



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE**  
**CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (BACHARELADO)**

**RAFAEL RODRIGUES DE LIMA**

***DNA BARCODING* INDICA DIVERSIDADE CRÍPTICA EM ESPÉCIES DE  
MORCEGOS NO MARANHÃO, BRASIL**

**São Luís – MA**

**2018**

**RAFAEL RODRIGUES DE LIMA**

***DNA BARCODING* INDICA DIVERSIDADE CRÍPTICA EM ESPÉCIES DE  
MORCEGOS NO MARANHÃO, BRASIL**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Ciências Biológicas, da Universidade Federal do Maranhão, para obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Luis Fernando Carvalho Costa

Co-orientador: Prof. Ms. Ciro Líbio Caldas dos Santos

**São Luís – MA**

**2018**

Ficha gerada por meio do SIGAA/Biblioteca com dados fornecidos pelo(a) autor(a).  
Núcleo Integrado de Bibliotecas/UFMA

Rodrigues de Lima, Rafael.

DNA BARCODING INDICA DIVERSIDADE CRÍPTICA EM ESPÉCIES DE MORCEGOS NO MARANHÃO, BRASIL / Rafael Rodrigues de Lima. - 2018.

62 p.

Coorientador(a): Ciro Líbio Caldas dos Santos.

Orientador(a): Luis Fernando Carvalho Costa.

Monografia (Graduação) - Curso de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Maranhão, São Luís, 2018.

1. Citocromo c oxidase I. 2. Espécies crípticas. 3. Identificação molecular. 4. Quiroptera. I. Fernando Carvalho Costa, Luis. II. Líbio Caldas dos Santos, Ciro. III. Título.

*Dedico esse trabalho àqueles que Deus me deu a honra de chamar de família.*

## **DNA BARCODING INDICA DIVERSIDADE CRÍPTICA EM ESPÉCIES DE MORCEGOS NO MARANHÃO, BRASIL**

**Resumo:** Este trabalho objetivou avaliar a presença de diversidade críptica em cinco espécies de morcegos presentes no Maranhão (Brasil) usando o método do DNA *barcoding*. Quatorze amostras do Maranhão foram analisadas para o gene mitocondrial COI, e em seguida comparadas com sequências depositadas em bancos de dados online. As análises moleculares foram realizadas através do MEGA 5.1, Geneious 4.8.5 e algoritmos de delimitação de OTU (ABGD e PTP). *Artibeus lituratus* e *Artibeus obscurus* apresentaram homogeneidade genética para o Maranhão e ao longo da América Latina, indicando um grande efeito do fluxo gênico efetivo em toda sua área de abrangência. Em contrapartida, as outras três espécies (*Pteronotus parnellii*, *Phylloderma stenops* e *Sturnira lilium*) receberam contribuições para o conhecimento de seus complexos crípticos. Demonstramos que a população maranhense de *P. parnellii* formam uma OTU com a da Guiana, enquanto que *S. lilium* possui duas OTU simpátricas no Maranhão, sendo uma mais próxima das populações guianenses e outra da de São Paulo. Para *P. stenops* comprovamos sua condição críptica, que ainda não havia sido registrada na literatura. Logo, o presente estudo validou a efetividade do método *Barcode*, porém apontou também a necessidade de mais estudos, em especial para a delimitação de espécies crípticas de morcegos na América do Sul e Central.

**Palavras-chave:** citocromo c oxidase I, espécies crípticas, quiroptera, identificação molecular

**Abstract:** This work aimed to evaluate the presence of cryptic diversity in five species of bats present in Maranhão (Brazil) using the DNA barcoding method. Fourteen samples from Maranhão were analyzed for mitochondrial COI gene, and then compared with sequences deposited in online databases. Molecular analyzes were performed using MEGA 5.1, Geneious 4.8.5 and ABGD and PTP algorithms for OUT delimitation.

*Artibeus lituratus* and *Artibeus obscurus* presented genetic homogeneity for Maranhão and throughout Latin America, indicating a great effect of effective gene flow throughout its distribution area. On the other hand, the other three species (*Pteronotus parnellii*, *Phylloderma stenops* and *Sturnira lilium*) received contributions to the knowledge of their cryptic complexes. We demonstrated that the populations from Maranhão of *P. parnellii* form one OTU with those of Guyana, while *S. lilium* has two sympatric OTU in Maranhão, one closest to Guianese population and another to São Paulo population. For *P. stenops* we verified its cryptic condition, which had not yet been recorded in the literature. Therefore, the present study validated the effectiveness of the DNA Barcode method, but also pointed out the need for further studies, especially for the delimitation of cryptic species of bats in South and Central America.

**Keywords:** cytochrome oxidase , cryptic species, quiroptera, molecular identification

## INTRODUÇÃO

A crescente taxa de extinção de espécies decorrente de ações antrópicas abre espaço para a perda de inúmeras espécies sem descrição adequada (Brooks et al., 2006). Dentro deste contexto, as espécies crípticas são as mais negativamente afetadas. Também chamadas de “espécies escondidas”, os complexos crípticos são grupos de duas ou mais espécies classificadas como uma única, devido as suas morfologias praticamente indistinguíveis, embora sejam reprodutivamente isoladas (Bickford et al., 2006). Logo, com mais de uma unidade críptica dentro de uma mesma espécie em risco de extinção, estima-se um número muito maior de espécies ameaçadas no mundo todo, divididas em populações menores, consequentemente com menor diversidade genética (Griffithset al., 2010). Estudos sobre as relações crípticas em morcegos, por exemplo, demonstram que a existência desses complexos é muito maior do que se imaginava para o táxon (Mayer & Helversen, 2001; Clare, 2011).

Os morcegos (Mammalia: Chiroptera) são o único grupo de mamíferos voadores, habilidade que rendeu à ordem grande diversidade e ampla distribuição por todos os continentes, exceto a Antártida (Patterson et al., 2003). Suas mais de 1.100 espécies representam cerca de 20% de todos os mamíferos existentes (Simmons, 2005), adaptados aos mais diferentes estilos de vida e agentes de diversos papéis ecológicos, tais como controle populacional de artrópodes, redistribuição de nutrientes através do guano, polinização, dispersão de sementes, etc (Kunzet al., 2011). No estado do Maranhão (nordeste do Brasil), são registradas 76 espécies de quirópteros, 43% das 178 espécies conhecidas para o país (Santos, 2017). Essa expressiva diversidade ocorre em um contexto de riqueza nas paisagens presentes no Estado, como floresta amazônica, cerrado, manguezais e restingas, além dos rios que cruzam seu território e das

formações cavernosas no sul do estado. Porém, apesar do crescente número de estudos sobre os serviços ecológicos e diversidade de quirópteros (ex.: Maas et al., 2010; Marcii et al., 2013; Wordley et al., 2017; Lim et al., 2017), ainda se observa uma escassez de dados que caracterizem geneticamente as comunidades brasileiras de morcegos quando comparados com outros grupos de mamíferos (Hoffman et al., 2003; Redondo et al., 2008; Thoisy et al. 2014; Tavares et al. 2015), de forma que provavelmente existam espécies crípticas brasileiras ainda não identificadas.

Neste contexto, os estudos genéticos, principalmente os de identificação molecular, recebem ainda mais prioridade. Um dos métodos mais utilizados para identificação molecular de espécies animais é o DNA *Barcoding* (Hebert et al., 2003), que busca reconhecer espécies usando sequências do gene mitocondrial citocromo C oxidase subunidade I (COI). Este gene é utilizado como identificador molecular de espécies devido, principalmente, à sua condição conservada, mas variável entre espécies, com baixas taxas de mutação e herança haploide, o que evita eventos de recombinação (Moritz & Cicero, 2004; Herbert & Gregory, 2005). Dessa forma, as espécies podem ser identificadas de maneira muito similar a um “código de barras”, analogia que inspirou o nome do método. Sua confiabilidade é conhecida para diferentes grupos taxonômicos animais, tais como mamíferos (Borisenko et al., 2008), aves (Kerr et al., 2007), peixes (Ward et al., 2005), insetos (Hogg & Hebert, 2004), nematódeos (Elsasser et al., 2009), entre outros. Em morcegos, o método também apresenta resultados confiáveis, inclusive para a elucidação de complexos crípticos (ex.: Clare et al., 2011; Wilson et al., 2014; Tavares et al., 2015).

Diante deste cenário, da grande extensão territorial do Estado do Maranhão, de suas diferentes paisagens, e de sua considerável diversidade de quirópteros, o DNA



*Barcoding* traz uma nova possibilidade de método de identificação de espécies de morcegos, especialmente revelar a possível existência de diversidade críptica ocorrendo no Estado. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi usar o método do DNA *barcoding* para identificação molecular de espécies de morcegos coletadas em diferentes paisagens do Maranhão, e inferir, pela comparação com sequências de morcegos neotropicais depositadas em bancos de dados online, sobre a existência de diversidade críptica, na forma de unidades evolutivas divergentes, tanto uma escala menor (Maranhão) quanto em uma mais ampla (Região Neotropical).

## **MATERIAIS E MÉTODOS**

### *Áreas de coleta e identificação morfológica*

Entre 2012 e 2015 foram capturados 1.571 quirópteros de 37 espécies diferentes, em seis municípios do Estado do Maranhão, Brasil. As capturas foram realizadas usando seis redes de neblina (10 m x 2.5 m) abertas ao nível do solo durante um período de 6 horas após o crepúsculo, com verificação a cada 30 minutos. A identificação morfológica das espécies seguiu o guia de López-Baucells et al. (2016). Do total de indivíduos capturados, 897 amostras de tecido foram retiradas com auxílio de bisturi e pinça da região do uropatágio (membrana existente entre os membros inferiores dos quirópteros). Cada amostra possuía aproximadamente 0.5 cm de diâmetro e foram conservadas em etanol absoluto dentro de freezer a -20 °C.

Neste estudo, utilizamos 109 amostras advindas de quatro municípios do Estado do Maranhão: Açailândia (Amazônia) (5°4'15.70" S, 47°37'11.99" O), Chapadinha (Cerrado) (4°0'26.73" S, 43°23'36.22" O), Codó (Cerrado) (4°40'0.77" S, 43°42'35.38" O) e Urbano Santos (Cerrado) (3°23'14.80" S, 43°16'17.60" O) (Figura 1).

Efetivamente, esse número foi reduzido para 15, após as análises de qualidade dos sequenciamentos, restando cinco espécies analisadas neste trabalho: *Artibeus liturattus* (Offers, 1818), *Artibeus obscurus* (Schinz, 1821), *Phylloderma stenops* (Peters, 1865), *Pteronotus parnellii* (Gray, 1843) e *Sturnira lilium* (Geoffroy, 1810).

