ESTRUTURA POPULACIONAL DE MORCEGOS DA ESPÉCIE *STURNIRA LILIUM* (GEOFFROY,1810) (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) DE OCORRÊNCIA NA REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL: BASEADO EM DADOS MORFOLÓGICOS E MOLECULARES

Remille Larissa Trindade Santos[1]

Amanda Cristiny da Silva Lima[2]

Elmary da Costa Fraga[3]

Maria Claudene Barros[4]

INTRODUÇÃO

Os morcegos pertencem a ordem Chiroptera, sendo o segundo grupo mais diverso entre os mamíferos (Simmons; Cirranelo, 2025). Possuem características marcantes, como a ecolocalização, hábitos noturnos e a capacidade de voo verdadeiro (Pereira, 2022). Essa habilidade favoreceu sua ampla distribuição geográfica e ocupação de diversos hábitats (Cooper; Sears, 2013; Pereira, 2022). Atualmente, são registradas 1.498 espécies de morcegos para o mundo e 186 para o Brasil (Simmons; Cirranelo, 2025).

A família Phyllostomidae destaca-se entre os morcegos pela alta diversidade, sendo que para o Brasil há registro de 43 gêneros e 95 espécies, o que inclui o gênero *Sturnira,* com quatro espécies no país (Garbino *et al*., 2024). Entre elas, *Sturnira lilium* apresenta uma ampla distribuição na América do Sul, sendo uma das espécies de maior distribuição neotropical dentro do gênero, com ocorrência no Brasil, Bolívia, Paraguai, Uruguai e Argentina (Vellazco; Patterson, 2014). Essa espécie apresenta alta capacidade de adaptação, possui uma dieta majoritariamente frugívora, mas também completa a alimentação com pólen e insetos (Bernard; Fenton, 2002; Zórtea, 2007).

Quanto a sua morfologia, é observado que *S. lilium* possui coloração pardo-amarelada, mas podem apresentar variações de cor conforme a idade ou a região em que a espécie ocorre. Tem orelhas pequenas e pontudas e uropatágio pouco reduzido (Silveira, 2018). Apresenta características morfológicas semelhantes a outras espécies do gênero e sua identificação é baseada principalmente em caracteres externos, dentários e craniométricos (Martins *et al*., 2020; Oliveira *et al*., 2024). Nesse sentido, grandes similaridades morfológicas e sobreposição em sua distribuição geográfica foram observadas entre seus congêneres, como *S. tildae* e *S. giannae* (Gardner, 2008; Peracchi *et al*., 2011; Sampaio *et al*., 2016; Velazco; Patterson, 2017; Velazco; Partteson, 2019; Lima *et al*., 2021).

Estudos populacionais envolvendo *S. lilium* ainda são bastante incipientes, especialmente no que se refere à integração entre dados morfológicos e moleculares. Além disso, por se tratar de uma espécie com características crípticas e elevada similaridade morfológica com congêneres, sua delimitação taxonômica e compreensão da estrutura populacional ainda é incerta. A escassez de informações sobre a variabilidade intraespecífica molecular e os padrões de distribuição geográfica dificulta o entendimento da diversidade da espécie, sobretudo em regiões pouco amostradas. Nesse sentido, estudos integrando abordagens morfológicas e moleculares tornam-se essenciais para ampliar o conhecimento sobre a biologia, taxonomia

