

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DA AMAZÔNIA - INPA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA, CONSERVAÇÃO E
BIOLOGIA EVOLUTIVA – PPGCBEV

REVISÃO SISTEMÁTICA DE *Uroderma bilobatum* (CHIROPTERA:
PHYLLOSTOMIDAE) BASEADA EM DADOS MOLECULARES E
MORFOLÓGICOS

ÉRICA MARTINHA SILVA DE SOUZA

Manaus, Amazonas
2015

ÉERICA MARTINHA SILVA DE SOUZA

REVISÃO SISTEMÁTICA DE *Urodema bilobatum* (CHIROPTERA:
PHYLLOSTOMIDAE), BASEADA EM DADOS MOLECULARES E
MORFOLÓGICOS

Orientadora

Dra. Valéria da Cunha Tavares/INPA e UFMG

Coorientadora

Dra. Camila Cherem Ribas/INPA

Dissertação apresentada ao Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia como parte dos pré-requisitos para obtenção do título de Mestre em Genética, Conservação e Biologia Evolutiva.

Manaus, Amazonas
2015

S729

Souza, Erica Martinha Silva de
Revisão sistemática de *Uroderma Bilobatum* (Chiroptera:
Phyllostomidae) baseada em dados moleculares e morfológicos /
Erica Martinha Silva de Souza. --- Manaus: [s.n.], 2015.
-- f. : il. color.

Dissertação (Mestrado) --- INPA, Manaus, 2015.
Orientador : Valéria da Cunha Tavares.
Coorientador : Camila Cherem Ribas.
Área de concentração : Genética, Conservação e Biologia
Evolutiva.

1. Morcegos. 2. DNAm. 3. Complexo de espécies. 4.
Taxonomia integrativa. I. Título.

CDD 599.4

Sinopse

No presente estudo, foi realizada uma revisão sistemática do complexo de espécies *Uroderma bilobatum*, utilizando uma ampla amostragem incluindo dados morfológicos e moleculares.

Palavras-chave: Morcegos, DNAm, morfometria, complexo de espécies, taxonomia integrativa.

Relação da Banca Julgadora:

Titulares

Dra. Ana Carolina Pavan – USP

Dra. Fernanda de Pinho Werneck – INPA

Dr. Paulo Estefano Bobrowieck – INPA

Suplentes

Dra. Eliana Feldberg – INPA

Dr. Igor Kaefer - INPA

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus por todos os caminhos que me são apresentados e que me proporcionaram sempre grande aprendizado.

À família (mãe, pai e irmã) que tanto me apoia, compreende e crê em meu trabalho. Ao apoio financeiro para as viagens de NY e Washington que foram incrivelmente importantes profissional e pessoalmente.

Ao Rodrigo Nahum por todas as horas tentando decifrar manuais, todas as teorias boladas, todas as análises, toda a sabedoria, humildade e amor que você possui, me doa e que tanto me ensina diariamente.

Ao meu bravo amigo Felipe Pinagé que me acompanha desde os primórdios salesianos, crescer ao seu lado foi e ainda é incrível, obrigada por tudo, “*tu é amigo*”.

Às meninas da genética: Jessica Motta, Camila Paiva, Nayara Castro e Shizuka Hashimoto. Eu não teria conseguido sem vocês, cada lágrima, cada sorriso, cada palavra e cada abraço foram essenciais para mim e eu divido esse momento mais uma vez com vocês.

Aos amigos não menos importantes: José Carlos Raulino, Brunna Neves, Daniel Lima, Matheus Ferreira, Thiago Frota, Sarah Ventura, Roberta Cunha e Brenda Moraes por ainda serem aquelas pessoas “diferenciadas e saudáveis” que sempre proporcionam as melhores conversas.

À Dra. Eliana Feldberg que foi uma pessoa fundamental para a minha escolha pelo mundo científico, nunca esquecerei o apoio, os ensinamentos, os conselhos, os abraços e toda a torcida.

Aos pesquisadores e alunos do Laboratório de Biologia Molecular (LTBM): Dra. Jacqueline Batista, Kyara Formiga, Giselle Moura, Mateus Ferreira, Chrysa Gubili, Erico Polo, Glauco Kohler, Erik Choueri, Paula Barbosa, Roberta Canton e em especial a Romina Batista que merece todo o chocolate do mundo por me ensinar os mistérios das análises filogenéticas.

Às assessoras para assuntos “morceguísticos” Msc. Elisama Franco e Msc. Ligiane Moras, pelas conversas e conselhos no começo, meio e fim do mestrado.

À Dra. Vera Maria Fonseca de Almeida e Val por disponibilizar as instalações do Laboratório de Ecofisiologia e Evolução Molecular (LEEM) sempre que necessário, assim como sua equipe: Maria de Nazaré da Silva e Nayara Castro.

Aos muitos pesquisadores e instituições que disponibilizaram tecidos e que permitiram visitas às suas respectivas coleções: a querida Dra. Maria Nazareth da Silva e toda sua equipe (Ronezza, Iracema e Adriano) que sempre me receberam com muito carinho (INPA), MSc. Isai Jorge de Castro (IEPA), Msc. Bruna Fonseca e Dr. Albert Ditchfield (IFES), Dra. Ana Pavan e Dr. João Stenghel Morgante (IB/USP), Dr. Mario de Vivo e Juliana Gualda (MZUSP), Phd. Burton Lim e Mark Engstrom (ROM), Phd. Bruce Patterson (FMNH), Phd. Nancy Simmons, Eileen Westwig e Msc. Silvia Pavan que me receberam na coleção de mamíferos com todo respeito e cordialidade (AMNH), Phd. Kristofer Helgen, Darrin Lunde e Stephanie Canington (USMN) por me auxiliarem durante os estudos, pelo apoio e compreensão com os imprevistos ocorridos.

À minha orientadora Dra. Valéria da Cunha Tavares (INPA/UFMG) pelos ensinamentos, apoio, incentivo e dedicação tão apreciados nesta longa jornada, desde a graduação até o mestrado. À coorientadora Dra. Camila Ribas (INPA) pelo apoio logístico, laboratorial, científico e por ter apoiado o projeto. Ao colaborador Dr. Rafael Leite (INPA) pelas conversas que tanto me ajudaram, ao apoio e compreensão.

Às instituições FAPEAM e INPA/PPGCBEV pelo apoio financeiro e logístico. Este trabalho foi financiado pelos projetos “A Escala Evolutiva: Estudos de Sistemática Filogenética e Biogeografia utilizando dados Morfológicos e Moleculares como Subsídio para a Conservação da Fauna Amazônica” (CAPES/FAPEAM, coordenador Camila C. Ribas) e “Escalas Ecológicas e Espaciais na Distribuição da Diversidade de Morcegos Amazônicos” (Fundação Amazônica de Defesa da Biosfera, FDB, coordenadores Valéria da C. Tavares e Paulo E. D. Bobrovic).

E por fim, a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho e minha formação acadêmica.



WWW.PHDCOMICS.COM

This message brought to you by that manuscript you're supposed to be writing.

RESUMO

Dentre os principais objetivos da sistemática está a investigação da origem e da manutenção da biodiversidade. A utilização de dados integrados pode aumentar a acurácia e a confiabilidade operacionais para a delimitação de espécies, a despeito do conceito de espécies em si permanecer historicamente controverso. Em muitos casos, árvores de genes são utilizadas para se inferir sobre limites de espécies, com base em parâmetros que não se enquadram em casos de especiação recente. *Uroderma* é um gênero que passou por inúmeras revisões taxonômicas desde sua descrição, contendo atualmente quatro espécies descritas e, historicamente, seis subespécies descritas somente para *U. bilobatum*. A partir dos anos 70, alguns estudos detectaram dentro do complexo *U. bilobatum* variações dos números diploides ($2n$) denominadas à época de “raças cromossômicas”. Posteriormente, foi descrita uma zona de hibridização das então consideradas subespécies *U. b. convexum* ($2n=38$) e *U. b. davisii* ($2n=44$) e, recentemente, estudos utilizando sequências do gene mitocondrial citocromo b encontraram resultados compatíveis com os dados cromossômicos. O objetivo do presente trabalho é testar e definir limites de espécies dentro do complexo *U. bilobatum*, utilizando dados moleculares e morfológicos. As amostras contemplaram a maior parte da distribuição do complexo, sendo utilizadas sequências inéditas de citocromo b e COI, ou disponíveis nos bancos de dados *GenBank* e *BOLD*. Foram realizadas análises de máxima verossimilhança (ML), bayesiana (IB), delimitação de espécies (GMYC) e análises populacionais, usando algoritmos de parcimônia e probabilísticos, implementados nos programas TCS, Network e BAPS. Em termos da morfometria, foram analisadas sete medidas cranianas e duas externas, as quais foram analisadas por meio de Análises do Componente Principal (PCA) e de Variância Canônica (CV). Vinte e nove (29) caracteres morfológicos discretos foram examinados para mais de 300 exemplares preservados em vias seca e úmida, incluindo peles e crânios. A análise dos dados de citocromo b resultou no resgate de três clados, correspondentes às raças cromossômicas e um clado correspondente a uma espécie recém descrita (*U. bakeri*), com base nesses resultados as amostras de cada clado foram classificadas com a sinonímia do táxon mais antigo: *U. bilobatum*, *U. convexum* e *U. davisii*. As amostras do clado de *U. bakeri* apresentaram divergência genética de 1% com *U. davisii*. Apesar de ambas espécies serem distintas morfometricamente, considerando-se o conjunto de evidências analisadas, o status de *U. bakeri* se torna controverso. Tomando-se os dados morfológicos em separado, foram encontrados quatro agrupamentos que coincidiram em parte com os dados moleculares e, apesar da separação visual dos agrupamentos, estatisticamente *U. bakeri* novamente ficou relacionada à *U. davisii*. Finalmente, todos os resultados levam a concluir que, dentro do complexo *U. bilobatum* (*sensu lato*) há, três clados fortemente suportados por dados cariotípicos e moleculares que corresponderiam a três espécies bem delimitadas: *U. bilobatum*, *U. convexum* e *U. davisii*, sendo o status de *U. bakeri* controverso e não plenamente suportado pelas evidências disponíveis. As relações entre os clados recuperados é ainda bastante instável e, finalmente, o status e as relações entre as espécies *U. bakeri* e *U. davisii*, dois táxons muito próximos geneticamente e geograficamente distantes e, a princípio, isolados, são controversos e precisam ser futuramente investigados.