#### *Procedimentos e análises moleculares*

As extrações de DNA foram realizadas de acordo com o protocolo salino de Aljanabi & Martinez (1997). A reação em cadeia da polimerase (PCR) para o gene mitocondrial COI foi efetuada seguindo o protocolo descrito por Ivanova et al. (2006), com algumas variações: as amplificações tiveram um volume final de 10 µl contendo 4.225µl de Água Ultra-Pura, 1,25µl de PCR buffer, 1.0µl de DMSO 10%, 1.25µl de DNTP, 0.625µl de MgCl<sub>2</sub>, 0.4 de Taq Polimerase e 0.125 de ambos os coquetéis de *primers* senso e anti-senso descritos por Ivanova et al. (2006) e testados para quirópteros por Clare et al. (2007). As reações de amplificação ocorreram em termociclador programado com as seguintes condições: 94°C por 2min, seguido de 34 ciclos de 94°C por 45s, 53°C por 1min e 72°C por 75s; depois 72°C por 10 min. Para cada rodada de reações, foi usado um controle negativo contendo água ao invés de DNA. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel de agarose 1% para verificar seu sucesso. Os fragmentos de COI foram purificados com kit comercial e sequenciados em sequenciador ABI3500 (Thermo Fisher Scientific) pelo método de terminação de cadeia.

As sequências foram analisadas quanto à sua qualidade usando o *software* Geneious versão 4.8.5 (Kearse et al., 2012), e alinhadas usando o algoritmo Clustal W (Thompson et al., 1994). As distâncias genéticas foram calculadas usando o modelo Kimura-2-

parâmetros (K2P) (Kimura, 1980) no MEGA 5.01 (Tamura et al., 2011). Para a identificação molecular das amostras, utilizamos o critério de porcentagem de similaridade com sequências de COI de morcegos existentes nos bancos de dados online BOLD Systems e Genbank, usando o algoritmo BLAST (Madden et al., 1996). Utilizamos o critério de Borisenko et al. (2008) de até 2% de divergência genética para delimitação de espécies de morcego. Além disso, usamos o método de delimitação de OTU (Unidade Taxonômica Operacional, do inglês *Operational Taxonomic Unit*) presentes nos algoritmos PTP (Zhang et al., 2013) e ABGD (Puillandre et al., 2011).

As frequências de ocorrência das distribuições de distâncias genéticas intra e interespecíficas foram verificadas quanto à presença do “*barcode gap*”, que representa a lacuna entre essas duas distâncias genéticas. O método do DNA *barcoding* é mais útil para identificação de espécies quando os valores intraespecíficos são menores do que as distâncias interespecíficas (Wiemers & Fiedler, 2007).

Para análise de divergência interpopulacional em ampla escala espacial, comparamos nossas amostras com sequências das mesmas espécies de outras localidades da região neotropical retiradas do BOLD Systems, também usando o MEGA (Figura 2). Porém, nem todos os locais possuíam sequências de COI disponíveis no banco de dados online para análise (Tabela 1). Também foi construída uma árvore de *Neighbor-Joining* com o modelo K2P usando todas as sequências do Maranhão e dos bancos de dados (1000 *bootstrap*).

## **RESULTADOS**

Nossas sequências apresentaram entre 99 e 100% de similaridade genética com suas respectivas identificações morfológicas quando comparadas a sequências

depositadas nos bancos de dados públicos. Apenas duas exceções aconteceram: uma amostra de *A. liturattus* (Al\_MaBr\_04), com 98.19% de similaridade máxima e uma de *P. stenops* (Ps\_MaBr\_01) com 95% com suas respectivas espécies.

Na distribuição de frequências das distâncias genéticas (Figura3), apenas dois valores intraespecíficos apareceram abaixo do limite de 2% de divergência genética para espécies (*A. liturattus* e *A. obscurus*). Os demais valores, tanto intra quanto interespecíficos, estão situados acima desse limite. Além disso, o menor valor interespecífico (0.06 referente a *A. obscurus/A. lituratus*) é inferior ao maior valor intraespecífico (de *P. parnellii*, 0.07), de modo que não houve formação do *barcode gap*.

Observamos valores de distância genética baixos nas comparações dentro da espécie *Artibeus liturattus* (até 1%) ao longo de vários países da América Latina (Tabela 2). A única comparação com valor acima desse padrão ocorreu entre as sequências do Maranhão (Brasil) e do Panamá (2%). Tais resultados concordam com os dos algoritmos de delimitação de espécies: no ABGD, observamos a formação de uma única OTU, enquanto que no PTP houve a formação de um grupo maior, com 30 das 32 sequências analisadas para esta espécie, além de outros dois compostos por uma única amostra cada: Al\_MaBr\_04, do Maranhão (Brasil) e Al\_Pan\_01, do Panamá (Figura 4).

Os resultados para a espécie *Artibeus obscurus* foram similares, com divergências intra e interpopulacionais iguais ou inferiores a 1% (Tabela 3) e formação de uma única OTU em ambos os algoritmos (Figura 4). Não tivemos acesso a sequências de São Paulo para esta espécie.

*Pteronotus parnellii* apresentou a divergência intraespecífica média mais alta das cinco espécies analisadas (7%). Os valores de divergência interpopulacionais da

população do Maranhão em relação às outras localidades da América Latina variaram de 0% (Guiana) a 12% (Venezuela) (Tabela 4). A segunda divergência mais baixa foi com Suriname (5%), enquanto que as demais localidades tiveram divergências ligeiramente menores do que a da Venezuela (de 10% a 11%). Não tivemos acesso a sequências de *P. parnellii* para México, Costa Rica e Equador. Os resultados dos algoritmos foram convergentes, formando quatro OTU: (1) Maranhão e Guiana; (2) Suriname; (3) Venezuela; e (4) Guatemala, El Salvador e Panamá (Figura 4).

O reduzido número de sequências disponíveis para *P. stenops* contemplou uma quantidade limitada de locais: Panamá, Equador, Guiana, Suriname e Maranhão (Brasil), carecendo de amostras para todas as áreas desde o México até a Venezuela. Dessa forma, as divergências intrapopulacionais para esta espécie puderam ser calculadas apenas para os países Guiana (3%) e Suriname (0%) (Tabela 5). As análises interpopulacionais produziram valores de 3 a 6%, entre todas as opções de comparação, de forma que não houve a formação de grupos de maior similaridade. Tais diferenças estão refletidas na formação de OTUs, onde o modelo ABGD resultou em quatro grupos (Maranhão, Guiana e Suriname; Equador; e Panamá e Guiana) e o PTP resultou em cinco (Maranhão; Guiana e Suriname; Equador; Panamá; e Guiana) (Figura 4).

Em *S. liliium*, utilizamos amostras da América Central e norte da América do Sul, faltando apenas Costa Rica e países do centro e sul da América do Sul (Peru, Bolívia, Paraguai, Uruguai, Argentina e Chile) onde a espécie também ocorre. A divergência média foi de 4% entre todas as sequências, enquanto que as divergências intrapopulacionais variaram em até 1% (Tabela 6). As análises interpopulacionais revelaram valores de divergência de 0% a 9%. As amostras do Maranhão tiveram distâncias entre si de 6%, e com outras localidades, variaram de 3% (Equador,

Venezuela, Guiana e Suriname) a 6% (El Salvador). Os algoritmos de OTU concordaram entre si, apresentando quatro grupos idênticos: Venezuela, Equador, Suriname, Guiana e Maranhão; Panamá; México, Guatemala e El Salvador; São Paulo e Maranhão (Figura4).

## DISCUSSÃO E CONCLUSÕES

Neste estudo, confirmamos a existência de diversidade críptica no Maranhão para três espécies de morcegos neotropicais: *Sturnira lilium*, *Phylloderma stenops* e *Pteronotus parnellii*. Isso demonstra a utilidade do DNA *Barcoding* para a delimitação de espécies e descoberta de cripticidade, abrindo espaço para a discussão de possíveis novas espécies de morcegos ainda não descritas e ações de conservação. Por outro lado, há homogeneidade genética para as duas espécies do gênero *Artibeus* estudadas (*A. lituratus* e *A. obscurus*), apesar da ampla área de distribuição das mesmas.

Estudos anteriores determinam que mais de 95% das espécies animais possuem sequências do COI aptas ao diagnóstico taxonômico (Ward et al., 2005; Hajibabaei et al. 2006), com apenas algumas poucas exceções devido, por exemplo, a casos de hibridização ou incerteza taxonômica (Kerr et al., 2007). Esses dados reafirmam a importância do DNA *Barcoding* na identificação de espécies e corroboração de dados morfológicos, buscando a determinação precisa e o conhecimento amplo da biodiversidade animal existente (Hebert et al., 2003). Em nosso estudo, procuramos reforçar tais conclusões para o DNA *Barcoding* em morcegos. As sete sequências maranhenses de *Artibeus lituratus*, por exemplo, corroboraram com a identificação morfológica, com similaridades acima de 98%. Partindo do critério por nós utilizado (Borisenko et al., 2008), apenas as divergências genéticas iguais ou superiores a 2%

para o gene COI são consideradas significativas e podem traduzir casos de especiação. Essa relação é estabelecida através de relógios moleculares, por meio do qual se estima a média de 12 mudanças nucleotídicas a cada 600 pares de base do gene COI, para cada milhão de anos de isolamento reprodutivo, entre cada espécie (Hebert et al., 2003). Dessa forma, podemos afirmar que as amostras maranhenses de *A. lituratus* são geneticamente similares com as que ocorrem em outras áreas de ocorrência da espécie, não sendo um caso de diversidade críptica.

Observamos também que as taxas de divergências genéticas e os resultados dos algoritmos de identificação de OTU concordam entre si, sugerindo que todas as populações de *A. lituratus* espalhadas pela América Latina compõem a mesma unidade taxonômica. Basicamente, ambas divergências intra e interespecíficas apresentaram-se baixas e homogêneas (apenas 1%), insuficientes para indicar a ocorrência de cripticidade. Quanto aos algoritmos, houve uma pequena discordância: o PTP formou três OTU, sendo duas delas formadas por uma amostra cada, enquanto que o ABGD formou apenas uma OTU (Figura 4). Apesar disso, se tomarmos uma posição conservativa, observamos que os resultados combinados das análises de similaridade, divergência e ABGD apontam para a existência de uma única espécie. Os resultados do PTP e os 2% de divergência entre as sequências do Maranhão e Panamá podem ser um indício de especiação ocorrendo, porém, análises moleculares usando outro gene mitocondrial (Citocromo b) e genes nucleares também apontam para a homogeneidade genética de *A. lituratus* (Redondo et al., 2008).