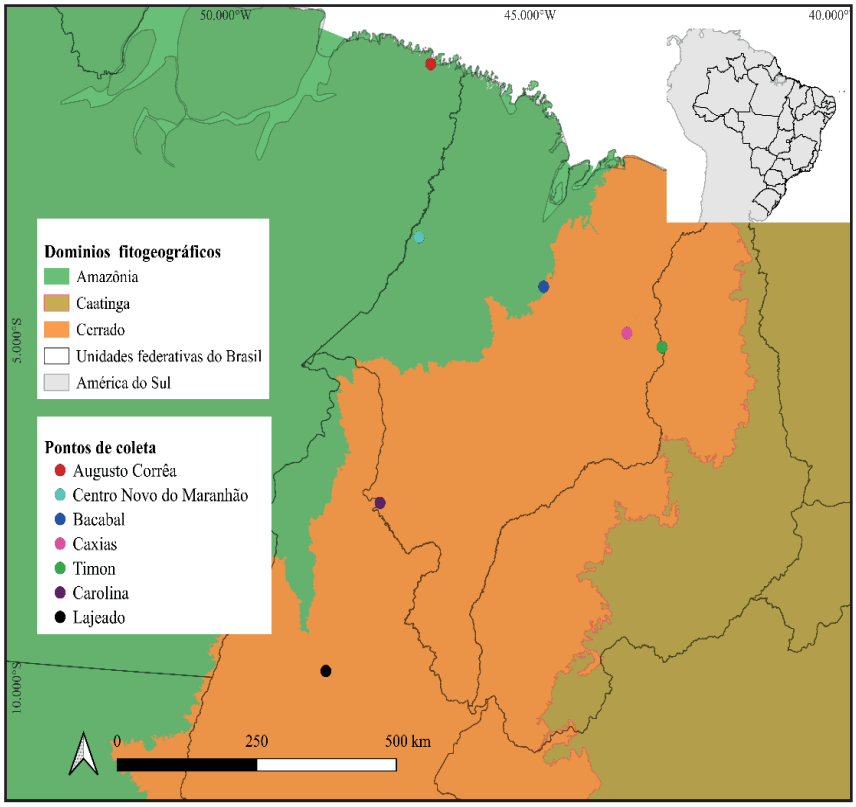
1 Discente em Ciências Biológicas, UEMA, *Campus* Caxias. Bolsista UEMA.
2 Doutoranda, PPGBM-UFPA.
3 Doutor, UEMA, Campus Caxias.
4 Doutora, UEMA, Campus Caxias.

e conservação de *S. lilium*. Dessa forma, este estudo teve como objetivo geral integrar dados morfológicos e moleculares para melhor compreensão da estrutura populacional de morcegos da espécie *S. lilium* de ocorrência na região meio norte do Brasil.

MATERIAIS E MÉTODOS

Este estudo foi realizado em dois diferentes domínios fitogeográficos na região Meio-Norte do Brasil: Cerrado e Amazônia. O Cerrado compreendeu os municípios de Caxias, Timon e Carolina (Maranhão) e Lajeado (Tocantins). A Amazônia os municípios de Bacabal e Centro Novo do Maranhão (Maranhão) e Augusto Corrêa (Pará) (Figura 1). As coletas de morcegos ocorreram com redes de neblina (3 m x 9-12mm), das 18h às 00:00 obedecendo licenças do ICMBio/SISBIO e autorização do comitê de ética. As redes foram instaladas em rotas de voo e áreas frutíferas, com revisões a cada 30 minutos.

Figura 1 - Locais de coletas de *Sturnira lilium* em fragmentos dos domínios Cerrado e Amazônia nos estados do Maranhão e Tocantins.



Os morcegos foram acondicionados em sacos de panos individuais e em campo foram registrados os dados. Em laboratório, foram eutanasiados, fotografados, pesados e medidos, e retirado o tecido muscular para estudos moleculares. Os espécimes foram fixados em formaldeído a 10% e conservados em álcool 70%. A identificação considerou medidas corporais que foram plotadas em planilhas, pelos no que se refere a coloração, presença/ausência e densidade e a dentição. O DNA foi extraído por meio de tecido muscular e o gene Citocromo b (*Cyt b)* foi amplificado por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), com verificação em gel de agarose a 1% e sequenciados no sequenciador automático ABI 3500. As sequências obtidas foram comparadas com dados do GenBank das seguintes localidades: Curitiba, Mato Grosso, São Paulo no Brasil; Paraguai e Bolívia, sendo analisadas em programas específicos, a saber:

BioEdit v. 7.0.5.2 (Hall, 1999) foram alinhadas as sequências; DnaSP v.5 (Librado e Rozas, 2009) foram estimadas as diversidades haplotípica e nucleotídica; BAPS 5.3 (Corander *et al*., 2003) foi estimado o número de linhagens; NETWORK (Bandelt *et al*., 1999) construída a rede de haplótipos e no Arlequim v3.5 (Excoffier e Lischer, 2010) foi verificado a variação genética intra e inter populacional. As sequências deste estudo foram plotadas na plataforma BLAST (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) para inferir o grau de similaridade.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Identificação morfológica

Foram coletados 15 espécimes de *S. lilium* de ocorrência nos biomas Cerrado e Amazônia, sendo oito machos e sete fêmeas. Os espécimes apresentaram pelagem dorsal e ventral bicolor, predominantemente marrom-claro, com pontas dos pelos castanhos e base mais clara, com pelos dorsais longos entre os ombros. Uropatágio se apresentou quase ausente, mas com essa região coberta por pelos longos e a tíbia e os pés com densa quantidade de pelos longos. Essas características estão de acordo com observadas por Velazco; Patterson (2014); Reis *et al*., (2017); Velazco; Patterson (2019) (Figura 1).

