barcelos, <b>SR</b>	657	2,3
<i>A. obscurus</i>	5	JF453302	<b>GY</b>	657	2
<i>A. obscurus</i>	6	JF448630	<b>EC</b>	657	2
<i>A. obscurus</i>	7	EU161035	<b>BR</b> : PB	500	1
<i>A. obscurus</i>	8	EU161037	<b>BR</b> : SP	500	1
<i>A. obscurus</i>	9	EU161043	<b>BR</b> : MG	500	1
<i>A. obscurus</i>	10	EU161036	<b>BR</b> : BA	500	1
<i>A. obscurus</i>	11	EU161038	<b>BR</b> : ES	500	1
<i>A. planirostris</i>	12	EU161051	<b>BR</b> : AM, Sta. Isabel do Rio Negro	500	1
<i>A. planirostris</i>	13	EU161061	<b>BR</b> : MG	500	1
<i>A. planirostris</i>	14	EU161058	<b>BR</b> : MT	500	1
<i>A. planirostris</i>	15	JF448677	<b>EC</b>	657	2
<i>A. planirostris</i>	16	AL3896	<b>BR</b> : PE, Usina Maravilhas	657	5
<i>A. planirostris</i>	17	EU161049	<b>BR</b> : PE	500	1
<i>A. planirostris</i>	18	JF447780, JF453553	<b>VE, GY</b>	657	2
<i>A. planirostris</i>	19	EU096596	<b>SR</b>	657	1
<i>A. planirostris</i>	20	CRB2872	<b>BR</b> : AM, Barcelos	564	3
<i>A. planirostris</i>	21	CRB2875	<b>BR</b> : AM, Barcelos	657	3
<i>A. planirostris</i>	22	EU161047	<b>BR</b> : PB	500	1
<i>A. planirostris</i>	23	FO048, FO045, EG180, EU161045	<b>BR</b> : PB, Mataraca, PE, Bezerros, BA	657	3
<i>A. lituratus</i>	24	EG177	<b>BR</b> : PE, Bezerros	543	3
<i>A. lituratus</i>	25	JF446666	<b>GT</b>	657	2

Tab. 28 -Continuação

<b>Táxon</b>	<b>H</b>	<b>Nº de Campo/GenBank</b>	<b>Localidade</b>	<b>pb</b>	<b>Refs</b>
<i>A. lituratus</i>	26	JF447129	<b>MX</b>	657	2
<i>A. lituratus</i>	27	EG169	<b>BR: PE, Bezerros</b>	657	3
<i>A. lituratus</i>	28	JF446574	<b>CR</b>	657	2
<i>A. lituratus</i>	29	JF448570, JF498920	<b>EC, BZ</b>	657	2
<i>A. lituratus</i>	30	JQ601208, EF080090, JF446349, EG217	<b>SR, GY, BR: SP, PE, Brejo Madre de Deus</b>	657	3
<i>A. lituratus</i>	31	JF447355	<b>PA</b>	657	2
<i>A. lituratus</i>	32	CRB2606	<b>BR: AM, Barcelos</b>	582	3
<i>A. fimbriatus</i>	33	EU160989	<b>BR: BA</b>	500	1
<i>A. fimbriatus</i>	34	JF446312, EU160991	<b>BR: SP, MG</b>	654	1
<i>A. fimbriatus</i>	35	EU160990	<b>BR: RJ</b>	500	1

As análises de IB e MV de *Artibeus* com o *mt-Co1* foram realizadas usando o modelo evolutivo de substituição de bases HKY (Hasegawa *et al.* 1985) + G (distribuição Gama). As reconstruções filogenéticas apresentaram topologias diferentes (Figura 72). A análise de MV e IB confirmaram o monofiletismo de *Artibeus* (bootstrap sem suporte; pp 0,96). Dentro do gênero, *A. obscurus* (bootstrap 99%, pp 1), *A. lituratus* (bootstrap 85,4%, pp 0,99), e *A. fimbriatus* (bootstrap 80%, pp 0,99) se mostraram monofiléticas com valores altos de suporte e *A. planirostris* não apresentou suporte (Figura 72). *Artibeus concolor* foi a linhagem mais basal, seguida do clado formado por *A. fimbriatus* e o clado formado pelo restante das espécies. Neste clado *A. jamaicensis* divergiu primeiro e em seguida *A. lituratus*, como grupo-irmão de *A. obscurus* e das espécies-irmãs *A. amplus* e *A. planirostris*. A análise de IB confirmou *Artibeus* como gênero monofilético (pp 0,96), assim como as demais espécies com altos valores de suporte, exceto *A. planirostris* cujo clado não apresentou suporte. *Artibeus concolor* foi a primeira espécie a divergir, seguida de *A. fimbriatus*. Esta análise não conseguiu resolver as relações dentro do clado formado pelas demais espécies (*A. jamaicensis*, *A. planirostris*, *A. amplus*, *A. obscurus* e *A. lituratus*; Figura 73).

Tabela 29– Estimativas de distância genética Kimura 2-parâmetros (%) entre os haplótipos (H) de *Artibeus* com o *mt-Co1*.

H	Espécie	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17
1	<i>Artibeus obscurus</i>																	
2	<i>Artibeus obscurus</i>	0,31																
3	<i>Artibeus obscurus</i>	0,40	0,20															
4	<i>Artibeus obscurus</i>	1,08	1,08	1,22														
5	<i>Artibeus obscurus</i>	0,77	0,77	0,81	0,46													
6	<i>Artibeus obscurus</i>	1,40	1,40	1,22	1,09	0,62												
7	<i>Artibeus obscurus</i>	2,73	2,51	2,73	3,16	2,72	2,72											
8	<i>Artibeus obscurus</i>	2,95	2,73	2,95	3,39	2,94	2,94	1,86										
9	<i>Artibeus obscurus</i>	3,17	2,95	3,17	3,61	3,16	3,16	1,65	1,02									
10	<i>Artibeus obscurus</i>	2,73	2,51	2,73	3,16	2,72	2,72	1,23	0,61	0,40								
11	<i>Artibeus obscurus</i>	2,95	2,73	2,95	3,39	2,94	2,94	1,44	0,81	0,61	0,20							
12	<i>Artibeus planirostris</i>	4,29	4,06	4,29	4,74	4,28	4,74	4,28	4,28	4,98	4,98	5,22						
13	<i>Artibeus planirostris</i>	4,51	4,28	4,51	4,97	4,50	4,97	4,50	4,97	5,20	5,20	5,44	2,06					
14	<i>Artibeus planirostris</i>	4,07	3,84	4,07	4,52	4,06	4,52	4,52	4,52	5,24	5,24	5,48	1,86	1,85				
15	<i>Artibeus planirostris</i>	4,09	4,09	4,54	4,07	3,91	4,62	5,48	5,00	5,72	5,72	5,97	2,29	2,28	0,81			
16	<i>Artibeus planirostris</i>	4,98	4,98	5,02	5,32	4,79	5,52	5,00	5,00	5,72	5,72	5,97	2,29	2,28	1,65	2,05		
17	<i>Artibeus planirostris</i>	4,78	4,54	4,78	5,24	4,76	5,24	4,76	4,76	5,48	5,48	5,72	2,07	2,06	1,44	1,86	0,20	
18	<i>Artibeus planirostris</i>	4,09	4,09	4,30	4,43	3,91	4,62	4,76	4,76	5,48	5,48	5,72	2,07	2,06	1,02	1,25	0,77	0,40
19	<i>Artibeus planirostris</i>	4,09	4,09	4,30	4,43	3,91	4,62	4,76	4,76	5,48	5,48	5,72	2,29	2,28	1,23	1,41	0,93	0,61
20	<i>Artibeus planirostris</i>	4,60	4,39	4,76	5,00	4,58	5,00	5,70	5,22	5,95	5,95	6,20	2,94	2,93	1,43	1,64	1,27	1,22
21	<i>Artibeus planirostris</i>	4,45	4,45	4,30	4,79	4,26	4,98	5,24	4,76	5,48	5,48	5,72	2,51	2,50	1,02	1,57	1,40	0,81
22	<i>Artibeus planirostris</i>	4,54	4,30	4,54	5,00	4,52	5,00	5,48	5,00	5,72	5,72	5,97	2,73	2,28	1,23	1,65	1,23	1,02
23	<i>Artibeus planirostris</i>	4,08	4,08	3,84	4,77	4,25	4,97	5,24	4,76	5,48	5,48	5,72	2,51	2,50	1,02	1,57	1,40	0,81
24	<i>Artibeus lituratus</i>	5,44	5,44	5,45	6,10	5,65	6,33	6,77	6,49	7,32	7,32	7,60	3,68	3,67	2,25	2,70	1,90	1,78
25	<i>Artibeus lituratus</i>	4,27	4,63	5,26	4,97	4,44	5,16	5,72	5,72	6,47	6,47	6,72	2,95	4,07	3,18	3,41	4,28	3,87
26	<i>Artibeus lituratus</i>	4,45	4,45	5,26	4,79	4,26	4,98	5,72	5,72	6,47	6,47	6,72	3,17	4,07	3,18	3,24	4,11	3,87
27	<i>Artibeus lituratus</i>	4,98	4,98	5,74	5,32	4,79	5,52	6,22	6,22	6,98	6,98	7,23	3,40	4,07	3,18	3,40	4,27	3,87
28	<i>Artibeus lituratus</i>	4,98	4,98	5,74	5,32	4,79	5,52	5,72	5,72	6,47	6,47	6,72	3,40	4,07	3,18	3,40	4,27	3,87
29	<i>Artibeus lituratus</i>	4,81	4,81	5,50	5,15	4,62	5,35	5,97	5,97	6,72	6,72	6,98	3,17	3,84	2,96	3,24	4,11	3,64
30	<i>Artibeus lituratus</i>	4,81	4,81	5,74	5,15	4,62	5,35	6,22	6,22	6,98	6,98	7,23	3,40	4,07	3,18	3,24	4,11	3,87
31	<i>Artibeus lituratus</i>	4,99	4,99	5,9	5,33	4,80	5,53	6,47	6,47	7,23	7,23	7,49	3,63	4,30	3,41	3,41	4,28	4,10
32	<i>Artibeus lituratus</i>	6,08	5,87	6,47	6,49	6,07	6,71	6,45	6,95	7,73	7,73	7,99	4,07	4,76	3,40	4,25	4,85	4,56
33	<i>Artibeus fimbriatus</i>	8,20	8,47	8,73	8,97	8,70	9,25	9,25	9,25	10,08	10,08	10,36	6,18	6,40	5,95	6,45	6,95	6,70
34	<i>Artibeus fimbriatus</i>	6,65	7,04	8,20	7,20	6,83	7,61	8,70	9,25	9,52	9,52	9,80	6,18	6,40	5,95	6,11	6,86	6,70
35	<i>Artibeus fimbriatus</i>	7,94	8,20	8,47	8,70	8,44	8,97	8,97	9,52	9,80	9,80	10,08	6,42	6,65	6,20	6,70	7,21	6,95

Tab. 29 - Continuação

H	Espécie	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29	H30	H31	H32	H33	H34
19	<i>Artibeus planirostris</i>	0,15																
20	<i>Artibeus planirostris</i>	0,72	0,90															
21	<i>Artibeus planirostris</i>	0,62	0,77	0,36														
22	<i>Artibeus planirostris</i>	0,61	0,81	1,01	0,61													
23	<i>Artibeus planirostris</i>	0,61	0,77	0,90	0,61	0,61												
24	<i>Artibeus lituratus</i>	1,32	1,51	1,67	1,70	1,56	1,31											
25	<i>Artibeus lituratus</i>	3,41	3,59	4,21	4,12	4,10	4,11	5,25										
26	<i>Artibeus lituratus</i>	3,24	3,41	4,21	3,94	4,10	3,93	5,03	0,77									
27	<i>Artibeus lituratus</i>	3,40	3,58	4,40	4,11	4,10	4,09	5,23	0,93	0,77								
28	<i>Artibeus lituratus</i>	3,40	3,58	4,40	4,11	4,10	4,09	5,23	0,93	0,77	0,31							
29	<i>Artibeus lituratus</i>	3,24	3,41	3,59	3,59	3,87	3,93	4,81	0,77	0,62	0,77	0,77						
30	<i>Artibeus lituratus</i>	3,24	3,41	3,80	3,59	4,10	3,93	5,03	0,77	0,62	0,77	0,77	0,31					
31	<i>Artibeus lituratus</i>	3,41	3,59	4,00	3,76	4,34	4,11	5,25	0,93	0,77	0,93	0,93	0,46	0,15				
32	<i>Artibeus lituratus</i>	4,05	4,25	4,40	4,05	4,79	4,64	5,64	1,40	1,40	1,58	1,58	0,87	0,69	0,87			
33	<i>Artibeus fimbriatus</i>	6,20	6,45	6,42	6,45	6,45	6,70	8,14	5,22	5,70	5,70	5,70	5,22	5,46	5,70	5,93		
34	<i>Artibeus fimbriatus</i>	6,11	6,30	6,50	6,69	6,45	6,86	7,48	5,18	5,36	5,53	5,53	5,18	5,18	5,36	6,26	0,81	
35	<i>Artibeus fimbriatus</i>	6,45	6,70	6,68	6,70	6,70	6,95	8,14	5,95	6,45	6,45	6,45	5,95	6,20	6,45	6,68	1,02	0,20

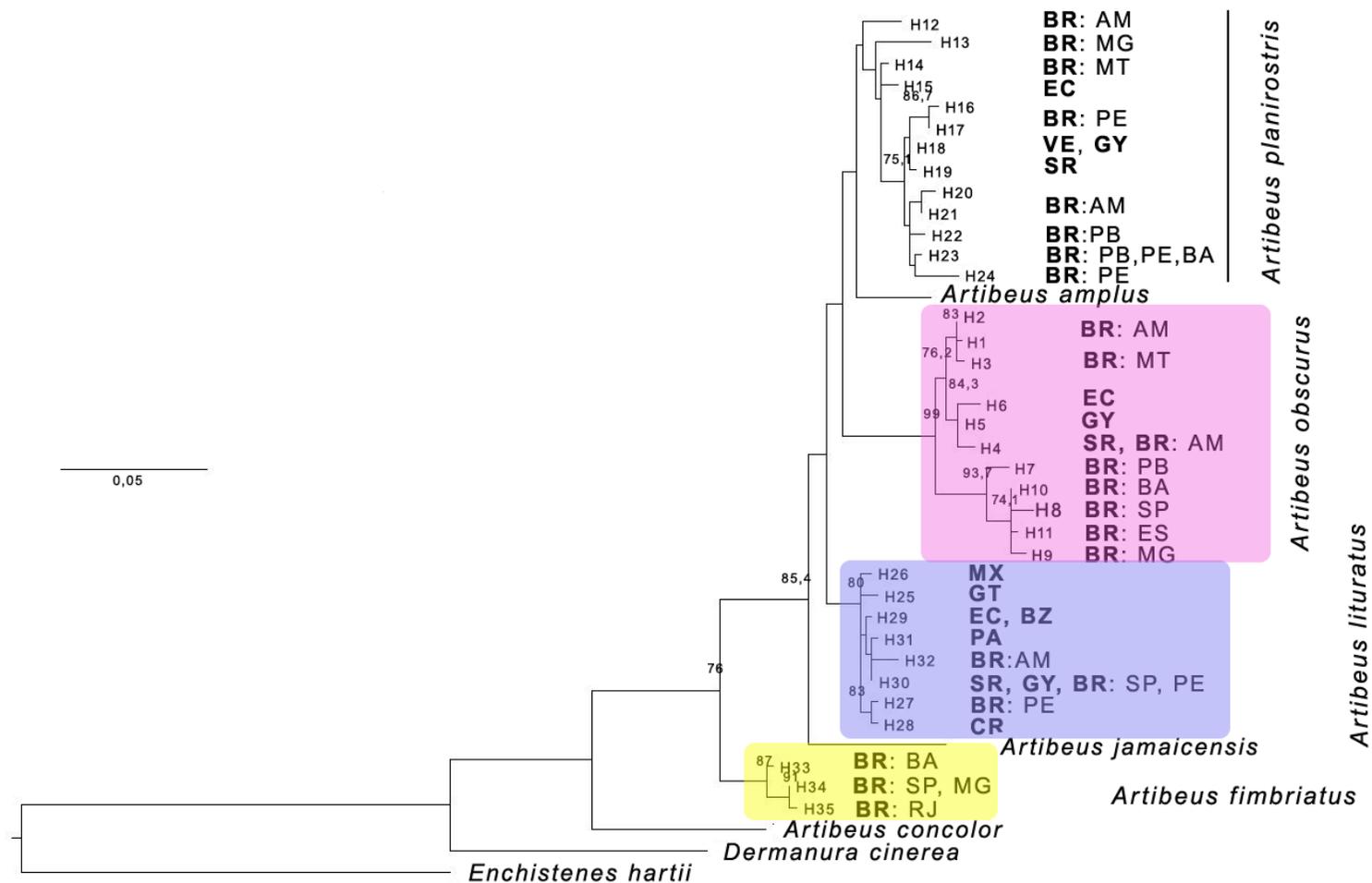


Figura 72 - Topologia de MV de *Artibeus* com o *mt-Co1*. Os números acima dos nós representam valores de bootstrap  $\geq 70$ . Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27.

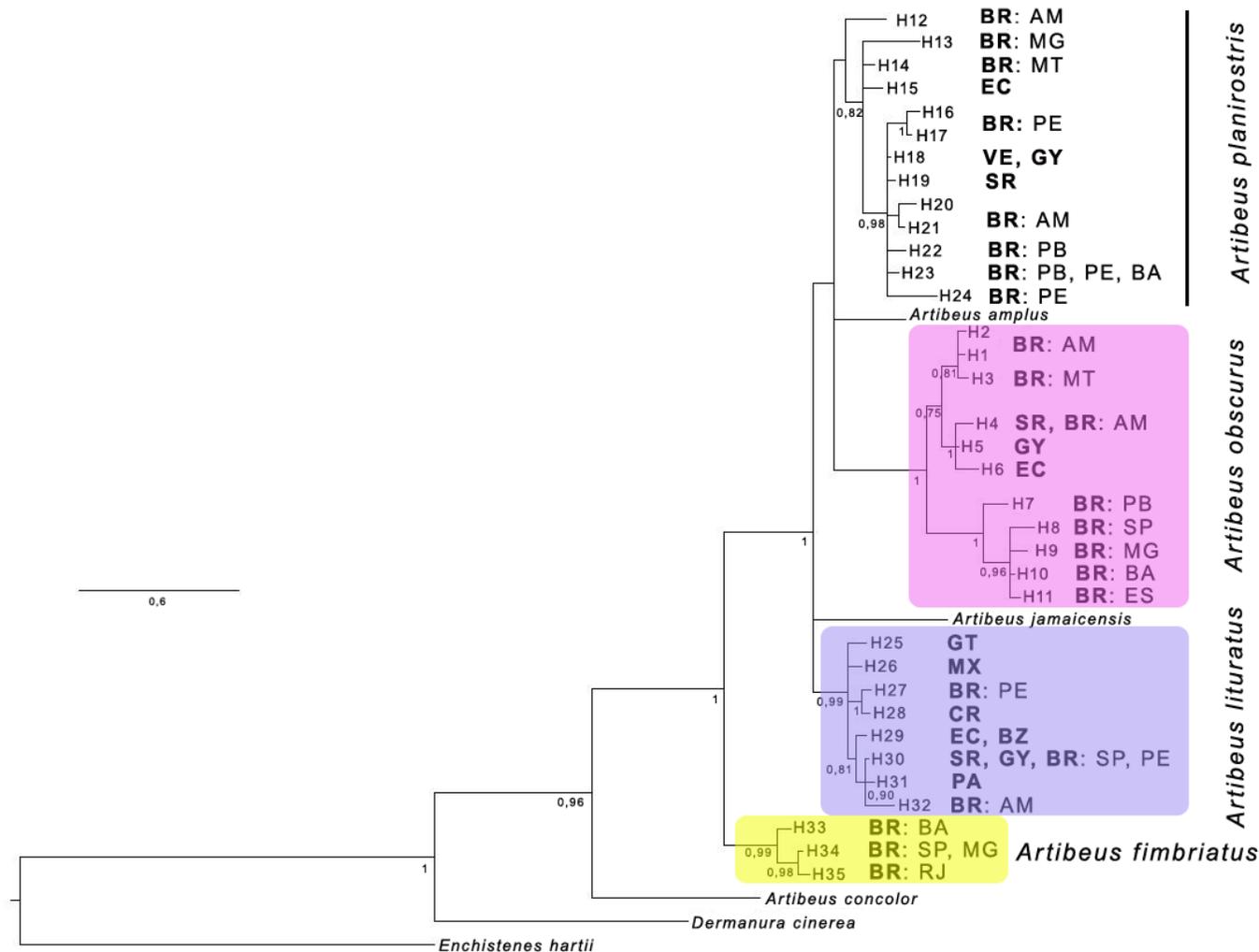


Figura 73 - Topologia IB de *Artibeus* com o *mt-Co1*. Os números abaixo dos nós representam valores de probabilidade posterior  $\geq 0,70$ . Estados brasileiros (BR): Amazonas (AM), Bahia, (BA), Espírito Santo (ES), Minas Gerais (MG), Mato Grosso (MT), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Rio de Janeiro (RJ), São Paulo, (SP). BZ= Belize, CR= Costa Rica, EC= Equador, GT= Guatemala, GY= Guiana, MX= México, SR= Suriname e VE= Venezuela. Para identificação dos haplótipos veja Tabela 27.

## Família Mormoopidae

Foi cariotipada uma espécie de *Pteronotus*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2172 de *Pteronotus parnellii* (Gray, 1843) mostrou  $2n=38$  e  $NF=60$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 12 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a médios e seis pares de cromossomos acrocêntricos. O cromossomo X um submetacêntrico grande e o cromossomo Y um acrocêntrico pequeno (Figura 74a). O cariótipo com coloração de nitrato de prata mostrou as Ag-RONs localizadas na região telomérica do braço curto dos dois menores pares de cromossomos submetacêntricos (Figura 74b).



Figura 74 - Cariótipo de *Pteronotus parnellii* macho CRB2172 com  $2n=38$  e  $NF=60$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) coloração de nitrato de prata (Ag-RONs). XY= par sexual masculino.

Tabela 30– Cariótipos do gênero *Pteronotus*. Número diploide (2n) e fundamental (NF), cromossomos sexuais X, Y, referências bibliográficas (Refs). 1= Baker (1967), 2= Hsu *et al.* (1968); 3= Baker e Bickham (1980), 4= Patton e Baker (1978), 5= Sites *et al.* (1981), 6= presente estudo. **JM**= Jamaica, **MX**= México, **NI**= Nicarágua, **PR**= Porto Rico, **TT**= Trinidad e Tobago, **VE**=Venezuela.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
<i>Pteronotus davyi</i>	38	60	SM	A	<b>MX</b>	1, 5
<i>Pteronotus gymnonotus</i>	38	60	M	A	<b>JM, NI, VE</b>	3, 5
<i>Pteronotus parnelli</i>	38	60	SM/M	A	<b>MX, TT, PR, BR: AM</b>	1, 2, 4, 6
<i>Pteronotus personatus</i>	38	60	SM	A	<b>TT, PR</b>	3

### Família Noctilionidae

Foram cariotipadas as duas espécies de *Noctilio*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das três fêmeas CRB2610, JAO1931 e JAO1946 e dos três machos CRB2618, CRB2621 e JAO2299 de *Noctilio albiventris* Desmarest, 1818 mostrou 2n=34 e NF=62 (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 15 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos e um par de acrocêntrico. O cromossomo X um metacêntrico médio e o cromossomo Y um acrocêntrico médio. O 11º par cromossômico apresenta uma constrição secundária na região proximal do centrômero (75a e b). O cariótipo com bandeamento-CBG do macho (JAO2299) mostrou blocos heterocromáticos centroméricos nos autossomos e no cromossomo X. Adicionalmente, foram observadas bandas mais conspícuas no 11º, 12º, 13º, 16º e 17º pares. O cromossomo Y é totalmente heterocromático (75c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata da fêmea JAO1931 mostrou as Ag-RONs localizadas na região proximal do centrômero do 12º par cromossômico e são coincidentes com as constrições secundárias (75d). O cariótipo com FISH de sonda telomérica da fêmea CRB2610 e do macho CRB2621 mostrou marcações terminais em todos os cromossomos e centroméricas em alguns pares. Adicionalmente, marcações mais

conspícuas são observadas no 11<sup>o</sup>, 12<sup>o</sup>, 13<sup>o</sup>, 16<sup>o</sup> e 17<sup>o</sup> pares. O cromossomo Y hibrida ao longo de todo o cromossomo (75e e f).

O cariótipo com coloração convencional das três fêmeas CRB2595, CRB2601 e CRB2613 e dos quatro machos CRB2605, CRB2608, CRB2609 e CRB2617 de *Noctilio leporinus* (Linnaeus, 1758) mostrou  $2n=34$  e  $NF=62$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 15 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um metacêntrico médio (Figura 76a e b). O cariótipo com bandejamento-CBG da fêmea CRB2601 de *N. leporinus* mostrou bandas positivas centroméricas nos autossomos e no cromossomo X, além de bandas mais conspícuas nos 11<sup>o</sup>, 12<sup>o</sup>, 13<sup>o</sup>, 16<sup>o</sup> e 17<sup>o</sup> pares. O cromossomo Y é totalmente heterocromático (Figura 76c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata da fêmea CRB2601 mostrou as Ag-RONs localizadas no 11<sup>o</sup> par cromossômico, na região proximal do centrômero (Figura 76d). O cariótipo com FISH de sonda telomérica da fêmea CRB2613 mostrou marcações terminais em todos os cromossomos e centroméricas nos 11<sup>o</sup>, 12<sup>o</sup>, 13<sup>o</sup>, 16<sup>o</sup> e 17<sup>o</sup> pares (Figura 76e).

Tabela 31– Cariótipos de Noctilionidae. Número diploide (2n) e fundamental (NF), cromossomos sexuais X e Y, referências bibliográficas (Refs). **CO**= Colômbia, **HN**= Honduras, **MX**= México, **SR**= Suriname, **TT**= Trindade e Tobago. Estados brasileiros (**BR**): MT= Mato Grosso, PE= Pernambuco, SP= São Paulo. 1= Yonenaga *et al.* (1969), 2= Baker (1970), 3= Baker e Jordan (1970), 4= Toledo (1973), 5= Patton e Baker (1978), 6= Baker *et al.* (1982), 7= Hood e Pitochelli (1983); 8= Varella-Garcia *et al.* (1989), 9= Vilamiu *et al.* (2010), 10= presente estudo.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
<i>Noctilio albiventris minor</i>	34	62	SM	A	<b>HN</b>	5
<i>Noctilio albiventris affinis</i>	34	62	M	A	<b>CO</b>	3, 6, 7
<i>Noctilio albiventris cabrerai</i>	34	62	SM	A	<b>BR</b> : SP, MT	8, 9
<i>Noctilio albiventris cabrerai</i>	34	62	M	A	<b>BR</b> : AM, RR	10
<i>Noctilio leporinus</i>	34	54	M	-	<b>BR</b> :PE	8
<i>Noctilio leporinus</i>	34	58	M/SM	A	<b>TT, MX, BR</b> : SP	1, 2, 3, 4
<i>Noctilio leporinus</i>	34	62	M	-	<b>SR</b>	6
<i>Noctilio leporinus</i>	34	62	M	A	<b>BR</b> : AM	10

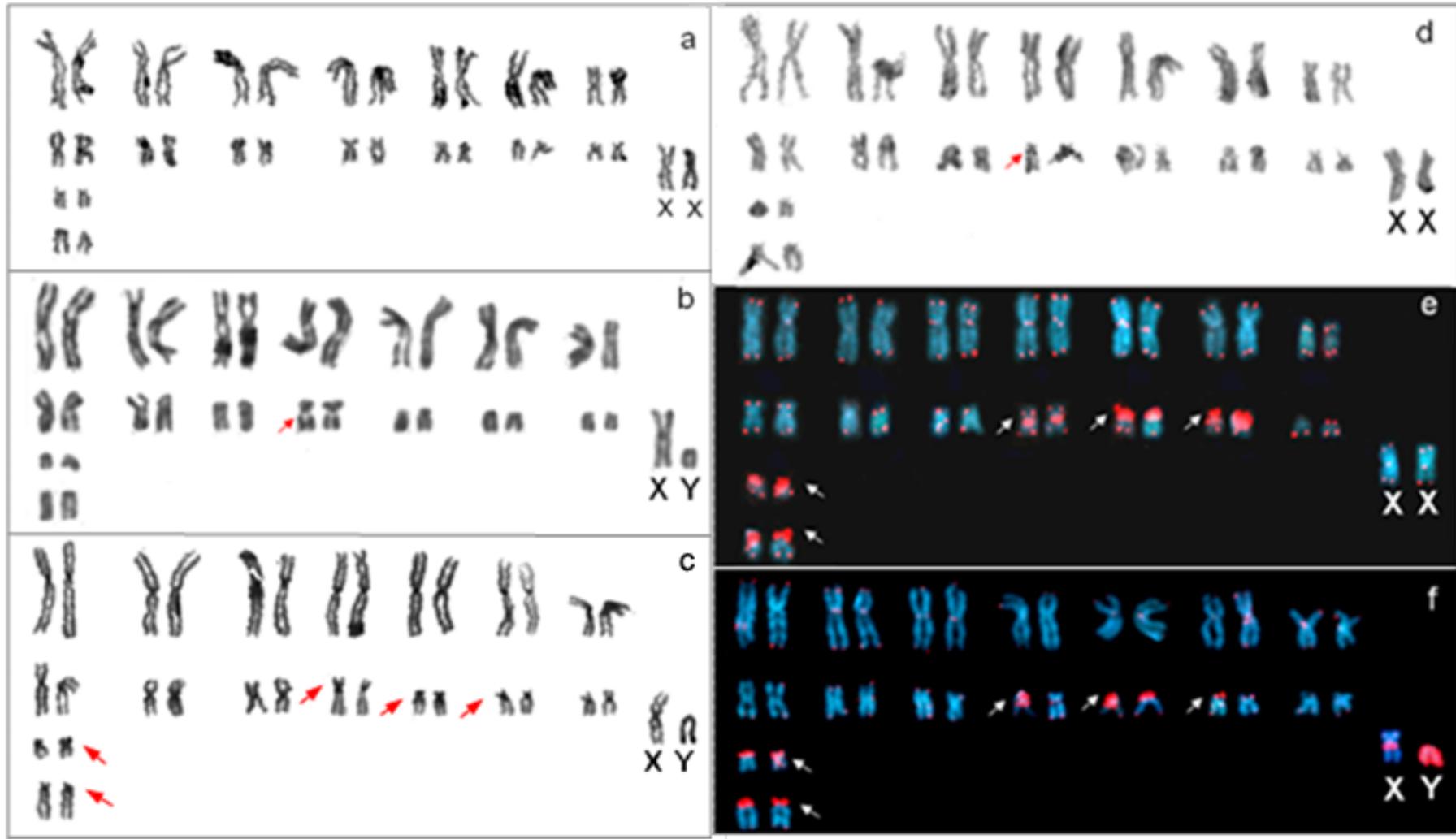


Figura 75 - Cariótipo de *Noctilio albiventris* com  $2n=34$  e  $NF=62$  com coloração convencional de Giemsa (a) fêmea JAO1946 e (b) macho CRB2618, (c) macho JAO2299 com bandeamento CBG, fêmeas (d) JAO 1931 com coloração de nitrato de prata (Ag-RONs) e (e) CRB2610 com FISH de sondas teloméricas, (f) macho CRB2621 com FISH de sondas teloméricas. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.