Outro fator que aponta para a homogeneidade genética de *A. lituratus* é a ecologia da espécie. *Artibeus lituratus* é uma espécie de porte grande, com comprimento médio de antebraço de 69.08 mm (65.30 – 72.00) (Rui et al., 1999). É uma espécie

essencialmente insetívora e frugívora, capaz de ingerir mais de 400 frutos pequenos com sementes por dia (Passos & Passamani, 2003). Logo, adotando a estimativa de que a área de influência de um morcego a partir de seu ponto de descanso pode chegar aos 7.850 km<sup>2</sup> (Medellin et al., 2017), temos uma espécie de mamífero com alto consumo alimentar por noite e dotada de expressiva capacidade de dispersão. Tais características capacitariam a sua ampla extensão territorial, desde o Rio Grande do Sul (Brasil) até o México central (Gardner, 2007), tornando-a apta a manter um fluxo gênico efetivo, homogeneizando suas populações do ponto de vista genético.

As análises para *Artibeus obscurus* apresentaram resultados muito parecidos com os de *A. lituratus*. A alta similaridade entre as sequências do Maranhão e de outros locais, as baixas taxas de divergência intra e interespecífica e a concordância entre os algoritmos convergem para a afirmação de que *A. obscurus* permanece como uma única espécie ao longo de toda sua extensão territorial. Faz-se, no entanto, uma ressalva para o trabalho de Redondo et al. (2008), o qual sugere a existência de uma segunda espécie de *A. obscurus*, levemente maior e que também pode ser encontrada no Maranhão. Esse trabalho foi baseado em análises do gene Citocromo b de diversas espécies do gênero *Artibeus*, com amostras colhidas em campo ou sequências obtidas no GenBank. Porém, o fato de tais análises terem levado em conta o gene Citocromo b, diferente do nosso, que usou o COI, pode explicar a diferença de resultados, já que os mesmos apresentam taxas evolutivas diferentes, e, portanto, diferentes resoluções para delimitação de táxons. Seja qual for a resposta, novos estudos são necessários, tanto para elucidar a situação taxonômica de *A. obscurus* quanto para descrever a possível nova espécie.

Em *Pteronotus parnellii*, *Phylloderma stenops* e *Sturnira lilium*, os valores de divergência interpopulacionais sugerem a existência de espécies crípticas dentro de seus



conjuntos taxonômicos. Em teoria, espécies classificadas como “crípticas” sofreram divergência recente e possuem carência de caracteres morfológicos para diagnóstico, dificultando sua identificação morfológica e assim afetando as estimativas gerais da biodiversidade terrestre (Bickford et al. 2006). Para resolver esse problema, no caso dos quirópteros, avaliações genéticas e dos sonares de ecolocalização também são levadas em consideração (Mayer & Helversen, 2001; Berthier et al., 2006; Jacobs et al., 2006; Clare et al., 2011). Mas apesar de teoricamente o evento de especiação ter sido recente, na prática, espécies crípticas podem apresentar valores mais altos de divergência do que o esperado. Casos assim foram observados em espécies europeias de morcegos, como *Plecotus austriacus* (Fischer, 1829), cujos indivíduos alemães divergiam de 10.6 a 12.4% de populações da Croácia e Grécia, e *Myotis mystacinus* (Kuhl, 1817), em que duas linhagens apresentaram maior similaridade com outras duas espécies do mesmo gênero do que entre si (Mayer & Helversen, 2001).

Levando isso em consideração, sugerimos a existência de quatro grupos genéticos distintos dentro de *Pteronotus parnellii*, com áreas de distribuição dentro dos seguintes territórios: (1) Guatemala, El Salvador e Panamá; (2) Maranhão e Guiana; (3) Venezuela; e (4) Suriname. Tal classificação de *P. parnellii* como espécie críptica já é conhecida na literatura, porém, ainda é incompleta. Clare et al. (2013) sugerem a existência de um complexo críptico de pelo menos quatro espécies para *P. parnellii*. Uma dessas espécies, *P. mesoamericanus* (Smith, 1972), formaria uma unidade genética coesa para indivíduos da América Central, enquanto que a taxonomia dos grupos restantes permaneceria ainda sem resolução (Clare et al., 2013). Pressuposto similar é feito por Thoisy et al. (2014), porém apenas para indivíduos de *P. parnellii* da Guiana Francesa e do Amapá (Brasil), onde existiriam dois grupos geneticamente distintos.

Nossos dados, no entanto, chamam atenção para a possibilidade de pelo menos três OTU distintas na América do Sul, sendo uma delas distribuída nas áreas da Guiana e Maranhão.

Em *Phylloderma stenops*, os valores de divergência genética interpopulacional são, em média, os menores para as três espécies com diversidade críptica descrita neste trabalho. Porém, as análises indicam a existência de pelo menos quatro OTU entre o Panamá e o Maranhão (Brasil). Esses resultados são importantes visto que, embora a cripticidade dentro da família Phyllostomidae não seja incomum (Gomes, 2010), há carência de estudos para o gênero *Phylloderma* (Peters, 1865). Procurando mais pistas sobre a cripticidade e sobre a possibilidade de identificação de uma nova espécie *Phylloderma*, observa-se que o gênero é monotípico, com apenas uma espécie representante, *Phylloderma stenops*, dividida em três subespécies conhecidas: *P. s. boliviensis* (Barquez & Ojeda, 1979), do sudeste boliviano; *P. s. stenops* (Peters, 1865), da Guiana Francesa; e *P. s. septentrionalis* (Goodwin, 1940), em Honduras (América Central) (Gardner, 2007). Tal classificação assemelha-se aos nossos resultados, porém, a falta de informações genéticas em grande parte do território neotropical (México à Costa Rica, norte da América do Sul Brasil) abre uma margem para diferentes interpretações. O único trabalho que traz informações genéticas para essa questão é de Clare et al. (2007), que apresenta uma divergência genética média de 4.3% do COI para espécimes de *P. stenops* coletadas na Guiana. Esse é um valor alto, mas que coincide com os encontrados aqui, de 4%. Logo, levando tais resultados em conta, consideramos a existência de até 3 espécies novas dentro do complexo de *P. stenops*. Uma delas, que preferimos chamar por *Phylloderma sp.*, estaria presente no Maranhão, subsidiada por uma divergência genética mínima de 5% das demais populações existentes.

*Sturnira lilium* também apresentou indícios de cripticidade. Observamos heterogeneidade nos resultados interpopulacionais que, quando correlacionados aos algoritmos de delimitação de OTU, exibiram quatro grupos: (1a) Sul da América do Norte e norte da América Central (México, Guatemala e El Salvador); (2a) Panamá (América Central); (3a) porção norte da América do Sul (Equador, Venezuela, Guiana, Suriname, e também Maranhão); e (4a) porção norte e central da América do Sul (amostras do Maranhão e São Paulo). Neste cenário, é provável que o Maranhão seja habitado por dois grupos distintos de *S. lilium*, que podem corresponder a novas espécies. Resultados semelhantes podem ser encontrados na literatura (Dinelle, 2014), subdividindo *S. lilium* em três clados principais: (1b) do México à Nicarágua; (2b) Panamá e norte da América do Sul; e (3b) nordeste, sudeste e sul do Brasil, além de Bolívia (Dinelle, 2014). Esse trabalho sugere ainda a subdivisão do grupo 2b em dois grupos menores semelhantes aos que observamos em nosso estudo, fomentando a perspectiva de duas OTU de *S. lilium* para o estado do Maranhão. No entanto, algumas questões ainda precisam ser respondidas. A espécie encontrada no Panamá, por exemplo, possivelmente, ocorre também na Costa Rica devido à pequena extensão territorial destes países vizinhos, facilitando a dispersão. Além disso, não tivemos acesso a sequências do Peru, Bolívia, Paraguai, Uruguai, Argentina e Chile, áreas onde *S. lilium* também ocorre (Gardner, 2007). Esses países também não são analisados em outros trabalhos na literatura.

Mas, tratando-se de quirópteros, como e porque existem espécies crípticas? É provável que as espécies pertencentes ao complexo críptico possuam nichos muito semelhantes, porém levemente distintos quanto a alguma dimensão. Um exemplo disso pode ser observado entre *S. lilium* e *S. tildae* (de la Torre, 1959), pois ambas são

próximas taxonomicamente, semelhantes morfológicamente, simpátricas, frugívoras e dispersoras de Solanaceae, porém com incisivos superiores internos e tamanhos corporais levemente diferentes, o que pode explicar suas divergências na preferência por frutos (Miretzki et al., 1959; Lim & Engstrom, 2001; Passos et al., 2003). Um segundo fator a ser considerado para *S. lilium* é que esta é uma espécie relativamente menor do que *A. lituratus*. A primeira apresenta tamanho médio do antebraço de 47.27 mm, enquanto a segunda exibe em média 69,08 mm (Miretzki et al., 1959; Rui et al., 1999). A diferença de mais de 20 milímetros no antebraço afeta diretamente a capacidade de voo delas, tornando *S. lilium* suscetível a viagens mais curtas em tempo e distância. Além disso, a abrangência espacial de forrageio para *S. lilium* é entre, aproximadamente, 480 a 760 metros de distância do local de descanso (Mello et al., 2008), valor inferior ao de outros quirópteros (Medellin et al., 2017).

As diferentes fitofisionomias e ecótonos neotropicais e sua história evolutiva também devem influenciar o fluxos gênico em quirópteros, em algum grau, isolando as populações. As áreas amazônicas de endemismo, por exemplo, são bem documentadas na literatura, ocorrendo nos mais diversos grupos de vertebrados, como mamíferos, aves, répteis, insetos, entre outros (Nores, 1999; Silva et al., 2005), o que leva a crer que algo semelhante ocorra com os morcegos. Outra questão são os casos de filopatria entre quirópteros, comportamento que torna as populações dessas espécies fiéis aos seus ninhos e, conseqüentemente, restringem o fluxo gênico (Storz et al., 2000; Nagy et al., 2014). Tal hábito é registrado para *S. lilium*, por exemplo, que tende a carregar as frutas capturadas durante o forrageio para comer nos ninhos (Mello et al., 2008; Montoya-Bustamante et al., 2016).