Figura 2- Espécie *Sturnira lilium* coletado na Reserva Biológica do Gurupi, Centro Novo do Maranhão, Maranhão



Fonte: Lima, (2021)

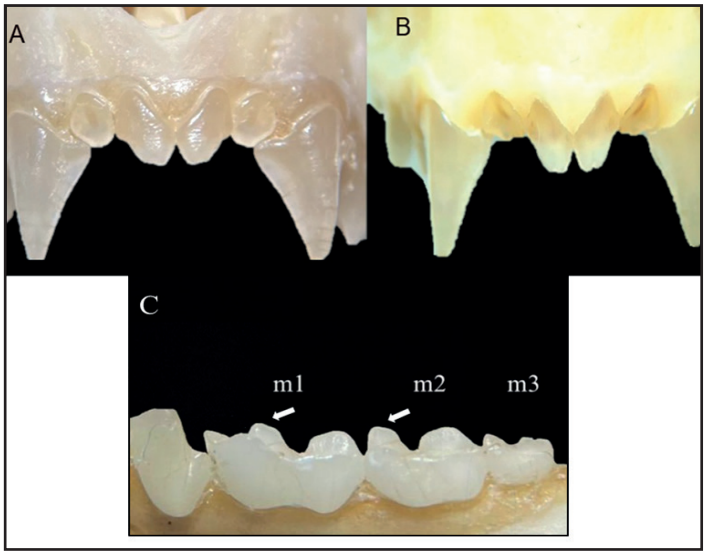
As medidas morfológicas variaram da seguinte forma: antebraço esquerdo 39,99 a 44,71 mm, comprimento do corpo 45,55 a 57,59 mm, orelha 11,10 a 14,90 mm, trago 3,5 a 5,41 mm, pé 10,30 a 13,58 mm, tíbia 17,11 a 19,40 mm e o peso variou de 14 a 25 g. A variação que houve com relação as medidas do antebraço esquerdo corrobora com os achados de Reis *et al*., (2017) e Oliveira *et al*., (2024) onde também foi possível observar variações similares para as espécies *S. tildae* e *S. giannae*. Em relação as médias e desvios padrões com base nas medidas e pesos foi observado que houve pouca variação entre os domínios Cerrado e Amazônia (Tabela 1).

Tabela 1- Média e desvio padrão para as medidas morfológicas dos espécimes do presente estudo nos biomas Cerado e Amazônia. Legenda: P= peso; AD= antebraço direito; AE= antebraço esquerdo; O= orelha; T= trago; PE= pé; CO= corpo; TI= tíbia.

GÊNERO	BIOMAS	MÉDIAS	P (g)	AE (mm)	O (mm)	T (mm)	PE (mm)	CO (mm)	TI (mm)
Sturnira	Cerrado	média	18,33	42,43	13,25	4,59	12,30	51,79	17,74
		desvio padrão	3,24	1,27	1,35	0,52	1,24	3,33	1,19
	Amazônia	média	21,5	43,69	12,97	3,99	11,58	51,04	15,37
		desvio padrão	4,95	0,16	0,61	0,69	0,38	4,09	0,33

As análises da dentição dos espécimes revelaram características morfológicas importantes. Os incisivos superiores demonstraram variabilidade, apresentando tanto unicúspides (Figura 3A) quanto bicúspide (Figura 3B). Quanto aos molares inferiores, o primeiro molar (m1) apresentou variações, uma vez que alguns apresentaram o comprimento curto na direção mesodistalmente, e em outros foram largos na direção mesodistalmente. O segundo molar inferior (m2), também apresentou variações, alguns foram curtos e outros largos na direção mesodistalmente. O terceiro molar inferior (m3), apresentou metaconídeos separados por um entalhe, onde foram observados entalhes profundos e rasos (Figura 3C). Velazco; Patterson (2019), destacaram a importância da análise detalhada da dentição para a compreensão da filogenia e ecologia de diversos grupos de mamíferos, com destaque para *S. lilium*, já que sua dentição se sobrepõe com alguns de seus congêneres, como *S. giannae*. Essas características embora comuns em diversos táxons, merecem destaque por suas implicações na dieta e comportamento alimentar deste grupo (Marco *et al*., 2008).