ABSTRACT

Tools for delimitation of species are been improved effectively, with the help of coalescence theory like GMYC model (General Mixed Yule-Coalescence). This approach has been widely applied in combination with ecological, molecular, morphological and others data. Therefore, it is apparent a need to explore more widely different sources of data in studies of groups that have their diversity still unclear. As the case of species complex in *Uroderma*. This genre has had several revisions until 2000s and had two described species with one of them, *U. bilobatum* with six recognized subspecies. In the 70s, studies have investigated karyotype variations within the *U. bilobatum* complex, it been called "chromosomal races". Later, it was described a contact zone between subspecies *convexum* ($2n = 38$) and *davisi* ($2n = 44$) and, recently, studies using mitochondrial DNA sequences found consistent results with chromosomal data. The intriguing situations of *U. bilobatum* complex, lead us to test the limits of species, using together molecular and morphological data. Samples of most of the distribution of the complex were used, as well as sequences of cytochrome b and COI available in GenBank, BOLD and produced at this work. We performed maximum likelihood analysis (ML), Bayesian inference (BI), species delimitation (GMYC) and population analysis using parsimony and probabilistic algorithms, implemented in TCS programs, network and BAPS. About the morphometric data, were analyzed seven Skull and two external measures, which been analyzed by Principal Component Analysis (PCA) and Canonical Variance (CV). More than 300 specimens preserved in dry and wet roads, including skins and skulls, it been examined with twenty-nine discrete morphological character. The analysis of the cytochrome b data resulted in three clades corresponding to chromosomal races and a corresponding clade to a newly described species (*U. bakeri*). Based on these results, samples of each clade has been classified as a synonym of the older taxon: *U. bilobatum*, *U. convexum* and *U. davisi*. *U. bakeri* clade obtained genetic divergence of 1% compared to *U. davisi*. Although the both species are geographically isolated from each other, when we consider the set of analyzed evidence, *U. bakeri* status becomes controversial. When we analyzed the morphological data separately, we obtained the result of four groups, which coincided in part with the molecular data and despite the visual separation of groups, statistically *U. bakeri* again was related to *U. davisi*. Finally, all the results enable us to believe that within the complex *U. bilobatum* (sensu lato) there are three clades strongly supported by karyotype and molecular data that correspond to three well-defined species: *U. bilobatum*, *U. convexum*, *U. davisi*, and *U. bakeri* status still controversial and not fully supported by the available evidence. Relations between the recovered clades is still unstable, suggesting the use of other sources such as nuclear and genomic genes to elucidate this situation.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	<i>i</i>
INTRODUÇÃO	1
OBJETIVO	5
MATERIAL E MÉTODOS	5
Extração de DNA	6
Reação em Cadeia de Polimerase (PCR)	6
Purificação e reação de sequenciamento	8
Precipitação do DNA	8
Sequenciamento do DNA	8
Análises filogenéticas	9
Análises populacionais	11
Morfometria	11
Dados morfológicos discretos	13
RESULTADOS	13
DISCUSSÃO	27
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	32
APÊNDICES	58
ANEXOS	39

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. a) Distribuição reconhecida para o gênero *Uroderma*. b) Indivíduos de *Uroderma bilobatum* organizados em uma tenda feita nas folhas de palmeiras (© Rich Hoyer)..... 2
- Figura 2. Mapa com os pontos amostrados, círculos brancos representam registros dos quais foram obtidos dados genéticos e círculos cinzas representam registros dos quais foram obtidos dados morfológicos..... 5
- Figura 3. Esquema localizando os *primers* utilizados para a reação de sequenciamento do citocromo b... 8
- Figura 4. Esquema das medidas utilizadas. (a) Morfologia da asa, em vista ventral, FA = antebraço e METIII = terceiro metacarpo; (b) Morfologia craniana: GLS = comprimento total do crânio; MTL = comprimento da série de dentes superiores; BL = profundidade da caixa craniana; ML = comprimento da mandíbula; ZB = largura zigomática; BC = largura do rostrum através dos caninos; PL = comprimento palatal. Figura modificada a partir de Simmons e Voss (1998: p. 99)..... 12
- Figura 5. Árvore Bayesiana obtida por meio das análises do gene citocromo b para indivíduos do complexo *Uroderma bilobatum*. As cores indicam números cromossômicos e espécies: azul (2n=42), *Uroderma bilobatum*; verde (2n=44), *U. convexum*; roxo (cariótipo não determinado) *U. bakeri*; e marrom-claro (2n=38), *U. davisi*. Os valores acima dos ramos são referentes à probabilidade posterior. Em destaque (estrela) amostras do Equador e Peru que se associam a *U. bakeri* e *U. davisi*..... 14
- Figura 6. Clado de *Uroderma bilobatum* extraído da árvore bayesiana, valores acima dos ramos representam a probabilidade posterior, as barras coloridas indicam relacionam a distribuição das amostras dos subclados no mapa..... 15
- Figura 7. Mapa com os locais de coleta e suas respectivas posições na inferência bayesiana. Legenda: verde (*U. convexum*), azul (*U. bilobatum*), roxo (*U. bakeri* e amostra do Equador) e vermelho (*U. davisi* e amostra do Peru)..... 16
- Figura 8. Árvore Bayesiana obtida por meio das análises do gene COI. As barras em cores indicam: *U. bilobatum* (azul) e *U. convexum* (verde), a estrela referência a amostra do Equador. Os valores acima dos ramos são referentes à probabilidade posterior. 17
- Figura 9. Hipóteses filogenéticas da diversificação do complexo. a) Hipótese de Hoffman *et al.* (2003); b) Hipótese gerada durante presente estudo; os pontos correspondem aos valores de bootstrap $\geq 65\%$ e probabilidades posteriores $> 80\%$ indicado pelo autor..... 18
- Figura 10. Redes de haplótipos e análises de estrutura populacional do complexo *U. bilobatum*. a) e b) Network (citocromo b e COI respectivamente), valores indicam o número de mutações e estrela indica as amostras do Equador e Peru; c) e d) BAPS (citocromo b e COI respectivamente); e) TCS para citocromo b, as cores representam as associações cada agrupamento resgatado: *U. bilobatum* (azul), *U. convexum*

(verde), *U. davisii* (vermelho) e *U. bakeri*
(seta)..... **21**

Figura 11. CVA de dados morfométricos para fêmeas, em azul, *bakeri* (n=9); em vermelho *bilobatum* (n=63); em azul escuro *convexum* (n=33); em verde *davisii* (n=5)..... **24**

Figura 12. CVA de dados morfométricos para machos, em azul, *bakeri* (n=8); em vermelho *bilobatum* (n=64); em azul escuro *convexum* (n=20); em verde *davisii* (n=6)..... **25**

INTRODUÇÃO

Dentre os principais objetivos da sistemática está a investigação da origem e da manutenção da biodiversidade e, para tal, é necessário compreender as variações individuais e definir limites de unidades evolutivas. Os estudos taxonômicos de diversidade alfa, cujo foco está na descoberta e descrição de espécies (Agapow *et al.*, 2004; Schlick-Stener *et al.*, 2010; Fujita *et al.*, 2012) vêm sendo dramaticamente incrementados nas últimas décadas. A taxonomia integrativa surge então para utilizar fontes independentes de dados, como marcadores moleculares, caracteres morfológicos e dados ecológicos, entre outros, para aumentar a acurácia e a confiabilidade na delimitação de espécies (Dayrat, 2005; Padial *et al.*, 2010).