As afirmações sobre novas espécies de animais, especialmente espécies crípticas, devem ser cautelosas e provindas de análises robustas, principalmente dentro dos mamíferos, um grupo já muito bem estudado. No entanto, os quirópteros formam um táxon bastante diversificado filogeneticamente, funcionalmente e biogeograficamente, representando cerca de 25% das espécies de mamíferos só no Brasil (Emmons & Feer, 1997). Tais características abrem brechas para a existência de espécies crípticas ainda não identificadas espalhadas pela América Latina (Clare, 2011), em especial no Maranhão, onde os estudos ainda são escassos. No caso deste trabalho, os resultados ressaltam tal questão, onde novos estudos filogenéticos para os quirópteros americanos são necessários. *Phylloderma stenops*, que até então não tinha recebido discussão na literatura a respeito de sua heterogeneidade genética e condição críptica, demonstrou pelo menos quatro OTU na América do Sul, com uma ocorrendo no Maranhão. *S. lilium* apresentou indícios de ocorrência de duas espécies para a região e *P. parnelli* mostrou informações sobre sua condição críptica no estado.

Por fim, as comparações interpopulacionais de *A. lituratus* e de *A. obscurus* concluíram que ambas as espécies possuem uma composição genética homogênea, apesar de ampla área de distribuição pela América Latina. Isto seria auxiliado por fatores como capacidade de voo que afeta o fluxo gênico. Ressaltamos que estudos devem ser efetuados também nos territórios dos países ainda não amostrados, visando não só a genética e a morfologia, mas também comportamento e acústica, de forma a garantir um cenário mais próximo possível da realidade.

## **AGRADECIMENTOS**

Tomo este espaço para agradecer a todos os envolvidos, que me ajudaram direta e indiretamente, na conclusão desta monografia.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Luis Fernando Carvalho Costa, pela confiança depositada em mim, pelos puxões de orelha, pela paciência, pelos ensinamentos, pela atenção, e pelo exemplo de profissional.

Ao meu co-orientador, Prof. Ms. Ciro Líbio Caldas dos Santos, por sempre me ajudar em qualquer coisa, por sempre encontrar um tempo para responder meus e-mails, por me ensinar coisas no word e excel que eu nem sabia que existiam, e pelo exemplo de profissional.

À Marisa Rodrigues, a pessoa mais incrível que eu já conheci, que me levantou todas as vezes que eu cai, mesmo que não estivesse perto. O anjo da guarda disfarçado de gente que Deus deu a mim e a minha irmã, que me ensinou como, quando e onde lutar, e que por muita sorte tenho o prazer de chamar de “mãe”.

A Antônio Carlos de Lima, o homem que do seu jeito me ensinou a não desistir, a sempre pensar no lado positivo, a amar ao próximo, a sempre dar o meu melhor, a não ligar para o que os outros pensam, a me orgulhar das minhas conquistas. O homem que provavelmente me ensinou mais do que ele próprio pensa que fez. Meu pai.

À Jéssica de Lima, que eu não preciso olhar para lembrar que a amo. Por todas as noites em claro e por toda ajuda que me deu. Por ser a profissional mais competente que eu conheço. Por ser a pessoa que eu me espelho. Por gostar de filmes ruins. Por ser quem ela é, por ser minha irmã.

A todos meus tios e tias, primos e primas, sempre animados, sempre dispostos a me aconselhar, sempre dispostos a me ajudar, sempre que necessário tomando a função de pai, mãe, irmão, irmã, amigo. Sempre me lembrando do significado de “família”.

À Maria da Conceição, minha avó, que me deu os conselhos certos na hora certa. E que eu tenho certeza que se eu pedisse ajuda para pronunciar o nome de uma espécie de morcegos, ela faria todo mundo doido e viraria tudo de cabeça pra baixo, até trazer o maior especialista em morcegos do mundo pra conversar comigo, comendo toicinho.

A Seu Souza, Seu Erivaldo e Jean, que só Deus sabe quantas vezes eles me tiraram de sufocos.

Aos meus colegas de classe, por não desistirem e conseqüentemente não me deixarem desistir.

À Juniele e Keila, pela ajuda e pelas risadas no laboratório.

Ao grupo GENEAL, uma ótima iniciativa do Prof. Luis Fernando e que eu espero que não acabe tão cedo.

Ao grupo LabGeM, pela disponibilidade do laboratório e pela organização do mesmo.

À UFMA, minha segunda casa.

À Fapema, pela ajuda de custos e IC.

À Santinha, por ser a segunda mãe de todos os estagiários do laboratório.

À Dona Linair e Dona Ana, as jóias preciosas desse curso.

A Carlos Martinez, pela sinceridade e amizade, por me abrir os olhos para a ciência e para o mundo.

A Eduardo Almeida, pelas palavras, pela amizade e talvez principalmente pelo exemplo de pessoa.

A Marcelo Derzi, pelos puxões de orelha, pela sinceridade absurda e pela amizade.

A Pedro Estevam, Lais Giroto, Lucas Martins, Nicollas “Noiáculas” Scarsoni, Pedro “Zoiúdu” Fiuza, Thiago Borges, Stephanie Santos, Guilherme Dias, João Matile e todos os amigos de fiz na Nova Zelândia, que não tenho palavras para falar o quanto foram importantes para que eu chegasse até aqui.

A Filipe Cabral, Fernanda Bayma, Brenda Souza, Thayná Mota, Amanda Gabrielle, Pedro Lima e todos os amigos dessa nova etapa da vida, sinais de Deus para que eu veja o quanto ainda tem de bom pela frente.

A Juliana Freire, o pedaço de pudim de leite que Deus guardou pra mim no fundo da geladeira, depois de um período turbulento e incerto.

E mais importante, a todo o inexplicável amor que circula entre e dentro das pessoas, que nós costumamos personificar e chamar de “Deus”.



## APÊNDICE

**A: Lista de sequências do banco de dados BOLD utilizadas neste trabalho.**

CÓDIGO USADO	BOLD PROCESS ID
Sl_Gua_01	ABCSA262-06
Sl_EIS_01	ABCSA684-06
Sl_Gua_02	ABCSA152-06
Sl_Mex_01	BCBN026-05
Sl_EIS_02	ABCSA683-06
Sl_EIS_03	ABCSA687-06
Sl_Gua_03	ABCSA306-06
Sl_Mex_02	ABMXC527-06
Sl_Gua_04	ABCSA292-06
Sl_Gua_05	ABCSA507-06
Sl_Mex_03	ABMXA744-06
Sl_Equ_01	ABECA274-06
Sl_Ven_01	BCBNT221-06
Sl_Sur_01	ABSMS480-06

SI_Guy_02	ABGYD051-06
SI_Equ_02	ABECA073-06
SI_Equ_03	ABECA363-06
SI_Guy_03	ABGYA042-06
SI_Sur_02	ABSMS435-06
SI_Equ_04	ABECA731-06
SI_Guy_01	ABGYB225-06
SI_Sur_03	ABSMS465-06
SI_Pan_01	ABSCA110-06
SI_Pan_02	BCBN702-05
SI_Pan_03	BCBN609-05
SI_Pan_04	BCBN703-05
SI_SPBr_01	ABSA061-06
SI_SPBr_02	BCBNT465-06
SI_SPBr_03	BCBNT466-06
SI_SPBr_04	BCBNT475-06
SI_SPBr_05	ABSA116-06
Ao_Equ_01	ABECA035-06

Ao_Equ_02	ABECA327-06
Ao_Equ_03	ABECA932-06
Ao_Ven_01	BCBNT172-06
Ao_Equ_04	ABECA255-06
Ao_Sur_01	ABSRA479-06
Ao_Guy_01	ABGYE852-06
Ao_Guy_02	ABGYA433-06
Ao_Guy_03	ABGYC487-06
Ao_Guy_04	BCBNT524-06
Ao_Sur_02	ABSMS138-06
Ao_Guy_05	ABGYD162-06
Ao_Guy_06	ABGYG1047-08
Al_Mex_01	ABMXA888-06
Al_Sur_01	ABSRA362-06
Al_Equ_01	ABECA132-06
Al_SPBr_01	ABSA117-06
Al_Guy_01	ABGYD830-06
Al_SPBr_02	ABSA119-06

Al_Equ_02	ABECB077-08
Al_Mex_02	ABMXC232-06
Al_Gua_01	ABCSA344-06
Al_Sur_02	ABSRA382-06
Al_Sur_03	ABSMS210-06
Al_Sur_04	ABSMS353-06
Al_Guy_03	ABGYA887-06
Al_Equ_03	BCBN571-05
Al_Guy_02	ABGYB935-07
Al_Gua_02	BCBN263-05
Al_CoR_01	ABSCA143-06
Al_Sur_05	ABSRA363-06
Al_Gua_03	ABCSA263-06
Al_Gua_04	BCBN258-05
Al_Mex_03	ABMXA889-06
Al_EIS_01	BCBN392-05
Al_Mex_04	ABMXA887-06
Al_Equ_04	ABECA134-06

Al_Equ_05	ABECA328-06
Al_Pan_01	BCBN693-05
Pp_Gua_01	ABCSA212-06
Pp_EIS_01	ABCSA757-06
Pp_Gua_02	ABCSA460-06
Pp_EIS_02	BCBN447-05
Pp_Pan_01	ABSCA066-06
Pp_Pan_02	ABSCA117-06
Pp_Ven_01	ABSA008-06
Pp_Ven_02	ABSA010-06
Pp_Ven_03	ABSA014-06
Pp_Ven_04	ABSA015-06
Pp_Ven_05	BCBNT225-06
Pp_Guy_02	ABGYG010-06
Pp_Guy_01	BCBNT340-06
Pp_Sur_01	BCBNT775-06
Pp_Sur_02	BCBNT794-06
Ps_Equ_01	BCBN789-05

Ps_Guy_01	ABGYC642-06
Ps_Guy_02	ABGYA230-06
Ps_Pan_01	BCBN624-05
Ps_Guy_03	ABGYE086-06
Ps_Sur_01	ABSMS016-06
Ps_Sur_02	ABSMS349-06
GrEx_Tt	ABBM293-05
GrEx_Mm	ABECA491-06
GrEx_Om	ABCDC010-07

## **ANEXOS**

### **ANEXO 1: Regras de submissão**

A revista científica escolhida para publicação do artigo foi a *Chiroptera Neotropical* (ISSN 2317-6105). Suas regras encontram-se abaixo:

#### **Author Guidelines**

##### **I. Types of Contribution**

###### **1. Full length articles (Regular Papers)**

Original papers should report the results of original research. Full length articles are usually up to 8.000 words.

###### **2. Review articles**

Reviews should address a theme of interest for *Neotropical bat biology*. They may be submitted or invited. Review articles are usually up to 12.000 words.