Figura 3- Incisivos superiores de *S. lilium*, A) incisivos unicúspides e B) incisivos bicúspides, C) molares inferiores de *S. lilium.*



Fonte: Autoria própria, 2025

Identificação molecular

Para o gene *Cyt b* obteve-se 31 sequências, seis foram do presente estudo e 25 foram do GenBank, com 959 pares de bases, onde 617 foram conservados e 99 variáveis resultando em

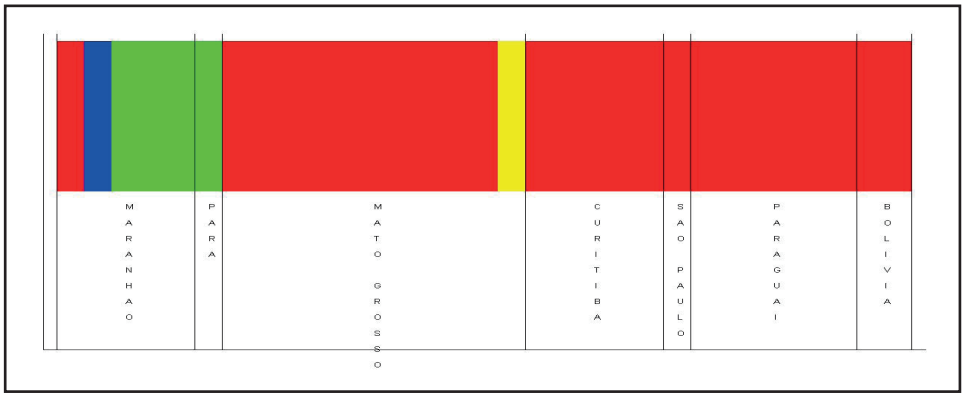
24 haplótipos, com diversidade haplotípica de 0,9758 e nucleotídica de 0,01282. As sequências plotadas na plataforma BLAST revelaram similaridades de 99% a 100% para a espécie *S. lilium,* sendo que quatro espécimes divegiram na identifcação morfologica e molecular (Tabela 2).

Tabela 2 - Espécimes que divergiram entre a identificação morfológica e molecular.

Códigos deste estudo	Identificação Morfológica	Identificação Molecular	Similaridade (%)
CESC38	*S. lilium*	*S. giannae*	99,77
IIIPCD24		*S. giannae*	98,98
IIPNCM24		*S. tildae*	99,55
MTO36		*S. tildae*	99,98

A investigação da estrutura genética realizada com o software BAPS mostrou quatro linhagens (Figura 4). Nota-se a existência de um grupo predominante (destacado em vermelho), indicando uma linhagem central que reune grande parte das sequências amostradas. Essa configuração é consistente com padrões filogenéticos onde há uma combinação de expressão populacional com barreiras geográficas, gerando populações centrais dominantes e grupos periféricos mais diverso geneticamente, o que corrobora achados de Louzada *et al.*, (2024). Os outros agrupamentos (em verde, azul e amarelo) teve menor representatividade. Esse padrão mostra que, embora exista diversidade haplotípica, há uma forte predominância de uma linhagem na espécie, com a presença de subgrupos geneticamente distintos. Esse padrão pode sugerir eventos de isolamento reprodutivo incipiente ou especiação críptica, especialmente quando aliado a variação ecológicas regionais (Camargo *et al*., 2023).

Figura 4 - Análise genética de *S. lilium* para o gene *Cyt b***,** realizada no software BAPS. As cores representam os diferentes agrupamentos genéticos identificados.