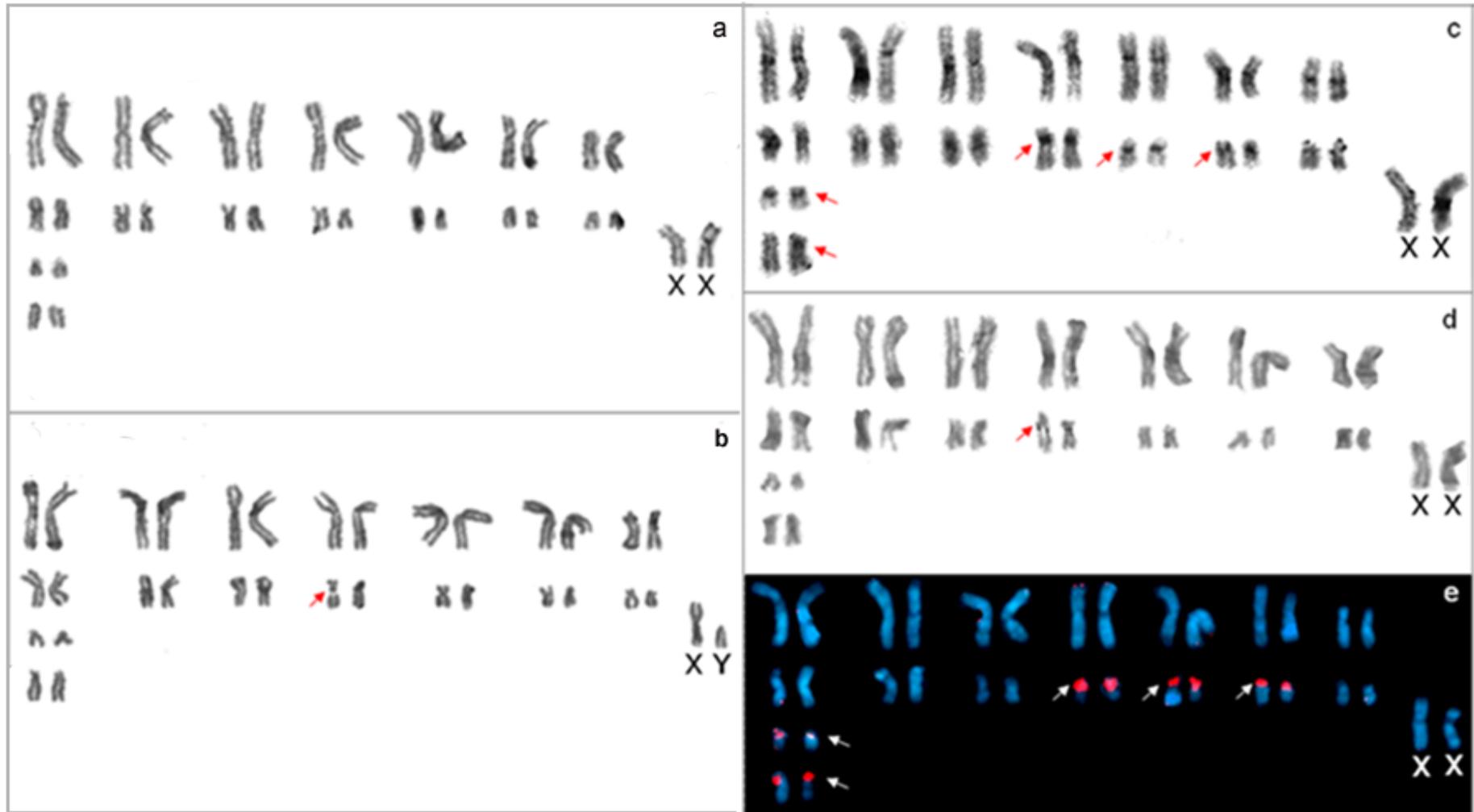


Figura 76 - Cariótipo de *Noctilio leporins* com  $2n=34$  e  $NF=62$  com coloração convencional de Giemsa (a) fêmea CRB2613 e (b) macho CRB2608, (c) fêmea CRB2601 com bandejamento CBG, fêmeas (d) CRB2595 com coloração de nitrato de prata (Ag-RONs) e (e) fêmea CRB2613 com FISH de sondas teloméricas. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.

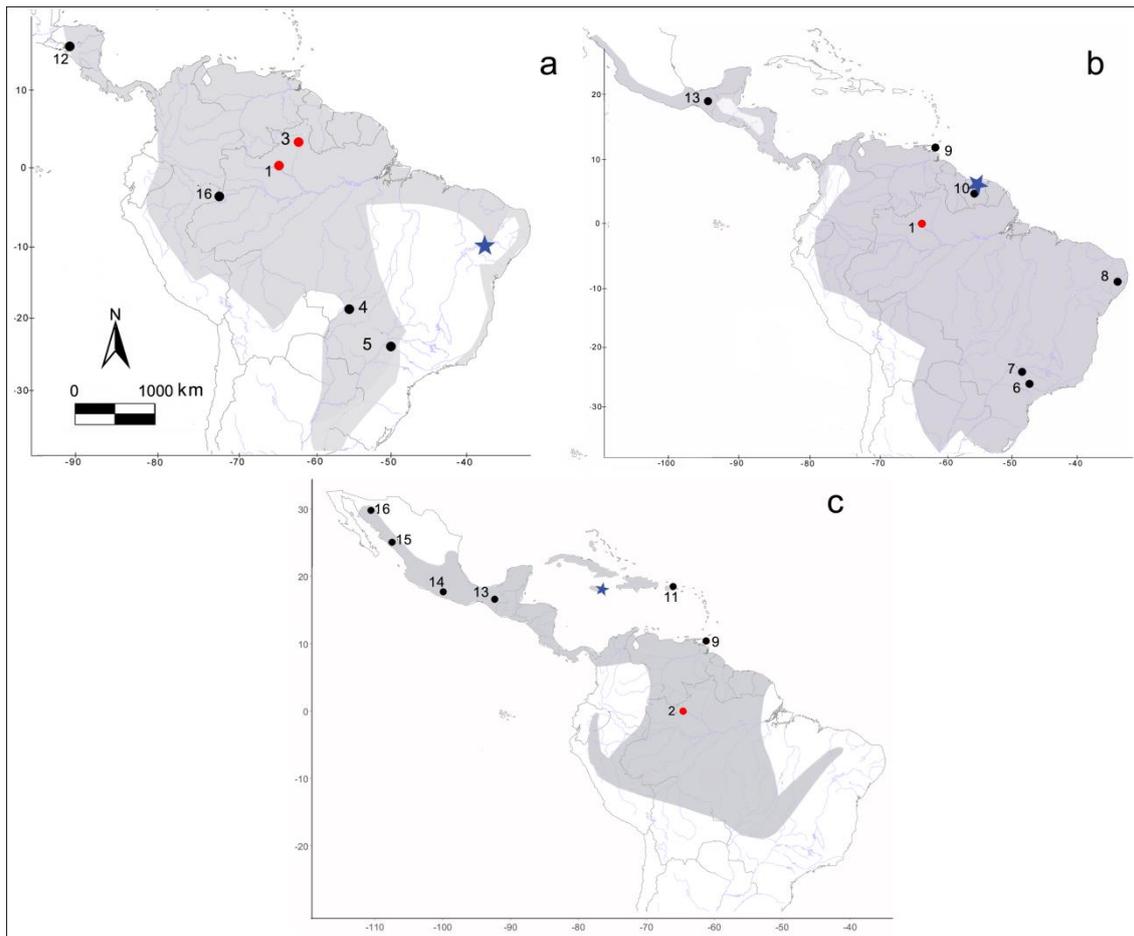


Figura 77 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Noctilionidae (a) *Noctilio albiventris* com localidade-tipo no Rio São Francisco, Bahia, (b) *Noctilio leporinus* com localidade-tipo no Suriname, (c) *Pteronotus parnelli* com localidade-tipo na Jamaica. Distribuição baseada em (a) Hood e Pitochelli (1983) e Gardner (2007b), (b) Hood e Jones (1984) e Gardner (2007b), (c) Herd (1983) e Patton e Gardner (2008). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, (2) Santa Isabel do Rio Negro; Roraima (3) Caracaraí, Mato Grosso (4) Barão de Melgaço, São Paulo (5), (6) Anhembi, (7) São José do Rio Preto, (8) Pernambuco, Trinidad e Tobago (9); (10) Suriname; (11) Porto Rico; Honduras (12) Nacaome; México (13) Chiapas, (14) Guerrero, (15) Sinaloa, (16) Sonora.

### Família Molossidae

Foi cariotipada uma espécie de *Cynomops*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea JAO1948 e dos machos JAO1936 e JAO1947 de *Cynomops planirostris* (Peters, 1866) mostrou  $2n=34$  e  $NF=60$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em 14 pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a pequenos e dois pares de cromossomos acrocêntricos. O cromossomo X é um metacêntrico médio e o cromossomo Y é um acrocêntrico pequeno (Figura 78a e b). O cariótipo com bandeamento-CBG do macho JAO1947 e da fêmea JAO1948 de *C. planirostris* mostrou poucas bandas heterocromáticas positivas, com blocos apenas na região intersticial do braço longo do quinto cromossomo, nos centrômeros dos sexto e décimo quarto pares, e blocos mais conspícuos ocupando a região pericentromérica dos 15º e 16º pares.

Os braços curtos dos cromossomos X e Y são totalmente heterocromáticos (Figura 78c). O cariótipo com FISH de sonda telomérica do macho JAO1947 mostrou apenas sinais nas extremidades cromossômicas de todos os cromossomos de todas as metáfases analisadas, inclusive nos cromossomos sexuais X e Y (Figura 78d).

Foram cariotipadas duas espécies de *Eumops*. O cariótipo com coloração convencional dos machos CRB2410 e CRB2450 de *Eumops hansae* Sanborn, 1932 mostrou  $2n=48$  e  $NF=58$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste de um par de cromossomos metacêntricos grandes e cinco pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos médios e 17 pares de cromossomos acrocêntricos, variando de médios a pequenos. O cromossomo sexual X é um metacêntrico médio e o cromossomo Y é um metacêntrico pequeno (Figura 79a). O cariótipo com FISH de sonda telomérica do macho CRB2410 mostrou sinais de hibridação das sequências teloméricas na região terminal de todos os cromossomos

de todas as metáfases analisadas, inclusive nos cromossomos sexuais X e Y. Houve variações na intensidade dos sinais entre os cromossomos (Figura 79b).

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea CRB2411 de *Eumops perotis* (Schinz, 1821) mostrou  $2n=48$  e  $NF=58$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste de um par de cromossomos metacêntricos grandes, cinco pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos médios e 17 pares de acrocêntricos, variando de médios a pequenos. O cromossomo sexual X é um metacêntrico médio (Figura 80).

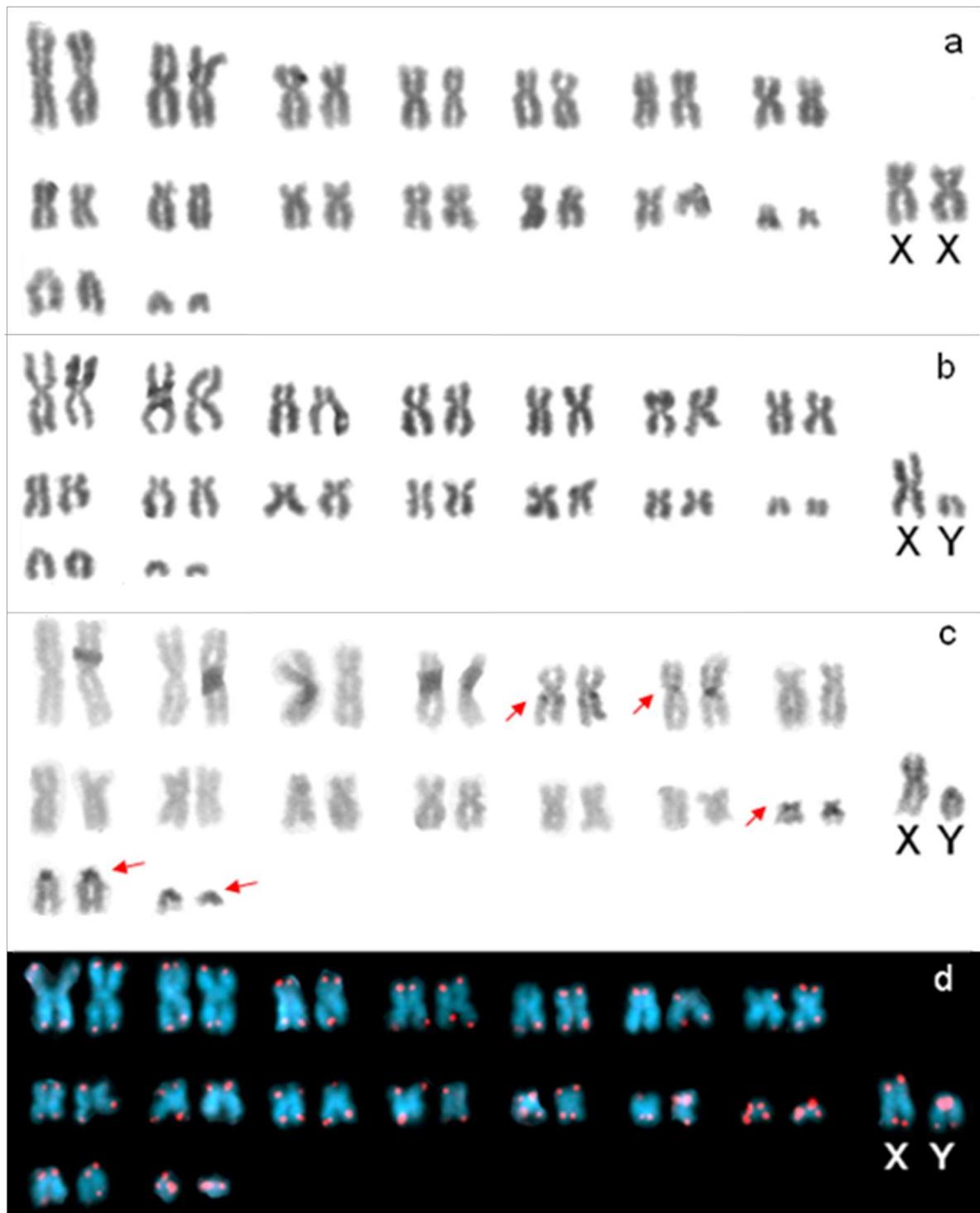


Figura 78 - Cariótipo de *Cynomops planirostris* com 2n=34 e NF=60, (a) fêmea JAO1948 com coloração convencional de Giemsa, macho JAO1947 (b) coloração convencional, (c) bandeamento CBG, (d) FISH de sonda telomérica. XX= par sexual feminino, XY = par sexual masculino.

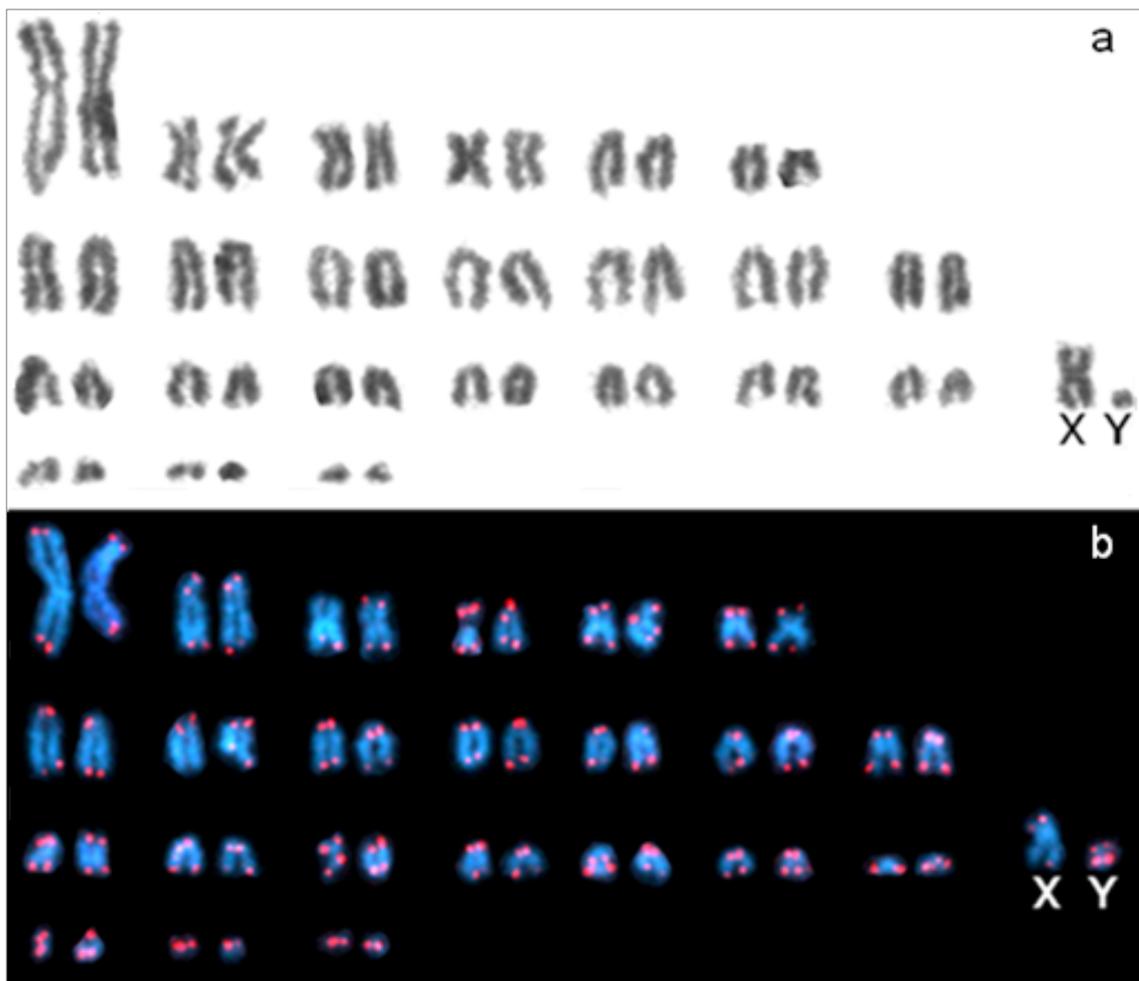


Figura 79 - Cariótipo de *Eumops hansae* macho CRB2410 com  $2n=48$  e  $NF=58$ , (a) coloração convencional de Giemsa, (b) FISH de sonda telomérica. XY= par sexual masculino.

Foi cariotipada uma espécie de *Molossus*. O cariótipo com coloração convencional das fêmeas CRB2028 e CRB2031 e dos machos CRB2030 e JAO1949 de *Molossus molossus* (Pallas, 1766) mostrou  $2n=48$  e  $NF=64$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em um par de cromossomos metacêntricos grandes, oito pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, variando de grandes a médios e 14 pares de acrocêntricos, variando de grandes a pequenos. O cromossomo X é um metacêntrico grande e o cromossomo Y um acrocêntrico pequeno (Figura 81a e b).

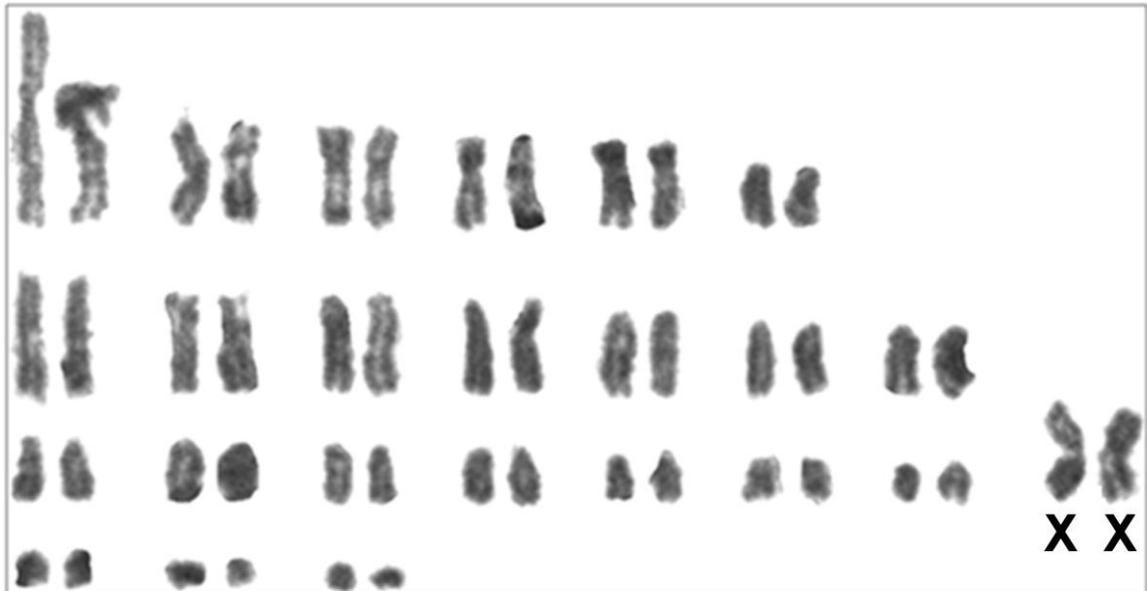


Figura 80 - Cariótipo de *Eumops perotis* fêmea CRB2411 com  $2n=48$  e  $NF=58$ , com coloração convencional de Giemsa. XX= par sexual feminino.

O cariótipo com bandeamento-CBG do macho JAO1949 de *M. molossus* mostrou bandas heterocromáticas pericentroméricas em todos os cromossomos autossomos e no cromossomo X. O cromossomo Y apresenta heterocromatina no braço longo (Figura 81c). O cariótipo com coloração de nitrato de prata do macho JAO1949 mostrou as Ag-RONs localizadas na região intersticial do braço longo do segundo maior par submetacêntrico (Figura 81d).

#### Família Vespertilionidae

Foram cariotipados três espécies de *Myotis*. O cariótipo com coloração convencional de Giemsa das fêmeas CRB2114, CRB2115 e CRB2116 de *Myotis albescens* (É. Geoffroy, 1806) mostrou  $2n=44$  e  $NF=52$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em cinco pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, três pares grandes, um par pequeno e o menor par de autossomos, e 17 pares de cromossomos acrocêntricos, variando de médios a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico médio (Figura 83).

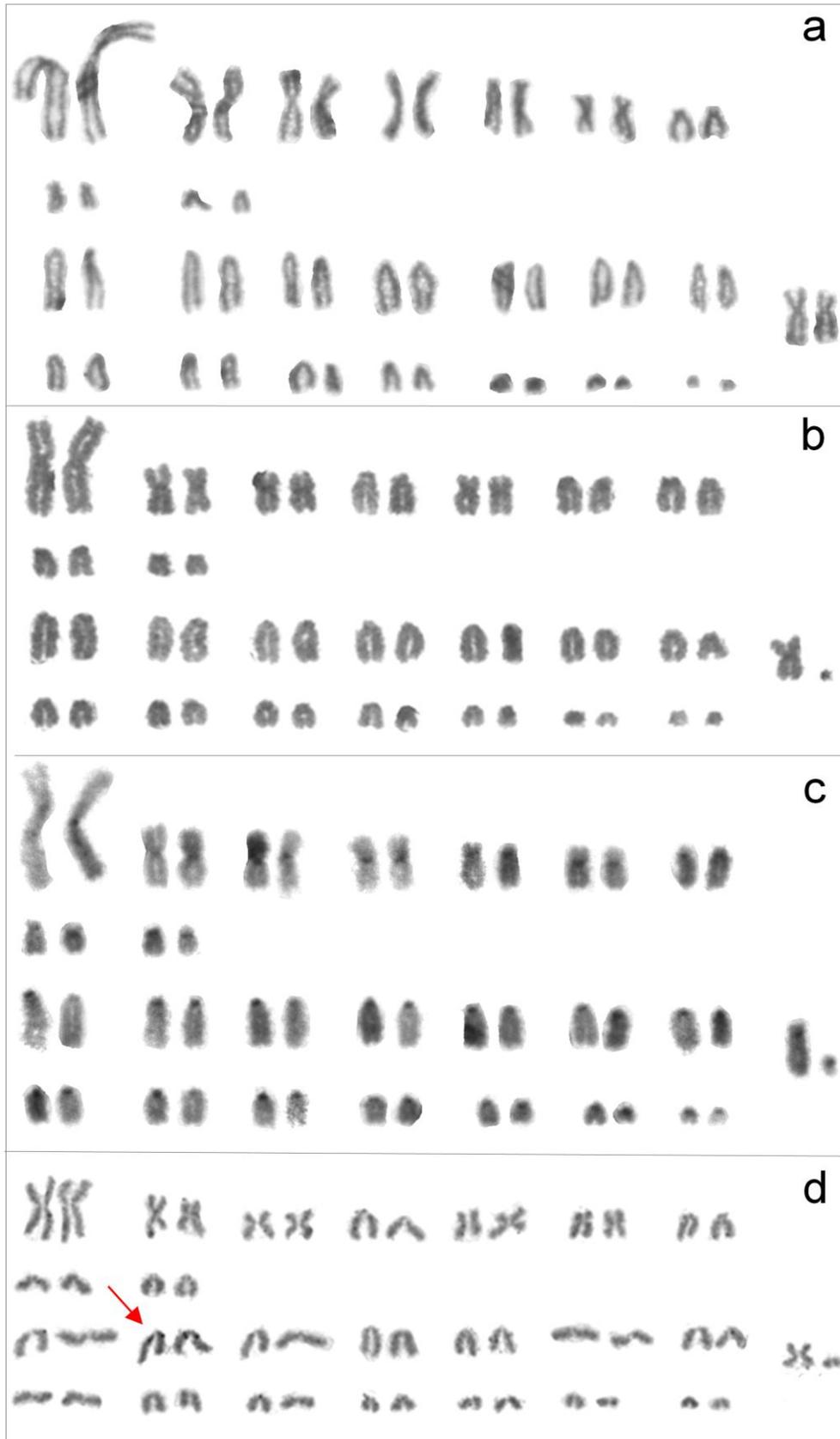


Figura 81 - Cariótipo de *Molossus molossus* com  $2n=48$  e  $NF=64$  com coloração convencional de Giemsa, (a) fêmea CRB2028 e (b) macho CRB2030, macho JAO1949 (c) bandeamento CBG, (d) marcação de Ag-RONs. XX= par sexual feminino, XY= par sexual masculino.

Tabela 32–Cariótipos de Molossidae. Número diploide (2n), número fundamental (NF), cromossomos sexuais X e Y, referências bibliográficas (Refs). Estados brasileiros: BA= Bahia, GO= Goiás, MG= Minas Gerais, PA= Pará, PE= Pernambuco, RJ= Rio de Janeiro, RS= Rio Grande do Sul, SP= São Paulo. 1= Baker (1970), 2= Toledo (1973); 3= Warner *et al.* (1974); 4= Varella-Garcia *et al.* (1989); 5= Morielle-Versute *et al.* (1996); 6= Finato *et al.* (2000); 7= Leite-Silva *et al.* (2003); 8= presente estudo.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
<i>Cynomops abrasus</i>	34	64	SM	-	<b>Brasil: SP</b>	5
<i>Cynomops abrasus</i>	34	60	A	SM	<b>Peru</b>	3
<i>Cynomops greenhalli</i>	34	60	A	SM	<b>Trinidad e Tobago</b>	1
<i>Cynomops greenhalli</i>	34	60	M	M	<b>Trinidad e Tobago, Costa Rica</b>	3
<i>Cynomops planirostris</i>	34	60	SM	A	<b>Brasil: PE, AM</b>	7, 8
<i>Eumops auripendulus</i>	42	62	M	A	<b>Brasil: RJ</b>	2
<i>Eumops auripendulus</i>	42	62	M	A	<b>Trinidad e Tobago</b>	3
<i>Eumops glaucinus</i>	40	64	SM	A	<b>Brasil: SP</b>	6
<i>Eumops glaucinus</i>	38	64	SM	M	<b>México</b>	3
<i>Eumops glaucinus</i>	38	64	A	M	<b>Colômbia, Costa Rica, Honduras</b>	3
<i>Eumops sp.</i>	48	56	M	-	<b>Brasil: SP</b>	2
<i>Eumops hansae</i>	48	58	M	M	<b>Brasil: AM</b>	8
<i>Eumops perotis</i>	48	54	M	A	<b>Brasil: RJ</b>	2
<i>Eumops perotis</i>	48	56	SM	A	<b>México</b>	1, 3
<i>Eumops perotis</i>	48	58	SM	A	<b>Brasil: SP</b>	6
<i>Eumops perotis</i>	48	58	M	-	<b>Brasil: AM</b>	8

Tab. 32 - Continuação

<b>Espécie</b>	<b>2n</b>	<b>NF</b>	<b>X</b>	<b>Y</b>	<b>Localidades</b>	<b>Refs</b>
<i>Molossus rufus</i>	48	64	SM	A	<b>Brasil: SP, PE</b>	5, 7
<i>Molossus rufus</i>	48	60	M	A	<b>Brasil: RJ, SP</b>	2
<i>Molossus rufus</i>	48	58	SM	A	<b>México, Trinidad e Tobago, Costa Rica</b>	3
<i>Molossus molossus</i>	48	56	SM	A	<b>Porto Rico, Brasil: PE, RS</b>	4
<i>Molossus molossus</i>	48	58	SM	A	<b>Trinidad e Tobago, Colômbia, Porto Rico, Peru, Nicarágua</b>	3
<i>Molossus molossus</i>	48	64	SM	A	<b>Brasil: SP, PE, AM</b>	5, 7, 8

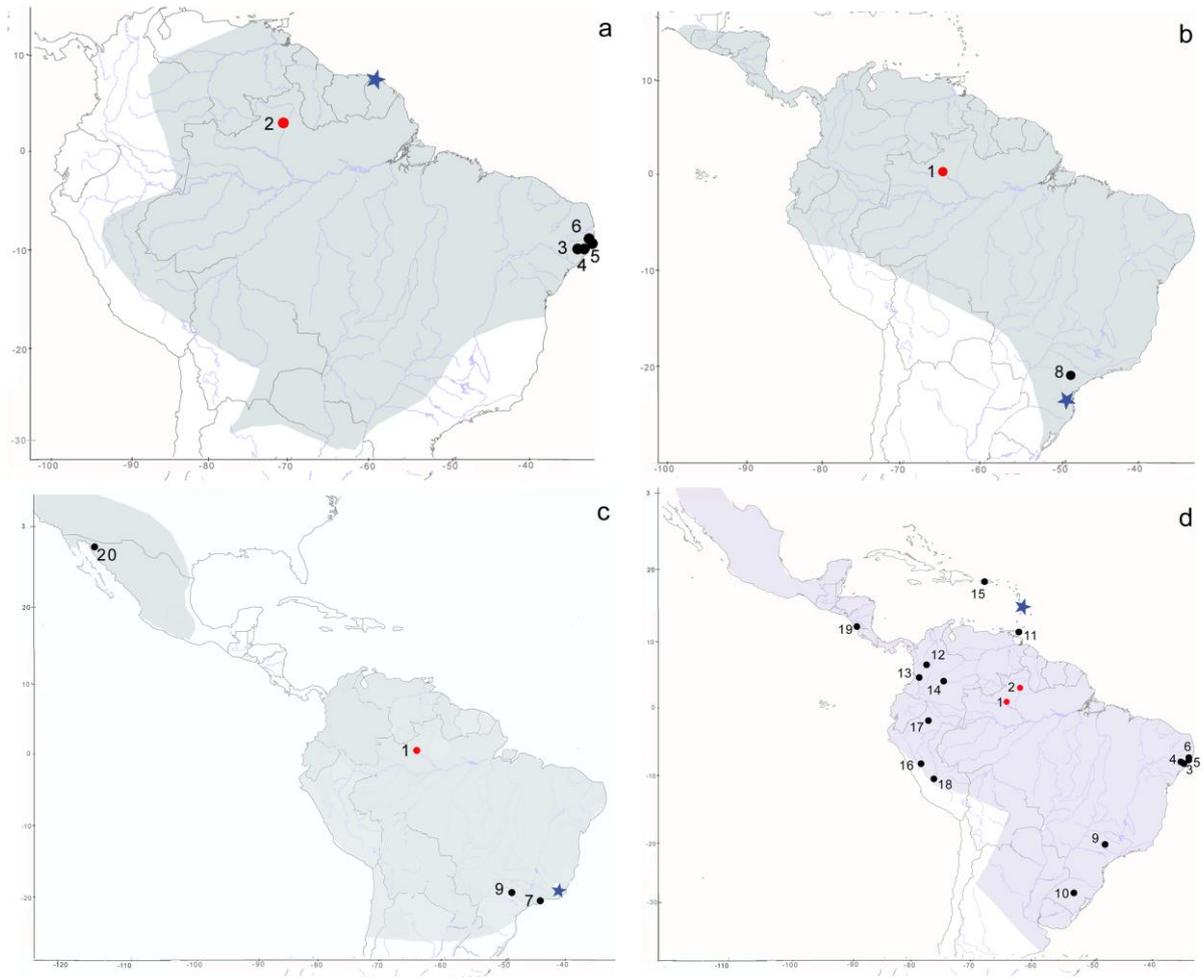


Figura 82 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Molossidae (a) *Cynomops planirostris* em Caiene, Guiana Francesa, (b) *Eumops hansae* com localidade-tipo na Colônia Hansa (Corupá), Santa Catarina, Brasil, (c) *Eumops perotis* com localidade-tipo em Campos dos Goitacazes, Rio de Janeiro, Brasil, (d) *Molossus molossus* com localidade-tipo em France, Martinica, Pequenas Antilhas. Distribuição baseada em (a) Eger (2007), (b) Best *et al.* (2001), (c) Best *et al.* (1996), (d) Eger (2007) e Fabian e Gregorin (2013). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos; Roraima (2) Caracaraí; Pernambuco (3) Rio Formoso, (4) Água Preta, (5) Camaragibe, (6) Itamaracá; Rio de Janeiro (7) Itaguaí; São Paulo (8) Itating, (9) São Paulo; (10) Rio Grande do Sul; (11) Trinidad e Tobago; Colômbia (12) Tolima, (13) Restrepo, (14) Puerto Lopez; (15) Porto Rico; Peru (16) Huánaco, (17) Loreto, (18) Ayacucho; Nicarágua (19) Rivas; México (20) Sonora.