###### **3. Short communications**

Are meant to highlight important issues and should be less than 4.000 words.

##### **II. Manuscript submission**

###### **a) Original work**

Submission of an article implies that it is not being considered contemporaneously for publication elsewhere. Submission of multi-authored manuscripts must be with the consent of all the participating authors.

b) Covering letter (to be inserted on the box "Comments to the Editor")

Submission of a manuscript must be accompanied by a covering letter stating that:

- The work is all original research carried out by the authors.
- All authors agree with the contents of the manuscript and its submission to the journal.
- No part of the research has been published in any form elsewhere, unless it is fully acknowledged in the manuscript.
- Any research in the paper not carried out by the authors is fully acknowledged in the manuscript.
- All appropriate ethics and other approvals were obtained for the research.

Manuscripts may be rejected if they involve protocols which are inconsistent with commonly accepted norms of animal research.

c) Confirmation of submission

After the editorial office has received your submission, you will receive a confirmation, and information about the further proceeding. The associate editor will carry out a light review and decide whether a paper falls within the scope of the journal and is of sufficient standard to be sent for independent peer-review. Any manuscript not being sent for independent peer-review will be returned to the author(s) as soon as possible.

d) Conflicts of Interest

To allow scientists, the public, and policy makers to make more informed judgments about published research, *Chiroptera Neotropicalis* adopts a strong policy on conflicts of interest and disclosure. Authors should acknowledge all sources of funding and any



direct financial benefits that could result from publication. Editors likewise require reviewers to disclose current or recent association with authors and other special interest in this work.

#### e) Potential reviewers

Authors are at liberty to suggest the names of up to three potential reviewers (with full contact details). Potential reviewers should not include anyone with whom the authors have collaborated during the research being submitted. Please use the box "Comments to the Editor" on the first part of submissions process to indicate the potential reviewers.

### III. Setting up and formatting your manuscript

#### 1. General information

Send your manuscript in \*.doc or \*.rtf format. Set up your document one-sided, using double spacing and wide (3 cm) margins. Avoid full justification, i.e., do not use a constant right-hand margin. Ensure that each new paragraph is clearly indicated.

Number every page of the manuscript, including the title page, references tables, etc.

Present tables and figure legends on separate pages at the end of the manuscript. Layout and conventions must conform with those given in this guide to authors. Journal style has changed over time so do not use old issues as a guide. Number all pages consecutively. Italics are not to be used for expressions of Latin origin, for example, *in vivo*, *et al.*, *per se*. Use decimal points (not commas); use a space for thousands (10 000 and above).

## 2. Title pages and mentioning of authors' names

The first page must contain the title of the manuscript, as well as abstract and keywords (see sections IV.1 and IV.2 for further details). Please do not state authors' names anywhere else in your manuscript, nor in the figure captions. An exception is the quotation of own work. Authors names and affiliation will be inserted by the author on the correspondent fields during the submission process (online process). If the manuscript is accepted for publication, the author will be required to send fullnames, affiliation and addresses of all co-authors.

## 3. Language

Please make sure that your manuscript is written in excellent English. Authors who are not writing in their native language are encouraged to have their manuscript proofread prior to submission by a native speaker (who is also a scientist and works with similar topics) or by a professional scientific translator. We recommend the translation agency 'Katzenhaus Translations' (<http://www.katztrad.com>), which is specialized in Biology."

## IV. Structure of the manuscript

### 1. First title page

#### a) Title of manuscript

State the title of the manuscript. The title should be concise and informative. Titles are often used in information-retrieval systems. Avoid abbreviations and formulae where possible. Remember: if the readers do not find the title interesting, they will simply give up reading the rest of your paper. The title should inform the main topic of your study,

the main organisms studied and, in some cases, also where it took place (habitat, biome etc.).

#### b) Abstract

Provide a concise and factual abstract (maximum length of 250 words). The abstract should state briefly the purpose of the research, the methods, the principal results, major points of discussion, and conclusions. An abstract is often presented separate from the article, so it must be able to stand alone. References should therefore be avoided, but if essential, they must be cited in full, without reference to the reference list. Non-standard or uncommon abbreviations should be avoided.

#### c) Keywords

Immediately after the abstract, provide a maximum of 6 keywords, avoiding general and plural terms and multiple concepts (avoid, for example, 'and', 'of'). Avoid the use of entire phrases as keywords and do not repeat words that were already used in the title. Be sparing with abbreviations: only abbreviations firmly established in the field may be eligible. Do not use terms that have already been used in the title.

### 3. Introduction

State the objectives of the work and provide an adequate background to the international context in which the research is carried out.

#### 4. Materials and methods

Provide sufficient detail to allow the work to be replicated. Methods already published should be indicated by a reference: only relevant modifications should be described.

#### 5. Results

Provide your main results in a concise manner. Avoid overlap between figures, tables, and text.

#### 6. Discussions and Conclusions

Indicate significant contributions of your findings, their limitations, advantages and possible applications. Discuss your own results in the light of other research, based on your results. Do not simply repeat your results, instead present your interpretations and generalizations.

#### 7. Acknowledgements

Place acknowledgements as a separate section after the discussion and before the references. Include information on grants received and all appropriate ethics and other approvals obtained for the research.

#### 8. Appendices

If there is more than one appendix, they should be identified as A, B, etc. Formulae and equations in appendices should be given separate numbering: (Eq. A.1), (Eq. A.2), etc.; in a subsequent appendix, (Eq. B.1) and so forth.

## 9. References

Assertions made in the paper that are not supported by your research must be justified by appropriate references. Follow the journal format for references precisely. Ensure all references cited in the text are in the reference list (and vice versa).

## 10. Captions, tables, and figures

Present these, in this order, at the end of the manuscript. They are described in more detail below (see section VI.). High-resolution graphics files must always be provided separate from the main text file in the final version accepted for publication.

Ensure that each illustration has a caption. Supply captions on a separate page, not attached to the figure. A caption should comprise a brief title (not on the figure itself) and a description of the illustration or table. Keep text in the illustrations and tables themselves to a minimum but explain all symbols and abbreviations used. If possible, submit all figures as separate JPG or TIFF files. When it is not possible to do that, insert graphs, diagrams and schemes in a separate text file.

## 11. Footnotes

Footnotes are not allowed.

## 12. Nomenclature and units

Follow internationally accepted rules and conventions: use the international system of units (SI) for all scientific and laboratory data. If other quantities are mentioned, give their equivalent in SI.

Common names must be in lower-case except proper nouns. All common names must be followed by a scientific name in parentheses in italics. For example, vampire bat (*Desmodus rotundus*). Where scientific names are used in preference to common names they should be in italics and the genus should be reduced to the first letter after the first mention. For example, the first mention is given as *Desmodus rotundus* and subsequent mentions are given as *D. rotundus*.

## V. Referencing

### 1. Citations in the text

Please ensure that every reference cited in the text is also present in the reference list (and vice versa). Unpublished results and personal communications should not be in the reference list, but may be mentioned in the text. Conference proceedings, abstracts and grey literature (research reports and limited circulation documents) are not acceptable citations. Citation of a reference as 'in press' means that the item has been accepted for publication.

### 2. Citing and listing of web references

As a minimum, the full URL and last access date should be given. Any further information, if known (author names, dates, reference to a source publication, etc.), should also be given. Web references can be listed separately (e.g., after the reference list) under a different heading if desired, or can be included in the reference list.

### 3. Citing in the text

Citations in the text should be:

Single author: the author's name (without initials, unless there is ambiguity), the year of publication;

Two authors: both authors' names, the year of publication; use '&' between names.

Three or more authors: first author's name followed by et al., the year of publication.

Citations may be made directly (or parenthetically). Groups of references should be given chronologically with the earliest first and if several from the same year then they should be given alphabetically. If there are several from the same author in the same year then they are given as author, yeara, b (eg 1996a,b) (not yeara, yearb)

Examples: "as demonstrated (Allan & Jones 1995; Smith et al. 1995; Woodbridge 1995; Allan 1996a, b; 1999). Kramer et al. (2000) have recently shown ...."

#### 4. List of references

References should be arranged first alphabetically and then further sorted chronologically if necessary. More than one reference from the same author(s) in the same year must be identified by the letters "a", "b", "c", etc., placed after the year of publication. You may use the DOI (Digital Object Identifier) and the full journal reference to cite articles in press. The format for listing references is given below and must be followed precisely.

Examples:

##### 1. Journal article:

Kalka M. & Kalko E.K.V. 2006. Gleaning bats as underestimated predators of herbivorous insects: diet of *Micronycteris microtis*(Phyllostomidae) in Panama. *Journal of Tropical Ecology* 22: 1-10.

2. Book chapter:

Cruz-Neto A. & Jones K.E. 2006. Exploring the evolution of the basal metabolic rate in bats. In: Functional and evolutionary ecology of bats (edited by Zubaid A.; McCracken G.F. & Kunz T.H.), pp. 56-89. Oxford University Press, Oxford.

3. Book, authored:

Wilson D.E. 1997. Bats in question. Smithsonian Books, Washington.

4. Book, edited:

Zubaid A.; McCracken G.F. & Kunz T.H. (editors). 2006. Functional and evolutionary ecology of bats. Oxford University Press, Oxford.

5. MSc Thesis and PhD Dissertation:

Mello M.A.R. 2006. Interactions between the bat *Sturnira lilium* (Chiroptera: Phyllostomidae) and plants of the family Solanaceae. PhD Dissertation, Universidade Estadual de Campinas.

6. Institutional author (book):

World Conservation Union. 2006. 2006 IUCN Red List of threatened species. IUCN, Gland.

7. In press articles:

Oprea M.; Brito D.; Mello M.A.R. & Aguiar L.M.S. in press. Ten years of Chiroptera Neotropical: accomplishments and future directions. *Chiroptera Neotropical*.



## VI. Voucher Specimens

The manuscript should mention the museum or institution where the specimens are deposited, when appropriate, as proof of the validity of the taxonomic identification.

## VII. Manuscript handling after acceptance

### 1. Proofs

When your manuscript is received it is considered to be in its final form. Proofs are not to be regarded as 'drafts'.

One set of page proofs in PDF format will be sent by e-mail to the corresponding author, to be checked for typesetting/editing and should be returned within 2 weeks of receipt, preferably by e-mail. No changes in, or additions to, the accepted (and subsequently edited) manuscript will be allowed at this stage. Any amendments may be charged to the author. Proof reading is solely the author's responsibility.

A form with queries from the copyeditor may accompany your proofs. Please answer all queries and make any corrections or additions required. Chiroptera Neotropical reserves the right to proceed with publication if corrections are not communicated. Return corrections within 2 weeks of receipt of the proofs. Should there be no corrections, please confirm this.