Fonte: Autoria própria, 2025

A análise de variância molecular (AMOVA) revelou 84,30% da variação genética entre as populações, com *FST*= 0,8439% p< 0,001, indicando estruturação genética entre as populações analisadas (Tabela 3). Altos valores de *FST* são considerados incomuns quando realizados entre espécimes de poucas localidades. Pinto (2008) ao analisar populações da Mata Atlântica com base no gene *Cyt b*, encontrou baixos valores de *FST* ausência de estruturação genética e elevado fluxo gênico entre localidades. Estudos de Handley *et al*., (1991), verificaram um valor de *FST* moderado (*FST*=0.25%), ao contrário do presente estudo que o *FST* foi alto (*FST*=0.84%). O valor encontrado indica que as populações de *S. lilium* estão fortemente

segregadas geneticamente. De acordo com Santos *et al*., (2023) *S. lilium* apresenta sinais de estruturação populacionais. Estudos recentes apontam que o gene *Cyt b* é sensível a detecção de linhagens crípticas dentro de *S. lilium,* com divergência genética que chegam de 5-8% entre clados, o que explica o alto valor de *FST* (Dinelli 2014; Oliveira *et al*., 2022).

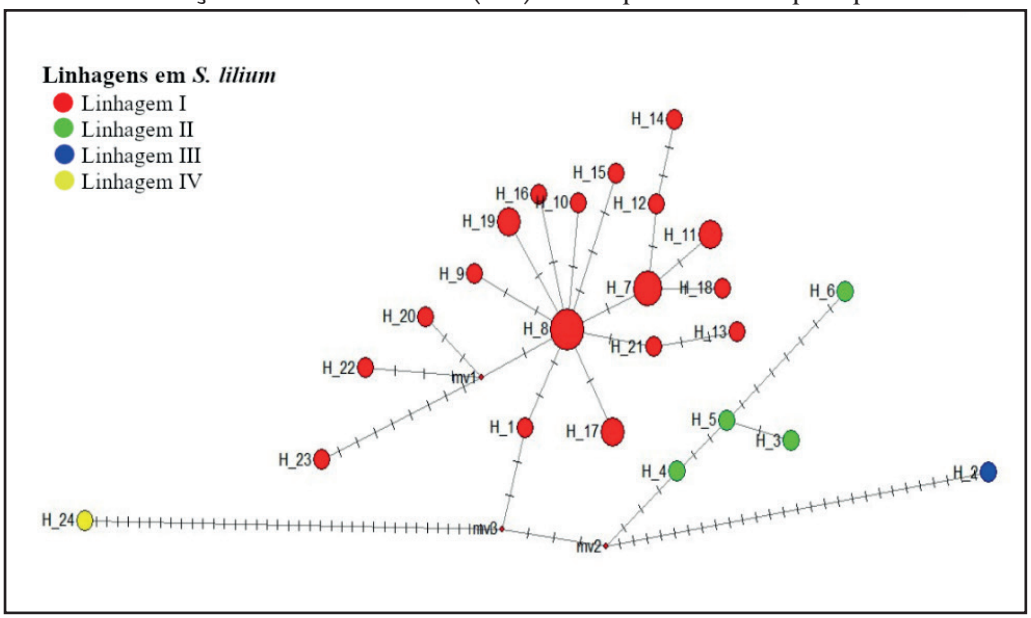
Tabela 3- Resultados da análise de variância molecular (AMOVA) para populações de *S. lilium* provenientes de diferentes regiões neotropicais, com base no gene *Cyt b*.

Fonte de variação	Componentes variação (%)	Variação percentual (%)	*FST* (%)	P
Entre populações	9.93347%	84.30269%	0.84303	P<0,001
Dentro de populações	1.84963%	15.69731%		
Total	11.78310			

A rede de haplótipos revelou a presença de 24 haplótipos distintos, composto de quatro linhagens. O H8 na linhagem I, apresentou a maior frequência e conectividade, com diversos haplótipos derivados, características de um cenário de expansão populacional. Em contraste, os haplótipos referente a linhagem III e linhagem IV mostraram altamente divergentes, separados por longos ramos de mutações, indicando maior isolamento genético. Os haplótipos da linhagem III formaram um subgrupo relativamente diferenciado, embora ainda conectados a linhagem I (Figura 5).