Figura 83 – Cariótipo de *Myotis albescens* fêmea CRB2116 com  $2n=44$ ,  $NF=52$ , com coloração convencional de Giemsa. XX= par sexual feminino.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa da fêmea CRB2151 de *Myotis riparius* Handley, 1960 mostrou  $2n=44$  e  $NF=52$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em cinco pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, três pares grandes, um par pequeno e o menor par de autossomos, e 17 pares de cromossomos acrocêntricos, variando de médios a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico médio. (Figura 84).

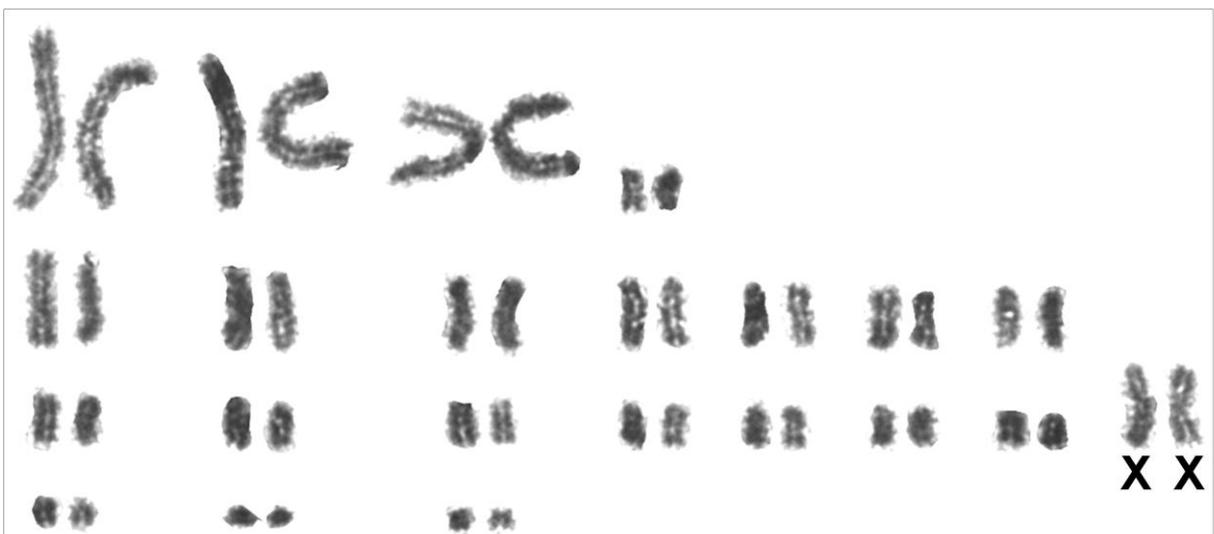


Figura 84 - Cariótipo de *Myotis riparius* fêmea CRB2151 com  $2n=44$  e  $NF=52$ , com coloração convencional de Giemsa. XX= cromossomo sexual X.

O cariótipo com coloração convencional de Giemsa do macho CRB2118 de *Myotis* sp. mostrou  $2n=44$  e  $NF=52$  (Tabela 14). O complemento cromossômico consiste em cinco pares de cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, três pares grandes, um par pequeno e o menor par de autossomos, e 17 pares de cromossomos acrocêntricos, variando de médios a pequenos. O cromossomo X é um submetacêntrico médio e o Y é um acrocêntrico pequeno (Figura 85a e b).

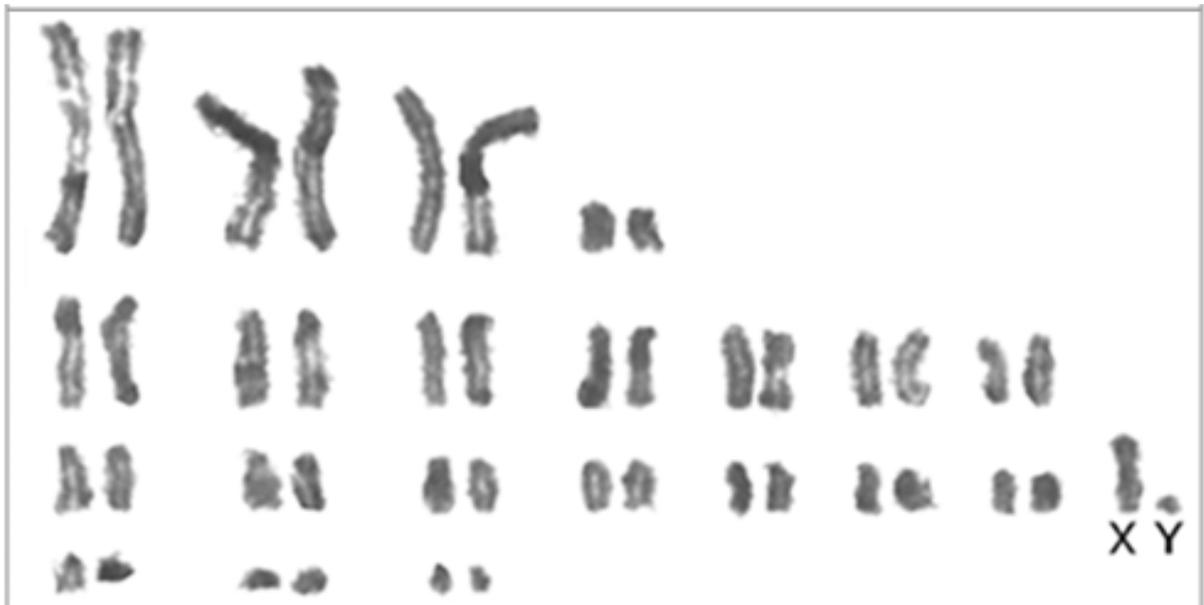


Figura 85- Cariótipo de *Myotis* sp. com  $2n=44$  e  $NF=52$ , macho CRB2118, com coloração convencional de Giemsa. XY= par sexual masculino.

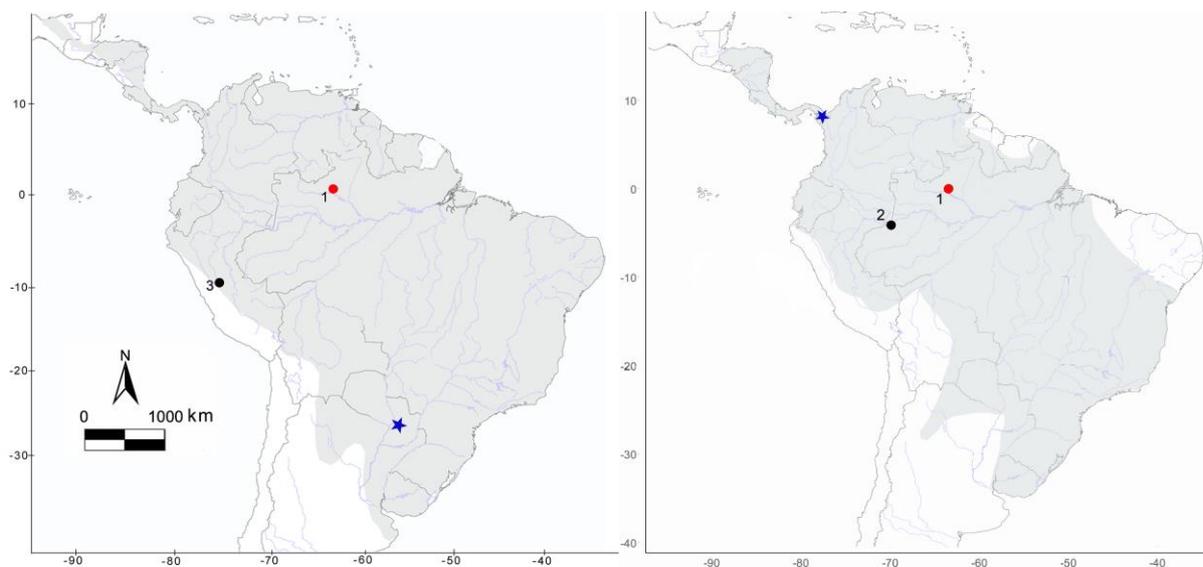


Figura 86 - Mapa com a distribuição geográfica em cinza claro, localidade-tipo (estrela azul) e localidades de coleta de espécimes cariotipados em estudos anteriores (pontos pretos), e nesse estudo (pontos vermelhos). Vespertilionidae (a) *Myotis albescens* com localidade-tipo em Yaguarón, Paraguari, Paraguai, (b) *Myotis riparius* com localidade-tipo no Rio Pueru, Villa Tacaruna, Darien, Panamá, Distribuições baseadas em (a) Braun *et al.* (2008), (b) Gardner (2007d). Brasil, Amazonas, (1) Barcelos, Colômbia (2) Leticia, Peru (3) Huánaco.

Tabela 33 – Cariótipos do gênero *Myotis*. Número diploide (2n), número fundamental (NF), cromossomos sexuais (X) e (Y), referências bibliográficas (Refs). Estados brasileiros: AM= Amazonas, RJ= Rio de Janeiro, SP= São Paulo. 1= Baker e Jordan (1970); 2= Toledo (1973); 3= Bickham (1979); 4= Bickham *et al.* (1986); 5= Varella-Garcia *et al.* (1989); 6= Tiranti (1996); 7= Moratelli (2003); 8= presente estudo.

Espécie	2n	NF	X	Y	Localidades	Refs
<i>Myotis albescens</i>	44	50	SM	-	<b>Peru</b>	4
<i>Myotis albescens</i>	44	52	SM	A	<b>Brasil: AM</b>	8
<i>Myotis dinelli</i>	44	50	SM	SM	<b>Argentina</b>	6
<i>Myotis levis</i>	44	50	SM	A	<b>Brasil: RJ</b>	7
<i>Myotis nigricans</i>	44	50	SM/M	SM/A	<b>Colômbia, Trinidad e Tobago, México, Brasil: RJ, SP</b>	1, 2, 3,5
<i>Myotis riparius</i>	44	50	SM	A	<b>Colômbia</b>	1
<i>Myotis riparius</i>	44	52	SM	A	<b>Brasil: AM</b>	8
<i>Myotis ruber</i>	44	50	M	A	<b>Brasil: RJ</b>	7
<i>Myotis simus</i>	44	50	SM	A	<b>Colômbia</b>	1
<i>Myotis sp.</i>	44	52	SM	A	<b>Brasil: AM</b>	8

#### **3.4.4 Discussão**

##### Família Emballonuridae

O gênero *Saccopteryx* Illiger, 1811 possui cinco espécies, quatro ocorrendo no Brasil, *Saccopteryx bilineata*, *Saccopteryx leptura*, *Saccopteryx canescens* e *Saccopteryx gymnura*, das quais somente a última não possui cariótipo descrito (Tabela 15). Aqui é descrito um novo cariomorfotipo de um espécime jovem identificado como *Saccopteryx* sp., com  $2n=44$  e  $NF=60$ . Este cariótipo é diferente de todos os descritos para o gênero que possuem número diploide variando de 24 a 28, sendo o  $2n=44$ , aqui encontrado, o mais alto já descrito para a família (Tabela 15). O padrão de bandeamento-CBG em *Saccopteryx* sp., com bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, foi similar ao descrito para outras espécies do gênero e o mais comum em quirópteros (Hood e Baker, 1986). Infelizmente não foi possível a obtenção de bandas-GTG para comparação mais detalhada com os representantes do gênero. Indivíduos de *S. bilineatae* de *S. leptura* foram coletados em localidades dos rios Curuduri e Padauari, na margem esquerda do rio Negro, muito próximas da localidade onde foi coletado o espécime com  $2n=44$  e  $NF=60$ , no centro da cidade, na margem direita do rio Negro, todas no município de Barcelos (Tabela 14). Estas espécies apresentaram cariótipos  $2n=26$  e  $NF=36$ , e  $2n=28$  e  $NF=38$ , respectivamente, similares aos já descritos na literatura para outras localidades na América do Sul (Baker, 1970; Baker e Jordan, 1970; Hood e Baker, 1986; Tabela 16; Figura 27a e b). O padrão de bandas-CBG pericentroméricas em todos os cromossomos de *S. bilineata* foi similar ao encontrado em um indivíduo do Suriname (Hood e Baker, 1986). As Ag-RONs, descritas pela primeira vez neste trabalho, localizadas intersticialmente no braço longo do segundo maior par de cromossomos de dois braços, foi coincidente com a constrição secundária também observada nos trabalhos anteriores para *S. bilineata*

e *S. leptura* (Baker, 1970; Baker e Jordan, 1970). Os números cromossômicos encontrados nas três espécies estudadas até o momento, *S. bilineata*, *S. leptura* e *S. canescens* (Tabela 15), sugerem que a evolução cromossômica no gênero pode ter ocorrido por rearranjos do tipo fissões/fusões cêntricas, entre outros (Hood e Baker, 1986).

*Rhynchonycteris naso* é uma espécie monotípica e é encontrada desde Vera Cruz, no México, passando pelo Peru, Bolívia, Guianas, Suriname, Trinidad e Tobago, até o sudeste do Brasil (Hood e Gardner, 2008; Peracchi e Nogueira, 2007). Os espécimes de *R. naso* do Amazonas, aqui estudados, apresentaram  $2n=22$  e  $NF=36$ , similar aos descritos para Trinidad e Tobago, Venezuela e Suriname (Baker e Jordan, 1970; Hood e Baker, 1986; Tabela 15; Figura 27c). Neste trabalho, as Ag-RONs foram descritas pela primeira vez para a espécie, e foram coincidentes com a constrição secundária, também observada nos estudos anteriores para a espécie e da mesma forma que em *S. bilineata* (Baker, 1970; Baker e Jordan, 1970; presente estudo). Embora estudos com bandas-GTG tenham mostrado poucas homologias entre *R. naso* e *S. canescens* (Hood e Baker, 1986), a mesma localização das Ag-RONs para as duas espécies e, possivelmente para as outras espécies de *Saccopteryx*, já que constrições secundárias foram observadas em outros estudos (Baker e Jordan, 1970; Hood e Baker, 1986), corroboram estudos filogenéticos que mostram os dois gêneros como grupos-irmãos (Lim, 2007; Lim *et al.*, 2008).

Os cariótipos das espécies de *Saccopteryx*, aqui estudadas, foram os primeiros reportados para a Amazônia brasileira, e se mostraram semelhantes aos descritos anteriormente para outras localidades da região Neotropical, mostrando que, apesar da ampla distribuição geográfica de *S. bilineata*, *S. leptura* e *R. naso*, existe uma alta conservação cromossômica intraespecífica (Figura 27d). Entretanto, um novo cariótipo foi encontrado para o gênero *Saccopteryx*, com valores altos de

2n e NF, tendo evoluído provavelmente por vários rearranjos, o que indica se tratar de um cariótipo de outra espécie.

#### Família Phyllostomidae, Subfamília Desmodontinae

Esta subfamília possui três espécies hematófagas, *Diaemus youngi*, *Diphylla ecaudata* e *Desmodus rotundus*, amplamente distribuídas desde o México até a América do Sul. Todas ocorrem no Brasil e são as únicas espécies hematófagas da ordem Chiroptera (Simmons, 2005; Aguiar, 2007). Os cariótipos de *D. youngi* e *D. ecaudata* são iguais (2n=32 e NF=60) e diferentes de *D. rotundus* (2n=28 e NF=52; Tabela 16). Os espécimes de *D. rotundus* do Amazonas e do Pará, aqui analisados, apresentaram o mesmo cariótipo (2n=28 e NF=52) e a mesma composição cariotípica descrita para exemplares do México, Vera Cruz e Morelos e do Brasil, estados de São Paulo, Bahia, Rio de Janeiro (Itaguaí), Pernambuco (Água Preta, São Luis da Mata e Toritama) e Pará (Yonenaga *et al.*, 1969; Toledo, 1973; Cadena e Baker, 1976; Souza, 1985; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Tabela 16; Figura 27d).

Nos exemplares aqui estudados foi observada uma constrição secundária localizada na região intersticial do braço longo do oitavo par cromossômico, como descrita por outros autores (Yonenaga *et al.*, 1969; Baker, 1970; Cadena e Baker, 1976). Esta constrição é coincidente com as Ag-RONs em indivíduos de São Paulo e se apresentou positiva para coloração com o fluorocromo base-específico cromomicina A<sub>3</sub>(CMA<sub>3</sub>) em indivíduos de Pernambuco, indicando que esta é uma região rica em GC e a marcação com sondas ribossômicas (FISH) confirmaram esta localização e a atividade das RONS (Morielle e Varella-Garcia, 1988; Santos *et al.*, 2001). As análises do bandeamento-CBG em *D. rotundus*, neste estudo, mostraram bandas heterocromáticas pericentroméricas em todos os autossomos, inclusive no cromossomo X, padrão muito semelhante ao encontrado em espécimes de Pernambuco, tanto com bandeamento-CBG, quanto com coloração CB-DAPI

(Santos *et al.*, 2001), porém diferente da encontrada em indivíduos de São Paulo, que mostrou blocos insterciais em alguns autossomos (Varella-Garcia *et al.*, 1989), sugerindo que estas diferenças podem ser devido a uma variação populacional (Santos *et al.*, 2001). Estudos filogeográficos de *D. rotundus* com o *mt-Cytb* mostraram uma forte estruturação geográfica de acordo com os domínios morfoclimáticos brasileiros, com cinco clados reciprocamente monofiléticos e uma clara divisão leste/oeste na América do Sul (Martins *et al.*, 2009). Embora os resultados aqui encontrados confirmem uma estabilidade cariotípica para a espécie, a pequena diferença no padrão de bandeamento-CBG, indicando um polimorfismo entre populações do norte e nordeste em relação ao sudeste, sugere que pode haver uma diferenciação populacional.

#### Família Phyllostomidae, Subfamília Phyllostominae

*Chrotopterus auritus* é um morcego de grande porte, o segundo maior do Novo Mundo, perdendo apenas para a espécie *Vampyrum spectrum* (Nogueira *et al.*, 2007). Ocorre desde o México (localidade-tipo), através da América do Sul até o norte da Argentina (Simmons, 2005). O cariótipo do espécime de *Chrotopterus auritus* do Amazonas, aqui estudado mostrou  $2n=28$  e  $NF=52$ , similar ao descrito para indivíduos do Suriname, em Nickerie e Brokopondo, e do Brasil, no estado de São Paulo (São José do Rio Preto e Jacupiranga; Yonenaga, 1969; Toledo, 1973; Honeycutt *et al.*, 1980; Morielle-Versute *et al.*, 1992; Tabela 17; Figura 32a). No exemplar aqui estudado foi observada uma constrição secundária no braço longo do terceiro par cromossômico, semelhante ao encontrado em indivíduos de São Paulo (Yonenaga, 1969; Toledo, 1973; Morielle-Versute *et al.*, 1992). O cariótipo com bandeamento-CBG e com marcações das Ag-RONs mostrou padrão semelhante ao encontrado em indivíduos de São Paulo (Morielle-Versute *et al.*, 1992). Os

resultados aqui obtidos mostram que o cariótipo de *C. auritus*, apesar de sua ampla distribuição geográfica, é conservado sob o ponto de vista citogenético (Figura 32a).

O gênero *Lophostoma* d'Orbigny, 1836 possui nove espécies (Velazco e Cadenillas, 2011; Velazco e Gardner, 2012), incluindo a espécie *silvicola* que até 2002 era considerada do gênero *Tonatia*. Estudos com sequências de genes mitocondriais, associados a estudos imunológicos, cariotípicos e com aloenzimas, mudaram todas as espécies de *Tonatia*, exceto *T. bidens* e *T. saurophylla*, para o gênero *Lophostoma* (Lee *et al.*, 2002). *Lophostoma silvicola* é uma das espécies com maior distribuição geográfica do gênero, ocorrendo de Honduras até o sul da Bolívia, maior parte do Brasil indo até o nordeste da Argentina (Simmons, 2005; Williams e Genoways, 2007). O cariótipo dos indivíduos de *L. silvicola* do Amazonas mostrou  $2n=34$  e  $NF=60$ , similar ao encontrado em indivíduos do Peru (Loreto), Suriname (Saramacca, Brokopondo, Bitagron e Nickerie), Costa Rica (Puntarenas, Rincon de Osa) e Brasil, Pará, Amazonas e Mato Grosso, (Gardner, 1977; Honeycutt *et al.* 1980; Genoways e Williams, 1980; Tucker e Bickham, 1986; Ribas *et al.*, 2015; Tabela 18; Figura 32b).

Entretanto, o cariótipo com bandeamento-CBG mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, inclusive no cromossomo X, diferente do encontrado nos indivíduos do Pará, Amazonas e Mato Grosso (Ribas *et al.*, 2015), onde o braço longo do par número 15 também se mostrou heterocromático. Estudos filogenéticos com o *mt-Cytb* indicam que *L. silvicola* é um complexo de espécies, e que mais estudos com amostras maiores e mais marcadores moleculares são necessários para esclarecer as relações entre os três clados encontrados para a espécie (Velazco e Cadenillas, 2011). Os resultados aqui encontrados para *L. silvicola* diferem apenas na quantidade de heterocromatina do par número 15 das amostras de diferentes localidades do Brasil, no entanto, como

ainda são poucos os estudos com bandeamentos, essas diferenças devem ser investigadas a fim de auxiliar no entendimento das relações filogenéticas desta espécie.

*Mimon crenulatum* se distribui do México até as Guianas, passando pela Bolívia, Equador, Leste do Peru e leste do Brasil, além de Trinidad e Tobago (Simmons, 2005; Williams e Genoways, 2007; Nogueira *et al.*, 2007). O cariótipo de *M. crenulatum* da Amazonia brasileira, aqui mostrado pela primeira vez, possui  $2n=32$  e  $NF=60$ , similar aos encontrados em espécimes de Trinidad e Tobago (San Rafael, Las Cuevas, Caura Valley e Blanchisseuse), Colômbia (Leticia), Peru (Loreto), Suriname (Commenwijne e Brokopondo), Equador e Brasil, estado de Pernambuco (Baker e Hsu, 1970; Baker *et al.*, 1972; Baker, 1979; Honeycutt *et al.*, 1980; Ribaset *al.*, 2015; Tabela 18; Figura 32c). No indivíduo aqui estudado foi observado um heteromorfismo no 5º par cromossômico tipo submetacêntrico/metacêntrico, diferente do encontrado em indivíduos de Trinidad e Tobago, Colômbia, Peru e Equador, com submetacêntrico/submetacêntrico, submetacêntrico/acrocêntrico, ou acrocêntrico/acrocêntrico (Baker *et al.*, 1972; Ribaset *al.*, 2015). Esse padrão é semelhante ao encontrado para outra espécie do gênero, *Mimon bennettii* que apresentou polimorfismo no par 7 em espécimes do Suriname (Baker *et al.*, 1981a).

*Phylloderma* Peters, 1865 é um gênero monotípico e ocorre do sul do México até a América do Sul na Bolívia, Peru até o sudeste do Brasil (Simmons, 2005; Williams e Genoways, 2007). O cariótipo aqui encontrado para espécimes do Amazonas de *Phylloderma stenops* foi similar ao descrito para indivíduos do Suriname (Saramacca, Brokopondo), Trinidad e Tobago, Colômbia, e Brasil no estado de Pernambuco com  $2n=32$  e  $NF=58$  (Baker, 1973; Baker e Hsu, 1970; Baker, 1979; Honeycutt *et al.*, 1980; Santos *et al.*, 2002; Tabela 17; Figura 32d),

mostrando que o complemento cromossômico desta espécie é conservado apesar de sua ampla distribuição. O bandeamento-CBG foi aqui descrito pela primeira vez para a espécie e mostrou blocos heterocromáticos na região pericentromérica de todos os cromossomos, inclusive no cromossomo X.

O gênero *Phyllostomus* Lacépède, 1799, se distribui do México ao sul do Brasil e possui quatro espécies descritas, *P. discolor*, *P. elongatus*, *P. hastatus* e *Phyllostomus latifolius*, todas ocorrendo no Brasil (Simmons, 2005; Fregonezi *et al.*, 2013). Todas possuem cariótipos descritos, sendo o de *P. latifolius* com  $2n=32$  e  $NF=58$  descrito para o Suriname (Honeycutt *et al.*, 1980), o único aqui não estudado. O cariótipo de *P. discolor* do Amazonas, aqui estudado, com  $2n=32$  e  $NF=60$  foi similar ao descrito para indivíduos do México, El Salvador, Trinidad e Tobago, Venezuela e Brasil nos estados de São Paulo, Bahia (Itajibá), Pernambuco, Minas Gerais, Pará, Amazonas e Mato Grosso (Baker, 1967; Hsu *et al.*, 1968; Kiblisky, 1969; Yonenaga *et al.*, 1969; Baker e Hsu, 1970; Toledo, 1973; Paton e Baker, 1978; Baker, 1979; Souza, 1985; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Rodrigues *et al.*, 2000; Ribas *et al.*, 2015; Tabela 17; Figura 39c). O cariótipo aqui encontrado para *P. elongatus* do Amazonas com  $2n=32$  e  $NF=58$ , é similar ao encontrado para espécimes da Colômbia e do Brasil, no estado de Pernambuco (Baker, 1979; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Santos *et al.*, 2002; Tabela 17; Figura 39b). O cariótipo de *P. hastatus* do Amazonas e de Roraima aqui estudado, com  $2n=32$  e  $NF=58$ , foi similar ao descrito para espécimes de Trinidad e Tobago, Venezuela e Brasil, nos estados de São Paulo, Bahia, Rio de Janeiro, Pernambuco, Minas Gerais e Pará (Baker e Hsu, 1970; Toledo, 1973; Baker, 1979; Kiblisky, 1969; Yonenaga *et al.*, 1969; Souza, 1985; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Rodrigues *et al.*, 2000; Tabela 17; Figura 39a). O cariótipo de *P. hastatus* com bandeamento-CBG mostrando bandas de heterocromatina na região pericentromérica de todos os

cromossomos e as marcações de Ag-RONs no braço curto do 15<sup>o</sup> par de autossomos foi similar ao já descritos para os indivíduos do Pará (Rodrigues *et al.*, 2000). Os resultados aqui encontrados para as três espécies de *Phyllostomus* confirmam a conservação cariotípica do gênero (Tabela 17).

Os gêneros *Phyllostomus*, *Phylloderma*, *Lophostoma*, *Mimon* e *Tonatia*, constituem a tribo Phyllostomini (Baker *et al.*, 2003). Alguns autores incluíram *Phylloderma stenops* no gênero *Phyllostomus* (*Phyllostomus stenops*) baseados em dados cariológicos e moleculares (*mt-Cytb* incompleto; Baker, 1988; Van Den Bussche e Baker, 1993), o que não foi aceito por outros autores (Baker *et al.*, 2003; Wetterer *et al.*, 2000). *Phylloderma stenops*, *Phyllostomus hastatus*, *Phyllostomus elongatus*, *Phyllostomus latifolius*, *Phyllostomus discolor*, e *M. crenulatum* compartilham o mesmo  $2n=32$  e  $NF=58$ , exceto as duas últimas com  $NF=60$ . Foi sugerido que esta diferença ocorre por uma inversão pericêntrica no par 15, que em *M. crenulatum* e *P. discolor* é metacêntrico e nas outras quatro primeiras espécies é acrocêntrico (Patton e Baker, 1978; Baker, 1979; Honeycutt *et al.*, 1980; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Varella-Garcia *et al.*, 1989, este estudo). As Ag-RONs de *Phylloderma stenops*, *Phyllostomus hastatus*, *Phyllostomus elongatus*, *Phyllostomus discolor* e *M. crenulatum* localizam-se na porção distal do par número 15, sugerindo que apesar da inversão pericêntrica a localização dos sítios ribossômicos não foi afetada pelo rearranjo (Morielle e Varella-Garcia *et al.*, 1988; Rodrigues *et al.*, 2000; Santos *et al.*, 2002). Estudos prévios sugeriram que a condição metacêntrica do cromossomo 15 seria plesiomórfica dentro do clado *Phyllostomus*, *Phylloderma* e *Mimon* (Rodrigues *et al.*, 2000), mas estudos com genes mitocondriais e nucleares mostraram *Phylloderma* agrupado com *Mimon* em um clado separado de *Phyllostomus* (Hoffmman *et al.*, 2008) e estudos de pintura cromossômica mostraram que a condição metacêntrica é autapomórfica em *P. discolor* indicando

que ou as duas formas do par 15 não são relacionadas e se fixaram ao acaso nos diferentes ramos, o que caracterizaria uma hemiplasia, ou a condição metacêntrica evoluiu várias vezes no grupo (Ribas *et al.*, 2015).

As análises filogenéticas do gênero *Phyllostomus* com marcadores mitocondriais aqui realizadas confirmam seu monofiletismo e o das espécies *P. discolor*, *P. elongatus* e *P. hastatus*. Nessa análise *P. discolor* é grupo-irmão do clado com *P. elongatus* e *P. hastatus*, com altos valores de suporte (bootstrap 84,7%, pp 0,99). As análises mostraram que *Phyllostomus* é grupo-irmão do clado formado por *Mimon* e *Phylloderma* e a média das estimativas de distância genética (k-2p) entre *Phyllostomus* e *Phylloderma* foi 16,6%, enquanto a média intragenérica de *Phyllostomus* foi 8,35%, corroborando estudos anteriores com genes nucleares e mitocondriais (Hoffmann *et al.*, 2008), e refutando a hipótese de que *Phylloderma* estaria dentro de *Phyllostomus*, apresentando probabilidade posterior de 0,76, porém baixo valor de bootstrap (Honeycutt e Sarich, 1987; Van Den Bussche e Baker, 1993; Baker, 1988; Rodrigues *et al.*, 2003). As análises de *P. discolor* com o *mt-Cytb* com amostras de Pernambuco e Paraíba mostraram que esta espécie se divide em dois clados bem suportados, com uma média de distância intraespecífica de 4,74%. A análise de MJ recuperou esta topologia com 43 substituições nucleotídicas separando os dois clados. Este número é alto, embora não haja nenhum vetor médio entre os dois clados. Duas amostras de Araruna, na Paraíba ficaram separadas em todas as análises, o que sugere que estas duas linhagens de *P. discolor* encontradas em simpatria, são evolutivamente divergentes. Ainda não foi possível analisar o crânio e a pele destes animais, mas esta análise morfológica será realizada para comparação com os resultados filogenéticos.

O gênero *Trinycteris* Sanborn, 1949 foi recentemente reconhecido como válido, sendo *nicefori* anteriormente alocado dentro de *Micronycteris* (Wetterer *et al.*,

2000). Esta espécie se distribui de Chiapas, no México, através de Belize, Costa Rica e Panamá, e na América do Sul, Venezuela, Colômbia, Peru, Bolívia, Guianas, Suriname, Trinidad e Tobago, e no Brasil até o sudeste (Rocha *et al.*, 2013). O cariótipo de *Trinycteris nicefori* de Barcelos mostrou  $2n=28$  e  $NF=52$ , similar aos cariótipos descritos para indivíduos do Suriname (Comennwijne e Brokopondo) e de Trinidad e Tobago (Guayaguayre; Patton e Baker, 1978; Baker, 1979; Honeycutt *et al.*, 1980; Tabela 17; Figura 35a). No cariótipo aqui estudado o cromossomo sexual X é um metacêntrico grande, diferente dos indivíduos das demais localidades que apresentaram este cromossomo submetacêntrico ou metacêntrico de tamanho médio. Essa diferença pode ser devido à adição ou deleção de heterocromatina entre a população do Amazonas e as de Trinidad e Tobago e do Suriname. Somente mais estudos com bandeamento cromossômico poderão esclarecer esta questão.

A espécie *Trachops cirrhosus* é monotípica e se distribui de Oaxaca, no México, ao sudeste do Brasil passando pela Bolívia, Equador, Peru, Colômbia, Venezuela, Guianas e Trinidad e Tobago (Simmons, 2005; Williams e Gardner, 2008; Sousa *et al.*, 2013). Os cariótipos dos indivíduos de *Trachops cirrhosus* de Barcelos mostraram  $2n=30$  e  $NF=56$ , similar ao descrito para indivíduos do México (Chiapas), Suriname (Nickerie), Trinidad e Tobago e Brasil, em Toritama e Rio Formoso, no estado de Pernambuco (Baker, 1967; Hsu *et al.*, 1968; Baker e Hsu, 1970; Baker, 1979; Santos *et al.*, 2002; Barros *et al.*, 2009; Tabela 17; Figura 35b). Nos indivíduos aqui estudados, o cromossomo sexual X é um submetacêntrico, como nos espécimes do México, Suriname e Trinidad e Tobago (Baker, 1967; Hsu *et al.*, 1968; Baker e Hsu, 1970; Baker, 1979), mas diferente dos exemplares de Pernambuco onde o cromossomo X é um acrocêntrico (Barros *et al.*, 2009). O cariótipo com bandeamento-CBG, aqui estudado, mostrou bandas pericentroméricas em todos os cromossomos e, adicionalmente, em todo o braço curto e na região

proximal do centrômero do cromossomo X. Estes resultados diferem dos encontrados nos indivíduos de Pernambuco que apresentaram bandas pericentroméricas em todos os autossomos e no cromossomo X acrocêntrico. Neste caso, fica claro que a diferença na forma do cromossomo X entre as duas populações é devido à adição ou deleção de heterocromatina constitutiva e não a uma inversão pericêntrica como sugerido anteriormente por Barros *et al.* (2009). As Ag-RONs foram marcadas na região intersticial do braço longo do 11<sup>o</sup> par cromossômico, coincidente com a constrição secundária, da mesma forma que nos cariótipos de indivíduos de Pernambuco (Santos *et al.*, 2002; Barros *et al.*, 2009).