Chiroptera Neotropical will do everything possible to get your article corrected and published as quickly and accurately as possible. In order to do this we need your help.

When you receive the proof of your article for correction, it is important to ensure that all of your corrections are sent back to us in one communication. Subsequent corrections will not be possible, so please ensure your first sending is complete. Note

that this does not mean you have any less time to make your corrections, just that only one set of corrections will be accepted.

## 2. Offprints

The corresponding author, at no cost, will be provided with a PDF file of the article via e-mail.

Fonte:

Chiroptera Neotropical. Submissions. Disponível em:

<http://chiropteraneotropical.net/index.php/cn/about/submissions#authorGuidelines>.

<Acesso em: 29/04/2018>.

## REFERÊNCIAS

Aljanabi S. M. & Martinez I. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, 25(22): 4692–4693.

Berthier P.; Excoffier L. & Ruedi M. 2006. Recurrent replacement of mtDNA and cryptic hybridization between two sibling bat species *Myotis myotis* and *Myotis blythii*. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 273(1605): 3101–3109. <http://doi.org/10.1098/rspb.2006.3680>

Bickford D.; Lohman D.J.; Sodhi N.S.; Ng P.K.L.; Meier R.; Winker K.; Ingram K.K. & Das I. 2006. Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 22(3): 148-155. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.11.004>

Borisenko A.V.; Lim B.K.; Ivanova N.V.; Hanner R.H. & Hebert P.D.N. 2008. DNA barcoding in surveys of small mammal communities: a field study in Suriname. *Molecular Ecology*, 8(3): 471–479. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01998.x>

Brook B.W.; Bradshaw, C.J.A.; Koh, L.P. & Sodhi, N.S. 2006. Momentum drives the crash: mass extinction in the tropics. *Biotropica*, 38(3): 302–305. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2006.00141.x>

Clare E.L.; Lim B.K.; Engstrom M.D.; Eger J.L. & Hebert P.D.N. 2007. DNA barcoding of Neotropical bats: species identification and discovery within Guyana. *Molecular Ecology Notes*, 7(2): 184-190. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01657.x>

Clare E.L.; Lim B.K.; Fenton M.B. & Hebert P.D.N. 2011. Neotropical Bats: Estimating Species Diversity with DNA Barcodes. *PlosONE*, 6(7): 1-14. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0022648>

Clare E.L., Adams A.M., Maya-Simões A.Z., Eger J.L., Hebert P.D., & Fenton M.B. 2013. Diversification and reproductive isolation: cryptic species in the only New World high-duty cycle bat, *Pteronotus parnellii*. *BMC Evolutionary Biology*, 13(26): 1-18. <http://doi.org/10.1186/1471-2148-13-26>

Dinelle L.L. 2014. Três espécies crípticas em *Sturnira lilium* (Chiroptera: Phyllostomidae): evidências baseadas em genes mitocondriais. MScThesis, Universidade Federal do Espírito Santo.

Elsasser S.C.; Floyd R.; Hebert P.D.N. & Schulte-Hostedde A.I. 2009. Species identification of North American guinea worms (Nematoda: *Dracunculus*) with DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 9(3): 707–712. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02393.x>

Emmons L.H. & Feer F. 1997. Neotropical rainforest mammals: a field guide. University of Chicago Press, Chicago.

Gardner A.L. (editor) 2007. Mammals of South America, Volume 1: Marsupials, Xenarthrans, Shrews, and Bats. The University of Chicago Press, Chicago and London.

Gomes A.J.B.; Rodrigues L.R.R.; Rissino J.D.; Nagamachi C.Y. & Pieczarka J.C. 2010. Biogeographical karyotypic variation of *Rhinophylla fischeriae* (Chiroptera: Phyllostomidae) suggests the occurrence of cryptic species. *Comparative Cytogenetics*, 4(1): 79-85. <https://doi.org/10.3897/compcytogen.v4i1.24>

Griffiths A.M.; Sims D.W.; Cotterell S.P.; Nagar A.E.; Ellis J.R.; Lynghammar A.; McHugh M.; Neat F.C.; Pade N.G.; Queiroz N.; Serra-Pereira B.; Rapp T.; Wearmouth V.J. & Genner M.J. 2010. Molecular markers reveal spatially segregated cryptic species in a critically endangered fish, the common skate (*Dipturus batis*). *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 277(1687): 1497-1503. <http://doi.org/10.1098/rspb.2009.2111>

Hajibabaei M.; Singer G.A.C. & Hickey D.A. 2006. Benchmarking DNA barcodes: an assessment using available primate sequences. *Genome*, 49(7): 851–854. <https://doi.org/10.1139/g06-025>

Hebert P.D.N.; Cywinska A.; Ball S.L. & Jeremy R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512): 313-321. <http://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>

Herbert P.D.N. & Gregory T.R. 2005. The Promise of DNA Barcoding of Taxonomy. *Systematic Biology*, 54(5): 852-859. <https://doi.org/10.1080/10635150500354886>

Hoffmann F.G.; Owen J.G. & Baker R.J. 2003. mtDNA perspective of chromosomal diversification and hybridization in Peters' tent-making bat (*Uroderma bilobatum*: Phyllostomidae). *Molecular Ecology*, 12(11): 2981–2993. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01959.x>

Hogg I.D.; Hebert P.D.N. 2004. Biological identification of springtails (Hexapoda: Collembola) from the Canadian Arctic, using mitochondrial DNA barcodes. *Canadian Journal of Zoology*, 82(5): 749-754. <https://doi.org/10.1139/z04-041>

Ivanova N.V.; Dewaard J.R. & Hebert P.D. 2006. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology Notes*, 6(4): 998-1002. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01428.x>

Jacobs D.S.; Eick G.N.; Schoeman M.C. & Matthee C.A. 2006. Cryptic species in an insectivorous bat, *Schotophilus dinganii*. *Journal of Mammalogy*, 87(1): 161-170. <https://doi.org/10.1644/04-MAMM-A-132R2.1>

Kearse M.; Moir R.; Wilson A.; Stones-Havas S.; Cheung M.; Sturrock S.; Buxton S.; Cooper A.; Markowitz S.; Duran C.; Thierer T.; Ashton B.; Mentjies P. & Drummond A. 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for

the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12): 1647-1649.  
<http://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>

Kerr K.C.R.; Stoeckle M.Y.; Dove C.J.; Weigt L.A.; Francis C.M. & Hebert P.D.N.  
2007. Comprehensive DNA Barcode coverage of North American Birds. *Molecular Ecology Notes*, 7(4):535-543. <http://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01670.x>

Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(1):111-120.

Kunz T.H.; Torrez, E.B.; Bauer, D.; Lobova, T. & Fleming, T.H. 2011. Ecosystem services provided by bats. *Annals Of The New York Academy Of Sciences*, 1223(1): 1-38. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06004.x>

Lim B.K. & Engstrom, M.D. 2001. Species diversity of bats (Mammalia: Chiroptera) in Iwokrama Forest, Guyana, and the Guianan subregion: implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 10(4): 613–657.  
<https://doi.org/10.1023/A:1016660123189>

Lim V.; Clare E.L.; Littlefair J.E.; Ramli R.; Bhassu S. & Wilson J. 2017. Impact of urbanisation and agriculture on the diet of fruit bat. *Urban Ecosystems*, 21(1): 61-70. <https://doi.org/10.1007/s11252-017-0700-3>

López-Baucells A.; Rocha R.; Bobrowiec P.; Bernard E.; Palmeirim J. & Meyer C.

2016. Field Guide to Amazonian Bats. Editora INPA, Manaus.

Maas B.; Clough Y. & Tschamtk T. 2010. Bats and birds increase crop yield in tropical agroforestry landscapes. *Ecology Letters*, 16(12): 1480-1487.

<https://doi.org/10.1111/ele.12194>

Madden T.L.; Tatusov R.L. & Zhang J. 1996. Applications of network BLAST server.

*Methods in Enzymology*, 266(1):131-141. <https://doi.org/10.1016/S0076->

6879(96)66011-X

Marcii A.; Costa A.P.; Soares H.S.; Acosta I.C.L.; Lima J.T.R.; Minervino A.H.H.;

Melo A.T.L.; Aguiar D.M.; Pacheco R.C. & Gennari S.M. 2013. Isolation and phylogenetic relationships of bat trypanosomes from different biomes in Mato Grosso, Brazil. *Journal of Parasitology*, 99(6): 1071-1076. <https://doi.org/10.1645/12-156.1>

Mayer F. & Helversen O. 2001. Cryptic diversity in European bats. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 268(1478): 1825-1832.

<http://doi.org/10.1098/rspb.2001.1744>

Medellin R.A.; Wiederholt R. & Lopez-Hoffman L. 2017. Conservation relevance of bat caves for biodiversity and ecosystem services. *Biological Conservation*, 211(B): 45-50. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.01.012>



Mello M.A.R; Kalko E.K. & Silva W.R. 2008. Movements of the bat *Sturnira lilium* and its role as a seed disperser of Solanaceae in the Brazilian Atlantic forest. *Journal of Tropical Ecology*, 24(2): 225-228.<https://doi.org/10.1017/S026646740800480X>

Miretzki M.; Perrachi A.L. & Bianconi G.V. 1959. Southernmost records of *Sturnira tilda* de la Torre, 1959 (Chiroptera: Phyllostomidae) in Brazil. *Mammalia*, 66(2): 306-309.

Montoya-Bustamante S.; Rojas-Díaz V. & Torres-González A.M. 2016. Interactions between frugivorous bats (Chiroptera: Phyllostomidae) and *Piper tuberculatum* (Piperaceae) in a tropical dry forest in Valle del Cauca, Colombia. *Revista de Biología Tropical*, 64(2): 701-713.<https://doi.org/10.15517/rbt.v64i2.20689>

Moritz C. & Cicero C. 2004. DNA Barcoding: Promise and Pitfalls. *PLoS Biology*, 2(10): 1529-1531. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020354>.

Nagy M.; Günther L.; Knörnschild M. & Mayer F. 2013. Female-biased dispersal in a bat with a female-defence mating strategy. *Molecular Ecology*, 22(6): 1733–1745.<https://doi.org/10.1111/mec.12202>

Nores M. 1999. An Alternative Hypothesis for the Origin of Amazonian Bird Diversity. *Journal of Biogeography*, 26(3): 475-485.<https://doi.org/10.1046/j.1365-2699.1999.t01-1-00311.x>

Patterson B.D.; Willig M.R. & Stevens R.D. 2003. In: Bat Ecology (edited by Kunz T. H. & Fenton M. B.) pp. 536–579. University of Chicago Press, Chicago.