A utilização de fontes únicas de dados não-independentes pode ocasionar a produção de resultados tendenciosos influenciados pelos métodos utilizados para delimitar espécies (Knowles e Cartens, 2007). Visto que, dados morfológicos podem ser fortemente influenciados pelo ambiente e são frequentemente homoplásicos. Já dados moleculares podem representar a história de um gene e não necessariamente a história das espécies (Schlick-Stener *et al.*, 2010; Fujita *et al.*, 2012).

Em muitos casos, por exemplo, as árvores de genes são utilizadas para se inferir sobre limites de espécies, sempre baseada em algum nível genético exclusivo como a monofilia recíproca (Knowles e Cartens, 2007). No entanto, para que a monofilia recíproca seja aparente nas análises é necessário um longo período após a especiação (Hudson e Coyne, 2002). Se não houve tempo suficiente para tal, encontramos dificuldades para a delimitação das espécies usando a monofilia recíproca como parâmetro (Knowles e Cartens, 2007; Aydin *et al.*, 2014). Ferramentas para delimitação de espécies vêm rapidamente sendo aprimoradas, principalmente à luz da teoria de coalescência (Liu *et al.*, 2009; Aydin *et al.*, 2014), que leva em consideração padrões e processos relacionados a especiações recentes (Fujita *et al.*, 2012).

Estudos de delimitação de espécies vêm sendo realizados com suporte de diversas ferramentas, como o modelo GMYC (*General Mixed Yule Coalescence*) utilizado em estudos com um único gene (Pons *et al.*, 2006). Esta abordagem vem sendo amplamente aplicada em união com dados ecológicos, morfológicos entre outros, afim

aumentar a confiabilidade na delimitação de espécies (Esselstyn *et al.*, 2012; Domingos *et al.*, 2014).

Logo, é perceptível a necessidade em explorar de maneira mais ampla diferentes fontes de dados independentes em estudos sobre grupos que possuem o conhecimento de sua diversidade ainda obscura. Como o caso do complexo de espécies encontrado no gênero *Uroderma*.

As espécies do gênero *Uroderma* (Peters, 1866) compõem-se de morcegos frugívoros de médio porte (antebraço 39.1 - 45.5 mm, peso 13 - 20 g), amplamente distribuídos desde o sul do México, incluindo toda América Central e parte da América do Sul (Davis, 1968, Mantilla-Melluk, 2014) (Fig. 1a). Seus representantes têm hábitos peculiares em termos de uso de abrigos, utilizando tendas produzidas a partir de folhas de Araceae, Palmae (palmeiras), Musaceae (bananeiras), dentre várias outras (Boinski e Tim, 1985; Lewis, 1992; Choe, 1994) (Fig. 1b).



Figura 1. a) Distribuição reconhecida para o gênero *Uroderma*. b) Indivíduos de *Uroderma bilobatum* organizados em uma tenda feita nas folhas de palmeiras (© Rich Hoyer).

O gênero *Uroderma* passou por inúmeras revisões taxonômicas desde a sua descrição, feita por Peters (1866). Nos anos seguintes, revisões utilizando dados morfológicos já indicavam incertezas quanto ao conhecimento da real diversidade contida no táxon. Na década de 60, eram reconhecidas duas espécies: *U. magnirostrum* e *U. bilobatum*, esta última com cinco subespécies descritas (Rehn, 1901; Lyon, 1902; Andersen, 1908; Davis, 1968) (Tabela 1).

Na década de 70, os primeiros estudos citogenéticos para *U. bilobatum* mostraram a existência de variações dos números diploides (2n) e fundamental (NF) nas populações das subespécies de *U. bilobatum*, as quais constituíam agrupamentos geográficos denominados à época de “raças cromossômicas” (Baker e Lopez, 1970).

Tabela 1. Revisões taxonômicas para o gênero *Uroderma*.

Peters (1866)	Rehn (1901)	Lyon (1902)	Andersen (1908)	Davis (1968)	Baker e McDaniel (1972)	Mantilla-Meluk (2014)
<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>U. bilobatus</i> (=A. <i>bilobatus</i>)	<i>U. convexum</i>	<i>U. thomasi</i>	<i>U. magnirostrum</i>	<i>U. bilobatum davisii</i> ^{a,b}	<i>U. bakeri</i>
			<i>U. bilobatum</i> (= <i>U. convexum</i>)	<i>U. bilobatum</i>		<i>U. bilobatum</i>
				<i>U. b. bilobatum</i> ^{a,b}		<i>U. b. trinitatum</i>
				<i>U. b. trinitatum</i> ^b		<i>U. b. thomasi</i>
				<i>U. b. thomasi</i> ^b		<i>U. convexum</i>
				<i>U. b. convexum</i> ^{a,b}		<i>U. c. molaris</i>
				<i>U. b. molaris</i> ^b		<i>U. davisii</i>

^a Subespécies reconhecidas por Simmons (2005).

^b Subespécies reconhecidas por Gardner (2007).

Posteriormente, foi descrita uma zona de hibridização entre as subespécies *U. b. convexum* (2n=38) e *U. b. davisii* (2n=44), localizada na costa pacífica de Honduras, a leste de El Salvador e a noroeste da Nicarágua, na qual os indivíduos apresentavam os números diploides variando entre 2n=38 a 2n=44 (Baker *et al.*, 1975, 1979; Baker, 1981; Greenbaum, 1981; Barton, 1982; Hafner, 1982). A partir de estudos sobre a origem dessa zona de contato, existe um consenso entre autores de que, dado a ocorrência de introgressão e da estreita zona de tensão existente não foram geradas

frequências cariotípicas diferenciadas entre os números diploides, sugerindo que essa seria uma área estável (Owen e Baker, 2001).

Hoffman e colaboradores. (2003) analisaram sequências do gene mitocondrial citocromo b das subespécies de *Uroderma bilobatum* coletadas na América Central e parte da América do Sul, como forma de testar os limites de espécies entre as raças cromossômicas discriminadas historicamente, de acordo com estudos citogenéticos e morfológicos (Baker e Lopez, 1970; Baker *et al.*, 1975, 1979; Baker, 1981). Os dados mitocondriais de Hoffman *et al.* (2003) foram compatíveis com a formação de clados referentes às raças cromossômicas, embora os valores de suporte não tenham sido apresentados. Os autores também sugeriram que a zona híbrida seria o resultado de fixação desses rearranjos cromossômicos e do isolamento geográfico parcial entre as raças $2n = 38$ e $2n = 44$. Além disso, sugerem que as populações ao leste dos Andes ($2n=42$) teriam se diversificado primeiro, e que as populações de $2n=38$ e $2n=44$ teriam origem comum, apesar de hibridizarem.

Simmons (2005) considerou que o fato de ocorrerem três “raças cromossômicas” bem distintas geneticamente sugeriria que essas poderiam ser espécies distintas e ressaltou a necessidade de revisões e estudos sobre o que ela considerou como um complexo de espécies. Dados morfológicos concordam, em parte, com dados moleculares (e.g. Hoffman *et al.*, 2003) e em parte com dados cromossômicos (e.g. Baker e Lopez, 1970; Baker *et al.*, 1975, 1979; Baker, 1981). Em outros casos, somente há dados morfológicos disponíveis (e.g. Mantilla-Meluk, 2014), mas de fato, segue incerta a delimitação de espécies dentro do complexo *Uroderma bilobatum*.

Em paralelo à história taxonômica do complexo *U. bilobatum*, há muitas lacunas nos estudos de revisão, particularmente quanto à ausência, nesses estudos, de espécimes atribuídos a este táxon ocorrentes em regiões do oeste boliviano, do leste da Colômbia e na maior parte do território brasileiro (Amazônia, Cerrado, Pantanal e Mata Atlântica).

No presente trabalho, foi utilizada uma abordagem inédita para o estudo do complexo *U. bilobatum*, consistindo na união de um conjunto de dados (moleculares e morfológicos) contemplando a maior abrangência geográfica possível, como regiões nunca antes amostradas, para testar de forma robusta os limites dentro do complexo e assim, melhor compreender a diversidade do táxon.

OBJETIVO

Revisar o complexo *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae), utilizando dados moleculares e morfológicos, para testar e definir limites de espécies.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostras para os dados moleculares e morfológicos, contemplaram a maior parte da distribuição do complexo (Fig. 2), sendo utilizadas sequências originalmente produzidas durante o presente trabalho e outras, disponíveis nos bancos de dados *GenBank* e *BOLD* (Anexo A e B).