#### Família Phyllostomidae, Subfamília Carolliinae

O gênero *Carollia* Gray, 1838 possui três espécies ocorrendo no Brasil, *Carollia benkeithi*, *Carollia brevicauda* e *Carollia perspicillata*. O cariótipo de *C. perspicillata* do Amazonas e de Roraima encontrado neste estudo em 23 exemplares mostrou  $2n=20/21$  e  $NF=36$ , o mesmo descrito para espécimes do México, Colômbia, Trinidad e Tobago, Costa Rica, Venezuela e Brasil, nos estados de São Paulo, Rio de Janeiro, Bahia, Pernambuco e Pará (Baker, 1967; Hsu *et al.*, 1968; Kiblicki, 1969; Yonenaga, 1969; Baker e Hsu, 1970; Baker e Bleier, 1971; Toledo, 1973; Stock, 1975; Varella-Garcia *et al.*, 1988; Tucker e Bickham, 1989; Santos e Souza, 1998; Noronha *et al.*, 2004; Garcia *et al.*, 2010; Tabela 20; Figura 46b). A diferença entre os números diploides de machos e fêmeas em *C. perspicillata* é devido a uma translocação entre um autossomo e o cromossomo sexual X, dando origem a um sistema de cromossomos sexuais múltiplos do tipo  $XX/XY_1Y_2$  (Hsu *et al.*, 1968; Tucker e Bickham, 1989). O bandeamento-CBG aqui observado é similar ao descrito para espécimes de *C. perspicillata* da Costa Rica, mas um pouco diferente do encontrado em indivíduos de Angra dos Reis, no Rio de Janeiro (Tucker e Bickham, 1989; Garcia *et al.*, 2010; Tabela 20). Outras espécies de quirópteros,

estudadas na mesma localidade no Rio de Janeiro, também apresentaram diferenças no bandeamento-CBG, indicando que pode estar havendo influência da Central Nuclear Almirante Álvaro Alberto nesta população (Garcia *et al.*, 2010). As Ag-RONs de *C. perspicillata* do Amazonas estão localizadas na região intersticial do braço longo do cromossomo X e são coincidentes com as constrições secundárias descritas anteriormente para espécimes brasileiros do Pará, Pernambuco e Rio de Janeiro (Santos e Souza, 1998; Noronha *et al.*, 2004; Garcia *et al.*, 2010; Tabela 20). Estas regiões estão localizadas provavelmente, onde houve a fusão entre o cromossomo X original e o autossomo, dando origem ao novo cromossomo X (Noronha *et al.*, 2004). Os indivíduos de *C. brevicauda* do Amazonas aqui estudados mostraram  $2n=21$  e  $NF=36$ , similar ao descritos para espécimes do Peru e do Brasil no estado do Pará (Stock, 1975; Pieckarza, 2005; Tabela 20; Figura 46a). O bandeamento-CBG de *C. brevicauda*, aqui observado, é similar ao descrito para espécimes do Peru e do Brasil, no Pará (Stock, 1975; Santos e Souza, 1998; Tabela 20), e as Ag-RONs são similares às descritas para espécimes do Pará (Pieckarza, 2005; Tabela 20). Neste estudo, a hibridação com a sonda telomérica (FISH) de *C. brevicauda* forneceu resultados similares aos de *C. perspicillata* estudadas anteriormente (Calixto *et al.*, 2014). Nas duas espécies as marcações teloméricas foram pequenas, e as regiões não-teloméricas hibridadas correspondem a regiões heterocromáticas centroméricas e pericentroméricas mais conspícuas. As marcações pericentroméricas podem ser remascentes de fusões cêntricas que ocorreram ao longo da evolução cromossômica do gênero (Calixto *et al.*, 2014). A ausência de sinais terminais em *Carollia perspicillata* pode ser resultado do pequeno número de cópias de sequências teloméricas.

As espécies de *Carollia* apresentam um cariótipo modificado em relação a outros cariótipos da família, pois possuem valores de  $2n$  e  $NF$  reduzidos e seus

padrões de bandas-GTG não mostram homologias com os cariótipos das espécies relacionadas (Baker *et al.*, 1979). Além disso, todas as espécies do gênero, exceto *C. benkeithi*, possuem sistema de cromossomos sexuais múltiplos do tipo XX/XY<sub>1</sub>Y<sub>2</sub> (Tucker e Bickham, 1989). Os resultados cariológicos, aqui encontrados, para as duas espécies confirmaram os resultados anteriores (Tabela 20).

As análises filogenéticas de *Carollia* com o *mt-Cytb* e o *mt-Co1* corroboraram, estudos anteriores mostrando o monofiletismo do gênero e das espécies *C. perspicillata* e *C. brevicauda*, espécies-irmãs e as mais derivadas, com altos valores de suporte (Hoffmann e Baker, 2003; Pavan *et al.*, 2011; Velazco, 2013). Os resultados com o *mt-Cytb*, aqui obtidos para *C. perspicillata*, corroboraram achados anteriores, cujos espécimes se agruparam em dois grandes clados, um com haplótipos da Mata Atlântica e outro com haplótipos de várias regiões ao longo da distribuição da espécie, inclusive do sudeste do Brasil (Hoffmann e Baker, 2003; Pavan *et al.*, 2011; Velazco, 2013). Análises de coalescência indicam que a linhagem do sudeste sofreu uma diversificação mais recente e que *C. perspicillata* teve origem na Amazônia (Pavan *et al.*, 2011).

Em *C. brevicauda* foram também observados dois grandes clados, um contendo amostras da Amazônia e outro com amostras do nordeste até o sul do Brasil, com haplótipos de Santa Isabel do Rio Negro nos dois clados. Estes resultados corroboraram estudos filogeográficos anteriores com o *mt-Cytb*, que sugerem a ocorrência de um isolamento e divergência das linhagens, com posterior contato das duas populações (contato secundário; Pavan *et al.*, 2011). Já os resultados com o *mt-Co1* não foram esclarecedores, pois a análise de MV não apresentou suporte para o clado de *C. perspicillata* e de IB não mostrou sinal filogenético para esclarecer as relações intragenéricas das duas espécies.

Estas análises também se mostraram úteis na identificação das espécies, já que quatro amostras, previamente identificadas como *C. perspicillata*, na verdade são de *C. brevicauda*. A dificuldade na identificação destes táxons se deve ao fato de serem morfológicamente muito similares, e compartilharem o mesmo complemento cromossômico e sistema de determinação de sexo.

#### Família Phyllostomidae, Subfamília Stenodermatinae

O gênero *Ametrida* é monotípico e se distribui desde a Venezuela, Guiana, Suriname, Guiana Francesa e Trinidad e Tobago, Amazônia e Mata Atlântica brasileira, com um indivíduo encontrado no Canal do Panamá (Lee e Dominguez, 2000; Vilar *et al.*, 2015). Neste estudo, o cariótipo de *Ametrida centurio* foi descrito pela primeira vez para o Brasil, e mostrou  $2n=31$  e  $NF=56$  em um macho, similar ao único descrito para a espécie em indivíduos de Trinidad e Tobago (Baker e Hsu, 1970; Baker, 1979; Tabela 26; Figura 59a). Estes indivíduos, assim como o aqui estudado, apresentaram um sistema múltiplo de determinação do sexo do tipo  $XX/XY_1Y_2$  devido a uma translocação entre um autossomo e o cromossomo sexual X (Kasahara e Dutrillaux, 1983; Tucker, 1986; Tabela 26). A descrição do cariótipo de *Ametrida centurio* para o Amazonas amplia os estudos citogenéticos para a espécie mostrando sua estabilidade cariotípica.

O gênero *Chiroderma* Peters, 1860 possui quatro espécies ocorrendo no Brasil, *Chiroderma doriae*, *Chiroderma villosum* e *Chiroderma trinitatum* e *Chiroderma vizottoi* (Reis *et al.*, 2013e). O cariótipo de *Chiroderma trinitatum* aqui estudado foi similar ao descrito para indivíduos de Trinidad e Tobago, todos com  $2n=26$ ,  $NF=48$  (Baker e Hsu, 1970; Tucker e Bickham, 1986; Tabela 26; Figura 59b). Este cariótipo é também igual aos descritos para *C. doriae* e *C. villosum* (Baker, 1970; Baker e Hsu, 1970; Tucker e Bickham, 1986; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Tabela 26). As espécies do gênero *Chiroderma* apresentam um sistema de

determinação de sexo do tipo neo-XY, com uma translocação entre um par de autossomos com os cromossomos sexuais X e Y (Tucker e Bickham, 1986). As bandas-CBG foram positivas nas regiões pericentroméricas de todos os cromossomos autossômicos e no cromossomo sexual X. Somente *C. doriae* e *C. villosum* tiveram os padrões de distribuição da heterocromatina estudados, e são similares às encontradas para *C. trinitatum* mostrando bandas centroméricas em todos os cromossomos. Os resultados aqui encontrados confirmam a conservação cariotípica do gênero.

*Dermanura* era uma subespécie de *Artibeus* e foi recentemente elevada a gênero (Redondo *et al.*, 2008), apresentando quatro espécies no Brasil, *Dermanura anderseni*, *Dermanura bogotensis*, *Dermanura cinerea* e *Dermanura gnoma* (Reis *et al.*, 2013e). *Dermanura gnoma* foi aqui estudada pela primeira vez. Os indivíduos de *D. cinerea* e *D. gnoma* do Amazonas, aqui estudados, mostraram  $2n=30$  e  $NF=56$  em machos e fêmeas, similar ao encontrado para estas *D. cinerea* em Pernambuco (Souza e Araújo, 1990; Tabela 26; Figura 59a e b), mas diferente do encontrado para *D. cinerea* em Trinidad e Tobago, com  $2n=30$  para fêmeas e  $2n=31$  para machos, ambos com  $NF=56$  (Baker e Hsu, 1970; Tucker e Bickham, 1986; Tabela 26). *Dermanura*, da mesma forma que em alguns gêneros da subfamília Stenodermatinae, apresenta cromossomos sexuais do tipo neo-XY, devido a uma translocação de um autossomo com os cromossomos X e Y (Tucker e Bickham, 1986). Nos indivíduos de Pernambuco e do Amazonas, provavelmente ocorreu este rearranjo, diferente de *D. cinerea* de Trinidad e Tobago que apresentou um sistema múltiplo  $XY_1Y_2$ , onde um autossomo sofreu translocação apenas com o X (Tucker e Bickham, 1986).

O gênero *Uroderma* possui duas espécies, *U. magnirostrum* e *U. bilobatum*, ambas com ampla distribuição na região Neotropical, se estendendo do sul do

México, até o sul do Peru e Bolívia e sudeste do Brasil (Baker e MacDaniel, 1972; Baker e Clark, 1987). O indivíduo aqui estudado de *U.bilobatum* mostrou um cariótipo com  $2n=42$  e  $NF=50$ , similar ao encontrado para indivíduos na América do Sul, a leste dos Andes, na Colômbia (Restrepo, Puerto López e Leticia), no Suriname (Nickerie e Brokopondo), em Trinidad e Tobago (Blanchisseuse e Las Cuevas), e Brasil, no estado do Pará (Baker e Lopez, 1970a; Baker e MacDaniel 1972; Baker, 1979; Honeycutt *et al.*, 1980; Silva *et al.*, 2005; Tabela 26; Figura 62a). *Uroderma magnirostrum* possui  $2n=36$  e  $NF=62$ , e *U.bilobatum* apresenta três cariomorfotipos descritos ao longo de sua distribuição: (a)  $2n=44$  e  $NF=48$ , ao longo da costa do Pacífico do México, Guatemala, El salvador, Honduras, (b)  $2n=38$  e  $NF=44$ , na costa do Atlântico da Guatemala, Honduras e Península Yucatán, no México, nas duas costas da Nicarágua, Costa Rica e Panamá e ao longo do Pacíficon Colômbia e nordeste do Equador e (c)  $2n=42$  e  $NF=50$  aqui encontrado, e também na América do Sul a leste dos Andes, na ilha de Trinidad e Tobago e no Pará (Baker, 1979; Hoffmann *et al.*, 2003; Silva *et al.*, 2005; Tabela 26). Uma zona de contato entre os cariomorfotipos  $2n=38$  e  $2n=44$  foi encontrada na costa pacífica de Honduras com valores de  $2n=39, 40, 41, 42$  e  $43$ , em um cline de variação cromossômica e de isoenzimas (Baker, 1979; Owen e Baker, 2001). Entretanto, estudos com o *mt-Cytb* mostraram que, apesar de evidências do intercruzamento entre estes cariomorfotipos nesta área de hibridização, os genomas parentais estão isolados, pois essas diferenças cromossômicas foram fixadas de acordo com episódios de isolamento geográfico, mas se mantêm fortes devido aos rearranjos cromossômicos, com cada cariomorfotipo se comportando como uma espécie biológica (Hoffmann *et al.*, 2003). O bandeamento-CBG foi um pouco diferente do encontrado para indivíduos do Pará por não apresentar bandas nas regiões terminais dos pares 1, 2 e no cromossomo X. Esta diferença pode ser devido a uma

variação populacional ou a artefatos da técnica que não permitiram evidenciar estas marcações. Os dados sugerem a presença de uma única linhagem na América do Sul, diferente do complexo de espécies encontrado na América Central.

O gênero *Vampyriscus* Thomas, 1900 possui três espécies, duas ocorrendo no Brasil, *Vampyriscus brocki* e *Vampyriscus bidens*, com maior distribuição geográfica, encontrada nas Guianas, Colômbia, Peru, norte da Bolívia e na Amazônia brasileira (Lee *et al.*, 2001; Peracchi *et al.*, 2011). O cariótipo de *V. bidens*, aqui estudado, mostrou  $2n=26$  e  $NF=48$ , similar aos encontrados em Loreto, no Peru e Brokopondo, no Suriname (Gardner, 1977; Honeycutt *et al.*, 1980; Tabela 26; Figura 62b). Este cariótipo é também similar ao das espécies de *Chiroderma*, o que corrobora dados de filogenia molecular, que indicam os dois gêneros como grupos-irmãos (Lim *et al.*, 2003). As análises de bandeamento-CBG foram aqui realizadas pela primeira vez e mostraram, adicionalmente às bandas de heterocromatina pericentroméricas, os braços curtos dos cromossomos X totalmente heterocromáticos.

O gênero *Artibeus* ocorre do México até a Argentina e no Brasil ocorrem cinco espécies, *Artibeus concolor*, *Artibeus fimbriatus*, *Artibeus lituratus*, *Artibeus obscurus* e *Artibeus planirostris* (Marques-Aguiar, 2007; Peracchi *et al.*, 2011; Reis *et al.*, 2013e). Os cariótipos aqui encontrados para *A. lituratus*, *A. obscurus* e *A. planirostris* foram similares aos descritos para outros exemplares de outras localidades, e também entre si, com  $2n=30$  para fêmeas e  $2n=31$  para machos, ambos com  $NF=56$  (Baker, 1967; Hsu *et al.*, 1968; Yonenaga *et al.*, 1969; Baker e Hsu, 1970; Toledo, 1973; Gardner, 1977; Baker, 1979; Kasahara e Dutrillaux, 1983; Morielle e Varella-Garcia, 1988; Souza e Araújo, 1987; Souza e Araújo, 1990; Althoff e Sbalqueiro, 1998; Noronha *et al.*, 2001; Santos *et al.*, 2002; Rodrigues *et al.*, 2003; Garcia *et al.*, 2010; Pinto *et al.*, 2012; Tabela 25 e 26; Figura 67). A diferença entre os números

diploides de machos e fêmeas é devido a uma translocação entre um autossomo e o cromossomo sexual X, dando origem a um sistema de cromossomos sexuais múltiplos do tipo XX/XY<sub>1</sub>Y<sub>2</sub> (Kasahara e Dutrillaux, 1983; Tucker, 1986; Noronha *et al.*, 2001; Rodrigues *et al.*, 2003), porém este rearranjo ocorreu independentemente do encontrado em *Carollia* (Tucker, 1986). Os padrões de bandas-CBG das três espécies foram um pouco diferentes dos já descritos. *Artibeus planirostris*, no presente estudo, não apresentou bandas intersiciais e *A. lituratus* e *A. obscurus* não apresentaram bandas terminais adicionais nos 5º, 6º e 7º pares (Kasahara e Dutrillaux, 1983; Souza e Araújo, 1990; Althoff e Sbalqueiro, 1998; Rodrigues *et al.*, 2003; Pinto *et al.*, 2012; Tabela 25). Em *A. obscurus* o padrão de bandas-CBG foi confirmado pela coloração com DAPI, como observado em outras espécies de morcegos (Santos e Souza, 1998; Leite-Silva *et al.*, 2003). Os blocos adicionais de bandas-CBG nos pares 5, 6 e 7 são considerados uma característica compartilhada por toda a subfamília Stenodermatinae (Souza e Araújo, 1990; Pinto *et al.*, 2012; Tabela 25). Estes blocos adicionais também não foram observados em *A. lituratus* e *A. obscurus* de Angra dos Reis, no Rio de Janeiro (Garcia *et al.*, 2010). Os autores sugeriram que estas perdas podem ter ocorrido devido à influência da Central Nuclear Almirante Álvaro Alberto. No caso dos indivíduos aqui estudados, esta ausência pode representar uma variação geográfica devido à perda destes blocos adicionais de heterocromatina, ou podem ser apenas um artefato da técnica que não permitiu a evidenciação destes blocos. As Ag-RONs mostradas para *A. lituratus* foram similares as encontradas para outros indivíduos de outras localidades, com até seis marcações terminais nos pares 5, 6 e 7, confirmadas pela FISH de ARN ribossômico (Garcia *et al.*, 2010; Santos *et al.*, 2002; Tabela 25), com uma variação também observada nos indivíduos aqui estudados. Em *A. planirostris* foram observados somente dois pares marcados. Esta variação, possivelmente se dá pela

variação no número de sítios ribossômicos ativos como observado em *Dermanura cinerea*, outra espécie de Stenodermatinae (Santos *et al.*, 2002).

Os resultados aqui obtidos para as três espécies de *Artibeus* estudadas confirmam a similaridade na macroestrutura cariotípica, com o mesmo tipo de cromossomos sexuais, além de confirmarem as diferenças nos padrões de bandeamento CBG e do número e localização das Ag-RONs entre estas espécies permitindo a individualização e diferenciação de cada espécie deste gênero e funcionando como marcadores cromossômicos para o grupo (Santos *et al.*, 2002; Pinto *et al.*, 2012).

As análises filogenéticas do gênero *Artibeus* com *mt-Cytb* (MV e IB) e as análise de MV com o *mt-Co1*, aqui realizadas, foram similares em confirmarem o monofiletismo do gênero, com baixo valor de suporte. As espécies estudadas *A. planirostris*, *A. obscurus*, *A. lituratus* e *A. fimbriatus*, também foram monofiléticas com altos valores de suporte, exceto na análise de MV com o *mt-Co1*, onde *A. planirostris* não teve suporte (Figuras 67-71). Neste estudo, não foram incluídas amostras de todas as espécies de *Artibeus*, pois algumas não apresentavam sequências completas para os dois genes estudados. As relações interespecíficas das espécies estudadas corroboraram a maioria dos estudos morfológicos e moleculares com marcadores mitocondriais e nucleares (Marques-Aguiar, 1994; Lim *et al.*, 2004; Redondo *et al.*, 2008). Em todas as análises realizadas no presente trabalho foram observados dois clados em *A. obscurus*, um contendo amostras do nordeste, sul e sudeste do Brasil e o outro contendo amostras da Amazônia e do Pantanal, o mesmo padrão observado anteriormente em um estudo com *mt-Cytb* mostrando uma clara divisão leste/oeste na América do Sul pelo “cinturão diagonal seco” do Cerrado (Ferreira *et al.*, 2013).

### Família Mormoopidae

Das sete espécies do gênero *Pteronotus* Gray, 1838, quatro espécies ocorrem no Brasil, *Pteronotus gymnonotus*, *Pteronotus parnelli* e *Pteronotus personatus*, apresentando ampla distribuição geográfica (Simmon, 2005; Zanon e Reis, 2007). Neste trabalho foi descrito pela primeira vez o cariótipo de *Pteronotus parnellii* para o Brasil, com  $2n=38$  e  $NF=60$ , semelhante ao descrito para espécimes de México (Sonora, Sinaloa, Guerrero e Chiapas), Porto Rico e Trinidad e Tobago (Hsu *et al.*, 1968; Baker, 1967; Baker e Lopez, 1970b; Sites *et al.*, 1981; Tabela 30; Figura 77c), confirmando a estabilidade cariotípica do gênero e da família. Entretanto, o exemplar do Amazonas, aqui estudado, apresentou as Ag-RONs nas regiões teloméricas de dois pares de cromossomos acrocêntricos, enquanto outros autores encontraram as Ag-RONs localizadas na região centromérica de três pares de cromossomos acrocêntricos (Sites *et al.*, 1981). Esta diferença pode ser resultado de uma variação na atividade dos sítios ribossômicos como já observado para outras espécies de quirópteros (Santos *et al.*, 2002).

### Família Noctilionidae

*Noctilio* Linnaeus, 1766 é o único gênero da família e possui duas espécies, *Noctilio albiventris* e *Noctilio leporinus*, que são simpátricas e ocorrem no Brasil (Gardner, 2008b; Reis *et al.*, 2007c).

Os exemplares de *Noctilio albiventris* do Amazonas e de Roraima, aqui estudados, mostraram  $2n=34$  e  $NF=62$ , similar ao encontrado para indivíduos da Colômbia (Leticia), Honduras (Nacaome) e Brasil, nos estados de São Paulo e Mato Grosso (Barão de Melgaço; Baker e Jordan, 1970; Patton e Baker, 1978; Hood e Pitocchelli, 1983; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Vilamiu *et al.*, 2010; Tabela 31; Figura 77a). O cromossomo X nos exemplares aqui estudados é um metacêntrico médio similar ao encontrado em *N. albiventris minor* da Colômbia (Baker e Jordan, 1970;

Hood e Pitocchelli, 1983), mas diferente do X submetacêntrico encontrado em *N. albiventris minor* de Honduras e *N. albiventris cabrerai* do Brasil (Patton e Baker, 1978; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Vilamiu *et al.*, 2010; Tabela 31). Esta diferença provavelmente é resultado de uma inversão pericêntrica ou deleção ou adição de heterocromatina (Vilamiu *et al.*, 2010). O cromossomo Y é um acrocêntrico pequeno, similar ao de todos os indivíduos estudados até o momento.

Os padrões de distribuição da heterocromatina constitutiva nos exemplares aqui estudados mostraram semelhanças com exemplares de *N. albiventris cabrerai* do Mato Grosso, com bandas pericentroméricas em todos os cromossomos, bandas no braço longo do cromossomo X e bandas mais conspícuas nos pares 13, 15 e 16 (Vilamiu *et al.*, 2010). Esse padrão difere do encontrado em *N. albiventris minor* de Honduras com bandas-CBG pericentroméricas em todos os cromossomos, exceto em um pequeno par que apresentou o braço curto totalmente heterocromático (Patton e Baker, 1978; Vilamiu *et al.*, 2010). A localização das Ag-RONs, aqui estudadas, foi a mesma já descrita para indivíduos de *N. a. cabrerai* do Mato Grosso e do nordeste de São Paulo (Varella-Garcia *et al.*, 1989; Villamiu *et al.*, 2010), sendo estas regiões coincidentes com as constrições secundárias. As regiões intersticiais hibridadas com a técnica de FISH telomérica coincidem com as regiões de bandas-CBG mais conspícuas e com as constrições secundárias. Desta forma, o cariótipo de *N. albiventris* aqui estudado é similar ao encontrado para *N. albiventris* (Baker e Jordan, 1970; Patton e Baker, 1978; Varella-Garcia, 1988; Vilamiu *et al.*, 2010), enquanto a morfologia do cromossomo X é similar à encontrada para a subespécie *N. a. affinis* da Colômbia (Baker e Jordan, 1970), e o padrão de bandeamento CBG e o número e a localização das Ag-RONs são similares ao encontrado em *N. a. cabrerai* do Mato Grosso (Vilamiu *et al.*, 2010). Estes resultados confirmam a variação citogenética entre as populações de *N. albiventris*. Outros estudos com

marcadores mitocondriais e nucleares recentes indicam que esta espécie pode ser um complexo de espécies (Pavan *et al.*, 2013).

No presente estudo, *Noctilio leporinus* apresentou  $2n=34$  e  $NF=62$ , similar ao descrito para espécimes do Suriname (Baker *et al.*, 1982), mas diferente do encontrado para indivíduos do México (Chiapas), Trinidad e Tobago (Blanchisseuse) e do Brasil, nos estados de São Paulo (São José do Rio Preto e Anhembi) e Pernambuco (Yonenaga *et al.*, 1969; Baker, 1970; Toledo, 1973; Baker *et al.*, 1982; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Tabela 31; Figura 77b). Esta diferença no NF pode ser devido ao grau de condensação dos cromossomos que dificulta a sua identificação morfológica, como foi observado em *N. albiventris* da Colômbia, que inicialmente foi descrito com  $NF=58$  e posteriormente corrigido para 62 (Hood e Pitochelli, 1983). Os cariótipos das duas espécies, aqui encontrados, com bandeamento-CBG, marcações de Ag-RONs e FISH telomérica mostraram os mesmos padrões. Estes resultados confirmam a complexidade do grupo, pois embora as duas espécies sejam morfológicamente distintas, dados cariológicos e moleculares encontrados até o momento não definem seus limites específicos (Pavan *et al.*, 2013; Khan *et al.*, 2014).

#### Família Molossidae

O gênero *Eumops* Miller, 1906 possui 11 espécies com nove ocorrendo no Brasil, *Eumops maurus*, *Eumops hansae*, *Eumops bonariensis*, *Eumops patagonicus*, *Eumops perotis*, *Eumops trumbulii*, *Eumops auripendulus*, *Eumops delticus* e *Eumops glaucinus* (Eger, 2007; Ramos *et al.*, 2013).

Este gênero apresenta variação cariotípica inter e intraespecífica, com números diploides variando de 38 a 48 e números fundamentais de 54 a 64 (Baker, 1970; Toledo, 1973; Warner *et al.*, 1974; Morielle-Versute *et al.*, 1988; Morielle-Versute *et al.*, 1996; Finato *et al.*, 2000; Tabela 32). No presente trabalho, o cariótipo

de *Eumops hansae* mostrou  $2n=48$  e  $NF=58$ , diferente do descrito para uma fêmea de *Eumops* sp. de Itatinga, no estado de São Paulo, com  $2n=48$  e  $NF=56$  (Toledo, 1973; Figura 82b), posteriormente considerado o cariótipo de *E. hansae* (Varella-Garcia *et al.*, 1989). Essa diferença pode significar que estes cariótipos pertencem a espécies diferentes, ou seja, *Eumops* sp. com o cariótipo  $2n=48$  e  $NF=56$  (Toledo, 1973) pode não ser *E. hansae*, podendo representar uma variação interespecífica, ou são resultados de interpretações distintas sobre a morfologia de um par de pequenos cromossomos.

O cariótipo de *Eumops perotis* aqui analisado mostrou  $2n=48$  e  $NF=58$ , similar ao encontrado em indivíduos de São Paulo (Morielle-Versute *et al.*, 1996), mas diferente do  $2n=48$  e  $NF=54$  de indivíduos de Itaguaí, no estado do Rio de Janeiro (Toledo, 1973), e  $2n=48$  e  $NF=56$  para indivíduos de Sonora, no México (Baker, 1970; Warner *et al.*, 1974; Tabela 32; Figura 82c). Variação cromossômica intraespecífica nos valores de  $2n$  já foi observada em outras espécies do gênero, como *E. glaucinus* com  $2n=40$  e  $NF=64$  em indivíduos de São Paulo e  $2n=38$  e  $NF=64$  em indivíduos da Costa Rica e Honduras (Varella-Garcia *et al.*, 1989; Warner *et al.*, 1974; Moratelli e Morielle-Versute, 2007). Variação no  $NF$  também foi encontrada em *E. auripendulus* com  $2n=42$  e  $NF=60$  no Rio de Janeiro, e  $2n=42$  e  $NF=62$  em Trinidad e Tobago (Toledo, 1973; Warner *et al.*, 1974; Tabela 32).

As análises das sequências teloméricas, através da FISH em *E. hansae*, mostraram sinais somente nas regiões terminais de todos os cromossomos autossômicos e dos cromossomos sexuais X e Y. Estudos com FISH utilizando sondas teloméricas em *E. glaucinus* e *E. perotis* mostram sinais positivos de hibridação nas regiões centroméricas e pericentroméricas em alguns cromossomos de um e/ou dois braços, além dos sinais teloméricos (Finato *et al.*, 2000). Alguns destes sinais são bandas-CBG positivos indicando que as sequências teloméricas,

nestas espécies, fazem parte da heterocromatina, o que foi encontrado por alguns autores em outros grupos (Meyne *et al.*, 1990; Ono e Yoshida, 1997; Go *et al.*, 2000) e que estes sinais são remanescentes de rearranjos Robertsonianos do tipo fusão ocorridos durante a evolução entre *E. glaucinus* e *E. perotis* (Finato *et al.*, 2000). No indivíduo de *E. hansae*, aqui analisado com FISH, este tipo de sinal não foi observado, o que pode indicar diferenças na constituição das bandas-CBG e perda destas regiões na evolução desta espécie. Os resultados aqui encontrados confirmam que as espécies do gênero *Eumops* evoluíram por rearranjos do tipo fusões/fissões Robertsonianas e inversões pericêntricas e apresentam polimorfismos quanto ao complemento cromossômico.

O gênero *Cynomops* Thomas, 1920 possui cinco espécies que eram tradicionalmente incluídas em *Molossops*, *Cynomops milleri*, *Cynomops abrasus*, *Cynomops greenhalli*, *Cynomops paranus*, *Cynomops planirostris* e todas ocorrem no Brasil (Eger, 2007; Peracchi *et al.*, 2011). Os cariótipos de *C. abrasus*, *C. greenhalli* e *C. planirostris* foram descritos, todos com  $2n=34$  e  $NF=60$  e  $64$  (Baker, 1970; Warner *et al.*, 1974; Morielle-Versute *et al.*, 1996; Leite-Silva *et al.*, 2003; Tabela 32; Figura 82a). O cariótipo de *C. planirostris* aqui descrito também mostrou  $2n=34$  e  $NF=60$ , similar aos descritos anteriormente para indivíduos de Rio Formoso, Água Preta, Itamaracá e Camaragibe, em Pernambuco (Leite-Silva *et al.*, 2003; Tabela 32). O bandeamento-CBG nesta espécie apresentou poucas regiões heterocromáticas, com blocos apenas nos centrômeros dos 4º, 5º, 13º, 15º e 16º pares e nos braços curtos dos cromossomos X, e o Y totalmente heterocromático. Este padrão foi diferente do encontrado em indivíduos de Pernambuco, com heterocromatina apenas nos centrômeros dos cromossomos 4, 5 e 8, os pares 15 e 16 e o braço curto do X totalmente heterocromáticos, e o Y sem heterocromatina (Leite-Silva *et al.*, 2003). Esse padrão é pouco comum em mamíferos, e diferente do

encontrado em *Cynomops abrasus* com blocos de heterocromatina centromérica em todos os cromossomos (Morielle-Versute *et al.*, 1996). A FISH telomérica em *C. planirostris* revelou somente sinais terminais, também diferente do encontrado em *C. abrasus*, com sinais teloméricos em cromossomos subtelocêntricos, coincidentes com as Ag-RONs. Os resultados cariotípicos aqui encontrados em *C. planirostris* confirmam a conservação na macroestrutura cariotípica da espécie e do gênero e que as variações na distribuição da heterocromatina constitutiva e o padrão de localização das sequências teloméricas podem ser usados para definir cariótipos espécie-específicos (Leite-Silva *et al.* 2003).