Esses padrões são consistentes com estudos recentes em filogeografia para diferentes espécies de morcegos neotropicais, que frequentemente relaciona estruturação genética marcada por barreiras geográficas e história demográfica complexa veja Velazco; Patterson (2019) e Rocha *et al*., (2021). A elevada diferenciação pode estar sendo explicada na presença de linhagens crípticas dentro do táxon, hipótese já levantada por outros pesquisadores de morcegos neotropicais, incluindo *S. lilium* (Clare *et al*., 2011; Velazco; Patterson, 2013).

Figura 5- Rede de haplótipos de *S. lilium* baseada no gene *Cyt b.* O tamanho dos círculos é proporcional à frequência dos haplótipos e as cores representam diferentes populações. Traços indicam mutações e nós medianos (mv) correspondem a haplótipos inferido.



Fonte: Autoria própria, 2025

CONCLUSÕES

O presente estudo evidenciou que diferentes características morfológicas de *S. lilium* se sobrepõem com seus congêneres, como *S. giannae* e *S. tildae*, revelando alto grau de semelhança morfológica. Assim, *S. lilium* pode ser classificada como parte de um grupo de espécies crípticas, onde a delimitação taxonômica se torna complexa e propensa a erros. A abordagem molecular baseada no gene *Cyt b* revelou elevada diversidade haplotípica e forte estruturação genética entre as populações de *S. lilium* (FST= 0,8430), evidenciando a presença de linhagens geneticamente diferenciadas. Esses resultados indicam uma expressiva variabilidade interpopulacional e sugerem a existência de divergências genéticas relevantes dentro da espécie. Dessa forma, o estudo contribui para o conhecimento da diversidade genética e da estrutura populacional de *S. lilium*, fornecendo informações importantes para estudos taxonômicos e estratégias de conservação.

REFERÊNCIAS

BANDELT, H. J.; FORSTER, P.; *et al*., Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, v. 16, p. 37–48, 1999.

BERNARD, E; FENTON, M, B. Species diversity of bats (Mammalia: Chiroptera) in forest fragments, primary forests, and savannas in central Amazonia, Brazil. **Canadian Journal of Zoology. Ottawa**: v. 80, 2002.

CAMARGO, R. A. *et al*., **Phylogeographic patterns and demographic history of *Sturnira lilium* in South America**. Journal of Mammalogy, 104(2), 321-333, 2023.

CLARE, E, L; LIM, B, K; FENTON, M, B. *Neotropical bats: estimating species diversity with DNA barcodes.* PLoS ONE**,** v. 6, 2011.

COOPER, L. N; SEARS, K.E. **How to Grow a Bat Wing**. Bat evolution, ecology, and conservation, Springer, New York, p. 3-20, 2013.

CORANDER, J; WALDMANN, P; SILLANPÄÄ, M, J. Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. Genetics, v. 163, 2003.

DINELLI, L, L. Três espécies crípticas em *Sturnira lilium* (Chiroptera: Phyllostomidae): evidências baseadas em genes mitocondriais. 2014. Dissertação (Mestrado em Biologia Animal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória.

EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resource**. v. 10, p. 564–567, 2010.

GARBINO, G, S, T; GREGORIN, R; LIMA, I, P; *et al*., **Updated checklist of Brazilian bats: versão. Comitê da Lista de Morcegos do Brasil-CLMB.** Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros (Sbeq). 2024. Disponível em: https://www.sbeq.net/lista-de-especies/.

GARDNER, A, L. Tribo Sturnirini. In: Gardner, AL (Ed.). **Mamíferos do Sul América. Marsupiais, Xenartros, Musaranhos e Morcegos**. Chicago, A Imprensa da Universidade de Chicago, v. 1, 2008.

HALL, T, A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium**, v. 41, 1999.

HANDLEY, C, O; WILSON, D; GARDNER, A. L. **Demography and natural history of the common fruit bat *Artibeus* jamaicensis on Barro** Colorado Island, Panama. Smithsonian Contributions to Zoology, 1991.

LIBRADO, P; ROZAS, J. DnaSP: um software para análise abrangente de dados de polimorfismo de DN. Bioinformatics. v. 25, 2009.

LIMA, A. C. S; COSTA, C. L. S; MENDES, S. B; *et al*., Occurrence of *Sturnira tildae* De La Torre, 1959 (Chiroptera: Phyllostomidae) in the state of Maranhão, Brazil. **Papéis Avulsos de Zoologia**, v. 61, 2021.