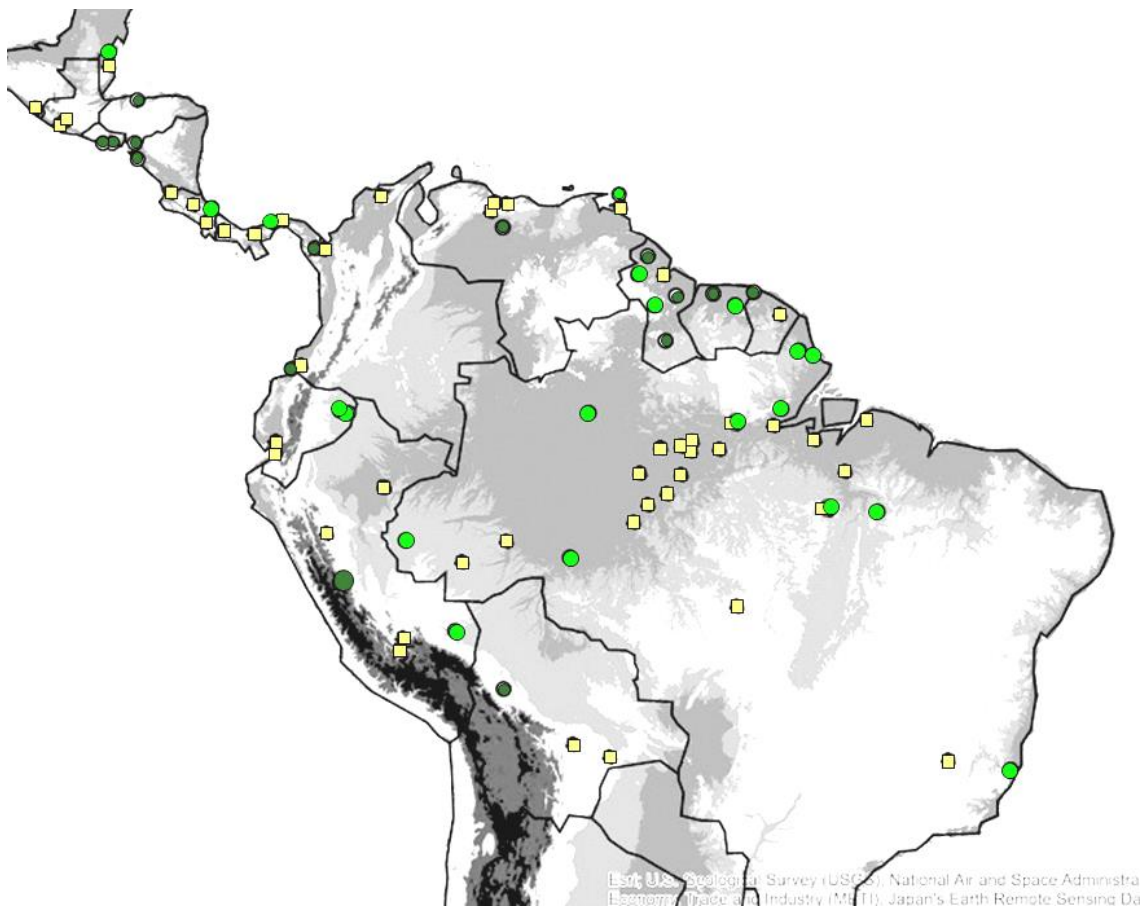


Figura 2. Mapa de localidades contempladas no presente estudo. Quadrados em amarelo representam os pontos de coleta dos dados morfológicos, os círculos os dados genéticos: em verde claro dados produzidos no presente trabalho e em verde escuro sequências do *GenBank* e *BOLD*.

As extrações, ampliações e sequenciamento de DNA foram realizadas no Laboratório Temático de Biologia Molecular (LTBM) e no Laboratório de Ecofisiologia e Evolução Molecular (LEEM) no Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA).

Extração de DNA

Para a extração do DNA utilizou-se 10-20 mg de tecido muscular e/ou de fígado preservados em álcool 100%. A extração de DNA foi realizada com auxílio do kit Wizard® Genomic DNA (PROMEGA) com modificações, adicionando 600 µl de Solução de *Lise Nuclear* e homogeneizando por 10 segundos, em seguida o material foi incubado *overnight* no *shaker* à 65°C e 600 rpm. Após esse processo foram adicionados 3 µl de solução RNase incubados por 30 minutos à 37°C, seguido pela adição de 200 µl da Solução de Precipitação de Proteína, centrifugou-se o material à 14.000 rpm por 10 minutos, transferindo o sobrenadante para um tubo (1.500 µl) contendo 600 µl de isopropanol à temperatura ambiente, misturando-o por inversão. Centrifugou-se à 14.000 rpm por 10 minutos para a formação de *pellet*. Em seguida, houve a remoção do sobrenadante e adição de 600 µl de etanol 70% à temperatura ambiente, repetindo o processo de centrifugação feito com os parâmetros anteriores. Retirado o etanol, deixou-se o *pellet* no tubo para secar em fluxo laminar, em seguida o mesmo foi hidratado com 50 µl de Solução de *DNA rehydration* deixando-o *overnight* à 4°C. A eficácia da extração e a concentração do DNA foi verificada por meio da técnica de eletroforese em gel de agarose a 0.8% corados com GelRed (Biotium).

Reação em Cadeia de Polimerase (PCR)

As ampliações dos genes mitocondriais citocromo b (*cit-b*) e citocromo oxidase subunidade I (COI) ocorreram, respectivamente, com a utilização dos *primers* **L14121/H15318** e o *cocktail* universal para **BARCODE C_VF1di /C_VR1di** (Tabela 2). A amplificação foi realizada em termociclador *GeneAmp™ PCR System 2400* (*Applied Biosystems*), com as seguintes ciclagens:

Para Citocromo b

95°C por 2 minutos	} 35x
94°C por 30 segundos	
58.8°C por 45 segundos	
72°C por 1 minuto	
72°C por 10 minutos	
20°C ∞	

Para COI

94°C por 1 minuto	}	35x
94°C por 30 segundos		
52°C - 53°C por 40 segundos		
72°C por 1 minuto		
94°C por 10 segundos	}	20x
50°C por 20 segundos		
72°C por 30 segundos		
72°C por 10 minutos		
20°C ∞		

Os produtos foram verificados e quantificados por comparação com o marcador *Low Mass DNA Ladder* (Invitrogen) através de eletroforese em gel de agarose 1,0% corado com Gel RED. A visualização e documentação dos géis de agarose foram realizadas no fotodocumentador *Easy Doc 100* (BioAgency).

Tabela 2. *Primers* utilizados para amplificar os genes citocromo b e citocromo oxidase subunidade I.

Nome	Nome do <i>cocktail</i> / Sequência 5'-3'	Concentração (µM)	Referência
Cit-b			
L14121	GACTAATGACATGAAAAATCA	5	Redondo <i>et al.</i> , 2008
H15318	TATTCCTTTGCCGGTTTACAAGACC	5	Redondo <i>et al.</i> , 2008
L14881:	GACATAATTCCATTCCACCCCTAC	5	Redondo <i>et al.</i> , 2008
MVZ4	GCAGCCCCTCAGAATGATATTTGTCCTC	5	Smith e Patton, 1993
COI			
C_VF1di e C_VR1di (1:1:2)			
VF1	TTCTCAACCAACCACAAAGACATTGG	5	Ivanova <i>et al.</i> , 2006
VF1d	TTCTCAACCAACCACAARGAYATYGG	5	Ivanova <i>et al.</i> , 2006
VF1i	TTCTCAACCAACCAIAAIGAIATIGG	5	Ivanova <i>et al.</i> , 2006
VR1	TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA	5	Ward <i>et al.</i> , 2005
VR1d	TAGACTTCTGGGTGGCCRAARAAYCA	5	Ivanova <i>et al.</i> , 2006
VR1i	TAGACTTCTGGGTGICCIAAIAAICA	5	Ivanova <i>et al.</i> , 2006
M13F	TGTA AACGACGGCCAGT	5	Messing, 1983
M13R	CAGGAAACAGCTATGAC	5	Messing, 1983

Purificação e reação de sequenciamento

As amostras foram previamente purificadas com as enzimas Exonuclease e Shrimp Alkaline Phosphatase (ExoSAP) seguindo protocolo indicado pelo fabricante. Para a reação de sequenciamento foi utilizado o Kit *BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing* (Applied Biosystems). Para o sequenciamento do gene citocromo b foram utilizados dois pares de *primers* para garantir a ampla cobertura do gene (Fig. 3).