O gênero *Molossus* E. Geoffroy, 1805 se distribui do sul do México até o norte da Argentina e do Uruguai e possui oito espécies, sendo *M. molossus* e *Molossus rufus* duas das seis espécies que ocorrem no Brasil (Simmons, 2005; Eger, 2007; Fabian e Gregorin, 2013). *Molossus molossus* e *M. rufus* apresentam cariótipos com  $2n=48$  e números fundamentais variando de 56 a 64 (Baker e Lopez, 1970b; Warner *et al.*, 1974; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Morielle-Versute *et al.*, 1996; Leite-Silva *et al.*, 2003; Tabela 32; Figura 82d). O cariótipo de *M. molossus* aqui analisado com  $2n=48$  e  $NF=64$ , é similar ao encontrado em indivíduos do estado de São Paulo (Morielle-Versute *et al.*, 1996) e Rio Formoso, Água Preta, Itamaracá e Camaragibe, em Pernambuco (Leite-Silva *et al.*, 2003), mas difere no número fundamental do cariótipo com  $2n=48$  e  $NF=56$  reportado para espécimes de Porto Rico (Baker e Lopez, 1970b) e do cariótipo com  $2n=48$  e  $NF=58$  encontrado em indivíduos de Trinidad e Tobago, Colômbia, Porto Rico, Peru, Nicarágua (Warner *et al.*, 1974) e Brasil, no estado do Rio Grande do Sul (Varella-Garcia *et al.*, 1989; Tabela 32). Alguns autores sugerem que a dificuldade na determinação da morfologia dos menores pares cromossômicos, devido a diferentes graus de condensação, tenha levado a essas diferenças no NF (Morielle-Versute *et al.*, 1996). As bandas-CBG e a

localização das Ag-RONs são similares as encontradas anteriormente para indivíduos de São Paulo e Pernambuco (Morielle-Versute *et al.*, 1996; Leite-Silva *et al.*, 2003). Caso essa diferença seja mesmo devido a diferenças de interpretação de diferentes autores, os resultados aqui encontrados para *M. molossus* indicam uma estabilidade cariotípica para o gênero e para a espécie.

#### Família Vespertilionidae

O gênero *Myotis* possui a maior distribuição e o maior número de espécies dentro dos morcegos, com mais de 100 espécies descritas, e nove ocorrendo no Brasil, *Myotis albescens*, *Myotis dinelli*, *Myotis levis*, *Myotis nigricans*, *Myotis riparius*, *Myotis simus*, *Myotis ruber*, *Myotis izecksohni* e *Myotis lavalii* (Simmons, 2005; Rossaneis *et al.*, 2013; Wilson, 2007). Somente *M. izecksohni* e *M. lavalii* não possuem cariótipos descritos, todas as demais possuem cariótipos com  $2n=44$  e  $NF=50$  (Baker e Jordan, 1970a; Toledo, 1973; Bickham, 1979; Baker e Bickham, 1980; Varella-Garcia *et al.*, 1989; Tiranti, 1996; Moratelli, 2003).

No presente trabalho, os cariótipos de *Myotis albescens*, *M. riparius* e *Myotis* sp., coletados na mesma localidade em Barcelos (margem direita do Rio Aracá, Igarapé Jauari, Colocação Ucuqui), mostraram  $2n=44$  e  $NF=52$ , com cinco pares de cromossomos meta-submetacêntricos, três pares grandes, um par pequeno e o menor par de autossomos, além de 17 pares de acrocêntricos. Estes cariótipos são diferentes do cariótipo com  $2n=44$  e  $NF=50$  encontrado em indivíduos de *M. albescens* de Huanaco, no Peru (Bickham *et al.*, 1986) e *M. riparius* de Letícia, na Colômbia (Baker e Jordan, 1970; Tabela 33; Figura 86). Esta diferença ocorre provavelmente, devido ao último par de autossomos ser um acrocêntrico nos indivíduos estudados anteriormente e mostrar dois braços nos indivíduos aqui estudados. Algumas espécies da América do Norte mostraram este último par metacêntrico e foi sugerido que poderia haver uma relação evolutiva com este

caráter, entretanto esta hipótese não foi confirmada (Bickham *et al.*, 1986). Desta forma, como o cromossomo em questão é muito pequeno, nos primeiros estudos realizados a morfologia pode não ter ficado clara ou, este cromossomo, por apresentar diferenças na quantidade de heterocromatina no braço curto, não foi considerado na contagem do número fundamental por alguns autores (Volleth e Heller, 2012). Outras diferenças cariotípicas neste gênero são observadas em relação ao tamanho e forma do cromossomo sexual Y e às regiões organizadoras de nucléolos, com variação de número, localização e atividade. Em alguns casos, essas diferenças são importantes na elucidação das relações filogenéticas do grupo (Bickham, 1979; Bickham *et al.*, 1986; Volleth e Heller, 2012).

Estes resultados corroboram os resultados encontrados para a espécie e gênero, com mais de 40 espécies estudadas e a todas apresentando  $2n=44$  e  $NF=50, 52$ , exceto *M. annectans* com  $2n=46$  e  $NF=54$  (Baker e Patton, 1967; Bickham, 1979; Baker *et al.*, 1982; Bickham *et al.*, 1986; Tiranti, 1996; Bickham *et al.*, 2004; Asan *et al.*, 2011) Alguns autores relatam a presença de um pequeno braço no 5º par cromossômico (maior par de acrocêntricos; Bickham *et al.*, 1986; Volleth e Heller, 2012), entretanto, como no presente trabalho não foi possível realizar análises de bandeamentos cromossômicos, a confirmação ou não da existência de um pequeno braço heterocromático no último par cromossômico e a presença deste pequeno braço no 5º par não pôde ser confirmada.

#### 4 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no levantamento bibliográfico das espécies mais infectadas pelas zoonoses no Brasil mostraram que a maioria das famílias de quirópteros apresenta envolvimento com muitas zoonoses causadas por vários agentes etiológicos, porém estes estudos são ainda escassos, cobrindo áreas isoladas e com baixa amostragem de espécimes. A maioria das espécies detectadas pertence à família Phyllostomidae, provavelmente por possuir o maior número de espécies no país e as mais abundantes, além de ser a mais amostrada pelo método de coleta de morcegos mais utilizado atualmente;

Os dados cariológicos e filogeográficos de *Cormura brevirostris* sugerem a presença de mais de uma linhagem evolutiva na América do Sul, mostrando três cariomorfotipos (um descrito neste trabalho), e profundas linhagens mitocondriais intraespecíficas. Entretanto, são necessários mais estudos da morfologia do crânio e análises com outros marcadores genéticos, ambos com maior número de espécimes analisados a fim de esclarecer o estatus taxonômico destes cariomorfotipos;

A existência de seis cariomorfotipos para *Rhinophylla pumilio*, sendo um descrito no presente trabalho, confirmam a variação cariotípica da espécie. As análises com os dois marcadores mitocondriais mostraram-se inadequadas para esclarecer a grande variação nos cariótipos. Fatores como pequena área de vida, baixa autonomia de vôo e estrutura social formando pequenos grupos, podem estar influenciando a alta taxa de evolução cromossômica da espécie, aparentemente maior do que a evolução dos marcadores estudados;

Os estudos cariológicos em 35 espécies em várias localidades da Amazônia brasileira, e sua comparação com os cariótipos já descritos para outras localidades ampliaram o conhecimento citogenético de quirópteros, não apenas para a região

Amazônica, que apresentava poucos estudos nesta área, mas em alguns casos, também para o Brasil. Estes estudos corroboram estudos anteriores, mostrando que em quirópteros existem dois padrões, um com táxons que apresentam pouca variação cariotípica, e outro com táxons que apresentam alta taxa de evolução cromossômica. Esta ampliação dos estudos permitiu a descrição de um novo cariótipo para o gênero *Saccopteryx*, que nunca havia sido estudado no Brasil;

Dos três gêneros analisados com marcadores citogenéticos e mitocondriais, *Artibeus* e *Carollia* mostraram resultados similares aos descritos na literatura, mesmo com o maior tamanho amostral aqui utilizado. As análises com o gênero *Phyllostomus* permitiram identificar duas linhagens evolutivas simpátricas em espécimes de *P. discolor* do nordeste do Brasil.

## 5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ab'Sáber AN. Amazônia. Ecossistemas do Brasil. In: Couto RG, editor. São Paulo, Brazil: Metalivros; 2009. p.72-5

Agnarsson L, Zambrana-Torrel CM, Flores-Saldana NP, May-Collado LJ. A Time-calibrated species-level phylogeny of bats (Chiroptera, Mammalia). Plos Curr. 2011; 3:RRN1212. DOI: 10.1371/currents.RRN1212.

Aguiar LMS. Subfamília Desmodontinae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. Morcegos do Brasil. Londrina: Universidade Estadual de Londrina; 2007. p.39-43.

Albas A, Campos ACA, Araujo DB, Rodrigues CS, Sodr  MM, Durigon EL, Favoretto SR. Molecular characterization of rabies virus isolated from nonhaematophagous bats in Brazil. Rev Soc Brasil Med Trop. 2011a;44(6):678-83.

Albas A, Souza EAN, Lourenço RA, Favoretto SR, Sodr  MM. Perfil antig nico do v rus da raiva isolado de diferentes esp cies de morcegos n o hemat fagos da Regi o de Presidente Prudente, Estado de S o Paulo. Rev Soc Brasil Med Trop. 2009;42:15-7.

Albas A, Souza EAN, Picolo MR, Favoretto SR, Gama AR, Sodr  MM. Os morcegos e a raiva na regi o oeste do Estado de S o Paulo. The bats and rabies in the Western region of the State of S o Paulo, Brazil. Rev Soc Brasil Med Trop. 2011b;44(2):201-5.

Albuquerque P, Silva LAM, Cunha MC, Silva CJ, Machado JLM, Melo ML, Alencar VIB. Vigil ncia Epidemiol gica da raiva em morcegos no munic pio de Moreno, Pernambuco. Rev Brasil Bioc. 2012;18(2):5-13.

Allendorf SD, Albas A, Cipriano JRB, Antunes JMAP, Appolin rio CM Peres, MG, da Rosa AR, Sodr  MM, Megid J. Rabies virus in a pregnant naturally infected southern yellow bat (*Lasiurus ega*). J Venom Anim Toxins incl Trop Dis. 2011;17(2): 223-225.

Almeida MF, Favoretto SR, Martorelli LFA, Trezza-Netto J, Campos ACA, Ozahata CH, Sodr  MM, Kataoka APAG, Sacramento DRV, Durigon EL. Characterization of rabies virus isolated from a colony of *Eptesicus furinalis* bats in Brazil. Rev Inst Med Trop S Paulo. 2011a;53(1):31-7. DOI: 10.1590/S0036-46652011000100006

Almeida MF, Martorelli LFA, Sodr  MM, Kataoka AP, Rosa AR, Oliveira ML, E Amatuzzi. Rabies diagnosis and serology in bats from the State of S o Paulo, Brazil. Rev Soc Brasil Med Trop. 2011b;44(2):140-5. DOI: 10.1590/S0037-86822011005000011

Althoff SL, Isbalqueiro IJ. Estudos Citogen ticos das esp cies de *Artibeus* (Mammalia; Chiroptera), ocorrentes na Mata Atl ntica da regi o sul do Brasil. In: XXII Congresso Brasileiro de Zoologia. Recife, UFP: Livro de Resumos, 1998.p.309.

Álvares T, Bessa F, Spichler A, Chapola ÉGB, Husch AC, De MF, *et al.* The contribution of bats to *Leptospirosis* transmission in São Paulo City, Brazil. *Am J Trop Med Hyg.* 2010;82(2):315–7.

Amorim AF, Silva RA, Silva MM. Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro *Histiotus velatus*, capturado no Estado de Santa Catarina. *Pesq Agropec Brasil.* 1970;5:433-5.

Andrade AFB, Bonvicino CR, Briani DC, Kasahara S. Karyologic diversification and phylogenetic relationships of the genus *Thalpomys* (Rodentia, Sigmodontinae). *Acta Theriol.* 2004;49:181–90.

Anisimova M, Gascuel O. Approximate likelihood-ratio test for branches: A fast, accurate, and powerful alternative. *Syst Biol.* 2006;55:539-52.

Anthony SJ, Ojeda-Flores R, Rico-Chávez O, Navarrete-Macias I, Zambrana-Torrelío CM, Rostal MK, Epstein JH, Tipps T, Liang E, Sanchez-Leon M, Sotomayor-Bonilla J, Aguirre AA, Ávila-Flores R, Medellín RA, Goldstein T, Suzán G, Daszak P, Lipkin WI. Coronaviruses in bats from Mexico. *J Gen Virol.* 2013;94:1028–38.

Apperson CS, Engber B, Nicholson WL, Mead DG, Engel J, Yabsley MJ, Dail K, Jonhson J, Watson DW. Tickborne diseases in North Carolina: is “*Rickettsia amblyommii*” a possible cause of rickettsiosis reported as Rocky Mountain spotted fever? *Vec Born Zoo Dis.* 2008;8:597–606.

Araujo J, Thomazelli LM, Henriques DA, Lautenschlager D, Ometto T, Dutra LM, Aires CC, Favorito S, Durigon EL. Detection of hantavirus in bats from remaining rain forest in São Paulo, Brazil. *BMC Research Notes.* 2012;5:690.

Araújo P, Langguth A. Caracteres distintivos das quatro espécies de grandes *Artibeus* (Phyllostomidae) de Paraíba e Pernambuco, Brasil. *Chiropt Neotrop.* 2010;16:715–22.

Araujo NP, Loss AC, Cordeiro-Jr DA, Silva KR, Yuri-Leite LR, Svartman M. New karyotypes of Atlantic tree rats, genus *Phyllomys* (Rodentia: Echimyidae) *Genome.* 2013;57:1–8 (2014) [dx.doi.org/10.1139/gen-2013-0168](https://doi.org/10.1139/gen-2013-0168)

Aşan N, Albayrak İ, Yorulmaz T, İnci S. G-banding karyotypes of *Myotis myotis* (Borkhausen, 1797) and *Myotis blythii* (Tomes, 1857) (Mammalia : Chiroptera) in Turkey. *Turkish J Zool.* 2011;35(4):599–602.

Avise JC. *Molecular markers, natural history and evolution.* 2nd ed. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, 2004. 684 p.

Avise JC, Arnold J, Ball RM, Bermingham E, Lamb T, Neigel JE, Reeb CA, Saunders NC. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Ann Rev Ecol Syst.* 1987;18:489-522.

Baghoorn SF. New material of *Vespertiliavus* Schlosser (Mammalia, Chiroptera) and suggested relationships of emballonurid bats based on cranial morphology. *Am Mus Novt.* 1977;2618:1-29.

Baker RJ. Karyotypes of bats of the Family Phyllostomidae and their taxonomic implications. Southwest Nat [Internet]. 1967;12(4):407–28. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/10.2307/3669608>

Baker RJ. The Role of karyotypes in phylogenetic studies of bats. In: Walton S, editor. About Bats. Dallas: Southern Methodist University Press; 1970. p.303–12.  
Baker RJ. Comparative cytogenetics of the New World leaf-nosed bats (Phyllostomidae). Period Biol. 1973;75:37–45.

Baker RJ. Karyology. In: Biology of bats of the New World family Phyllostomatidae. Part III. The Museum Texas Tech University. Spec Pub Mus Texas Tech Univ. 1979;16:107-55.

Baker RJ, Bickham JM. Karyotypic evolution in bats: evidence of extensive and conservative chromosomal evolution in closely related taxa. Syst Zool. 1980;29:239-53.

Baker RJ, Bleier WJ. Karyotypes of bats of the subfamily Carolliinae (Mammalia; Phyllostomidae) and their evolutionary implications. Experientia. 1971;27:220-2.

Baker, RJ, Clark CL. *Uroderma bilobatum*. Mamm Species. 1987;279:1-4.

Baker RJ, Genoways HH. A new species of *Chiroderma* from Guadaloupe, West Indies (Chiroptera: Phyllostomidae). Occas Pap Mus Texas Tech Univ. 1976;39:1–10.

Baker RJ, Hsu TC. Further studies on the sex-chromosomes systems of the American leaf-nosed bats (Chiroptera: Phyllostomidae). Cytogenetics. 1970;9:131-8.

Baker RJ, Jones Jr JK. Additional records of bats from Nicaragua, with a revised checklist of Chiroptera. Occas Pap Mus Texas Tech Univ. 1975;32:1-13.

Baker RJ, Jordan RG. Chromosomal studies of some Neotropical bats of the families Emballonuridae, Noctilionidae, Natalidae and Vespertilionidae. Caryologia. 1970;23:595-604.

Baker RJ, Lopez G. Chromosomal variation in bats of the genus *Uroderma* (Phyllostomatidae). J Mammal. 1970a;51:786–9.

Baker RJ, Lopez G. Karyotypic studies of the insular populations of bats on Puerto Rico. Caryologia. 1970b;23(4):465–72.

Baker RJ, McDaniel VR. A new subspecies of *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae) from Middle America. Occas Pap Mus Texas Tech Univ. 1972;7:1–4.

Baker RJ, Patton JL. Karyotypes and karyotype variation of North American Vespertilionid bats. J Mammal. 1967;48:270–86.

Baker RJ, Bickham JM, Arnold ML. Chromosomal evolution in *Rhogeessa* (Chiroptera: Vespertilionidae): possible speciation by centric fusion. *Evolution*. 1985;39:233-43.

Baker RJ, Dunn CG, Nelson K. Allozymic study of the relationships of *Phylloderma* and four species of *Phyllostomus*. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ*. 1988;125:1–15.

Baker RJ, Gardner AL, Patton JL. Chromosomal polymorphism in the Phyllostomid bat, *Mimon crenulatum* (Geoffroy). *Experientia*. 1972;28:969–70.

Baker RJ, Genoways HH, Seyfarth PA. Results of the Alcoa Foundation- Suriname Expeditions. VI. Additional chromosomal data for bats (Mammalia, Chiroptera) from Suriname. *Ann Carn Museum Natl Hist*. 1981a;50:333-44.

Baker RJ, Haiduk M, Robbins LW, Cadena A, Koop B. Chromosomal studies of South American bats and their systematic implications. In: Mares MA, Genoways HH, editors. *Mammalian biology in South America*. Special Publication Series. Pymatuning Laboratory of Ecology VI, 1982. p.303-327.

Baker RJ, Honeycutt RL, Arnold ML, Sarich VM, Genoways H. Electrophoretic and immunological studies on the relationships of the Brachyphyllinae and the Glossophaginae. *J Mammal*. 1981b;62(4):665–72.

Baker RJ, Hooper SR, Porter CA, Van Den Bussche RA. Diversification among New World leaf-nosed bats: an evolution hypothesis and classification inferred from digenomic congruence of DNA sequence. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ*. 2003;230:i+1-32.

Baker RJ, Porter CA PJ, Van Den Bussche R. Systematics of bats of the family Phyllostomidae based on RAG2 DNA sequences. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ*. 2000;(202):1–16.

Baker RJ, Qumsiyeh MB, Hood CS. In: Genoways HH, editor. *Current Mammalogy*. Role chromosomal banding patterns in understanding mammalian evolution. Plenum Publishing Corp., New York; 1987. p. 67-96.

Baker RJ, Solari S, Hoffmann FFG. A new Central American species from the *Carollia brevicauda* complex [Internet]. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ*. 2002;217:i+1–11. Disponível em: <http://eprints.eriub.org/164/>

Bandelt HJ, Foster P, Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol*. 1999;16:37-48.

Barbosa R, Campos C, Pinto F, Fearnside P. Os “ Lavrados ” de Roraima : Biodiversidade e Conservação de Savanas Amazônicas Brasileiras. *Functional Ecosystem Communities* [Internet]. 2007a;1(1):30–42. Disponível em: <http://philip.inpa.gov.br>

Barbosa TFS, da Rosa EST, Medeiros DBA, Casseb LMN, Pereira AS, Begot AL, Lima RJS, Nunes MRT, Vasconcelos PFC. Epidemiologia molecular do vírus da raiva no estado do Pará no período de 2000 A 2005: Emergência e transmissão por

morcegos hematófagos (*Desmodus Rotundus*). Cad Saúde Col, Rio de Janeiro. 2007b;15(3):329–48

Barnabe C, Brisse S, Tibayrenc M. Phylogenetic diversity of bat trypanosomes of subgenus *Schizotrypanum* based on multilocus enzyme electrophoresis, random amplified polymorphic DNA, and cytochrome *b* nucleotide sequence analyses. Infect, Genet, Evol. 2003;2:201-8.

Barros HMDDR, De Sotero-Caio CG, Santos N, De Souza MJ. Comparative cytogenetic analysis between *Lonchorhina aurita* and *Trachops cirrhosus* (Chiroptera, Phyllostomidae). Gen Mol Biol. 2009;32(4):748–52

Barros JHS. Avaliação da ocorrência de tripanosomatídeos (Protozoa: Kinetoplastida) em morcegos no estado do Rio de Janeiro. Occurrence of trypanosomatids (Protozoa: Kinetoplastida) in bats in the state of Rio de Janeiro [dissertação]. Rio de Janeiro, Brasil: Instituto de Pesquisa Clínica Evandro Chagas; 2009.

Bass RA. Systematics of the Desmodontinae and Phylonycterinae (Chiroptera: Phyllostomidae) based on G-band chromosomal homologies [dissertação]. Texas: Faculty of Texas Tech University; 1978.

Bates JM, Hackett SJ, Cracraft J. Area-relationships in the Neotropical lowlands: a hypothesis based on raw distributions of Passerine birds. J Biogeo. 1998;25:783-93.

Batista HBCR, Franco AC, Roehe PM. Raiva: uma breve revisão. Acta Scie Vet. 2007;35(2):125-44.

Beçak ML, Batistic R, Vizotto LD, Beçak W. Mecanismo de determinação do sexo XY<sub>1</sub>Y<sub>2</sub> em *Artibeus lituratus lituratus* (Chiroptera- Phyllostomatidae). Ciência e Cultura. 1968;20(2):p.173.

Benazzi M. Cytotaxonomy and evolution: General Remarks. In: Chiarelli AB, Capanna E, editores. Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution. New York: Academic Press; 1973. 782 p.

Bennett M. Bats and human emerging diseases. Epidemiol Infec. 2006;134:905–7. DOI:10.1017/S0950268806006674

Bernard E. Species list of bats (Mammalia, Chiroptera) of Santarém area, Pará State, Brazil. Rev Brasil Zool. 2001a;18:455-63.

Bernard E. Vertical stratification of bats communities in primary forests of central Amazon, Brazil. J Trop Ecol. 2001b;17:115-26.

Bernard E, Albernaz ALKM, Magnusson WE. Bat Species Composition in Three Localities in the Amazon Basin. Stud Neotrop Fauna Environ. 2001;36(3):177–84.

Bernard E, Fenton MF. Bats in a fragmented landscape: Species composition, diversity and habitat interactions in savannas of Santarém, Central Amazonia, Brazil Biol Conserv. 2007;134:332-43.

- Bernard E, Tavares VDC, Sampaio E. Compilação atualizada das espécies de morcegos (Chiroptera) para a Amazônia Brasileira. *Biot Neotrop.* 2011;11(1):35–46. <http://www.biotaneotropica.org.br/v11n1/pt/abstract?article+bn00611012011>
- Best TL, Kiser WM, Freeman PW. *Eumops perotis*. *Mamm Species.* 1996;534:1-8.
- Best TL, Hunt JL, MacWilliams LA, Smith KG. *Eumops hansae*. *Mamm Species.* 2001;687:1-3.
- Bessa TAF, Spichler A, Chapola EGB, Husch AC, Almeida MF, Sodré MM, Savani ESMM, Sacramento DRV, Vinetz JM. The contribution of bats to *Leptospirosis* transmission in São Paulo City, Brazil. *Am J Trop Med Hyg.*2010;82(2):315–317. DOI:10.4269/ajtmh.2010.09-0227
- Bickham JW. Chromosomal variation and evolutionary relationships of Vespertilionid bats. *J Mammal.* 1979;60(2):350–63.
- Bickham JW, Baker RJ. Canalization model of chromosomal evolution. In: Schwartz JH, Rollins HB, editors. *Models and methodologies in evolutionary theory.* Bull Carnegie Mus Natl His. 1979;13:70-84.
- Bickham JM, McBee K, Schlitter DA. Chromosomal variation among seven species of *Myotis* (Chiroptera: Vespertilionidae). *J. Mammal.* 1986;67(4):746-750.
- Bickham JW, Patton JC, Schlitter DA, Rautenbach IL, Honeycutt RL. Molecular phylogenetics, karyotypic diversity, and partition of the genus *Myotis* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Mol Phylogenet Evol.* 2004;33:333-8.
- Bickham JW, Wood CC, Patton JC. Variation in mitochondrial cytochrome b sequences and allozymes in sockeye (*Oncorhynchus nerka*). *J Hered.*1995;86:140-4.
- Blackburn EM, Szostak JW. The molecular structure of centromeres and telomeres. *Annu Rev Biochem.* 1994;53:163-194. DOI: 10.1146/annurev.bi.53.070184.001115
- Blackburn EM. Structure and function of telomeres. *Nature.* 1991;350(6319):569.
- Bonvicino CR, Lemos B. Molecular phylogenetics of howler monkeys (*Alouatta*, Platyrrhini) A comparison with karyotypic data. *Chromosoma.* 2001;110:241–6.
- Bordignon J, Brasil-Dos-Anjos G, Bueno CR, Salvatiera-Oporto J, Dávila AMR, Grisard EC, Zanetti CR. Detection and characterization of rabies virus in Southern Brazil by PCR amplification and sequencing of the nucleoprotein gene. *Arch Virol.* 2005;150:695-708.
- Borges SH. Análise biogeográfica da avifauna da região oeste do baixo Rio Negro, Amazônia brasileira. *Rev Brasil Zool.* 2007;24(4):919–40
- Bradley RD, Baker RJ. A test of the genetic species concept : cytochrome- b sequences and mammals. *J Mammal.* 2001;82(4):960–73.

- Brandão PE, Scheffer K, Villarreal LY, Achkar S, Oliveira RN, Fahl WO, Castilho JG, Kotait I, Richtzenhain LJ. A Coronavirus detected in the vampire bat *Desmodus rotundus*. Brazil J Infect Dis. 2008;12(6):466-8.
- Braun JK, Layman QD, Mares MA. *Myotis albescens* (Chiroptera: Vespertilionidae). Mamm Species. 2009;846:1-9.
- Brosset A, Charles-Dominique P, Cockle A, Cosson J-F, Masson D. Bat communities and deforestation in French Guiana. Can J Zool. 1996;74(11):1974–82.
- Bush GL, Case SM, Wilson a C, Patton JL. Rapid speciation and chromosomal evolution in mammals. Proc Natl Acad Sci U S A. 1977;74(9):3942–6.
- Cabral CC, Morais ACNB, Dias AVA, Araújo MG, Moreira WC, Mattos GLM. Circulation of the rabies virus in non-hematophagous bats in the City of Rio de Janeiro, Brazil, during 2001-2010. Rev Soc Brasil Med Trop. 2012;45(2):180-183.
- Cadena A, Baker RJ. Cariotipos de los murciélagos vampiros. Caldasia. 1976;XI(54):159–63.
- Calisher CH, Childs JE, Field HE, Holmes KV, Schountz T. Bats: Important Reservoir Hosts of Emerging Viruses. Clin Microbiol Rev. 2006;19(3):531–45. DOI:10.1128/CMR.00017-06.
- Calixto S, Santos I, Martins C, Loreto V, Jose M. Patterns of rDNA and telomeric sequences diversification : contribution to repetitive DNA organization in Phyllostomidae bats. Genetica. 2014;142:49–58.
- Garagna S, Broccoli D, Redi CA, Searle JB, Cooke HJ, Cappana E. Robertsonian metacentrics of the house mouse lose telomeric sequences but retain some minor satellite DNA in the pericentromeric area. Chromosoma. 1995;103:685-92.
- Garagna S, Ronchetti E, Mascheretti S, Crovella S, Formenti D, Rumpler Y, Romanini MGM. Non-telomeric chromosome localization of (TTAGGG)<sub>n</sub> repeats in the genus *Eulemur*. Chromosome Res. 1997;5:487-91.
- Carneiro NFF, Caldeira AP, Antunes LA, Carneiro VF, Carneiro GF. Raiva em morcegos *Artibeus lituratus* em Montes Claros, Estado de Minas Gerais. Rev Soc Brasil Med Trop S Paulo. 2009;42(4):449-51.
- Carrington CV, Foster JE, Zhu HC, Zhang JX, Smith GJ, Thompson N, Auguste AJ, Ramkissoon V, Adesiyun AA, Guan Y. Detection and phylogenetic analysis of group 1 coronaviruses in South American bats. Emerg Infect Dis. 2008;14:1890-3
- Carter DC, Dolan PG. Catalogue of type specimens of Neotropical bats in selected European Museums. Spec Publ Mus Texas Tech Univ.1978;15:1136.
- Carvalho C, Gonçalves JF, Franco R, Casagrande DKA, Pedro WA, Queiroz LH. Caracterização da fauna de morcegos (Mammalia, Chiroptera) e ocorrência de vírus rábico na região noroeste do estado de São Paulo, Brasil. Vet Zootec. 2011;18(3):490-503.

Carvalho CM. O lavrado da Serra da Lua em Roraima e perspectivas de estudos da herpetofauna na região. *Rev Geogr Acad.* 2009;3:4–17.

Cassens I, Vicario S, Waddell VG, Balchowsky H, Van Belle D, Ding W, Fan C, Lal Mohan RS, Simões-Lopes PC, Bastida R, Meyer A, Stanhope MJ, Milinkovith MC. Independent adaptation to riverine habitats allowed survival of ancient cetacean lineages. *Proc Natl Acad of Sci USA.* 2000;97:11343-7.

Castilho JG, KC Scheffer, Achkar SM, Carrieri ML, Kotait I. Antigenic and genetic characterization of the first rabies virus isolated from the bat *Eumops perotis* in Brazil. *Rev Inst Med Trop S Paulo.* 2008;50:95-9.

Castilho JG, Oliveira RN, Fahl WO, Cavalcanti R, Santana AA, Rosa WLGA, Carrieri ML, Kotait I. A comparative study of rabies virus isolates from hematophagous bats in Brazil. *J Wildl Dis.* 2010;46(4):1335-9.

Cavazzana Jr., M, Marcili A, Lima L, Silva FM, Junqueira ACV, Veludo HH, Viola LB, Campaner M, Nunes VLB, Paiva F, Coura JR, Camargo EP, Teixeira MMG. Phylogeographical, ecological and biological patterns shown by nuclear (ssrRNA and gGAPDH) and mitochondrial (Cyt *b*) genes of trypanosomes of the subgenus *Schizotrypanum* parasitic in Brazilian bats. *Int J Parasitol.* 2010;40:345-55.

Chagas C. Nova tripanozomíase humana. Estudos sobre a morfologia e o ciclo evolutivo do *Schizotrypanum cruzi* n. gen, n. sp., agente etiológico de nova entidade morbida do homem. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 1909;1:11-80.

Charles-Dominique P. Tent-use by the bat *Rhinophylla pumilio* (Phyllostomidae: Carolliinae) in French Guiana. *Biotropica.* 1993;25(1):111-6.

Clare EL, Lim BK, Fenton MB, Hebert PDN. Neotropical bats: Estimating species diversity with DNA barcodes. *PLoS One.* 2011;6(7). e22648.DOI:10.1371/journal.Pone.0022648

Clutier D, Thomas DW. *Carollia perspicillata*. *Mamm Species.* 1992;417:1-9.

Cordeiro RA, Castro e Silva KR, Brilhante RSN, Moura FBP, Duarte NFH, Marques FJF, Cordeiro RA, Moreira Filho RE, Araújo RWB, Bandeira TJPG, Rocha MFG, Sidrim JJC. *Coccidioides posadasii* infection in bats, Brazil. *Emerg Infect Dis.* 2012;18(4):668-70.

Corman VM, Rasche A, Diallo TD, Cottontail VM, Stöcker A, Souza BF, Corrêa JI, Carneiro AJB, Franke CR, Nagy M, Metz M, Knörnschild M, Kalko EKV, Ghanen SJ, Morales KDS, Salsamendi E, Spínola M, Herrler G, Voigt CC, Tschapka M, Drosten C, Drexler JF. Highly diversified coronaviruses in neotropical bats. *J Gen Virol.* 2013; 94:1984-94. DOI:10.1099/vir.0.054841-0

Coura JR, Dias JCP. Epidemiology, control and surveillance of Chagas disease – 100 years after its discovery. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2009;104(suppl. I):31-40.