Puillandre N.; Lambert A.; Brouillet S. & Achaz G. 2011. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*, 21(8): 1864-1877.  
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x>

Redondo R.A.F.; Brina L.P.S.; Silva R.F.; Ditchfield A.D. & Santos F.R. 2008. Molecular systematics of the genus *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49(1): 44-58.  
<https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.07.001>

Rui A.M.; Fabian M.E. & Menegheti J.O. 1999. Geographical distribution and morphological analysis of *Artibeus lituratus* Olfers and *Artibeus fimbriatus* Gray (Chiroptera, Phyllostomidae) in Rio Grande do Sul, Brazil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 16(2): 447-460. <http://dx.doi.org/10.1590/S0101-81751999000200011>

Santos C.L.C. 2017. Alterações da paisagem e padrões de diversidade de morcegos e de suas moscas ectoparasitas no limite norte do Cerrado. PhD Dissertation, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul.

Silva J.M.C.; Rylands A.B. & Fonseca G.A.B. 2005. The Fate of the Amazonian Areas of Endemism. *Conservation Biology*, 19(3): 689-694. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2005.00705.x>

Simmons N.B. 2005. Order Chiroptera. In: Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference (edited by Wilson D.E. & Reeder D.M.), pp. 312-529. Johns Hopkins University Press, Baltimore.

Storz J.F.; Balasingh J.; Nathan P.T.; Emmanuel K. & Kunz T.H. 2000. Dispersion and site fidelity in a tent-roosting population of the short-nosed fruit bat (*Cynopterus sphinx*) in southern India. *Journal of Tropical Ecology*, 16(1): 117-131.

Tamura K.; Peterson D.; Peterson N.; Stecher G.; Nei M. & Kumar S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetic Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10):2731-2739. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr121>

Tavares J.R.; Sousa T.P.; Silva J.M.; Venere P.C & Faria K.C. 2015. Cytogenetics and DNA barcoding of the Round-eared bats, *Tonatia* (Chiroptera: Phyllostomidae): a new karyotype for *Tonatia bidens*. *Zoologia (Curitiba)*, 32(5): 371-379.  
<http://dx.doi.org/10.1590/S1984-46702015000500006>

Thoisy B.D.; Pavan A.C.; Delaval M.; Lavergne A.; Luglia T.; Pineau K.; Ruedi M.; Rufay V. & Catzeflis F. 2014. Cryptic diversity in common mustached bats *Pteronotus cf. parnellii* (Mormoopidae) in French Guiana and Brazilian Amapá. *Acta Chiropterologica*, 16(1):1–13. <https://doi.org/10.3161/150811014X683228>

Thompson J.D.; Higgins D.G. & Gibson T.J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22(22), 4673–4680.

Ward R.D.; Zemlak T.S.; Innes B.H.; Last P.R. & Hebert P.D. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847–1857. <http://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>

Wilson J.J.; Sing K.W.; Halim M.R.; Ramli R.; Hashim R. & Sofian-Azirun M. 2014. Utility of DNA barcoding for rapid and accurate assessment of bat diversity in Malaysia in the absence of formally described species. *Genetics and Molecular Research*, 13(1): 920-925. <https://doi.org/10.4238/2014>

Wordley C.F.R.; Sankaran M.; Mudappa D. & Altringham J.D. 2017. Bats in the Ghats: Agricultural intensification reduces functional diversity and increases trait filtering in a biodiversity hotspot in India. *Biological Conservation*, 210(A): 48-55.

Wiemers M. & Fiedler K. 2007. Does the DNA barcoding gap exist? A case study in blue butterflies (Lepidoptera: Lycaenidae). *Frontiers in Zoology*, 4:8. <https://dx.doi.org/10.1186%2F1742-9994-4-8>

Zhang J.; Kapli P.; Pavlidis P. & Stamatakis A. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22): 2869–2876. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt499>

## TABELAS E FIGURAS

Espécie	Mex	Gua	EIS	CoR	Pan	Equ	Ven	Guy	Sur	MABr	SPBr	N
<i>Artibeus lituratus</i>	4	4	1	1	1	5	0	3	5	6	2	32
<i>Artibeus obscurus</i>	-	-	-	-	-	4	1	6	2	3	0	16
<i>Pteronotus parnellii</i>	0	2	2	0	2	0	5	2	2	2	-	17
<i>Pyloderma stenops</i>	0	0	0	0	1	1	0	3	2	1	0	8
<i>Sturnira lilium*</i>	3	5	3	0	4	4	1	3	3	3	5	34

**Tabela 1. Quantidade de sequências de COI utilizadas para cada região, por espécie de morcego.** As seguintes abreviações com seus respectivos significados são empregadas: Mex = México; Gua = Guatemala; EIS = El Salvador; Pan = Panamá; Equ = Equador; Ven = Venezuela; Guy = Guiana; Sur = Suriname; MABr = Maranhão (Brasil); SPBr = São Paulo (Brasil); N = total de sequências; - = locais onde a espécie não ocorre; \* = a espécie *S. lilium* ocorre também nas regiões do Peru, Bolívia, Paraguai, Uruguai, Argentina, e, provavelmente Chile, (Gardner, 2007).

<i>Artibeus liturattus</i>											
LOCAL	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1 México	0.00										
2 Guatemala	0.01	0.01									
3 El Salvador	0.01	0.01	n/a								
4 Costa Rica	0.01	0.01	0.01	n/a							
5 Panamá	0.01	0.01	0.01	0.01	n/a						
6 Equador	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01					
7 Venezuela	-	-	-	-	-	-	-				
8 Guiana	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	-	0.01			
9 Suriname	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	-	0.01	0.00		
10 Maranhão/BR	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02	0.01	-	0.01	0.01	0.01	
11 São Paulo/BR	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	-	0.01	0.01	0.01	0.01
MÉDIA	0.01										

**Tabela 2: Divergências genéticas intra e interpopulacionais pareadas (Kimura 2-parâmetros) e valor de divergência média da espécie *Artibeus liturattus* entre várias localidades na região Neotropical.** As divergências genéticas intrapopulacionais estão dispostas na diagonal, na relação entre o local e ele mesmo. As divergências genéticas interpopulacionais estão dispostas na relação entre um local e outro. O valor de divergência média dentro do grupo está na última linha da tabela. Áreas da tabela com o símbolo “-” indicam ausência de dados.

<i>Artibeus obscurus</i>											
LOCAL	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1 México	-										
2 Guatemala	-	-									
3 El Salvador	-	-	-								
4 Costa Rica	-	-	-	-							
5 Panamá	-	-	-	-	-						
6 Equador	-	-	-	-	-	0.01					
7 Venezuela	-	-	-	-	-	0.00	n/a				
8 Guiana	-	-	-	-	-	0.01	0.01	0.01			
9 Suriname	-	-	-	-	-	0.01	0.01	0.01	0.00		
10 Maranhão/BR	-	-	-	-	-	0.01	0.01	0.01	0.01	0.00	
11 São Paulo/BR	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MÉDIA	0.01										

**Tabela 3: Divergências genéticas intra e interpopulacionais pareadas (Kimura 2-parâmetros) e valor de divergência média da espécie *Artibeus obscurus* entre várias localidades na região Neotropical.** As divergências genéticas intrapopulacionais estão dispostas na diagonal, na relação entre o local e ele mesmo. As divergências genéticas interpopulacionais estão dispostas na relação entre um local e outro. O valor de divergência média dentro do grupo está na última linha da tabela. Áreas da tabela com o símbolo “-” indicam ausência de dados.

<i>Pteronotus parnellii</i>												
LOCAL	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1 México	-											
2 Guatemala	-	0.01										
3 El Salvador	-	0.00	0.01									
4 Costa Rica	-	-	-	-								
5 Panamá	-	0.01	0.01	-	0.00							
6 Equador	-	-	-	-	-	-						
7 Venezuela	-	0.05	0.05	-	0.05	-	0.01					
8 Guiana	-	0.10	0.10	-	0.11	-	0.12	0.00				
9 Suriname	-	0.10	0.10	-	0.12	-	0.12	0.05	0.00			
10 Maranhão/BR	-	0.10	0.10	-	0.11	-	0.12	0.00	0.05	0.00		
11 São Paulo/BR	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
MÉDIA	0.07											

**Tabela 4: Divergências genéticas intra e interpopulacionais pareadas (Kimura 2-parâmetros) e valor de divergência média da espécie *Pteronotus parnellii* entre várias localidades na região Neotropical.** As divergências genéticas intrapopulacionais estão dispostas na diagonal, na relação entre o local e ele mesmo. As divergências genéticas interpopulacionais estão dispostas na relação entre um local e outro. O valor de divergência média dentro do grupo está na última linha da tabela. Áreas da tabela com o símbolo “-” indicam ausência de dados.

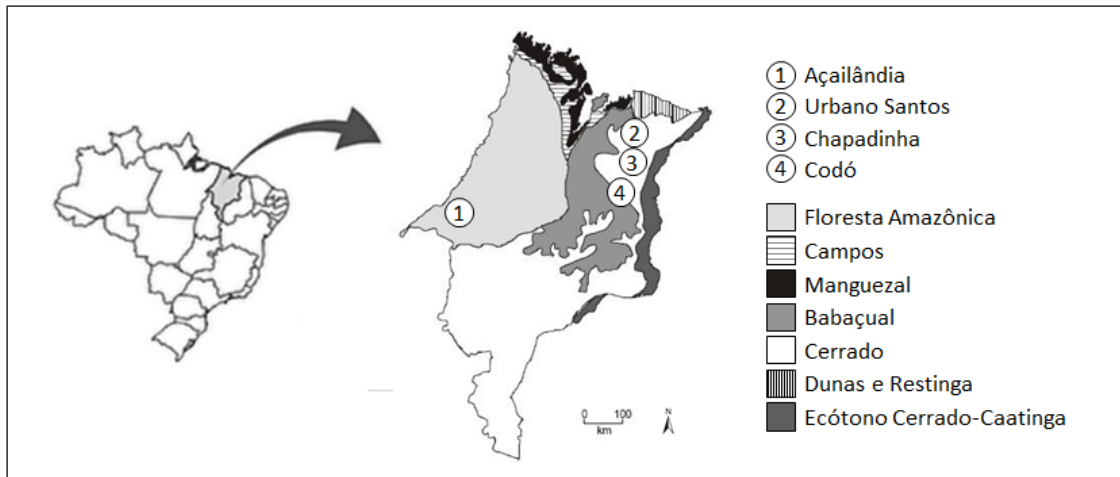


<i>Phylloderma stenops</i>												
LOCAL	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1 México	-											
2 Guatemala	-	-										
3 El Salvador	-	-	-									
4 Costa Rica	-	-	-	-								
5 Panamá	-	-	-	-	n/a							
6 Equador	-	-	-	-	0.04	n/a						
7 Venezuela	-	-	-	-	-	-	-					
8 Guiana	-	-	-	-	0.03	0.03	-	0.03				
9 Suriname	-	-	-	-	0.05	0.04	-	0.03	0.00			
10 Maranhão/BR	-	-	-	-	0.06	0.05	-	0.05	0.05	n/a		
11 São Paulo/BR	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
MÉDIA	0.04											

**Tabela 5: Divergências genéticas intra e interpopulacionais pareadas (Kimura 2-parâmetros) e valor de divergência média da espécie *Phylloderma stenops* entre várias localidades na região Neotropical.** As divergências genéticas intrapopulacionais estão dispostas na diagonal, na relação entre o local e ele mesmo. As divergências genéticas interpopulacionais estão dispostas na relação entre um local e outro. O valor de divergência média dentro do grupo está na última linha da tabela. Áreas da tabela com o símbolo “-” indicam ausência de dados.