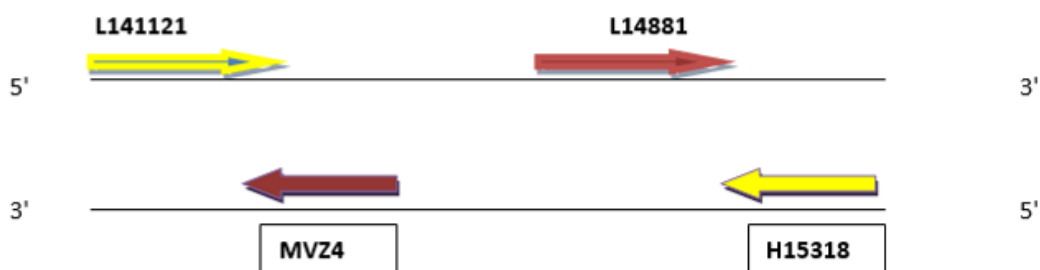


Figura 3. Esquema localizando os *primers* utilizados para a reação de sequenciamento do citocromo b.

Para o sequenciamento do gene COI foram utilizados apenas os *primers* **M13F** e **M13R**. A ciclagem utilizada para a reação de sequência em ambos os genes foi de 96°C por 2 minutos, seguida por 40 ciclos de 96°C em 30 segundos, 50°C em 20 segundos e 60°C por 4 minutos, finalizando com 20°C infinito.

Precipitação do DNA

A precipitação foi realizada em placa com 96 poços, com a adição de 2,5 µL de EDTA (125 mM) em cada poço. Em seguida foram adicionados 30 µL de Etanol (Merck) absoluto, e deixou-se a placa em temperatura ambiente por 15 minutos. Depois ocorreu a centrifugação por 30 minutos a 2000 rcf, com temperatura de 4°C. Em seguida a placa invertida foi centrifugada por um minuto a 100 rcf. Após a centrifugação, adicionou-se 30 µL de Etanol (Merck) a 70% em cada poço com centrifugação por 15 minutos a 1650 rcf, e 4 °C. Inverteu-se a placa, a qual foi centrifugada novamente por um minuto a 100 rcf. Deixando-a secar ao abrigo da luz, adicionando às amostras 10 µL de formamida Hi-Di.

Sequenciamento do DNA

As amostras foram sequenciadas no analisador automático de DNA *ABI 3130xl DNA Analyzer* (Applied Biosystems) através do método de Sanger *et al.* (1977), com terminadores marcados com fluorescência.

- Conceito de espécie adotado

No presente trabalho foi utilizado o Conceito Geral de Linhagens proposto por De Queiroz (1998; 2007). Segundo o qual é possível detectar a diversidade da linhagem de uma maneira mais clara, especialmente quando linhagens altamente divergentes são agrupadas dentro de complexos pouco divergentes (De Queiroz e Gauthier, 1990; Kizirian e Donnelly, 2004). Quando interpreta-se que os eventos evolutivos não ocorrem simultaneamente e nem possuem uma ordem distinta para acontecer, a utilização de um conceito (e.g. conceito biológico, conceito filogenético) que limite algumas situações torna-se tendencioso (Hudson e Coyne, 2002; Knowles e Cartens, 2007).

Análises filogenéticas

As sequências nucleotídicas foram editadas e alinhadas, via ClustalW com o auxílio do programa GENEIOUS v.7.1.3 (Biomatters). Para as análises filogenéticas foram utilizados como grupos externos: *Uroderma magnirostrum*, *Carollia brevicauda*, *Chiroderma doriae*, e *Platyrrhinus helleri*, para os testes de monofilia do táxon *Uroderma bilobatum*. Para estimar os modelos de evolução nucleotídica a serem utilizados nessas análises foi usado o programa JModeltest v.2.1.5 (Darriba *et al.*, 2012; Guindon e Gascuel, 2003).

As análises de Máxima Verossimilhança (ML) foram realizadas no programa RaxML v.8.1 (Stamatakis, 2014), utilizando o modelo pré-selecionado GTR+ Γ , com 100 árvores iniciais e 1000 réplicas de *bootstrap* (Felsenstein, 1985). Para as análises de inferência Bayesiana (IB) foi utilizado o programa MrBayes v.3.1.2 (Huelsenbeck e Ronquist, 2001), tendo sido realizadas quatro corridas executadas por 10^7 gerações, sendo que as árvores foram amostradas a cada 10.000 gerações; 3600 árvores foram utilizadas para construir a árvore de consenso estrito.

- Distância genética

Para inferir sobre a taxa de divergência entre os grupos resgatados nas análises filogenéticas, o programa MEGA 6.0 (Tamura *et al.*, 2011) foi utilizado para calcular a estimativa da divergência evolucionária sobre pares de sequências entre grupos, conduzido pelo método *p-distance*.

- Delimitação de espécie

A partir dos resultados das análises filogenéticas, foi realizado o teste de delimitação de espécies utilizando o modelo *Generalized Mixed Yule-coalescent* (GMYC) (Pons *et al.*, 2006), mais adequado para dados com um gene. A análise foi realizada com a otimização dos passos proposta por Talavera *et al.* (2013) e a implementação do grupo externo na confecção da árvore ultramétrica. A árvore foi construída com auxílio do programa BEAST v1.8 (Drummond *et al.*, 2012), com um relógio estrito e taxa de evolução de 1.0, num total de 2×10^7 de gerações, amostradas a cada 1.10^3 gerações; descartando-se os primeiros 25% da amostragem e, alternativamente, mantidas 100 árvores aleatórias para a implementação Bayesiana, utilizando o programa TreeAnnotator v1.7.5 (Drummond *et al.*, 2012).

Utilizou-se o pacote “*Species Limits by Threshold Statistics*” (Splits) (Fujisawa e Barraclough, 2013; Pons *et al.*, 2006), implementado no programa R v3.0.1 (R Core Team 2013) a partir da árvore ultramétrica previamente gerada. Por meio desse pacote é possível calcular o número de *clusters*, classificando as taxas de bifurcação de um filograma como resultantes de processos de ramificações interespecíficas ou intra-específicas das linhagens (Pons *et al.*, 2006). O ML-GMYC, utilizado na análise, é um teste de log-verossimilhança do modelo ajustado contra um modelo nulo, sem distinção de agrupamentos de espécies, que calcula os valores de suporte AIC com base em valores de suporte significativos ($p < 0.05$; Fujisawa e Barraclough, 2013).

- Teste de topologia

Foram testadas as topologias de duas hipóteses, a primeira é referente a proposta de Hoffman *et al.* (2003) com a formação de três clados que corresponderiam estritamente as raças cromossômicas; a segunda hipótese foi resultante dos dados resgatados nas análises filogenéticas no presente trabalho.

A significância das diferenças entre as hipóteses filogenéticas disponíveis foi avaliada usando os múltiplos testes implementados no programa CONSEL: *approximately unbiased test* (AU); *bootstrap* (bp); teste de Kishino-Hasegawa (KH) e teste de Shimodaira-Hasegawa (SH) (Shimodaira e Hasegawa, 1999; Shimodaira, 2002; Shimodaira e Hasegawa, 2001). As árvores consideradas para as comparações foram calculadas por meio de RAxML com a utilização do comando “*constraint*”.

Análises populacionais

As análises populacionais foram realizadas separadamente para os dados de citocromo b e COI, por meio de três métodos, cujo principal intuito foi verificar a ocorrência de variações dentro e entre os clados resgatados nas análises filogenéticas.

Para tal foi utilizada a Análise Bayesiana de Estruturação Populacional (*Bayesian Analysis of Genetic Population Structure*) conforme implementada no programa BAPS 4.14 (Corander *et al.*, 2007). Nesta análise, o número de grupos é definido usando-se um algoritmo que estima a distribuição das frequências alélicas de todas as populações em teste. Populações homogêneas são agrupadas a cada análise, sendo feitas novas distribuições usando populações combinadas até encontrar a partição ideal (Corander *et al.*, 2007).

Para analisar graficamente a distribuição dos haplótipos foi utilizado o algoritmo *median-joining* (MJ) conforme implementado no programa Network v.4.6.1.3 (Bandelt *et al.*, 1999). Além disto, foram realizadas análises de parcimônia com auxílio do programa TCS v.1.21, para testar agrupamentos de haplótipos em redes, em intervalos de 95% de confiança. Essas análises assumem que as diferenças entre os haplótipos sejam o resultado de um único evento de mutação (Templeton *et al.*, 1992; Clement *et al.*, 2000).