- Coura JR, Junqueira ACV, Bóia MN, Fernandes O, Bonfante C, Campos JE, Santos L, Devera L. Chagas disease in the Brazilian Amazon. IV. A new cross-sectional study. *Rev Inst Med Trop S Paulo*. 2002;44(3):159-65.
- Cracraft J, Prum RO. Patterns and process of diversification: speciation and historical congruence in some Neotropical birds. *Evolution*. 1988;42:603-20
- Cracraft J. Historical biogeography and patterns of differentiation within the South American areas of endemism. In: Buckley PA, Foster MS, Morton ES, Ridgley RS, Buckley FG, editores. *Neotropical Ornithology*. Washington, D. C: American Ornithologists' Union; 1985. p.49-84.
- Cunha EMS, Lara MCCSH, Nassar AFC, Sodr e MM, Amaral LFV. Isolation of rabies virus in *Artibeus fimbriatus* bat in the State of Sao Paulo, Brazil. *Rev Saude P ubl*. 2005;39:683-4.
- Cunha EMS, Silva LHQ, Lara MCCSH, Nassar AFC, Albas A, Sodr e MM, Pedro WA. Bat rabies in the north-northwestern regions of the State of S o Paulo, Brazil: 1997-2002. *Rev Saude P ubl*. 2006;40:1082-6.
- Curotto SM, Silva TG, Basso FZ, Barros Filho IR. Mal ria em mam feros silvestres. *Arqu Ci nc Vet Zool UNIPAR*. 2012;15(1):67-77.
- D'Auria, SRN, Camargo MCGO, Pacheco RC, Savani ESMM, Dias MAG, da Rosa AR, Almeida MF, Labruna MB. Serologic Survey for Rickettsiosis in Bats from S o Paulo City, Brazil. *Vec-Born Zoonot Dis*. 2010;10(5):459-63. DOI: 10.1089/vbz.2009.0070
- da Silva JMC, Oren DC. Application of parsimony analysis of endemism in Amazonian biogeography: an example with primates. *Biol J Linn Soc*. 1996;59:427-37.
- Daher EF, Silva Jr GB, Barros FAS, Takeda CFV, Mota RMS, Ferreira MT, Oliveira SA, Martins JC, Ara jo SMHA, Guti rrez-Adrianz n OA. Clinical and laboratory features of disseminated histoplasmosis in HIV patients from Brazil. *Trop Med Int Health*. 2007;12(9):1108–15. DOI:10.1111/j.1365-3156.2007.01894.x
- Dantas-Torres F, Valen a LA, Andrade-Filho GV. First record of *Desmodus rotundus* in urban area from the city of Olinda, Pernambuco, Northeastern Brazil: a case report. *Rev Inst Med Trop S Paulo*. 2005;47:107-8.
- Datzmann T, Von Helversen O, Mayer F. Evolution of nectarivory in phyllostomid bats (Phyllostomidae Gray, 1825, Chiroptera: Mammalia). *BMC Evolutionary Biology*; 2010. 165 p.
- Deus GT, Becer M, Navarro IT. Diagn stico de raiva em morcego n o-hemat fago na cidade de Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Centro-oeste do Brasil: descri o de casos. *Ci ncias Agr rias (Londrina)*. 2003;24:171-6.

Dias D, Esbérard CE, Moratelli R. A new species of *Lonchophylla* (Chiroptera, Phyllostomidae) from the Atlantic Forest of southeastern Brazil, with comments on *L. bokermanni*. *Zootaxa*. 2013;3722:347-60.

Dias E, Mello GB, Costa DR, Azevedo M. Investigação sobre esquistotripanoses de morcegos do Estado do Pará. Encontro de barbeiros *Cavernicola pilosa* como transmissor. *Rev Brasil Biol*. 1942;2:103-10.

Dias MAG, Oliveira RMZ, Giudice MC, Montenegro Netto H, Jordão LR, Grigorio IM, Rosa AR, Amorim J, Nosanchuk JD, Travassos LR, Taborda CP. Isolation of *Histoplasma capsulatum* from bats in the urban area of São Paulo State, Brazil. *Epidemiol Infect*. 2011;139(10):1642-4. Disponível em: <http://dx.DOI.org/10.1017/S095026881000289X>

Ditchfield AD. The comparative phylogeography of Neotropical mammals: patterns of intraspecific mitochondrial DNA variation among bats contrasted to nonvolant small mammals. *Mol Ecol*. 2000;9:1307-18.

Dobson AP. What Links Bats to Emerging Infectious Diseases? *Science*. 2005; 310:628-9.

Dominguez SR, O'Shea TJ, Oko LM, Holmes KV. Detection of Group 1 Coronaviruses in Bats in North America. *Emerg Infect Dis*. 2007;13(9):1295-300.

Dumler JS, Walker DH. Rocky Mountain spotted fever-changing ecology and persisting virulence. *N Engl J Med*. 2005;353:551–3.

Dumont ER, Samadevam K, Grosse I, Warsi OM, Baird B, Davalos LM. Selection for mechanical advantage underlies multiple cranial optima in new world leaf-nosed bats. *Evolution*. 2014;68(5):1436-49.

Eberhard JR, Bermingham E. Phylogeny and comparative biogeography of *Pionopsitta* parrots and *Pteroglossus* toucans. *Mol Phylogen Evol*. 2004;36:288–304.

Eger JL. Family Molossidae P. Gervais, 1856. In: Gardner AL. *Mammals of South America*. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press; 2007; p.399-439.

Eisenberg JF, Redford K. In: Eisenberg JF e Hubbard K. editors. *Mammals of the Neotropics. The central Neotropics: Ecuador, Peru, Bolivia and Brazil*. Illinois: University of Chicago Press; 2001. Vol 3. 609 p.

Emmons CW. Associations of bats with histoplasmosis. *Public Health Rep*. 1958;73(7):590-5.

Fabian ME, Gregorin R. Família Molossidae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, LimalP, editores. *Morcegos do Brasil*. Londrina: Universidade Estadual de Londrina, 2007. p.17-24.

Fabian ME. Contribuição ao estudo da infecção de morcegos por hemoflagelados do gênero *Trypanosoma* Gruby, 1843. *Cad Saúde Públ*. 1991; 7(1):69-81.

Fagundes V, Vianna-Morgante AM, Yonenaga-Yassuda Y. Telomeric sequences localization and G-banding patterns in the identification of a polymorphic chromosomal rearrangement in the rodent *Akodon cursor* (2n=14,15 and 16) *Chromosome Res.* 1997;5:228–32.

Faria KC, Marchesin SRC, Moreira PRL, Beguelini MR, Morielle-Versute E. New insights into telomeric DNA sequence (TTAGGG)<sub>n</sub> location in bat chromosomes. *Genet Mol Res.* 2009;8(3):1079–84.

Faria KC, Morielle-Versute E. *In situ* hybridization of bat chromosome with human (TTAGGG)<sub>n</sub> probe, after previous digestion with Alu I. *Genet Mol Biol.* 2002; 25(4):365-71.

Ferraz C, Achkar SM, Kotait I. First report of rabies in vampire bats (*Desmodus rotundus*) in an urban area, Ubatuba, São Paulo State, Brazil. *Rev Inst Med Trop S Paulo.* 2007;49:389-90.

Ferreira MS, Borges AS. Histoplasmoses. *Rev Soc Brasil Med Trop.* 2009;42(2):192-8.

Ferreira WAS, Borges BN, Rodrigues-Antunes S, Andrade FAG, Aguiar GFS, Silva-Jr JS, Marques-Aguiar SA, Harada ML. Phylogeography of the Dark Fruit-Eating Bat *Artibeus obscurus* in the Brazilian Amazon. *J Heredity.* 2014;105(1):48–59  
DOI:10.1093/jhered/est066

Finato AO, Varella-Garcia M, Tajara EH, Taddei VA, Morielle-Versute E. Intrachromosomal distribution of telomeric repeats in *Eumops glaucinus* and *Eumops perotis* (Molossidae, Chiroptera). *Chromosome Res.* 2000;8(7):563–9.

Food and Agriculture Organization of the United Nations (Rome). Investigating the role of bats in emerging zoonoses: Balancing ecology, conservation and public health interests. In: Newman SH, Field HE, Jong CE, Epstein JH, editors. *FAO Animal Production and Health Manual*, 2011;p.12.

Fregonezi MN, Reis NR, Peracchi AL. Subfamília Phyllostominae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. *Morcegos do Brasil – Guia de Campo*. Rio de Janeiro: Technical Books Editora; 2013. p.73-105.

Freuling C, Beer M, Conraths FJ, Finke S, Hoffmann B, Keller B, Kliemt J, Mettenleiter TC, Mühlbarch E, Teifke JP, Wohlsein P, Müller T. Novel lyssavirus in a Natterer's bat (*Myotis nattereri*), Germany. *Emerg Infect Dis.* 2011;17:1519–22.

Freygang CC. Estudos filogenéticos dos morcegos filostomídeos da Região Neotropical [tese]. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul; 2006.

Funayama G, Barreto M. Studies of wild reservoirs and vectors of *Trypanosoma cruzi*. LIV. Natural bat infection, *Epitesicus brasiliensis brasiliensis* (Desmarest, 1819) by *T. cruzi*. *Rev Brasil Biol.* 1973;33:439-44.

- Garcia JP, Pessôa LM. Karyology composition of bats from the Brazilian nuclear power plant, state of Rio de Janeiro. *Chiropt Neotrop*. 2010;16(1):617–28.
- Gardner AL. Chromosomal variation in *Vampyressa* and a review of chromosomal evolution in the Phyllostomidae (Chiroptera). *Syst Zool* 1977;26:300-318.
- Gardner AL. Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2008a;669p.
- Gardner AL. Family Noctilionidae Gray, 1821. In: Gardner AL. Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2008b; p.384–9.
- Gardner AL. Subfamily Stenodermatinae P. Gervais, 1856. In: Gardner AL. Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2008c; p.300–76.
- Gardner AL. Subfamily Vespertilionidae Gray, 1821. In: Gardner AL. Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2008d; p.440–81.
- Geise L, Costa LDM, Eduardo C, Esbérard L. Karyotype of *Centronycteris maximiliani* (J . Fischer , 1829) (Chiroptera : Emballonuridae) from the Jequitinhonha Valley, Bahia state, Brazil. *Bol Soc Bras Mastozool*. 2015;72:1–3.
- Genoways HH, Baker RJ. A new species of the genus *Rhogeessa*, with comments on geographic distribution and speciation in the genus. In: Genoways HH, Baker RJ, editors. Contributions in mammalogy: A memorial volume honoring Dr. J. Knox Jones, Jr. Lubbock: The Museum of Texas Tech University; 1996. xxix+1-315 p.
- Genoways HH, Williams SL. Results of the Alcoa Foundation – Suriname Expeditions. I. A new species of the genus *Tonatia* (Mammalia: Phyllostomidae). *Ann Carnegie Mus*. 1980;49:203-11.
- Gibson LJ. Chromosomal Chances in Mammalian Speciation: A Literature Review. *Origins*. 1984;11(2):67-89.
- Go Y, Rakotoarisoa G, Kawamoto Y, Randrianjafy A, Koyama N, Hirai H. PRINS analysis of the telomeric sequence in seven lemurs. *Chromosome Res*. 2000;8:57-65.
- Góes LGB, Ruvalcaba SG, Campos ACA, Queiroz LH, Carvalho C, Jerez JA, Durigon EL, Dávalos LI, Dominguez SR. Novel bat coronaviruses, Brazil and Mexico. *Emerg Infect Dis*. 2013;19:1711-3. DOI:10.3201/eid1910.130525
- Gomes AJB, Nagamachi CY, Rodrigues LRR, Farias SG, Pieczarka JC. Karyotypic variation in *Rhinophylla pumilio* Peters, 1865 and comparative analysis with representatives of two subfamilies of Phyllostomidae (Chiroptera). *Comp Cytogen*. 2012;6(2):213-25. DOI:10.3897/CompCytogen.v6i2.1679, [www.pensoft.net/journals/compcytogen](http://www.pensoft.net/journals/compcytogen)

Gomes AJB, Rodrigues LRR, Rissino JD, Nagamachi CY, Pieczarka JC. Biogeographical karyotypic variation of *Rhinophylla fischeræ* (Chiroptera: Phyllostomidae) suggests the occurrence of cryptic species. *Comp Cytogen.* 2010;4(1):79–85.

Graphodatsky AS, Trifonov VA, Stanyon R. The genome diversity and karyotype evolution of mammals. *Mol Cytogen.* 2011;4:22. Disponível em: <http://www.molecularcytogenetics.org/content/4/1/22>

Greenbaum IF, Jones JK. Noteworthy records of bats from El Salvador, Honduras, and Nicaragua. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ.* 1978;(55):1–7.

Greenhall AM, Joermann G, Schmidt U. *Desmodus rotundus*. *Mamm Species.* 1983;202:1-6.

Griffiths TA, Smith AL. Systematics of emballonurid bats (Chiroptera: Emballonuridae and Rhinopomatidae) based on hyoid morphology. *Bull Am Mus Natl Hist.* 1991;206:62-83.

Guerrero JA, de Luna E, Gonzalez D. Taxonomic status of *Artibeus jamaicensis triomylus* inferred from molecular and morphometric data. *J Mammal.* 2004;85:866–74.

Grisard EC, Sturm NR, Campbell DA. A new species of trypanosome, *Trypanosoma desterrensis* sp. n., isolated from South American bats. *Parasitology.* 2003;127:265-71.

Guindon S, Dufayard JF, Lefort V, Anisimova M, Hordijk W, Gascuel O. New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Syst Biol.* 2010;59:307-21.

Guindon S, Gascuel O. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Syst Biol.* 2003;52: 696-704.

Hall JPW, Harvey DJ. The Phylogeography of Amazonia Revisited: New Evidence from Riodinid Butterflies. *Evolution (N Y)* [Internet]. 2002; 56(7):1489–97. Disponível em: <http://onlinelibrary.wiley.com/DOI/10.1111/j.0014-3820.2002.tb01460.x/abstract>

Halpin K, Hyatt AD, Plowright RK, Epstein JH, Daszak P, Field HE, Wang L, Daniels PW. Henipavirus Ecology Research Group. Emerging Viruses: Coming in on a Wrinkled Wing and a Prayer. *Emerg Infect Dis.* 2007;44:711-7.

Hamanaka SI, Pinto AS. Growth and differentiation on a trypanosome of the subgenus *Schizotrypanum* from the bat *Phyllostomus hastatus*. *Rev Soc Brasil Med Trop.* 1993;26(4):225-30.

Handley Jr. CO. Bats of the canopy of an Amazonian Forest. *Atas do Simpósio Sobre a Biota Amazônica.* 1967;5:211-5.

- Handley Jr. CO. Mammals of the Venezuelan Smithsonian Project. Brigham Young University Bulletin, Biological Series 1976;20(5):1-89.
- Haynes
- Hasegawa M, Kishino H, Yano TA. Dating of the human ape splitting by a molecular clock of mitochondrial-DNA. J Mol Evol. 1985;22:160-174.
- Hellborg L, Ellegren H. Y chromosome conserved anchored tagged sequences (YCATS) for the analysis of mammalian male-specific DNA. Mol Ecol. 2003;12:283-91.
- Henderson GW, Laird C, Dermott IE, Rima BK. Characterization of Mapuera virus: structure, proteins and nucleotide sequence of the gene encoding the nucleocapsid protein. J Gen Virol. 1995;76:2509-18.
- Henry M, Kalko EKV. Foraging strategy and breeding constraints of *Rhinophylla pumilio* (Phyllostomidae) in the Amazon lowlands. J Mammal. 2007;88(1):81-93. DOI: <http://dx.Doi.org/10.1644/06-MAMM-A-001R1.1>, Disponível em: <http://www.bioone.org/DOI/full/10.1644/06-MAMM-A-001R1.1>
- Herd RM. *Pteronotus parnelli*. Mamm Species. 1983;(209):1–5.
- Herrera HM, D'Ávila AMR, Norek A, Abreu UG, Souza SS, D'Andrea PS, Jansen AM. Enzootiology of *Trypanosoma evansi* in Pantanal, Brazil. Vet Parasitol. 2004;125:263–75. DOI:10.1016/j.vetpar.2004.07.013
- Herrera, L. Una revisión sobre reservorios de *Trypanosoma (Schizotrypanum) cruzi* (Chagas, 1909), agente etiológico de la Enfermedad de Chagas. Bol Malariol Salud Amb L. 2010;(1):3-15.
- Hoff GL, Bigler WJ. The role of bats in the propagation and spread of Histoplasmosis: a review. J Wildl Dis. 1981;17(2):191-6.
- Hoffmann FG, Baker RJ. Systematics of Bats of the Genus *Glossophaga* (Chiroptera: Phyllostomidae) and Phylogeography in *G. soricina* Based on the Cytochrome-B Gene. J Mammal [Internet]. 2001;82(4):1092–101. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/1383486>
- Hoffmann FG, Baker RJ. Comparative phylogeography of short-tailed bats (Carollia: Phyllostomidae). Mol Ecol. 2003;12(12):3403–14.
- Hoffmann FG, Hooper SR, Baker, RJ. Molecular dating of the diversification of Phyllostominae bats based on nuclear and mitochondrial DNA sequences. Mol Phylogenet Evol. 2008;49:653–8.
- Hoffmann FG, Owen JG, Baker RJ. MtDNA perspective of chromosomal diversification and hybridization in Peters' tnet-making bat (*Uroderma bilobatum*: Phyllostomidae). Mol Ecol. 2003;12:2981-93.
- Hollis L. *Artibeus planirostris*. Mamm Species. 2005;775(775):1–6.

- Honeycutt RL, Baker RJ, Genoways HH. Results of the Alcoa Foundation- Suriname expeditions. III. Chromosomal data for bats (Mammalia: Chiroptera) from Suriname. *Ann Carn Mus Natl Hist.* 1980;49:237-49.
- Honeycutt RL, Sarich VM. Monophyly and molecular evolution within three phyllostomid bat genera. *J Mammal.* 1987;68:518-25.
- Hood CS, Gardner AL. Family Emballonuridae Gervais, 1856. In: Gardner AL, editor. *Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats.* Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2007; p.188–207.
- Hood CS, Baker RJ. G- and C-Banding chromosomal studies of bats of the family Emballonuridae. *J Mammal.* 1986;67:706-11.
- Hood CS, Jones Jr. K. *Noctilio leporinus.* *Mamm species.* 1984;216:1-7.
- Hood CS, Pitocchelli J. *Noctilio albiventris.* *Mamm species.* 1983;197:1-5.
- Hoofer SR, Solari S, Larsen PA, Bradley RD, Baker RJ. Phylogenetics of the fruit-eating bats (Phyllostomidae: Artibeina) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ.* 2008;(277):1–16.
- Hoofer SR, Van Den Bussche RA. Molecular phylogenetics of the chiropteran family Vespertilionidae. *Acta Chiropterol.* 2003;5(supplement):1–63.
- Howell WM, Black DA. Controlled silver-staining of nucleolus organizer regions with a protective colloidal developer: a 1-step method. *Experientia.* 1980;36:1014-5. <http://www.molecularcytogenetics.org/content/4/1/22>
- Hsu TC, Baker RJ, Utakoji T. The multiple sex chromosome system of American leaf-nosed bats (Chiroptera, Phyllostomidae). *Cytogenetics.* 1968;7:27-38.
- Huchon D, Catzeflis M, Douzery EJP. Molecular Evolution of the Nuclear von Willebrand Factor Gene in Mammals and the Phylogeny of Rodents. *Mol Biol Evol.* 1999;16(5):577–89.
- Husson AM. The mammals of Suriname. In: Brill EJ. *Zoologische Monographien van het Rijksmuseum van Natuurlijke Historie.* Leiden, 1978(2): xxxiv+569 pp.+160 p.
- Hyatt AD, Daszak P, Cunningham AA, Field H, Gould AR. Henipaviruses: gaps in the knowledge of emergence. *EcoHealth.* 2004;1:25-38. DOI:10.1007/s10393-004-0017-6.
- Jansen AM, Roque ALR. Domestic and wild mammalian reservoirs. In: Telleria J, Tibyarenc M, editores. *American Trypanosomiasis – Chagas Disease.* London: Elsevier, 2010; p.249–76.
- Jones JK, Hood SG. Synopsis of South American bats of the family Emballonuridae. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ.* 1993;155:1-32.

- Jones KE, Purvis A, MacLarnon A, Bininda-Emonds ORP, Simmons NB. A phylogenetic supertree of the bats (Mammalia: Chiroptera). *Biol Rev Camb Philos Soc.* 2002;77(2):223–59.
- Kalko EK V, Handley CO. Neotropical bats in the canopy: diversity, community structure, and implications for conservation. *Plant Ecol [Internet].* 2001;153(1-2):319–33. Available from: <Go to ISI>://000170943700027
- Kasahara S, Dutrillaux B. Chromosome banding patterns of four species of bats, with special reference to a case of X-autosome translocation. *Ann Genet.* 1983;26:197-201.
- Keane TM, Creevey CJ, Pentony MM, Naughton TJ, McLnerney JO. Assessment of methods for amino acid matrix selection and their use on empirical data shows that ad hoc assumptions for choice of matrix are not justified. *BMC Evol Biol.* 2006;6:29.
- Khan FAA, Phillips CD, Baker RJ. Timeframes of speciation, reticulation, and hybridization in the bulldog bat explained through phylogenetic analyses of all genetic transmission elements. *Syst Biol.* 2014;63(1):96–110. DOI:10.1093/sysbio/syt062
- Khan FAA, Solari S, Swier VJ, Larsen P a., Abdullah MT, Baker RJ. Systematics of Malaysian woolly bats (Vespertilionidae: Kerivoula) inferred from mitochondrial, nuclear, karyotypic, and morphological data. *J Mammal.* 2010;91(5):1058–72.
- Kiblicki P. Chromosome patterns of 7 species of leaf-nosed bats of Venezuela (Chiroptera-Phyllostomidae). *Experientia.* 1969;25:1203.
- Kim GR, Lee YT, Park CH. A new natural reservoir of hantavirus: isolation of hantaviruses from lung tissues of bats. *Arch Virol.* 1994;134:85-95.
- Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol.* 1980;16:111-20.
- King M. *Species Evolution: the role of chromosomes change.* Cambridge University Press. New York, 1994. 336 p.
- Klite PD, Kourany M. Isolation of *Salmonellae* from a Neotropical Bat. *J Bacteriol.* 1965;90(3):831.
- Kobayashi Y, Sato G, Kato M, Ito T, Cunha EMS, Silva MV, Mota CS, Ito FH, Sakai T. Genetic diversity of bat rabies viruses in Brazil. *Arch Virol.* 2007;152:1995–2004. DOI:10.1007/s00705-007-1033-y
- Kobayashi Y, Sato G, Shoji Y, Sato T, Ito T, Cunha EMS, Silva MV, Mota CS, Samara SI, Carvalho AAB, Nocitti DP, Ito FH, Sakai T. Molecular Epidemiological analysis of bat rabies viruses in Brazil. *J Vet Med Sci.* 2005;67(7):647-52.
- Koopman KF. Chiroptera: Systematics. In: Niethammer J, Schliemann H, Starck D, editores. *Handbook of Zoology. Band/Volume VIII Mammalia.* Berlin: Walter de Gruyter & Co, 1994; 277p.

Kosoy M, Bai Y, Tynch L, Kuzmin IV, Niezgoda M, Franka R, Agwanda B, Breiman RF, Rupprecht CE. *Bartonella* spp. In Bats. Kenya Emerg Infect Dis. 2010;16(12):1875-81. DOI:10.3201/eid1612.100601

Kotait I, Carrieri ML, Takaoka N. Manual Técnico do Instituto Pasteur. Raiva - Aspectos gerais e clínica. Kotait I, editor. São Paulo: Instituto Pasteur; 2009. 49 p.

Kotait I, Gonçalves CA, Peres NF, Souza MCAM, Targueta MC. Manual Técnico do Instituto Pasteur. Controle da raiva dos herbívoros, Instituto Pasteur de São Paulo, São Paulo. 1998; p.1-15.

Koubínová D, Irwin N, Hulva P, Koubek P, Zima J. Hidden diversity in Senegalese bats and associated findings in the systematics of the family Vespertilionidae. Front Zool [Internet]. 2013;10(1):48. Disponível em: <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=3751436&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>

Kunz TH, Fujita MS, Brooke AP, McCracken GF. Convergence in tent architecture and tent-making behavior among Neotropical and paleotropical bats. J Mamm Evol. 1994;2(1):57-78.

Kuzmin IV, Bozick B, Guagliardo SA, Kunkel R, Shak JR, Tong S. Bats, emerging infectious diseases, and the rabies paradigm revisited. Emerg Health Threats J. 2011;4(7159):1-17.

Kuzmin IV, Mayer AE, Niezgoda MI, Markotter W, Agwanda B, Breiman RF, Rupprecht CE. Shimoni bat virus, a new representative of the *Lyssavirus* genus. Virus Res. 2010;149:197-210.

Kwiecinski GG. *Phyllostomus discolor*. Mamm Species. 2006;801(801):1-11.

Kwon M, Gardner AL. Subfamily Desmodontinae J. A. Wagner, 1840. In: Gardner AL. Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2007; p.218-24.

Labruna MB. Ecology of *Rickettsia* in South America. Rickettsiology and Rickettsial Disease-Fifth International Conference. Ann New York Acad Sci. 2009;1166:156-66. DOI:10.1111/j.1749-6632.2009.04516.x

Labruna MB, Kamakura O, Moraes-Filho J, Horta MC, Pacheco RC. Rocky Mountain spotted fever in dogs, Brazil. Emerg Infect Dis. 2009;5:458-60.

Langoni H, Lima K, Menozzi BD, Silva RC. Rabies in the big fruit-eating bat *Artibeus lituratus* from Botucatu, Southeastern Brazil. J Venom Anim Tox Trop Dis. 2005;11:84-7.

Larsen PA, Hooper SR, Bozeman MC, Pedersen SC, Hugh H, Phillips CJ, et al. Phylogenetics and phylogeography of the *Artibeus jamaicensis* complex based on cytochrome- b DNA sequences. J Mammal. 2007;88(3):712-27.

Larsen PA, Marchán-Rivadeneira MR, Baker RJ. Taxonomic status of Andersen's fruit-eating bat (*Artibeus jamaicensis aequatorialis*) and revised classification of *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Zootaxa*. 2010;60(2648):45–60.

Lau SKP, Woo PCY, Li KSM, Huang Y, Tsoi H, Wong BHL, Wong SSS, Leung S, Chan K, Yuen K. Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proc Natl Acad Sci U.S.A.* 2005;102(39):14040–5. Disponível em: <http://www.pnas.org/cgi/DOI/10.1073/pnas.0506735102>

Lee TE, Dominguez DJ. *Ametrida centurio*. *Mamm Species*. 2000;640:1-4.

Lee Jr TE, Hofer SR, VDBR. Molecular phylogenetics and taxonomy revision of the genus *Tonatia* (Chiroptera: Phyllostomidae). *J Mammal*. 2002;83(1):49–57.

Lee Jr. TE, Scott JB, Marcum MM. *Vampiressa bidens*. *Mamm Species*. 2001;684:1-3.

Leite-Silva C, Santos N, Fagundes V, Yonenaga-Yassuda Y, de Souza MJ. Karyotypic characterization of the bat species *Molossus ater*, *M. molossus* and *Molossops planirostris* (Chiroptera, Molossidae) using FISH and banding techniques. *Hereditas*. 2003;138(2):94–100.

Leroy EM, Kumulungui B, Pourrut X, Rouquet P, Hassanin A, Yaba P, Délicat A, Paweska JT, Gonzalez J, Swanepoel R. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature*. 2005;438:575–6. DOI:10.1038/438575a

Lewis-Oritt N, Porter CA, Baker RJ. Molecular systematics of the family Mormoopidae (Chiroptera) based on cytochrome *b* and recombination activating gene 2 sequences. *Mol Phylogenet Evol*. 2001a;20(3):426-436.

Lewis-Oritt N, Van Den Bussche RA, Baker RJ. Molecular Evidence for Evolution of Piscivory in *Noctilio* (Chiroptera: Noctilionidae). *J Mammal*. 2001b; 82(3):748.

Li W, Shi ZI, Yu M, Ren W, Smith C, Epstein JH, Wang H, Crameri G, Hu Z, Zhang H, Zhang J, McEachern J, Field H, Daszak P, Eaton BT, Zhang S, Wang L. Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses. *Science*. 2005;310:676-9. DOI:10.1126/science.1118391

Lim BK. Divergence times and origin of neotropical sheath-tailed bats (Tribe Diclidurini) in South America. *Mol Phylogenet Evol*. 2007;45(3):777–91.

Lim BK. Biogeography of mammals from the Guianas of South America. In: Patterson BD, Costa LP, editores. *Bones, clones, and biomes: the history and geography of recent Neotropical mammals*. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2012. p.230-58.

Lim BK, Engstrom MD, Bickham JW, Patton JC. Molecular phylogeny of New World sheath-tailed bats (Emballonuridae: Diclidurini) based on loci from the four genetic transmission systems in mammals. *Biol J Linn Soc*. 2008;93:189-209.

Lim BK, Engstrom MD. *Mammals*. *Bull Biol Soc Washingt*. 2005;13(1):77–92.

- Lim BK, Engstrom MD, Lee Jr. TE, Patton JC, Bickham JW. Molecular differentiation of large species of fruit-eating bats (*Artibeus*) and phylogenetic relationships based on the cytochrome *b* gene. *Acta Chiropterol.* 2004;6(1):1-12.
- Lim BK, Pedro WA, Passos FC. Differentiation and species status of the Neotropical yellow-eared bats *Vampyressa pusilla* and *V. thyone* (Phyllostomidae) with a molecular phylogeny and review of the genus. *Acta Chiropterol.* 2003;5(1):15–29.
- Lima FES, Campos FS, Kunert Filho HC, Batista HBC, Carnielli Jr. P, Cibulsk SP, Spilki R, Roehe PM, Franco AC. Detection of an *Alphacoronavirus* in velvet free-tailed bats (*Molossus molossus*) and Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) from urban area of Southern Brazil. *Virus Genes.* 2013a; 47(1):164-7.
- Lima FES, Cibulsk SP, Carnielli Jr. P, Elesbao F, Batista HBCR, Roehe PM, Franco AC. First detection of adenovirus in the vampire bat (*Desmodus rotundus*) in Brazil. *Virus Genes.* 2013b; 47:378-81.
- Lin JW, Hsu YM, Chomel BB, Lin LK, Pei JC, Wu SH, Chang CC. Identification of novel *Bartonella* spp. in bats and evidence of Asian gray shrew as a new potential reservoir of *Bartonella*. *Vet Microbiol.* 2012;156(1-2):119-26.
- Lino AMCDB, Bichiato PA, Petroni JRC, Mello FCC, Takaoka NY, Reichmann MLAB. Raiva animal no Município de Cotia, São Paulo: relatos de casos. In: Anais do 35º Congresso Brasileiro de Medicina Veterinária, Gramado. 2008. Disponível em: <http://www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R1139-1.html>
- Lins ZC, Lopes ML, Maroja OM. In: Instituto Evandro Chagas; 50 anos de Contribuição às Ciências Biológicas e à Medicina Tropical. Epidemiologia das Leptospiroses com particular referência a Amazônia brasileira. Belém, Fundação Serviços de Saúde Pública, 1986; Volume 2. 764 p.
- Lisboa CV, Pinho AP, Herrera HM, Gerhardt M, Cupolillo E, Jansen AM. *Trypanosoma cruzi* (Kinetoplastida, Trypanosomatidae) genotypes in neotropical bats in Brazil. *Vet Parasitol.* 2008;156:314-8.
- Liu WS, Fredga K. Telomeric (TTAGGG)<sub>n</sub> sequences are associated with nucleolus organizer regions (NORs) in the lemming. *Chromosome Res.* 1999;7:235-40.
- Love RJ, Philbey AW, Kirkland PD, Ross AD, Davis RJ, Morrissey C, Daniels PW. Reproductive disease and congenital malformations caused by Menangle virus in pigs. *Aust Vet J.* 2001;79(3):192-8.
- MacCarthy C. Chromas. Southport, Queensland, Australia: School of Health Science, Griffith University, Gold Coast Campus, 1.45 (32-bit). 1998.
- MacLellan LJ, Koopman KF. Family Carollinae Miller, 1924. In: Gardner AL. Mammals of South America. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2007; p.208-18.