LOUZADA, J, S; LISA, E, C; GERALD, P, M. *et al*., High haplotype diversity and population structure in *Sturnira lilium.* **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 2024.

MARCO, A, R; MELLO, ELISABETH K, V. *et al*., Dieta e abundância do morcego *Sturnira lilium* (Chiroptera) em uma floresta atlântica de montanha brasileira**, *Journal of Mammalogy***, v. 89, 2008.

MARTINS, T, C, S, L; LEAL, E, S, B; NEVES, C, H, C, B. *et al*., **Primeiro registro de *Sturnira tildae* De La Torre, 1859 (Chiroptera, Phyllostomidae) para o estado de Pernambuco, Brasil**. Ecologia Australis, v. 24, 2020.

OLIVEIRA, A, R; CLARE, E, L; DÁVALOS, L, M. Cryptic diversity and mitochondrial divergence in neotropical bats: insights from the *Sturnira lilium* complex. 2022.

OLIVEIRA, M, B; POVILL, C; OLIVEIRA, L, F. *et al*., Filogeografia e distribuição potencial de *Sturnira lilium e S. giannae* (Chiroptera: Stenodermatinae) com extensão de distribuição para *S. giannae* nos biomas Cerrado e Pantanal. **Zoologia**, v. 41, 2024.

PERACCHI, A, L; LIMA, I, P; REIS, N, R; *et al*., Ordem Chiroptera. **Mamíferos do Brasil**. 2. ed. Londrina. 2011.

PEREIRA, J, S, B. Seleção e Uso de Cavernas por Morcegos e suas Implicações para a Classificação de Relevância destes Ambientes. Recife: UFPE/DZ, 2022.

PINTO, N. **Diversidade genética, demografia e estrutura populacional do morcego frugívoro *Sturnira lilium* (Phyllostomidae: Stenodermatinae) na Mata Atlântica**. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal do Espírito Santo. 2008.

REIS, N, R; PERACCHI, A, L; BATISTA, C, B. *et al*., **História Natural dos Morcegos Brasileiros - Chave de Identificação de Espécies.** Technical Books, Rio de Janeiro. 2017.

ROCHA, P, A; OLIVEIRA, A, R; BONVICINO, C, R. Phylogeography and cryptic diversity in Neotropical bats. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. 2021.

SAMPAIO, E; LIM, B; PETERS, S. *Sturnira tildae*. **Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da IUCN** 2016.

SANTOS, F, R; LIMA, I, P; MORAES, A, C. **Barreiras ecológicas e estrutura genética em *Sturnira lilium* no sudeste do Brasil**. Revista Brasileira de Biologia, v83. 2023.

SILVEIRA, F, F. Fauna Digital do Rio Grande do Sul. Bird and **Mammal Evolution, Systematics and Ecology Lab** - UFRGS. Disponível em: https://www.ufrgs.br/faunadigitalrs/mamiferos/ordem-chiroptera/familia-phyllostomidae/morcego-fruteiro-sturnira-lilium, 2018.

SIMMONS, N, B; CIRRANELLO, A, L. Bat Species of the World: A taxonomic and geographic database. Versão 1.6. Disponível em: https://batnames.org/, 2025.

VELAZCO, P, M; PATTERSON, B, D. Diversificação dos morcegos de ombros amarelos, gênero *Sturnira* (Chiroptera, Phyllostomidae), nos trópicos do Novo Mundo. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 402, 2014.

VELAZCO, P, M; PATTERSON, B, D. Diversification of the yellow-sheouldered bats, genus *Sturnira* (Chiroptera: Phyllostomidae), in the New World tropics. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 2013.

VELAZCO, P, M; PATTERSON, B, D. Small mammals of the Mayo river basin in Northern Peru, with the description of a new species of *Sturnira* (Chiroptera: Phyllostomidae). **Bulletin American Museum of Natural History**, 2019.

VELAZCO, P; PATTERSON, B, D. *Sturnira lilium*. **Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da IUCN.** Disponível em:https://www.iucnredlist.org/species/88159688/22049384. 2017.

ZÓRTEA, M. Subfamília Stenodermatinae. In: REIS, N, R; PERACCHI, A, L; PEDRO, W, A; LIMA, I, P. (Eds.). **Morcegos do Brasil**. 2º ed. Londrina, 2007.