Morfometria

A coleta dos dados morfométricos foi realizada com auxílio de um paquímetro de 0,01 mm de precisão. Foram tomadas sete medidas do crânio e duas externas, de acordo com os métodos descritos em Baker *et al.* (1972) e Taddei *et al.* (1998) (Fig. 4):

Comprimento do antebraço (**FA**): do cotovelo até a região proximal do metacarpo;

Comprimento do terceiro metacarpo (**METIII**): medidos pela região dorsal, incluindo o carpo, até a região distal, na articulação com a 1ª falange;

Comprimento total do crânio (**GLS**): desde a porção distal do osso occipital à parte anterior dos incisivos superiores;

Profundidade da caixa craniana (**BL**): maior altura da caixa craniana até a porção medial da região occipital;

Comprimento da série de dentes superiores (**MTL**): da face posterior do último molar (M2 ou M3) à face anterior do canino;

Comprimento da mandíbula (**ML**): do extremo anterior da mandíbula até o extremo distal do processo condilóide;

Comprimento palatal (**PL**): da face anterior dos incisivos até a porção distal do palato, em seu maior comprimento;

Largura zigomática (**ZB**): a maior distância obtida entre os pontos mais extremos dos arcos zigomáticos, tomada perpendicularmente ao eixo maior do crânio;

Largura do rostró através dos caninos (**BC**): a maior distância obtida entre os pontos mais externos dos “cíngulos” de ambos caninos superiores.

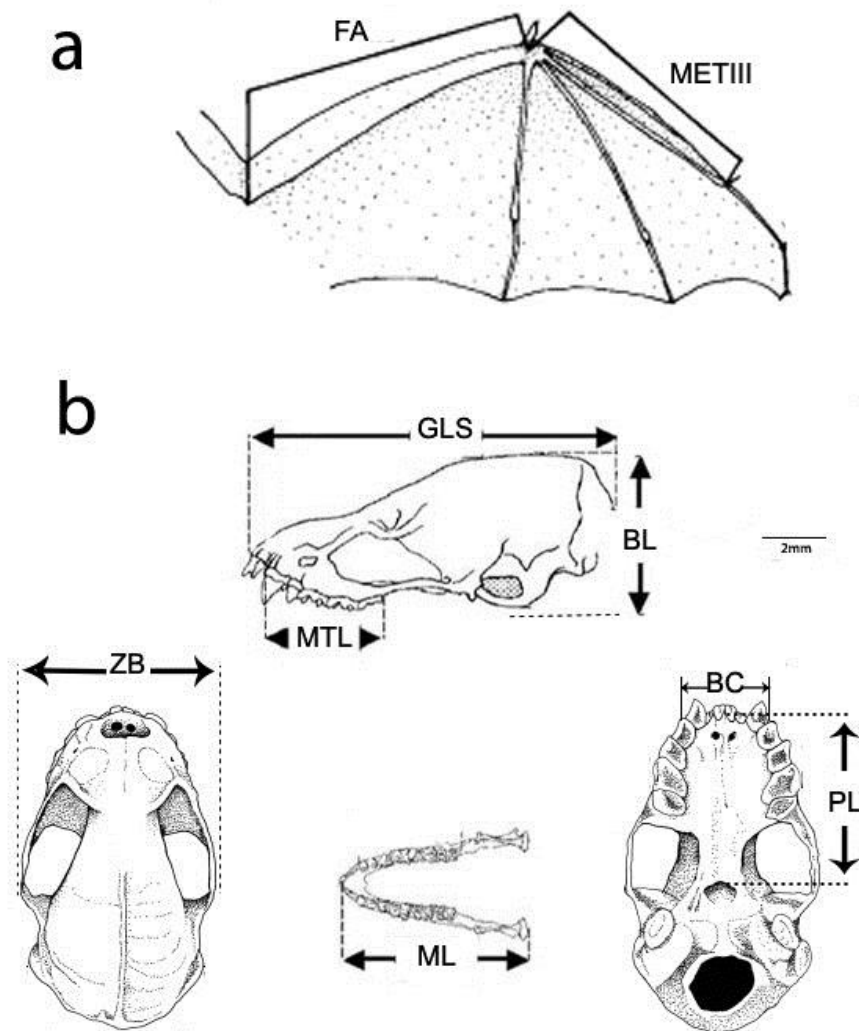


Figura 4. Esquema das medidas utilizadas. (a) Morfologia da asa, em vista ventral, FA = antebraço e METIII = terceiro metacarpo; (b) Morfologia craniana: GLS = comprimento total do crânio; MTL = comprimento da série de dentes superiores; BL = profundidade da caixa craniana; ML = comprimento da mandíbula; ZB = largura zigomática; BC = largura do rostró através dos caninos; PL = comprimento palatal. Figura modificada a partir de Simmons e Voss (1998: p. 99).

O dimorfismo sexual em tamanho foi reportado previamente por alguns autores (Davis, 1968; Mantilla-Meluk, 2014) e foi também testado no presente estudo (Apêndice A). Foram feitas análises de componentes principais (ACP) a partir de uma matriz de correlação e análises discriminantes; em ambos os casos todas as medidas foram previamente log-transformadas. A ACP é uma técnica de ordenação que provê uma redução das variáveis e visualização espacial das variações entre os indivíduos, enquanto que as análises canônicas (CVA) auxiliam em descrições de diferenças entre grupos (Zelditch *et al.*, 2004).

Dados morfológicos discretos

A seleção dos caracteres morfológicos discretos (coloração da pelagem, listras faciais, forma dos incisivos superiores, forma do rostro entre outros) foi feita a partir dos conjuntos de caracteres descritos em Davis (1968), Lim (1993), Wetterer *et al.* (2000), Tavares (2008) e Mantilla-Meluk (2014) (Anexo D). Foram selecionados 29 caracteres, dentre eles 19 caracteres de morfologia externa, três de morfologia craniana e sete de morfologia dos dentes. Para a padronização de caracteres relativos a descrições de coloração da pelagem foi utilizado o sistema de cores *Munsell croma* como padrão de referência (Anexo D). Os caracteres discretos selecionados foram dispostos em uma matriz e devidamente codificados, por indivíduo, para estudos de variação intra e interespecífica e estão listados no apêndice B.

RESULTADOS

- Análises filogenéticas

Foram sequenciados 1140 pares de bases (pb) do gene citocromo b para 95 indivíduos e 657 pb do gene citocromo oxidase (COI) para 69 indivíduos. Os modelos de evolução selecionados foram HKY+G+I para citocromo b e JC para COI, os quais foram utilizados nas análises de Inferência Bayesiana (IB).

Os clados recuperados por meio das análises filogenéticas foram tratados com a sinonímia do táxon mais antigo atribuído a cada conjunto de indivíduos contido em cada clado: *U. bilobatum* (incluindo as subespécies *bilobatum*, *thomasi*, *trinitatum*), *U. convexum* (subespécies *convexum* e *molaris*), *U. davisi* (subespécie *davisi*) e *U. bakeri*.

A princípio, os dois genes mitocondriais foram concatenados mas o excesso de *missing-data*, com a ausência de COI para os táxons *bakeri*, *davisi* e *trinitatum*, pode ter

influenciado na topologia da árvore gerando resultados inconsistentes. Optando-se então, para análises separadas dos genes, focaremos aqui, nos resultados para a região do citocromo b, pois essa possuía toda a amostragem dentro do complexo.

As topologias das árvores geradas para citocromo b por meio das análises de Máxima Verossimilhança (ML) e de Inferência Bayesiana (IB) foram semelhantes (Fig. 5).

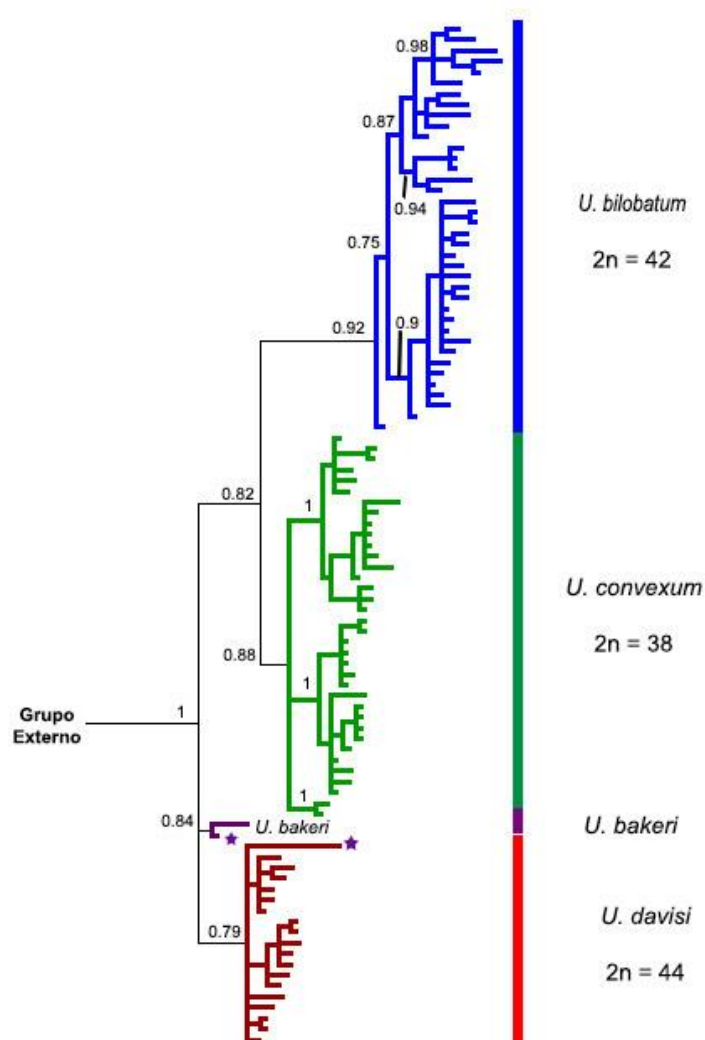


Figura 5. Árvore Bayesiana obtida por meio das análises do gene citocromo b para indivíduos do complexo *Uroderma bilobatum*. As cores indicam números cromossômicos e espécies: azul ($2n=42$), *U. bilobatum*; verde ($2n=44$), *U. convexum*; roxo (cariótipo não determinado) *U. bakeri*; e marrom-claro ($2n=38$), *U. davisi*. Os valores acima dos ramos são referentes à probabilidade posterior. Em destaque (estrela) amostras do Equador e Peru que se associam a *U. bakeri* e *U. davisi*.