- Maia da Silva F, Marcilli A, Lima L, Cavazzana M, Ortiz PA, Campaner M, Takeda GF, Paiva F, Nunes VL, Camargo EP, Teixeira MMG. *Trypanosoma rangeli* isolates of bats from Central Brazil: genotyping and phylogenetic analysis enable description of a new lineage using spliced-leader gene sequences. *Acta Trop*. 2009;109(3):199-207.
- Makino S. A study of the chromosomes in two species of bats (Chiroptera). *Biol Bull*. 1948;94:275–82.
- Marchesin SRC, Beguelini MR, Faria KC, Moreira PRL. Assessing genetic variability in bat species of Emballonuridae, Phyllostomidae, Vespertilionidae and Molossidae families (Chiroptera) by RFLP-PCR. *Genet Mol Res*. 2008;7(4):1164–78.
- Marcilli A, Lima L, Cavazzana MJR, Junqueira ACV, Veludo HH, Maia da Silva F, Campaner M, Paiva F, Nunes VLB, Teixeira MMG. A new genotype of *Trypanosoma cruzi* associated with bats evidenced by phylogenetic analyses using SSU rDNA, cytochrome b and Histone H2B genes and genotyping based on ITS1 rDNA. *Parasitology*. 2009;136:641-55.
- Marinkelle C J. In: Lumdsen WHR, Evans DA, editores. The biology of the trypanosomes of bats. *Biology of the Kinetoplastida*. Academic Press, New York. 1976. p. 175-216.
- Marques-Aguiar SA, Del Aguila MV, Aguiar GFS, Saldanha N, Silva Jr. JS, Rocha MMB. Caracterização e perspectivas de estudo dos quirópteros da Estação Científica Ferreira Penna – município de Melgaço – PA. *Idéias e Debates*. 2003;6:1-3.
- Marques-Aguiar SA. A systematic review of the large species of *Artibeus* Leach, 1821 (Mammalia: Chiroptera), with some phylogenetic inferences. *Bol Mus Para Emílio Goeldi sér Zool*. 1994;10:3–83.
- Marques-Aguiar AS. Genus *Artibeus* Leach, 1821. In: Gardner AL, editor. *Mammals of South America, marsupials, xenarthrans, shrews, and bats*. Illinois: University of Chicago Press, 2007. p.301–321.
- Marston DA, Horton DL, Ngeleja C, Hampson K, McElhenny LM, Banyard AC, Haydon D, Cleaveland S, Rupprecht CE, Bigambo M, Fooks AR, Lembo T. Ikoma lyssavirus: identification of a highly divergent novel lyssavirus in an African civet (*Civettictis civetta*). *Emerg Infect Dis*. 2012;18:664–7.
- Mathey R, Bovey R. La formule chromosomique chez cinq espèces des Chiroptères. *Experientia*. 1948;4:1-4.
- Martins FM, Templeton AR, Pavan ACO, Kohlbach BC, Morgante JS. Phylogeography of the common vampire bat (*Desmodus rotundus*): Marked population structure, Neotropical Pleistocene vicariance and incongruence between nuclear and mtDNA markers. *BMC Evol Biol*. 2009;9:294. DOI:10.1186/1471-2148-9-294
- Martins LS. Notas sôbre a geografia da Amazônia. *Rev Brasil Geogr*. 1942;4:3-229.

Martorelli LFA, Aguiar EAC, Almeida MF, Silva MMS, Novaes ECR. Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro *Myotis nigricans*. Rev Saúde Públ. 1995;29(2):140-1.

Martorelli LFA, Aguiar EAC, Almeida MF, Silva MMS, Nunes VFP. Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro, *Lasyurus borealis*. Rev Saúde Públ. 1996;30(1):101-2.

Matos D, Almeida MF, Aguiar EA, Martorelli LFA, Nunes UFP. Pathogenic fungi in bats of the Jundiaí City, Brazil. SMS Instituto Adolfo Lutz. 1998. 1 p.

Medellín RA. *Chrotopterus auritus*. Mamm Species. 1989;343:1-5.

Medellín RA, Arita HT. *Tonatia evotis* and *Tonatia silvicola*. Mamm Species. 1989;334:1-5.

Metcalf CJ, Eldridge DB, Toder R, Johnston PG. Mapping the distribution of the telomeric sequence  $(T_2AG_3)_n$  in the Macropodoidea (Masupialia), by fluorescence in situ hybridization. I. The swamp wallaby, *Wallabia bicolor*. Chromosome Res. 1998;6:603-10.

Meyne J, Baker RJ, Hobart HH, Hsu TC, Ryder OA, Ward OG, Wiley JE, Wuster-Hill DH, Yates TL, Moyzis RK. Distribution of non-telomeric sites of the (TTAGGG)<sub>n</sub> telomeric sequence in vertebrate chromosomes. Chromosoma. 1990;99:3-10.

Meyne J, Ratliff RI, Moyzis RK. Conservation of the human telomere sequence (TTAGGG) among vertebrates. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1989;86:7049-7053.

Milagres BS. Pesquisa de *Rickettsia* em Animais Sinantrópicos e Domésticos e em seus Ectoparasitas em duas Áreas de Baixa Endemicidade para Febre Maculosa Brasileira da Região Leste de Minas Gerais, de 2005-2007 [tese]. Minas Gerais: Núcleo de Pesquisas em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Ouro Preto, Brasil. 2010.

Ministério da Saúde (Brasil). Doenças Infecciosas e Parasitárias: guia de Bolso/ Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Departamento de Vigilância Epidemiológica. Série B. Textos Básicos de Saúde, Brasília; 2004. 198 p.

Ministério da Saúde (Brasil). Morcegos em áreas Urbanas e Rurais: Manual de Manejo e Controle, Brasília. 1998. Disponível em: [http://portal.saude.gov.br/portal/arquivos/pdf/manual\\_manejo\\_morcegos.pdf](http://portal.saude.gov.br/portal/arquivos/pdf/manual_manejo_morcegos.pdf).

Molyneux DH. Trypanosomes of bats. In: Kreier JP, Baker JR, editores. Parasitic Protozoa. Academic Press, San Diego; 1991. p. 195-224.

Moratelli R. Quirópteros (Mammalia: Chiroptera) do Parque Nacional da Serra dos Órgãos, Rio de Janeiro, Brasil [dissertação]. Rio de Janeiro: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. 2003.

Moratelli R, Morielle-Versute E. Métodos e Aplicações da Citogenética na taxonomia de morcegos brasileiros. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editors. Morcegos do Brasil; 2007. p.197-223.

Morielle E, Varella-Garcia M. Variability of nucleolous organizer regions in phyllostomid bats. Rev Brasil Genet. 1988;11(4):853-71.

Morielle-Versute E, Taddei VA, Varella-Garcia M. Chromosome banding studies of *Chrotopterus auritus* (Chiroptera: Phyllostomidae). Rev Bras Genet. 1992;15(3):569–73.

Morielle-Versute E, Varella-Garcia M, Taddei VA. Karyotypic patterns of seven species of molossid bats (Molossidae, Chiroptera). Cytogenet Cell Genet. 1996;72:26-33.

Moyzis RK, Buckingham JM, Crams LS, Dani M, Deavent LL, Jones MD, Meyne J, Ratliff RL, Wu JR. A highly conserved repetitive DNA sequence, (TTAGGG) present at the telomeres of human chromosomes. Proc Natl Acad Sci. 1988;85:6622-6.

Mühldorfer K. Bats and Bacterial Pathogens: A Review. Zoonoses and Public Health. 2013;60:93–103. DOI:10.1111/j.1863-2378.2012.01536.x

Naka LN, Catherine L, Bechtoldt L, Henriques MP, Robb TB. The role of physical barriers in the location of avian suture zones in the Guiana Shield, northern Amazonia. The American Naturalist. 2012;179. DOI.org/10.5061/dryad.tr94hm86.

Neuweiller G. The Biology of bats. New York: Osford University Press, 2000. 301p.

Nishimura SMM, Ortêncio Filho HMM. Trypanosomatids in phyllostomids (Chiroptera, Phyllostomidae) from Perobas Biological Reserve, Paraná, Brazil Arq Ciênc Vet e Zool da UNIPAR. 2012;13(2):87-91.

Nogueira MR, Lima IP, Moratelli R, Tavares VC, Gregorin R, Peracchi AL. Checklist of Brazilian bats, with comments on original records. Check List. 2014;10(4): 808–821.

Nogueira MR, Peracchi AL, Moratelli R. Subfamília Phyllostominae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. Morcegos do Brasil. Londrina: Universidade Estadual de Londrina; 2007. p.61-97.

Noronha RCR, Nagamachi CY, Pieczarka JC, Marques-Aguiar S, Assis MDL De, Barros RMDS. Meiotic analyses of the sex chromosomes in Carollinae-Phyllostomidae (Chiroptera): NOR separates the XY 1 Y 2 into two independent parts. Caryologia [Internet]. 2004;57(1):1–9. Disponível em: <http://www.tandfonline.com/DOI/abs/10.1080/00087114.2004.10589365>

Noronha RCR, Nagamachi CY, Pieczarka JC, Marques-Aguiar S, Barros RMD. Sex-autosome translocations: meiotic behaviour suggests an inactivation block with permanence of autosomal gene activity in Phyllostomid bats. Caryologia [Internet]. 2001;54(3):267–77. Disponível em: <Go to ISI>://000171666000009

- Ohno SW, Beçak W, Beçak ML. X-autosome ratio and the behavior pattern of individual X chromosomes in placental mammals. *Chromosoma*. 1964;15:14-30.
- Oliveira RN, Souza SP, Lobo RSV, Castilho JG, Macedo CI, Carnielli Jr.P, Fahl WO, Achkar SM, Scheffer KC, Kotait I, Carrieri ML, Brandão PE. Rabies virus in insectivorous bats: implications of the diversity of the nucleoprotein and glycoprotein genes for molecular epidemiology. *Virology*. 2010;405:352-60.
- Ono T, Yoshida MC. Differences in the chromosomal distribution of telomeric (TTAGGG)<sub>n</sub> sequences in two species of the vespertilionid bats. *Chromosome Res*. 1997;5:203-12.
- Osborne C, Cryan PM, O'Shea TJ, Oko LM, Ndaluka C, Calisher CH, Berglund AD, Klavetter ML, Bowen RA, Holmes KV, Dominguez SR. Alphacoronaviruses in New World bats: prevalence, persistence, phylogeny, and potential for interaction with humans. *PLoS One*. 2011;6:e19156.
- Owen JG, Baker RJ. (Chiroptera: Phyllostomidae) Cline Revisited. *J Mammal*. 2001;82(4):1102–13.
- Pacheco SM, Caldas EP, Rosa JCA, Rosa DP, Batista H, Ferreira JC, Predebom J, Roehe PM. Registros de *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818) (Chiroptera: Phyllostomidae) positivo para o vírus rábico no estado do Rio Grande do Sul, Brasil. *Rev Brasil Bioc*. 2010;8(1):61-3.
- Pacheco V, Solari S, Velazco PM. A new species of *Carollia* (Chiroptera: Phyllostomidae) from the Andes of Peru and Bolivia. *Occas Pap Mus Texas Tech Univ*. 2004;236:1-15.
- Paddock CD. *Rickettsia parkeri* as a paradigm for multiple causes of tick-borne spotted fever in the western hemisphere. *Ann New York Acad Sci*. 2005;1063:315–26.
- Paglia AP, Fonseca GAB, Rylands AB, Herrmann G, Aguiar LMS, Chiarello AG, Leite YLR, Costa LP, Siciliano S, Kierulff AM, Mendes SL, Tavares VC, Mittermeier RA, Patton JL. Lista Anotada dos Mamíferos do Brasil. *Occas Pap Conserv Biol*. 2012;6:76.
- Passos EC, Carrieri ML, Dainovskas E, Camara M, Silva MMS. Isolamento do vírus rábico em morcego insetívoro, *Nyctinompos macrotis*, no município de Diadema, SP (Brasil). *Rev Saúde Públ*. 1998;32(1):74-6.
- Patton JC, Baker RJ. Chromosomal homology and evolution of Phyllostomatoid bats. *Syst Zool*. 1978;27(4):449-462.
- Patton JC, Gardner AL. Parallel evolution of multiple sex-chromosome systems in the Phyllostomatid bats, *Carollia* and *Choeroniscus*. *Experientia*. 1971;27:105-7.
- Patton JL, Gardner AL. Family Mormoopidae Saussure, 1860. In: Gardner AL. *Mammals of South America*. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago, 2007; p.376-384.

Patton JL, da Silva MNF, Malcolm JR. Mammals of the Rio Juruá and the evolutionary and ecological diversification of Amazonia. *Bull Am Mus Natl Hist.* 2000;244:1-306.

Pavan ANAC, Martins FM, Morgante JS. Evolutionary history of bulldog bats (genus *Noctilio*): recent diversification and the role of the Caribbean in Neotropical biogeography. *Biol J Linn Soc.* 2013;210–24.

Pavan AC, Martins F, Santos FR, Ditchfield A, Redondo R a F. Patterns of diversification in two species of short-tailed bats (*Carollia* Gray, 1838): The effects of historical fragmentation of Brazilian rainforests. *Biol J Linn Soc.* 2011;102(3):527–39.

Pelzeln AV. Brasilische Säugethiere. Resultate von Johann Natterer's Reisen in den Jahren 1817 bis 1835. *Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaftin Wien.* 1883; 33:1-136.

Peracchi AL, Lima IP, Reis NR, Nogueira MR, Ortêncio HF. Ordem Chiroptera. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. *Mamíferos do Brasil.* 2.ed. Londrina: Editora da Universidade Estadual de Londrina; 2011. p.155–234.

Peracchi AL, Lima IP, Reis NR, Nogueira MR, Ortêncio Filho H. Ordem Chiroptera. In: Reis, NR, Perachi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. *Mamíferos do Brasil.* Londrina; 2006. p. 153-230.

Peracchi AL, Nogueira MR. Família Emballonuridae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. *Morcegos do Brasil.* Londrina: Universidade Estadual de Londrina; 2007. p.27-36.

Peracchi AL, Nogueira MR. Métodos de captura de quirópteros em áreas silvestres. In: Reis, NR; Peracchi AL, Rossaneis BK, Fregonezi MN, organizadores. *Técnicas de estudo aplicadas aos mamíferos silvestres brasileiros.* Rio de Janeiro: Technical Books; 2010. p.42-58.

Philbey AW, Kirkland PD, Ross AD, Davis RJ, Gleeson AB, Love RJ, Daniels PW, Gould AR, Hyatt AD. An apparently new virus (Family Paramyxoviridae) infectious for pigs, humans, and fruit bats. *Emerg Infect Dis.* 1998;4(2):269-71.

Picard-Meyer E, Borel C, Moinet M, Servat A, Rasquin P, Cliquet F. Decouverte d'une chauve-souris de Natterer infectee par un lyssavirus Bokeloh en Moselle en 2012. *BulletinEpidémiol Santé animAliment.* 2012;55:25. Disponível em: <http://www.anses.fr/bulletin-epidemiologique/>

Piccinini RS. Lista provisória dos quirópteros da coleção do Museu Paraense Emílio Goeldi (Chiroptera). *Bol Mus Par Emílio Goeldi.* 1974;77:1-32.

Pieczarka JC, Nagamachi CY, O'Brien PCM, Yang F, Rens W, Barros RMS, Noronha RCR, Rissino J, Oliveira EHC, Ferguson-Smith MA. Reciprocal chromosome painting between two South American bats: *Carollia brevicauda* and *Phyllostomus hastatus* (Phyllostomidae, Chiroptera). *Chromosome Res.* 2005; 13: 339–347.

Pieczarka JC, Gomes AJB, Nagamachi CY, Rocha DCC, Rissino JD, O'Brien PCM, Yang F Ferguson-Smith MA. A phylogenetic analysis using multidirectional chromosome painting of three species (*Uroderma magnirostrum*, *U. bilobatum* and *Artibeus obscurus*) of subfamily Stenodermatinae (Chiroptera- Phyllostomidae). Chromosome Res. 2013; DOI:10.1007/s10577-013-9365-9

Pinter A, Labruna MB. Isolation of *Rickettsia rickettsii* and *Rickettsia bellii* in cell culture from the tick *Amblyomma aureolatum* in Brazil. Ann New York Acad Sci. 2006;1078:523-9.

Pinto AS, Bento DNC. *Trypanosoma cruzi*-like bloodstream trypomastigotes in bats from the State of Piauí, northeastern Brazil. Rev Soc Brasil Med Trop. 1986;19(1):31-4.

Pinto MMPL, Calixto MS, Souza MJ, Araújo APT, Langguth A, Santos N. Cytotaxonomy of the subgenus *Artibeus* (Phyllostomidae, Chiroptera) by characterization of species-specific markers. Comp Cytogenet. 2012;6(1):17–28.

Plowright RK, Foley P, Field HE, Dobson AP, Foley JE, Eby P, Daszak P. Urban habituation, ecological connectivity and epidemic dampening: the emergence of Hendra virus from flying foxes (*Pteropus spp.*). Proc Royal Soc B. 2011;278:3703–12.

Plumpton DI, Jones Jr. JK. *Rhynchonictoris naso*. Mamm species. 1992;413:1-5. Poon LLM, Chu DKW, Chan KH, Wong OK, Ellis TM, Leung YHC, Lau SKP, Woo PCY, Suen KY, Yuen KY, Guan Y, Peiris JSM. Identification of a Novel Coronavirus in Bats. J Virol. 2009;79(4):2001–9.

Poon LLM, Chu DKW, Chan KH, Wong OK, Ellis TM, Leung YHC, Lau SKP, Woo PCY, Suen KY, Yuen KY, Guan Y, Peiris JSM. Identification of a Novel Coronavirus in Bats. J Virol. 2005;79(4):2001–9.

Posada D, Crandall KA. Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. Trends Ecol Evol. 2001;16:37-45.

Queiroz LH, Carvalho C, Buso DS, Ferrari CIL, Pedro WA. Perfil epidemiológico da raiva na região Noroeste do Estado de São Paulo no período de 1993 a 2007. Rev Soc Brasil Med Trop. 2009;42:9-14.

Ramos PHG, Reis NR, Peracchi AL. Família Molossidae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Technical Books Editora, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil; 2013.p.177-205.

Ray-Chadury SP, Pathak S, Sharma T. Karyotypes of five Indian species of Microchiroptera. Caryologia. 1971;24(2):239-45. [Internet]. Disponível em: <http://dx.doi.org/101080/00087114.1971.10796431>

Redondo RAF, Brina LPS, Silva RF, Ditchfield AD, Santos FR. Molecular systematics of the genus *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). Mol Phylogenet Evol [Internet].

Elsevier Inc.; 2008;49(1):44–58. Available from:  
<http://dx.DOI.org/10.1016/j.ympbev.2008.07.001>

Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. Morcegos do Brasil. Londrina: Universidade Estadual de Londrina; 2007a. 253p.

Reis NR. Estrutura de comunidades de morcegos na região de Manaus, Amazonas. Rev Brasil Zool. 1984;10:371-81.

Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Technical Books Editora, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil, 2013a. 252 p.

Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Família Emballonuridae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Technical Books Editora, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil, 2013b. p.153-156.

Reis NR, Fregonezi MN, Peracchi AL. Sobre a identificação de morcegos em campo. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Technical Books Editora, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil, 2013c. p.19-21.

Reis NR, Fregonezi MN, Peracchi AL. Família Mormoopidae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Technical Books Editora, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil, 2013d; p.153-156.

Reis NR, Peracchi AL. Quirópteros da região de Manaus, Amazonas, Brasil (Mammalia, Chiroptera). Bol Mus Par Emilio Goeldi, nova série, Zoologia. 1987;3:161-82.

Reis NR, Sartore ER, Peracchi AL, Fregonezi MN. Subfamília Stenodermatinae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Rio de Janeiro: Technical Books Editora, 2013e; p.117-150.

Reis NR, Shibatta OA, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP. Sobre os Morcegos Brasileiros. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. Morcegos do Brasil. Universidade Estadual de Londrina, Londrina; 2007b. p.17-24.

Reis NR, Veduatto PMM, Bordignon MO. Família Noctilionidae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. Morcegos do Brasil. Londrina: Universidade Estadual de Londrina; 2007c. p.133-6.

Ribas FT, Reginaldo L, Rodrigues R, Nagamachi Y, José A, et al. Phylogenetic Reconstruction by Cross-Species Chromosome Painting and G-Banding in Four Species of Phyllostomini Tribe (Chiroptera , Phyllostomidae ) in the Brazilian Amazon : An Independent Evidence for Monophyly. PLoS One. 2015;1–16.

Rinehart JB, Kunz TH. *Rhinophylla pumilio*. Mamm Species. 2006;791(791):1–5.

Rocha PA, Garbino GST, Aires CC. Update on the distribution of *Trinycteris nicefori* Sanborn, 1949 (Chiroptera: Phyllostomidae): New record for the Amazonia of Brazil. Checklist. 2013;9(4):785–9.

Rodrigues LRR, Barros RMS, Assis MFL, Marques-Aguiar AS, Pieczarka, JC, Nagamachi CY. Chromosome comparison between two species of *Phyllostomus* (Chiroptera -Phyllostomidae) from Eastern Amazonia, with some phylogenetic insights. Gen Mol Biol. 2000;23(3): 595-9.

Rodrigues LRR, Barros RMS, Marques-Aguiar S, Assis MDFL, Pieczarka JC, Nagamachi CY. Comparative cytogenetics of two phyllostomids bats. A new hypothesis to the origin of the rearranged X chromosome from *Artibeus lituratus* (Chiroptera, Phyllostomidae). Caryologia [Internet]. 2003;56(4):413–9. Disponível em: <http://www.tandfonline.com/DOI/abs/10.1080/00087114.2003.10589352>

Rodriguez F, Oliver JL, Marín A, Medina JR. The general stochastic model of nucleotide substitution. J Theoret Biol. 1990;142(4):485-501.

Ron SR. Biogeographic area relationships of lowland Neotropical rainforest based on raw distributions of vertebrate groups. Biol J Linn Soc [Internet]. 2000;71(3):379–402. Disponível em: <http://www.sciencedirect.com/science/article/B6WBR-45FCC35-N/1/9788d05587a5ec0ccab8d0dec51699ed\nd:\biblio\r\16211.pdf>

Ronquist F, Huelsenbeck JP. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics. 2003;19:1572-4.

Roque ALR, Xavier ASCC, da Rocha MG, Duarte AC, D’Andrea PS, Jansen AM. *Trypanosoma cruzi* transmission cycle among wild and domestic mammals in three areas of orally transmitted Chagas disease outbreaks. J Trop Med Hyg. 2008;79:742–9.

Roque ALR, Xavier ASCC, Gerhardt M, Silva MFO, Lima VS, D’Andrea PS, Jansen AM. *Trypanosoma cruzi* among wild and domestic mammals in different areas of the Abaetetuba municipality (Pará State, Brazil), an endemic Chagas disease transmission area. Vet Parasitol. 2013;193:71-7.

Rosa AR, Kataoka APAG, Favoretto SR, Sodr  MM, Netto JT, Campos ACA, Durigon EL, Martorelli LFA. First report of rabies infection in bats, *Molossus molossus*, *Molossops neglectus* and *Myotis riparius* in the city of S o Paulo, State of S o Paulo, southeastern Brazil. Rev Soc Brasil Med Trop. 2011;44(2):146-9. DOI: 10.1590/S0037-86822011005000018

Rotureau B, Catzefflis F, Carme B. Short Report: Absence of *Leishmania* in Guianan bats. Am J Trop Med Hyg. 2006;74(2):318-21.

Ruedi M, Friedli-Weyeneth N, Teeling EC, Puechmaille SJ, Goodman SM. Biogeography of Old World emballonurine bats (Chiroptera: Emballonuridae) inferred with mitochondrial and nuclear DNA. Mol Phylogenet Evol [Internet]. Elsevier Inc.; 2012;64(1):204–11. Disponível em: <http://dx.DOI.org/10.1016/j.ympev.2012.03.019>

- Ruedi M, Mayer F. Molecular systematics of bats of the genus *Myotis* (Vespertilionidae) suggests deterministic ecomorphological convergences. *Mol Phylogenet Evol.* 2001;21(3):436–48.
- Saitoh Y, Laemmli UK. Metaphase chromosome structure: Bands arise from a differential folding path of the highly AT-rich scaffold. *Cell.* 1994;76:609-22.
- Sambrook J, Russell DW. *Molecular Cloning: a laboratory manual*. 3rd. ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Nova York, USA. 2001.
- Sampaio ES, Kalko EKV, Bernard E, Rodriguez-Herrera B, Handley JR. Studies on Neotropical Fauna and Environment. 2003;38:17-31.
- Sanborn CC. American bats of the subfamily Emballonurinae. *Field Museum Natural History, Zoological Series*, 1937;20(24):321-354.
- Santos M, Aguirre LF, Vázquez LB, Ortega J. *Phyllostomus hastatus*. *Mamm Species.* 2003;722(722):1–6.
- Santos N, Fagundes V, Yonenaga-Yassuda Y, De Souza MJ. Comparative karyology of Brazilian vampire bats *Desmodus rotundus* and *Diphylla ecaudata* (Phyllostomidae, Chiroptera): banding patterns, base-specific fluorochromes and FISH of ribosomal genes. *Hereditas.* 2001;134(3):189–94.
- Santos N, Fagundes V, Yonenaga-Yassuda Y, De Souza MJ. Localization of rRNA genes in Phyllostomidae bats reveals silent NORs in *Artibeus cinereus*. *Hereditas.* 2002;136(2):137–43.
- Santos N, Souza MJ. Use of fluorochromeschromomycin A3 and DAPI to study constitutive heterochromatin and NORs in four species of bats (Phyllostomidae). *Caryologia.* 1998;(3-4)51:265-78.
- Sato G, Kobayashi Y, Shoji Y, Sato T, Ito T, Ito FH, Santos HP, Brito CJC, Sakai T. Molecular epidemiology of rabies from Maranhão and surrounding states in the northeastern region of Brazil. *Arch Virol.* 2006;151:2243–51. DOI: 10.1007/s00705-006-0770-7
- Savani ESM, Almeida MF, Camargo MCGO, D'Áuria SRN, Silva MMS, Oliveira ML, Sacramento D. Detection of *Leishmania (Leishmania) amazonensis* and *Leishmania (Leishmania) infantum chagasi* in Brazilian bats. *Vet Parasitol.* 2010;168:5-10.
- Sbragia IA, Corrêa MMO, Pessôa LM, Oliveira JA. The karyotype of *Macrophyllum macrophyllum* (Schinz, 1821) (Phyllostomidae: Phyllostominae) from the state of Bahia, Brazil. *Chiropt Neotrop.* 2010;16(1):600-2.
- Schaefer R, Batista HB, Franco AC, Rijsewijk FA, Roehe PM. Studies on antigenic and genomic properties of Brazilian rabies virus isolates. *Vet Microbiol.* 2005;107:161-70.

Schimdt S, Machado OP, Galvão AP. Microepidemia de histoplasmose na zona rural de Brasília – DF – 1967. Estudos Epidemiológico e Parasitológico da Fonte de Infecção. Rev Soc Brasil Med Trop. 1973;7(2):107-15.

Seabright M. A rapid banding technique for human chromosomes. The Lancet. 1971;971-972.

Sekiyama ML, Rocha VJ, Peracchi AL. Subfamília Carollinae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL, editores. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Rio de Janeiro, Brazil: Technical Books Editora, 2013a. p.109-113.

Sekiyama ML, Rocha VJ, Peracchi AL. Subfamília Desmodontinae. In: Reis NR, Araújo JB, Fregonezi MN, Peracchi AL, editores. Morcegos do Brasil – Guia de Campo. Rio de Janeiro, Brazil: Technical Books Editora, 2013b. p.49-51.

Shapiro JT, Lima Junior MSC, Dorval MEC, França AO, Matos MFC, Bordignon MO. First record of *Leishmania braziliensis* presence detected in bats, Mato Grosso do Sul, southwest Brazil. Acta Trop. 2013;128(1):171-4. DOI: 10.1016/j.actatropica.2013.07.004

Silva RAMS, Arosemena NAE, Herrera HM, Sahib CA, Ferreira MSJ. Outbreak of trypanosomiasis due to *Trypanosoma evansi* in horses of Pantanal Mato-grossense, Brazil. Vet Parasitol. 1995;60:167–71.

Silva LHQ, Cunha EMS, Pedro WA, Cardoso TC, Souza MCC, Ferrari CIL. Isolamento do vírus rábico em *Molossus ater* (Chiroptera: Molossidae) no estado de São Paulo. Rev Saúde Públ. 1999;33(6):626-8.

Silva LAM, Machado JLM, Melo ML, Alencar VIB, Melo RS, Andrade LP, Silva EMVG. Rabies virus in *Molossus molossus* (Chiroptera: Molossidae) in the State of Pernambuco, Northeastern Brazil. Rev Soc Brasil Med Trop. 2011;44(4):526-7.

Silva AM, Marques-Aguiar SA, Barros RMS, Nagamachi CY, Pieczarka JC. Comparative cytogenetic analysis in the species *Uroderma magnirostrum* and *U. bilobatum* (cytotype  $2n = 42$ ) (Phyllostomidae, Stenodermatinae) in the Brazilian Amazon. Genet Mol Biol. 2005;28(2):248-53.

Silva CR, Martins ACM, Castro IJ, Bernard E, Cardoso EM, Lima DS, Gregorin R, Rossi R, Percequillo A, Castro KC. Mammals of Amapá State, Eastern Brazilian Amazonia: a revised taxonomic list with comments on species distributions. Mammalia. 2013;77:409-24.

Silva M, Patton JL. Amazonian phylogeography: mtDNA sequence variation in arboreal Echimyid rodents (Caviomorpha). Mol Phylogenet Evol. 1993;2(3):243–55

Silva LP, Ramos OS, Xavier SM, Reis JR. Vírus da raiva em quirópteros no município de Anajás, Estado do Pará, Brasil. In: Anais do 35º Congresso Brasileiro de Medicina Veterinária, Gramado. 2008. Disponível em: <http://www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R0634-2.html>.

- Silva MV, Xavier SM, Moreira WC, Santos BCP, Esbérard CEL. Vírus rábico em morcego *Nyctinomops laticaudatus* na Cidade do Rio de Janeiro, RJ: isolamento, titulação e epidemiologia. *Rev Soc Brasil Med Trop.* 2007;4:479-81.
- Simmons NB. The Case for Chiropteran Monophyly. *Am Mus Novit.* 1994;3103. 54p.
- Simmons NB, Conway TM. Phylogenetic relationships of mormoopid bats (Chiroptera: Mormoopidae) based on morphological data. *Bull Am Mus Natl Hist.* 2001;259:97p.
- Simmons NB, Voss RS. The mammals of French Guiana: a Neotropical lowland rainforest fauna. Part 1. Bats. *Bull Am Mus Natl Hist.* 1998;237:1-219.
- Simmons NB. Order Chiroptera. In: Wilson DE, Reeder DM, editors. *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference.* 3rd edition. Baltimore: Johns Hopkins University Press. 2005; Vol. 1. p.312-529.
- Smith JD. Systematics of the Chiropteran family Mormoopidae. *Miscel Publ Univ Kansas, Mus Natl Hist.* 1972;56:1-132.
- Sites JW, Bickham JW, Haiduk MW. Conservative Chromosomal Change in the Bat Family Mormoopidae. *Can J Genet Cytol.* 1981;23(3):459–67.
- Sites Jr JW, Morando M. Phylogeography. In: *Encyclopedia of Life Sciences (ELS).* John Wiley & Sons, Ltd: Chichester. 2009. 8 p. DOI: 10.1002/9780470015902.a0003352
- Smith MF, Patton JL. The diversification of South American murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data for the akodontine tribe. *Biol J Linn Soc.* 1993;50:149-77.
- Snetlage E. Lista systematica de mamíferos do Estado do Maranhão collecionados por E. Snetlage, naturalista viajante do Museu Nacional. *Bol Mus Nacl.* 1926;2:69-70.
- Sodré MM, Gama AR, Almeida MF. Updated list of bat species positive for rabies in Brazil. *Rev Inst Brasil Med Trop S Paulo.* 2010;52(2):75-81. DOI: 10.1590/S0036-46652010000200004
- Sodré MM, Rosa AR, Almeida MF. Rabies in the nectarivorous bat *G. soricina* (Pallas, 1766) in São Paulo city, Brazil. *Chiropt Neotrop.* 2007;13:307-8.
- Sola L, Cataudella S, Capanna E. New developments in vertebrate cytotaxonomy. III-Karyology of bony fishes: a review. *Genetica.* 1981;54:288-328.
- Solari S, Baker RJ. Mitochondrial DNA sequence, Karyotypic, and morphological variation in the *Carollia castanea* species complex (Chiroptera: Phyllostomidae) with description of a new species. *Occas Pap Mus Texas Technical Univ;* 2006. p. 1–16.
- Sotero-Caio CG, Pieczarka JC, Nagamachi CY, Gomes AJB, Lira TC, O'Brien PCM, Ferguson-Smith MA, Souza MJ, Santos N. Chromosomal Homologies among

Vampire Bats Revealed by Chromosome Painting (Phyllostomidae, Chiroptera). *Cytogenet Genome Res.* 2011;132:156–64. DOI: 10.1159/000321574

Sotero-Caio CG, Volleth M, Gollahon LS, Fu B, Cheng W, Ng BL, et al. Chromosomal evolution among leaf-nosed nectarivorous bats – evidence from cross-species chromosome painting (Phyllostomidae, Chiroptera). *BMC Evol Biol.* 2013;13(276):1–12.

Sousa RF, Tenório RCCO, Faria KC. First record of *Trachops cirrhosus* (Spix, 1823) (Chiroptera: Phyllostomidae) for the state of Mato Grosso, Central-West region, Brazil. *Check List.* 2013;9(6):1527–9. Disponível em: [www.checklist.org.br](http://www.checklist.org.br)

Souza MJ. Regiões organizadoras de nucléolos em seis espécies de morcegos da família Phyllostomidae. *Ciência e Cultura* 1985;37 Supl:739-40.