<i>Sturnira lilium</i>												
x	LOCAL	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	México	0.00										
2	Guatemala	0.01	0.01									
3	El Salvador	0.00	0.01	0.00								
4	Costa Rica	-	-	-	-							
5	Panamá	0.05	0.05	0.05	-	0.01						
6	Equador	0.05	0.05	0.05	-	0.02	0.00					
7	Venezuela	0.05	0.05	0.05	-	0.02	0.00	n/a				
8	Guiana	0.05	0.05	0.05	-	0.02	0.00	0.00	0.01			
9	Suriname	0.05	0.05	0.05	-	0.02	0.00	0.00	0.00	0.01		
10	Maranhão/BR	0.05	0.05	0.06	-	0.04	0.03	0.03	0.03	0.03	0.06	
11	São Paulo/BR	0.06	0.06	0.06	-	0.08	0.08	0.08	0.08	0.09	0.06	0.00
	MÉDIA	0.04										

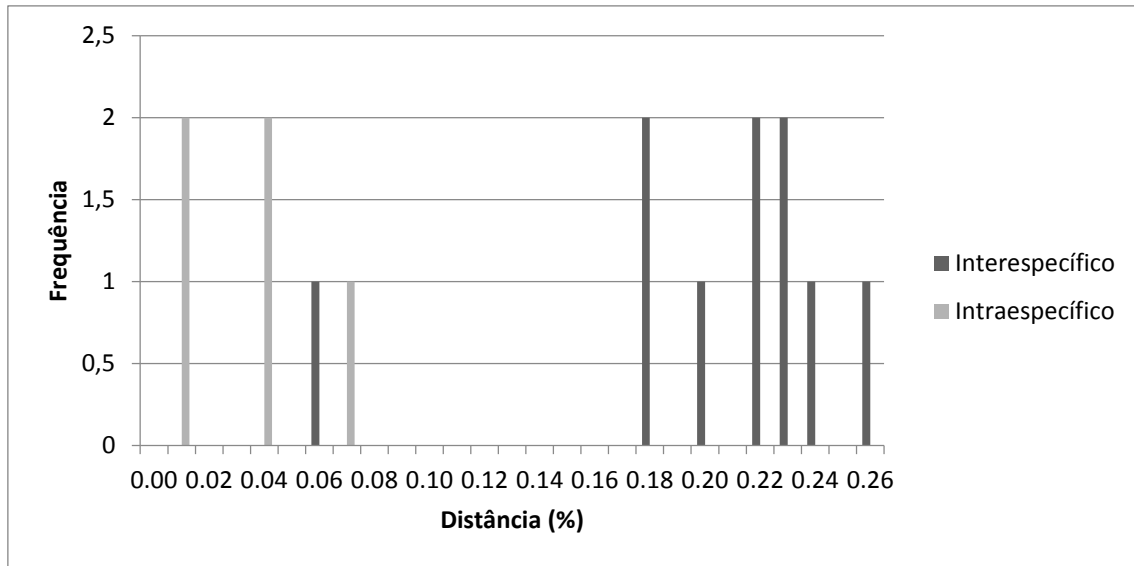
**Tabela 6: Divergências genéticas intra e interpopulacionais pareadas (Kimura 2-parâmetros) e valor de divergência média da espécie *Sturnira lilium* entre várias localidades na região Neotropical.** As divergências genéticas intrapopulacionais estão dispostas na diagonal, na relação entre o local e ele mesmo. As divergências genéticas interpopulacionais estão dispostas na relação entre um local e outro. O valor de divergência média dentro do grupo está na última linha da tabela. Áreas da tabela com o símbolo “-” indicam ausência de dados.



**Figura 1. Áreas de coleta das cinco espécies de morcego no estado do Maranhão, Brasil.** Os respectivos biomas de cada área estão assinalados na legenda da imagem.

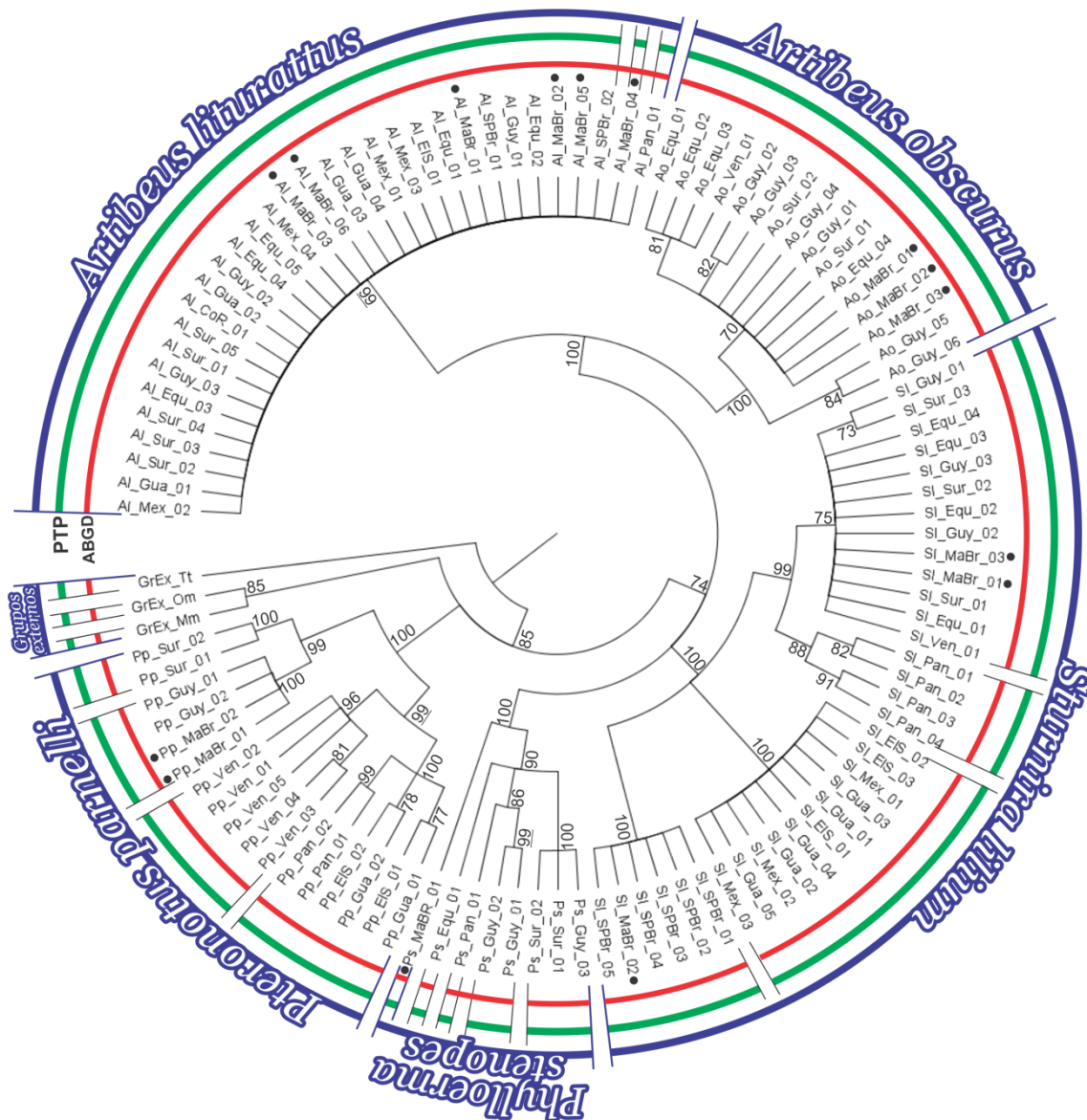


**Figura 2. Origem das seqüências de COI utilizadas.** Todas as seqüências foram retiradas do BOLD Systems, com exceção das seqüências maranhenses.



**Figura 3. Histograma de frequências das distâncias genéticas Kimura 2-parâmetros intra e interespecíficas das cinco espécies de morcegos do Maranhão.**

Dados intraespecíficos estão indicados por cinza-claro, enquanto que os interespecíficos, por cinza-escuro.



**Figura 4.** Árvore de *Neighbor-Joining* das seqüências de quirópteros utilizadas e seus respectivos grupos de OTU (pelos algoritmos ABGD e PTP). Ambas as amostras coletadas em campo no Maranhão e as seqüências retiradas do BOLD Systems estão combinadas na árvore para visão ampla de relações filogenéticas na região neotropical. As amostras do Maranhão estão assinaladas com círculos pretos no fim do nome. Os valores de *bootstrap* estão representados pelos números nos nós. As barras indicam as OTU estimadas pelos algoritmos ABGD (em vermelho) e PTP (em verde).

OBS: Segundo as regras de submissão da revista científica *Chiroptera Neotropical* (seção *Author Guidelines*, IV. *Structure of the manuscript*, 10. *Captions, tables, and figures*), figuras e suas respectivas legendas devem ser apresentadas em páginas separadas\*. No entanto, os autores deste trabalho concordam que isso acarretaria no uso insustentável de papéis, e que, apenas para o ato de defesa de monografia, pode-se criar uma exceção à regra e manter figuras e legendas unidas. Estimamos que, dessa forma, 66 páginas foram economizadas, 11 para cada versão.

\* "Supply captions on a separate page, not attached to the figure" (tradução livre)