O clado de *U. bilobatum* com suporte de probabilidade posterior (pp) de 0.92 (Fig. 6), continha dois grandes subclados com suportes de 0.87 e 0.90, suas amostras não mostraram relação com as áreas das subespécies referenciadas na literatura, a distribuição das amostras dos subclados se sobrepõem.

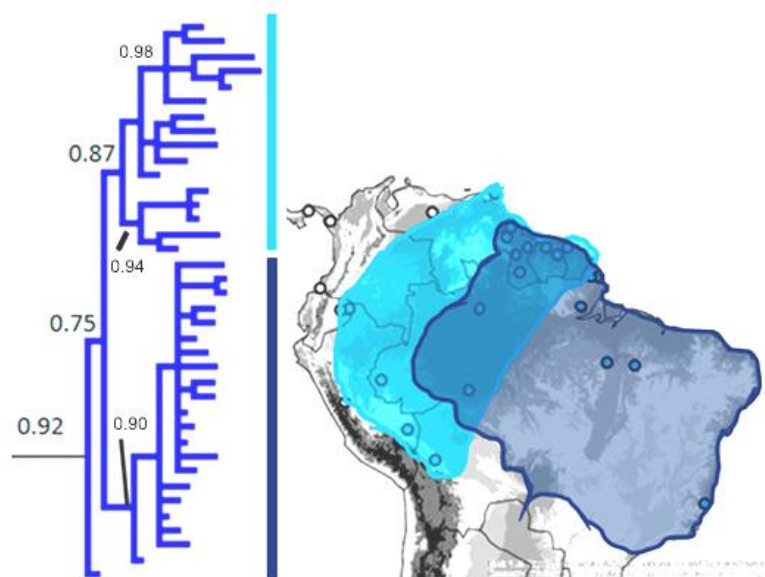


Figura 6. Clado de *Uroderma bilobatum* extraído da árvore bayesiana, valores acima dos ramos representam a probabilidade posterior, as barras coloridas indicam relacionam a distribuição das amostras dos subclados no mapa.

Apesar do clado de *U. convexum* também possuir subclados, suas amostras apresentaram homogeneidade no sentido de não haverem possíveis estruturas geográficas. A única sequência disponível de *U. bakeri*, espécie recém descrita, forma um clado com um indivíduo do Equador, que sempre esteve associado ao clado, cujo identificação inicial consta como *bilobatum* e, o qual poderia se tratar de *U. bakeri*, sendo necessária a análise morfológica do espécime. Além disso, no clado de *U. davisii* também consta uma amostra coletada no Peru, inicialmente *bilobatum*.

Em termos de distribuição geográfica, *Uroderma bilobatum* (leste dos Andes, América do Sul) seria o provável grupo irmão de *U. convexum* (oeste dos Andes e demais localidades na América do Sul), enquanto que *U. bakeri* (Amazônia ocidental, leste dos Andes) e *U. davisii* (restrito à costa pacífica ao norte da América central) não se relacionam diretamente com os demais clados (Figura 7).

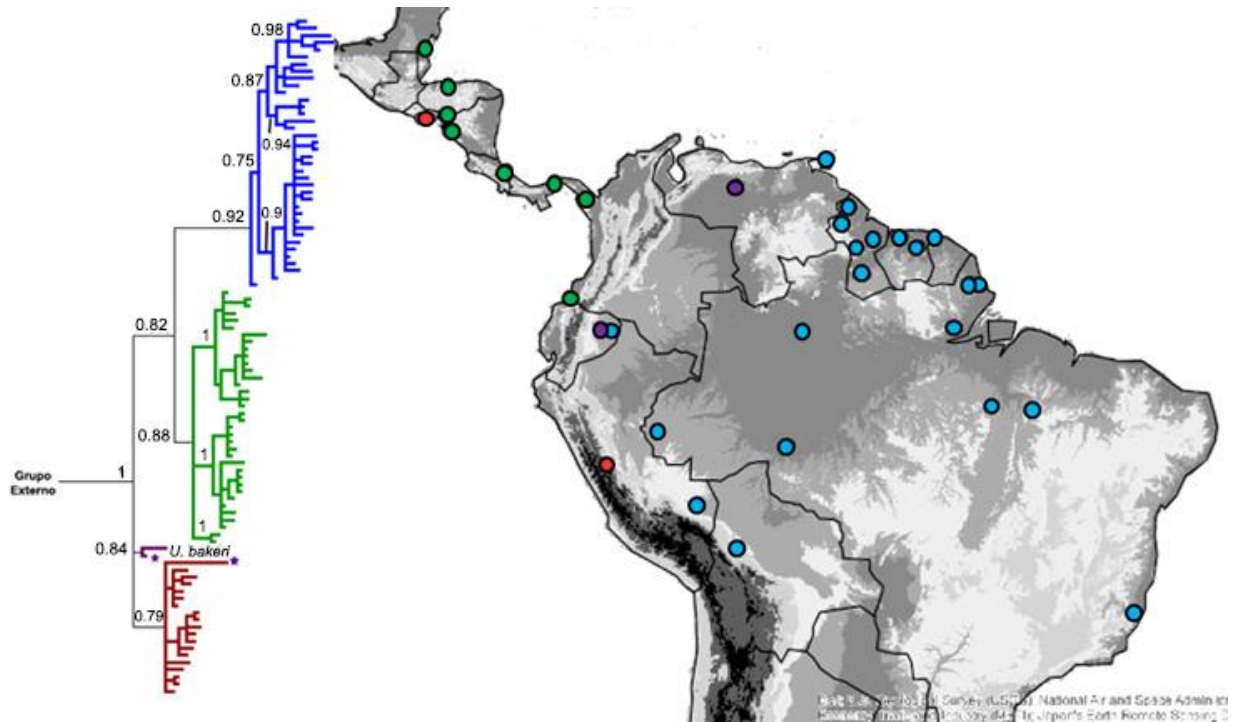


Figura 7. Mapa com os locais de coleta e suas respectivas posições na inferência bayesiana. Legenda: verde (*U. convexum*), azul (*U. bilobatum*), roxo (*U. bakeri* e amostra do Equador) e vermelho (*U. davisi* e amostra do Peru).

As análises feitas considerando apenas os dados do marcador COI em separado ofereceram baixa resolução para a máxima verossimilhança mas a sua topologia foi similar à análise bayesiana (Figura 8). A topologia apresenta a formação do clado bem suportado de *U. bilobatum*, com a amostra do Equador associado à ele, mesma amostra que na análise de citocromo b se une no clado e *U. bakeri*. As amostras referentes à *U. convexum* formam apenas um clado com suportes, as demais encontram-se sem resolução clara.