Souza HC, Almeida GS, Mattos GLM, Dias AVAB, Moreira WC. Manutenção do vírus rábico em zona urbana da cidade do Rio de Janeiro por *Artibeus fimbriatus*. In: Anais do 35º Congresso Brasileiro de Medicina Veterinária, Gramado. 2008. Disponível em: <http://www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R0498-1.html>

Souza MJ, Araújo MCP. Conservative pattern of the G-bands and diversity of C-banding patterns and NORs in the Stenodermatinae (Chiroptera-Phyllostomatidae). *Rev Bras Genét.* 1990;13(2):255–68.

Souza V, Rocha M, Valera A, Eguiarte LE. Genetic structure of natural populations of *Escherichia coli* in wild hosts on different continents. *Appl Environ Microbiol.* 1999;65:3373–85.

Sreepada KS, Koubínová D, Konečný A, Koubek P, Ráb P, Rábová M, et al. Karyotypes of three species of molossid bats (Molossidae, Chiroptera) from India and western Africa. *Folia Zool.* 2008; 57(4):347–57.

Steindel M, Grisard EC, de Carvalho Pinto CJ, Cordeiro FD, Ribeiro-Rodrigues R, RomanhaAJ. Characterization of trypanosomes from the subgenus *Schizotrypanum* isolated from bats, *Eptesicus sp.* (Chiroptera: Vespertilionidae), captured in Florianópolis, Santa Catarina State, Brazil. *J Parasitol.* 1998;84(3):601-7.

Stevens JR, Nunes VLB, Lanham SM, Oshiro ET. Isoenzyme characterization of *Trypanosoma evansi* isolated from capybaras and dogs in Brazil. *Acta Trop.* 1989;46:213-222.

Stock AD. Chromosome banding pattern homology and its phlogenetic implications in the bat genera *Carollia* and *Choeroniscus*. *Cytogenet Cell Genet.* 1975;14(1):34–41.

Stoll C. Molecular cytogenetic evolution of mammals. *Eur J Hum Genet.* 2013;21:1330.

Sumibcay L, Kadjo B, Gu SH, Kang HJ, Lim BK, Cook JA, Song JW, Yanagihara R. Divergent lineage of a novel hantavirus in the banana pipistrelle (*Neoromicia nanus*) in Côte d'Ivoire. *Virology.* 2012;9:34.

Sumner AT. A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. *Exp Cell Res.* 1972;75:305-6.

Svartman M, Vianna-Morgante AM. Karyotypic evolution of marsupials: from higher to lower diploid numbers. *Cytogenet Cell Genet.* 1998;82:263-6.

Swier VJ, Khan AFA, Baker RJ. Do time, heterochromatin, NORs, or chromosomal rearrangements correlate with distribution of interstitial telomeric repeats in *Sigmodon* (Cotton rats)? *J Heredity.* 2012;1-10. DOI:10.1093/jhered/ess029

Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipinski A, Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol Biol Evol.* 2013;30:2725-9.

Tavares VC, Gregorin R, Peracchi AL. A diversidade de morcegos no Brasil: lista atualizada com comentários sobre distribuição e taxonomia. In: Pacheco SM, Fabián M, Esbérard CEL, organizadores. *Morcegos no Brasil: Biologia, Sistemática, Ecologia e Conservação.* Porto Alegre: Armazém Digital, 2008. p.25-58.

Taylor ML, Chávez-Tapia CB, Vargas-Yañez R, Rodríguez-Arellanes G, Peña-Sandoval GR, Toriello C, Pérez A, Reyes-Montes MR. Environmental conditions favoring bat infection with *Histoplasma capsulatum* in Mexican shelters. *Am J Trop Med Hyg.* 1999;61(6):914–9

Teeling EC, Springer MS, Madsen O, Bates P O'Brien, JS, Murphy WJ. A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science.* 2005;307(5709): 580-4.

Teixeira A, Hecht MM. In: Teixeira A, editor. *O agente infeccioso e o hospedeiro. Doença de Chagas e Evolução.* Editora Universidade de Brasília: Finatec, Brasília; 2007. p. 51-57.

Teixeira A. Os jogos eônicos. In: Teixeira A, editor. *Doença de Chagas e Evolução.* Brasília: Editora Universidade de Brasília: Finatec, 2007. p.29-50.

Teixeira LFM, Gonçalves AM, Romanha AJ, Steindel M, Pinto AS. Schizodeme and zymodeme analysis of trypanosomes of the subgenus *Schizotrypanum* from the bat. *Parasitol Res.* 1993;79:497-500.

Tencate LN, Carvalho C, Táparo CV, Marinho M. Presença de *Cryptococcus neoformans* em excretas de morcegos da região noroeste do estado de São Paulo – Resultados Parciais. *Vet Zootec.* 2010;17(Supl 1):118.

Thies W, Kalko EKV. Phenology of Neotropical pepper plants (Piperaceae) and their association with their main dispersers, two short-tailed fruit bats, *Carollia perspicillata* and *C. castanea* (Phyllostomidae). *Oikos.* 2004;104(2):362–76.

Thies W, Kalko EKV., Schnitzler H-U. Influence of Environment and Resource Availability on Activity Patterns of *Carollia castanea* (Phyllostomidae) in Panama. *J Mammal.* 2006;87(2):331–8.

- Thomas ME, Rasweiler IVJJ, D'Alessandro A. Experimental transmission of the parasitic flagellates *Trypanosoma cruzi* and *Trypanosoma rangeli* between triatomine bugs or mice and captive Neotropical bats. Mem Inst Oswaldo Cruz. 2007;102(5):559-65.
- Tiranti SI. The karyotype of *Myotis levis dinellii* (Chiroptera: Vespertilionidae) from South America. Texas J Sci. 1996;48(2):143-6.
- Toledo LA. Estudos citogenéticos em morcegos brasileiros (Mammalia- Chiroptera) [tese]. São Paulo: Faculdade de Ciências Médicas e Biológicas de Botucatu, 1973; 159 p.
- Tomaz LAG, Zortea M, Souza M, Jayme VS. Isolamento do vírus rábico em morcego *Carollia perspicillata* em Niquelândia, Goiás. Chiropt Neotrop. 2007;13:309-12.
- Torres FD, Valença C, Vieira G, Filho DA. First record of *Desmodus Rotundus* in urban area from the city of Olinda, Pernambuco, Northeastern Brazil: A Case Report. 2005;47(2):107–8.
- Towner JS, Pourrut X, Albariño CG, Nkogue CN, Bird BH, Grard G, Ksiazek TG, Gonzalez JP, Nichol ST, Leroy EM. Marburg Virus Infection Detected in a Common African Bat. PLoS One. 2007;2(8):e764. DOI:10.1371/journal.pone.0000764
- Tucker PK. Sex chromosome-autosome translocations in the leaf-nosed bats, family Phyllostomidae. I. Mitotic analyses of the subfamilies Stenodermatinae and Phyllostominae. Cytogenet Cell Genet. 1986;43:19-27.
- Tucker PK, Bickham JW. Heterochromatin and sex-chromosome variation in bats of the genus *Carollia* (Chiroptera: Phyllostomidae). J Mammal. 1989;70(1):174-9.
- Tucker PK, Bickham JW. Sex chromosome-autosome translocations in the leaf-nosed bats, family Phyllostomidae. Cytogenet Cell Genet. 1986;43:28–37.
- Turchetto-Zolet AC, Segatto AL., Turchetto C, Palma-Silva C, Freitas LB. Guia prático para estudos filogeográficos; 2013. 103 p.
- Uieda W, Harmani NMS, Silva MMS. Raiva em morcegos insetívoros (Molossidae) do Sudeste do Brasil. Rev Saúde Públ. 1995;29(5):393-7.
- Uieda W. Rabies in the insectivorous bat *Tadarida brasiliensis* in Southeastern Brazil. Rev Saúde Públ. 1998;32(5):484-5.
- Van Den Bussche RA, Hudgeons JL, Baker RJ. Phylogenetic accuracy, stability, and congruence: relationships within and among the New World bat genera *Artibeus*, *Dermanura*, and *Koopmania*. In: Kunz TH, Racey PA, editors. Bat biology and conservation. Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press; 1998. p.43–58.
- Van Den Bussche RAV, Baker RJ. Molecular phylogenetics of the New World bat genus *Phyllostomus* based on cytochrome b DNA sequence variation. J Mammal. 1993;74(3):793–802.

- Vanzolini PE. As viagens de Johann Natterer no Brasil, 1817-1835. Pap Av Zool. 1993;38:17-60.
- Varella-Garcia M, Morielle-Versute E, Taddei VA. A survey of cytogenetic data on Brazilian bats. Rev Brasil Genet. 1989;12(4):761-793.
- Vayssier-Taussat M, Rhun D, Bonnet S, Cotté V. Insights in *Bartonella* Host Specificity. Rickettsiology and Rickettsial Diseases Fifth International Conference. Ann New York Acad Sci. 2009; p. 127–32.
- Velazco PM. On the phylogenetic position of *Carollia manu* Pacheco et al., 2004 (Chiroptera: Phyllostomidae: Carollinae), Zootaxa. 2013;3718(3):267-76.
- Velazco PM, Cadenillas R. On the identity of *Lophostoma silvicolum occidentalis* (Davis & Carter, 1978) (Chiroptera: Phyllostomidae). Zootaxa. 2011;20:1–20.
- Velazco PM, Gardner AL. A new species of *Lophostoma* d'Orbigny, 1836 (Chiroptera: Phyllostomidae) from Panama 2012. J Mammal. 2012;93(2):605-614.
- Velazco PM, Gregorin R, Voss RS, Simmons NB. Extraordinary Local Diversity of Disk-Winged Bats (Thyropteridae: *Thyroptera*) in Northeastern Peru, with the Description of a New Species and Comments on Roosting Behavior. Am Mus Novit. 2014;3795:1-28.
- Vieira COC. Lista remissiva dos mamíferos do Brasil. Arq Zool. 1955;8:341-487.
- Vieira LFP, Pereira SRFG, Carnieli Jr.P, Tavares LCB, Kotait I. Caracterização molecular do vírus da raiva isolado de *Desmodus rotundus* capturados no Estado do Rio de Janeiro. Arq Brasil Med Vet Zootec. 2010;62(2):343-9.
- Vieira LFP, Pereira SRFG, Carnieli Jr.P, Tavares LC, Kotait I. Phylogeography of rabies virus isolated from herbivores and bats in the Espírito Santo State, Brazil. Virus Genes. 2013;46(2):330-6. DOI: 10.1007/s11262-012-0866-y
- Vilamiu R, Corrêa M, Pessôa LM, Oliveira JA De, Oliveira LFB. The karyotype of *Noctilio albiventris* (Chiroptera, Noctilionidae) from the Northern Pantanal of Brazil and its taxonomic implications. Mastozool Neotrop. 2010;17(1):219–24.
- Vilar, E M, Nunes H, Nascimento JL, Cordeiro-Estrela P. Distribution extension of *Ametrida centurio* Gray, 1847 (Chiroptera, Phyllostomidae): first record in the Brazilian Atlantic Forest. Check List. 2015;11(1): 1503. Disponível em: <http://biotaxa.org/cl/article/view/11.1.1503/10880>
- Vizotto LD, Taddei VA. Chave para determinação de quirópteros brasileiros. São José do Rio Preto: Revista da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de São José do Rio Preto, 1973.1:1-72.
- Volleth M, Heller KG, Pfeiffer RA, Hameister H. A comparative ZOO-FISH analysis in bats elucidates the phylogenetic relationships between Megachiroptera and five microchiropteran families. Chromosome Res. 2002;10:477-497.

- Volleth M, Heller KG. Variations on a theme: Karyotype comparison in Eurasian *Myotis* species and implications for phylogeny. *Vespertilio*. 2012;16:329–350.
- Voss RS, Lim BK, Díaz-Nieto JF, Jansa SA. A new species of *Marmosops* (Marsupialia: Didelphidae) from the pakaraima highlands of Guyana, with remarks on the origin of the endemic Pantepui mammal fauna. *Am Mus Novit*. 2013;3778:1–27.
- Wagner JA. Diagnosen neuer Arten brasilischer Handflügler. *Archiv für Naturgeschichte Wiegmann*. Series, 1843;91:361–7.
- Wanzeller ALM, Diniz JAP, Gomes MLC, Cruz ACR, Soares MCP, Souza W, Rosa APAT, Vasconcelos PFC. Ultrastructural, Antigenic and Physicochemical Characterization of the Mojuí dos Campos (*Bunyavirus*) Isolated from Bat in the Brazilian Amazon Region. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 2002;97(3):307-11.
- Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PD. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosop Transac Royal Soc B: Biological Sciences*. 2005;360:1847-57.
- Warner JW, Patton JL, Gardner AL, Baker RJ. Karyotypic analyses of twenty-one species of molossid bats (Molossidae: Chiroptera). *Can J Genet Cytol*. 1974;16:165–76.
- Waters PD, Wallis MC, Graves JAM. Mammalian sex- Origin and evolution of the Y chromosome and SRY. *Cell & Develop Biol*. 2007;18:389-400.
- Wetterer AL, Rockman M V., Simmons NB. Phylogeny of Phyllostomid Bats (Mammalia: Chiroptera): Data From Diverse Morphological Systems, Sex Chromosomes, and Restriction Sites. *Bull Am Mus Nat Hist*. 2000;248(248):1–200.
- Williams SL, Genoways HH. Subfamília Phyllostominae Gray, 1825. In: Gardner AL. *Mammals of South America*. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, 2007. p.255–300.
- Wilson DE. Genus *Myotis* Kaup, 1829. In: Gardner AL. *Mammals of South America*. 1. Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. Illinois: University of Chicago Press, Chicago; 2007. p.468-491.
- Wilson AC, Bush GL, Case SM King MC. Social structuring of mammalian populations and rate of chromosomal evolution. *Proc Nat Acad Sci*. 1975;72(12): 5061-5.
- Woo PCY, Lau SKP, Yuen K. Infectious diseases emerging from Chinese wet-markets: zoonotic origins of severe respiratory viral infections. *Curr Opin Infect Dis*. 2006;19:401–7.
- World Health Organization. Expert Consultation on Rabies: second report World Health Organization. Tech Rep, 2013. Series 982.
- Wright AJ, Van Den Bussche RA, Lim BK, Engstrom MD, Baker RJ. Systematics of the genera *Carollia* and *Rhinophylla* based on the cytochrome-*b* gene. *J Mammal*. 1999;80:1202-3.

- Xiao MG, He SY, Ao L. Molecular phylogenetics among three families of bats (Chiroptera: Rhinolophidae, Hipposideridae, and Vespertilionidae) based on partial sequences of the mitochondrial 12S and 16S rRNA genes. *Zool Stud.* 2008;47(3):368–78.
- Yancey FD, Goetze JR, Jones C. *Saccopteryx leptura*. *Mamm Species.* 1998. p. 1–3.
- Yancey FDI, Goetze JR, Jones C. *Saccopteryx bilineata*. *Mamm species.* 1998. p. 1–5.
- Yonenaga Y, Frota-pessoa O, Lewis KR. Karyotypes of Seven Species of Brazilian Bats. *Caryologia.* 1969;22(1):63–79.
- Yonenaga-Yassuda Y. FISH – conceitos e aplicações na citogenética. In: Guerra M, organizador. *Contribuição da FISH à Citogenética de Mamíferos e Répteis.* Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2004. 184 p.
- Zanon CMV, Reis NR. Família Mormoopidae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. *Morcegos do Brasil.* Londrina: Universidade Estadual de Londrina, 2007; p.129-131.
- Zetun CB, Hoffmann JL, Silva RC, Souza LC, Langoni H. *Leptospira* spp. and *Toxoplasma gondii* antibodies in vampire bats (*Desmodus rotundus*) in Botucatu region, SP, Brazil. *J Venom Anim Tox Trop Dis.* 2009;15(3):546-52.
- Zima J. Chromosomal Evolution in Small Mammals. *Hystrix.* 2000;11(2):5–15.
- Zortéa M. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editors. Subfamília Stenodermatinae. *Morcegos do Brasil.* Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2007. p. 17-24
- Zortéa M. Subfamília Stenodermatinae. In: In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP, editores. *Morcegos do Brasil.* Londrina: Universidade Estadual de Londrina, 2007; p.107-131.

5.2 Artigo publicado no Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia



Bol. Soc. Bras. Mastozool., 67: 23-38, 2013

## Quirópteros Hospedeiros de Zoonoses no Brasil

Margaret Maria de Oliveira Corrêa<sup>1,2,5</sup>, Ana Lazar<sup>3</sup>, Daniela Dias<sup>3</sup>, Cibele Rodrigues Bonvicino<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup> Pós-Graduação em Biodiversidade e Saúde, Instituto Oswaldo Cruz (IOC), Fundação Instituto Oswaldo Cruz (Fiocruz).

Avenida Brasil, 4.365, Pavilhão Arthur Neiva – Manguinhos, CEP 21040-360, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

<sup>2</sup> Laboratório de Mastozoologia, Departamento de Zoologia, Instituto de Biologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

Centro de Ciências da Saúde, Bloco A, 1º andar, sala 121, Cidade Universitária, CEP 21941-901, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

<sup>3</sup> Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Silvestres Reservatórios, Instituto Oswaldo Cruz (IOC),

Fundação Instituto Oswaldo Cruz (Fiocruz). Avenida Brasil, 4.365, Pavilhão Lauro Travassos, Manguinhos, CEP 21040-900, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

<sup>4</sup> Divisão de Genética, Instituto Nacional de Câncer. Rua André Cavalcanti, 47, Centro, CEP 20231-050, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

<sup>5</sup> E-mail: margaret@biologia.ufjf.br

**Resumo:** Os quirópteros apresentam características que contribuem para um eficiente papel nas diversas zoonoses. Neste trabalho é mostrado o envolvimento dos morcegos no ciclo de algumas das mais importantes zoonoses do Brasil e sua atuação como hospedeiro e/ou vetor destas doenças. Este trabalho se baseou em pesquisa via internet de bases de dados, nacionais e internacionais, utilizando as palavras-chave Chiroptera, bats e Brazil combinadas com os nomes das zoonoses e dos agentes etiológicos. Quarenta espécies de Emballonuridae, Molossidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Phyllostomidae, Thyropteridae e Vespertilionidae estão envolvidas em zoonoses causadas por protozoários, principalmente a doença de Chagas e as leishmanioses. Nas zoonoses causadas por vírus, sendo a raiva a mais importante, 43 espécies de Phyllostomidae, Molossidae e Vespertilionidae foram reportadas. Nas zoonoses causadas por bactérias, 13 espécies de Phyllostomidae, Molossidae e Vespertilionidae estão envolvidas, sendo *Rickettsia rickettsii*, causadora da febre maculosa, encontrada em 10 espécies. Dez espécies de Phyllostomidae e Molossidae apresentaram registros de infecção por

## 7 APÊNDICE II. KARYOTYPIC AND PHYLOGEOGRAPHY STUDIES IN *CORMURA BREVITOSTRIS* (CHIROPTERA, EMBALLONURIDAE)

### 7.2 Artigo submetido ao Journal of mammalogy

Page 1 of 32	Manuscripts submitted to Journal of Mammalogy
1	
2	
3	Contact information for corresponding author: Margaret Maria de Oliveira Corrêa,
4	
5	Laboratório de Mastozoologia, Departamento de Zoologia, IB, Universidade Federal do Rio
6	
7	de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil, email: <a href="mailto:margaret@biologia.ufrj.br">margaret@biologia.ufrj.br</a>
8	
9	
10	
11	
12	Running heading: Karyotype and phylogeography in <i>Cormura</i>
13	
14	
15	
16	<b>Karyotypic and phylogeographic studies in <i>Cormura brevirostris</i> (Chiroptera,</b>
17	<b>Emballonuridae)</b>
18	
19	<b>Margaret Maria de Oliveira Corrêa*, Daniela Dias, Hugo Mantilla-Meluk, Ana Lazar, Cibele</b>
20	<b>Rodrigues Bonvicino</b>
21	<i>Pós-graduação em Biodiversidade e Saúde, IOC, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil. (MMOC)</i>
22	
23	<i>Laboratório de Mastozoologia, Departamento de Zoologia, IB, Universidade Federal do Rio</i>
24	
25	<i>de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil. (MMOC)</i>
26	
27	<i>Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres, IOC,</i>
28	
29	<i>Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil. (DD, AL, CRB)</i>
30	
31	<i>Divisão de Genética, INCA, Rio de Janeiro, Brazil (CRB)</i>
32	
33	<i>Programa de Biología, Universidad del Quindío, Carrera 15, Calle 12 Norte, Armenia,</i>
34	
35	<i>Quindío, Colombia (HMM)</i>
36	
37	
38	
39	
40	
41	
42	
43	

## 8 APENDICE III. LISTA DOS ESPÉCIMES UTILIZADOS NAS ANÁLISES CITOGENÉTICAS (K), FILOGENÉTICAS (P), E MORFOLÓGICAS (M).

BRAZIL, estado do Amazonas, Barcelos, (1) Centro da cidade (**Saccopteryx** sp. F: CRB2464-MN69196<sup>k</sup>, **Carollia perspicillata** F: CRB1773<sup>p</sup>, CRB1776<sup>p</sup>, CRB1777<sup>p</sup>); (2) km 10 da estrada Barcelos-Caurés, sítio do Francisco (**Carollia perspicillata** F: CRB2854<sup>p</sup>, CRB2879<sup>p</sup>, M:CRB2853<sup>k</sup>, CRB2856<sup>p</sup>, CRB2868<sup>kp</sup>, CRB2856<sup>k</sup>, CRB2880<sup>p</sup>, CRB2887<sup>p</sup>, CRB2890<sup>p</sup>, **Artibeus obscurus** M: CRB2865<sup>k</sup>, CRB2866<sup>p</sup>, **Artibeus planirostris** F:CRB1468-MN51731<sup>kp</sup>, CRB1469-MN51713<sup>kp</sup>, CRB2875<sup>p</sup>, M: CRB2872<sup>p</sup>); (3) km 20 da estrada Barcelos-Caurés, sítio Nova vida (**Rhinophylla pumilio** M: CRB2684-MN69379<sup>k</sup>, **Phyllostomus elongatus** F: CRB2638-MN69278<sup>k</sup>, CRB2683-MN69378<sup>k</sup>, CRB2690<sup>p</sup>); Barcelos (4) margem esquerda do rio Padauari, Igarapé Japomeri (**Artibeus obscurus** M: CRB2546-MN69269<sup>p</sup>, CRB2637- MN69335<sup>p</sup>, CRB2643-MN69341<sup>p</sup>, CRB2653-MN69351<sup>kp</sup>, CRB2212-MN69426<sup>p</sup>, CRB2645-MN69343<sup>p</sup>, CRB2652-MN69350<sup>kp</sup>, CRB2525-MN69250<sup>p</sup>, F: CRB2524-MN69249<sup>p</sup>, CRB2661-MN69359<sup>p</sup>, **Cormura brevirostris**M: CRB2511-MN69237<sup>kpm</sup>, **Carollia perspicillata** M: CRB2559-MN69277<sup>p</sup>, **Rhinophylla pumilio** M: CRB2565-MN69283<sup>kp</sup>, CRB2196-MN69424<sup>kp</sup>, F: CRB2656-MN69354<sup>p</sup>, CRB2658-MN693556<sup>p</sup>, CRB2662-MN69360<sup>p</sup>, CRB2671-MN69369<sup>p</sup>, **Saccopteryx bilineata**F: CRB2515-MN6924<sup>k</sup>, **Saccopteryx leptura** M: CRB2648-MN69346<sup>k</sup>, **Phyllostomus hastatus** F: CRB2207<sup>p</sup>, CRB2041-MN69083<sup>p</sup>; **Phyllostomus elongatus** F: CRB2638-MN69336<sup>p</sup>, CRB2560-MN69278<sup>p</sup>), (5) Rio Curuduri, Igarapé Curudurizinho (**Saccopteryx bilineata** M: CRB1784<sup>k</sup>); (6) Rio Aracá, Igarapé Jauari, colocação Três Barracas (**Mimon crenulatum** F: CRB2430-MN69178<sup>k</sup>, **Trachops cirrhosus** F: CRB2428-MN69176<sup>k</sup>, **Chiroderma trinitatum** F: CRB2427-MN69175<sup>k</sup>, **Eumops hansae** M: CRB2410-MN69161<sup>k</sup>, **Eumops perotis** F: CRB2411-MN69162<sup>k</sup>); (7) margem esquerda do rio Aracá, lago do Igarapé do Paula (**Phylloderma stenops** F: CRB2607-MN69307<sup>k</sup>, **Trachops cirrhosus** F:CRB2620-MN69320<sup>k</sup>, **Artibeus lituratus** CRB2606-MN69306<sup>kp</sup>, **Noctilio albiventris** F: CRB2610-MN69310<sup>k</sup>, M: CRB2618-MN69318<sup>k</sup>, CRB2621-MN69446<sup>k</sup>, **Noctilio leporinus** F: CRB2595-MN69295<sup>k</sup>, CRB2601-MN69301<sup>k</sup>, CRB2613-MN69313<sup>k</sup>, M: CRB2605-MN69305<sup>k</sup>, CRB2608-MN69308<sup>k</sup>, CRB2609-MN69309<sup>k</sup>, CRB2617-MN69317<sup>k</sup>); (8a) Rio Aracá m.d., Ig. Jauari, Ucuqui (**Desmodus rotundus** M: CRB2106-MN69401<sup>k</sup>, **Phyllostomus hastatus** M: CRB2038-MN69080<sup>kp</sup>, CRB2039-MN69081<sup>p</sup>, CRB2122-MN69454<sup>p</sup>, **Carollia perspicillata** M: CRB2119<sup>k</sup>, CRB2130-MN69456<sup>kp</sup>, CRB2149-MN69460<sup>k</sup>, CRB2150-MN69461<sup>k</sup>, F: CRB2127-MN69455<sup>kp</sup>, CRB2153-MN69463<sup>k</sup>, CRB2158-MN69467<sup>k</sup>, CRB2854<sup>k</sup>, **Rhinophylla pumilio** M: CRB2121<sup>kp</sup>, F: CRB2129-MN69409<sup>kp</sup>, **Ametrida centurio** M: CRB2145-MN69459<sup>k</sup>, **Artibeus obscurus** M: CRB2616-MN69316<sup>p</sup>, CRB2032-MN69074<sup>kp</sup>, **Dermanura cinérea** F: CRB2107-MN69403<sup>k</sup>, CRB2120-MN69257<sup>k</sup>, CRB2128-MN69408<sup>k</sup>, **Molossus molossus**, F: CRB2028-MN69070<sup>k</sup>, CRB2031-MN69073<sup>k</sup>, M: CRB2030-MN69072<sup>k</sup>, **Myotis albescens** F: CRB2114-MN69404<sup>k</sup>, CRB2115-MN69405<sup>k</sup>, CRB2116-MN69406<sup>k</sup>, **Myotis riparius** F: CRB2151-MN69410<sup>k</sup>, **Myotis** sp.

M: CRB2118-MN69407<sup>k</sup>); (8b) margem direita rio Aracá, Igarapé Limão, Igarapé Bigorna (*Phyllostomus hastatus* M: CRB1797<sup>p</sup>, *Artibeus obscurus* M: CRB2018-MN69063<sup>p</sup>, F: CRB2020-MN69337<sup>kp</sup>, I: CRB2023-MN69066<sup>p</sup>); Santa Isabel do Rio Negro; (9) Rio Preto, margem esquerda do Igarapé Malalaha, Igarapé Araújo (*Phyllostomus elongatus* F: CRB2173-MN69269<sup>kp</sup>, CRB2052-MN69093<sup>p</sup>, *Carollia perspicillata* M: CRB2061-MN69097<sup>kp</sup>, CRB2160-MN69468<sup>k</sup>, CRB2174-MN69469<sup>k</sup>, CRB2179-MN69470<sup>k</sup>, *Dermanura gnoma* M: CRB2060-MN69096<sup>k</sup>, CRB2180-MN69277<sup>k</sup>, CRB2187-MN69420<sup>k</sup>, *Pteronotus parnelli* M: CRB2172<sup>k</sup>); (10) Rio Preto, margem esquerda do Igarapé Malalaha, Igarapé Coatá, *Carollia brevicauda* M: CRB2474-MN69203<sup>kp</sup>, CRB2016-MN69061<sup>kp</sup>, CRB2492-MN69219<sup>kp</sup>, CRB2545-MN69268<sup>p</sup>, *Rhynchonycteris naso* M: CRB2469-MN69199<sup>k</sup>, CRB2473-MN69202<sup>k</sup>, *Phyllostomus discolor* M: CRB2475-MN69204<sup>k</sup>); estado de Roraima (11) Caracaraí, Parque Nacional do Viruá, Serra do Preto (*Phyllostomus hastatus* F: JAO1942-MN70282<sup>kp</sup>, *Carollia perspicillata* F: JAO1937-MN70277<sup>k</sup>, *Artibeus lituratus* M: JAO1932-MN70272<sup>k</sup>, *Vampyriscus bidens* F: JAO1988-MN70328<sup>k</sup>, *Noctilio albiventris* F: JAO1931-MN70271<sup>k</sup>, JAO1946-MN70286<sup>k</sup>, M: JAO2299-MN70631<sup>k</sup>, *Cynomops planirostris* M: JAO1936-MN70276<sup>k</sup>, JAO1947-MN70287<sup>k</sup>, F: JAO1948-MN70288<sup>k</sup>, *Molossus molossus* M: JAO1949-MN70289<sup>k</sup>); estado do Pará (12) Abaetetuba (*Carollia perspicillata* LBCE11826<sup>kp</sup>) (13) Itupiranga, Prog. Assentamento Benfica I (*Desmodus rotundus* F: LBCE6728<sup>k</sup>, *Carollia perspicillata* F: LBCE6730<sup>kp</sup>, LBCE6731<sup>k</sup>, LBCE6727<sup>kp</sup>, LBCE6725<sup>kp</sup>, LBCE6724<sup>kp</sup>, *Phyllostomus hastatus*, LBCE6726<sup>p</sup>); Tocantins (14) Axixá (*Phyllostomus hastatus* LBCE13107<sup>p</sup>, LBCE13105, LBCE13106<sup>p</sup>), Paraíba, (15) Araruna (*Phyllostomus discolor* KS206<sup>p</sup>, KS205<sup>p</sup>, *Artibeus planirostris* I: EG556-UFPB4789<sup>p</sup>); (16) Areia, Reserva Ecológica Mata do Pau Ferro (*Phyllostomus discolor* I: AL3837<sup>p</sup>, *Carollia perspicillata* I: AL3839<sup>p</sup>-UFPB3859); (17) João Pessoa (*Phyllostomus discolor* I: KS153<sup>p</sup>, *Artibeus planirostris* I: KS154-UFPB5446<sup>p</sup>), Pernambuco (18) Mataraca (*Artibeus planirostris* I: FO041-UFPB4324<sup>p</sup>, FO048-UFPB4315<sup>p</sup>, FO045-UFPB4326<sup>p</sup>); (19) Brejo Madre de Deus (*Artibeus lituratus* I: EG217-UFPB4428<sup>p</sup>, *Artibeus fimbriatus* I: EG224-UFPB4440<sup>p</sup>, EG216-UFPB4430<sup>p</sup>, *Carollia perspicillata* I: EG232-UFPB4334<sup>p</sup>), (20) Bezerros (*Artibeus lituratus* I: EG161<sup>p</sup>, EG169-UFPB3992<sup>p</sup>, EG177-UFPB4028<sup>p</sup>, *Artibeus fimbriatus* EG162-UFPB3995<sup>p</sup>, *Artibeus planirostris* I: E180-UFPB3998<sup>p</sup>, *Carollia perspicillata* I: EG181-UFPB4017<sup>p</sup>, EG182-UFPB3999<sup>p</sup>, EG194-UFPB4000<sup>p</sup>, EG195-UFPB4009<sup>p</sup>), (21) Ipojuca (*Phyllostomus hastatus* I: TL29<sup>p</sup>, *Phyllostomus discolor* I: TL30<sup>p</sup>), (22) Aldeia (*Phyllostomus discolor*, KS05<sup>p</sup>); (23) Goiana (*Artibeus planirostris* I: AL3896<sup>p</sup>); Bahia (24) Cocos (*Carollia perspicillata* M: CRB1623<sup>p</sup>, CRB1629<sup>p</sup>); Goiás, (25) Cavalcante (*Carollia perspicillata* CRB914-MN46465<sup>p</sup>, CRB915-MN46466<sup>p</sup>, CRB916-MN46467<sup>p</sup>); Rio de Janeiro (26) Petrópolis, Itaipava (*Carollia perspicillata* F: LBCE13175<sup>kp</sup>, M: LBCE13182<sup>kp</sup>); São Paulo (27) Pedreira (*Carollia perspicillata* F: CRB805-MN43044<sup>p</sup>, CRB808-MN43045<sup>p</sup>).