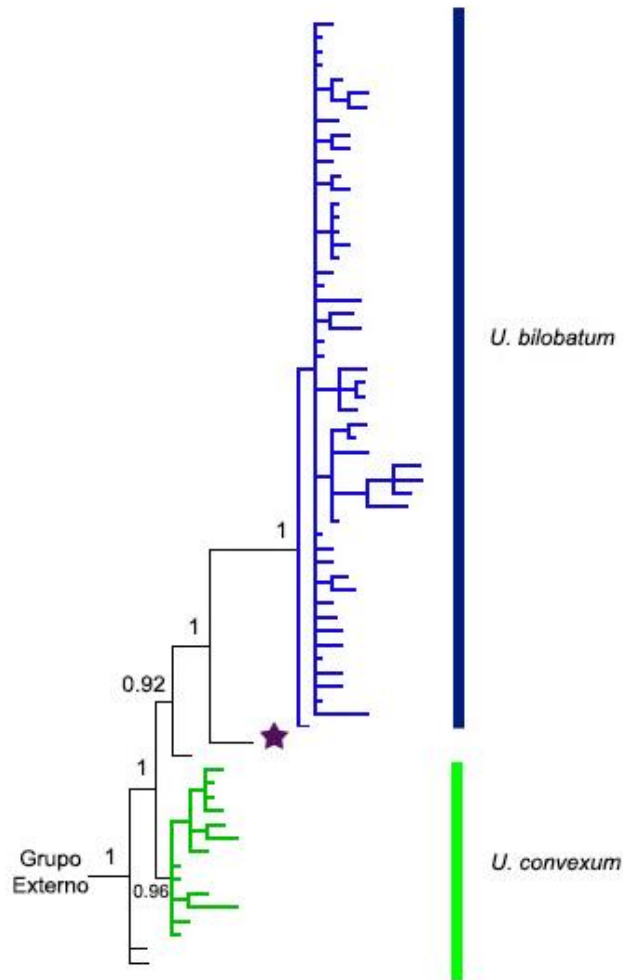


Figura 8. Árvore Bayesiana obtida por meio das análises do gene COI. As barras em cores indicam: *U. bilobatum* (azul) e *U. convexum* (verde), a estrela referência a amostra do Equador. Os valores acima dos ramos são referentes à probabilidade posterior.

- Teste de topologia

As hipóteses topológicas testadas (Fig. 8) apresentaram os seguintes resultados: a hipótese da formação de quatro clados (*U. bilobatum*, *U. convexum*, *U. davisi* e *U. bakeri*) ficou no limiar em termos do intervalo de confiança (IC) de ambas as hipóteses, de acordo com o teste AU ($p = 0.052$), sendo diferente da hipótese de Hoffman *et al.* (2003) de acordo com o teste de SH ($p = 0.008$). A hipótese de Hoffman *et al.* (2003) sobre a formação de três clados que corresponderiam estritamente às raças cromossômicas foi rejeitada com valores de AU = 0.179 e SH test = 0.207.

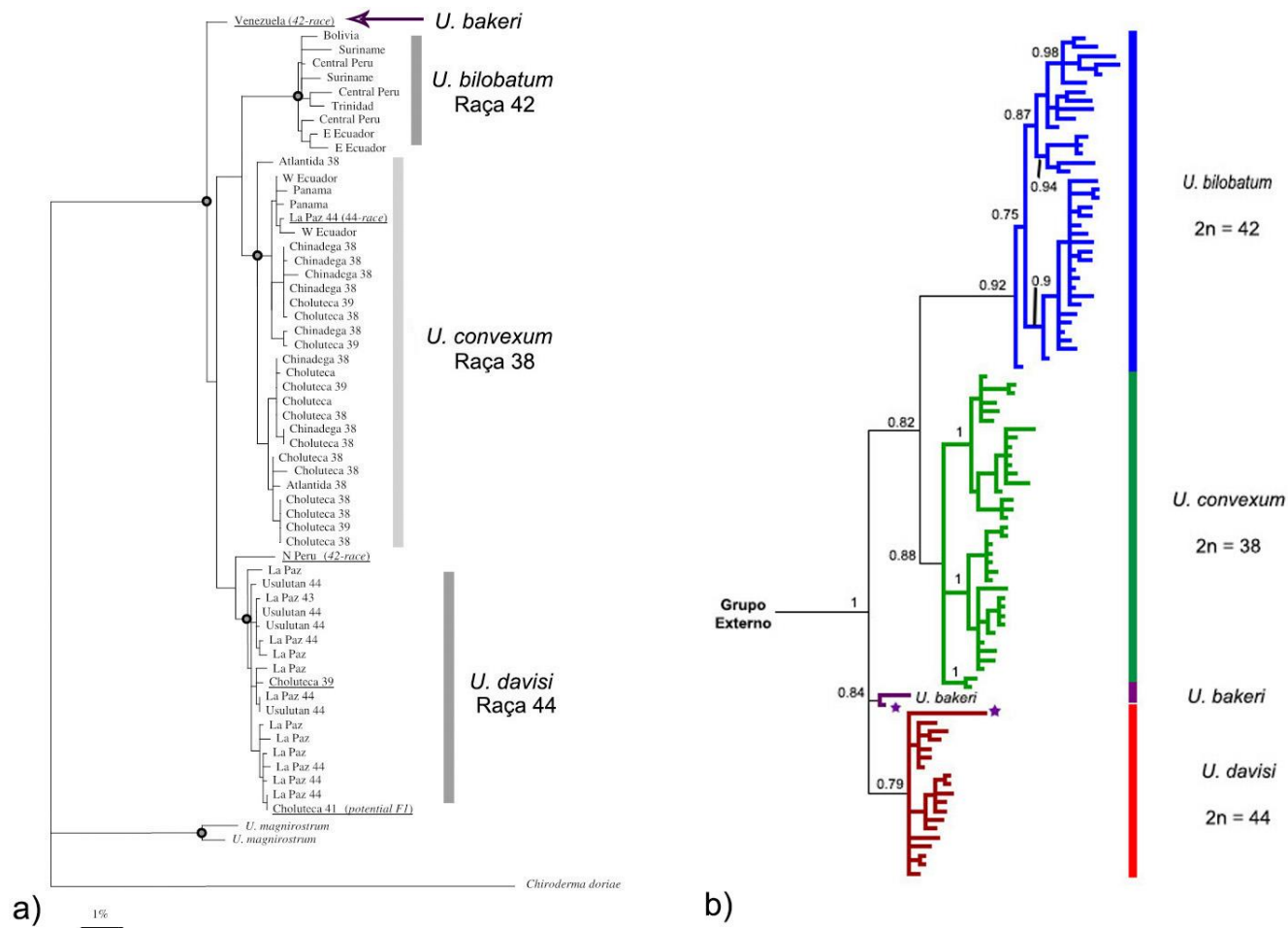


Figura 9. Hipóteses filogenéticas da diversificação do complexo. a) Hipótese de Hoffman *et al.* (2003); b) Hipótese gerada durante presente estudo; os pontos correspondem aos valores de bootstrap $\geq 65\%$ e probabilidades posteriores $> 80\%$ indicado pelo autor.

- Matriz de distância

Foi gerada uma matriz de distância entre esses clados, os menores valores foram entre *U. bakeri* e *U. davisii* de 1%, *U. bilobatum* apresentou valores de 3% quando comparado com *U. davisii* e de 2% na comparação com *U. convexum*, este último teve o valor de 2% em relação a todas as espécies do complexo (Tabela 3).

Tabela 3. Matriz de distâncias genéticas (*p-distance*) de *Uroderma* utilizando dados de citocromo b.

Táxon	<i>U. bilobatum</i>	<i>U. bakeri</i>	<i>U. davisii</i>	<i>U. convexum</i>
<i>U. bakeri</i>	0.03			
<i>U. davisii</i>	0.03	0.01		
<i>U. convexum</i>	0.02	0.02	0.02	
<i>U. magnirostrum</i>	0.08	0.07	0.08	0.08

- Delimitação de espécie

A partir das análises de GMYC foram resgatados sete *clusters*, sendo quatro formados pelos grupos externos. Os três *clusters* referentes às amostras do complexo foram separados em: *cluster* A (amostras do clado *U. bilobatum*), *cluster* B (clado *U. convexum*) e *cluster* C (clado *U. davisii* + amostra do Peru e *U. bakeri* + amostra do Equador). Os testes de verossimilhança foram significativos ($p = 0.0244 \cdot 10^{-9}$) e a hipótese de não-ocorrência de agrupamentos foi rejeitada.

- Análises populacionais

As análises populacionais coincidiram em parte com as análises filogenéticas, os genes citocromo b e COI foram tratados em análises separadas, dado a ausência de dados de COI para alguns táxons.

Para todos os métodos aplicados, os agrupamentos das amostras de citocromo b se mostraram semelhantes; dentre os indivíduos que se agruparam como *U. convexum* (indicado pela cor verde) estão presentes amostras do Equador a oeste dos Andes e em parte da América Central (Panamá, Costa Rica, Belize, Honduras e Nicarágua); dentro de *U. davisii* (vermelho) estão todas as amostras de El Salvador, uma única amostra proveniente de Huanuco, no Peru (1.880 – 3.839 m de altitude), uma amostra do Equador e a única sequência disponível de *U. bakeri* proveniente da Venezuela; no grupo de *U. bilobatum* (azul) estão presentes amostras da Amazônia brasileira, da Guiana, do Suriname, da Bolívia, do Equador, ao leste dos Andes e do Peru, ao leste dos

Andes. Para as amostras de COI, referentes à *U. convexum* (verde) são provenientes do Panamá, da Costa Rica e de Belize e à *U. bilobatum* (azul) são amostras oriundas do Brasil, do Suriname, da Guiana Inglesa e do Equador.

As redes de haplótipos construídas com auxílio do programa Network (Fig. 9 a) para citocromo b, formaram três redes conectadas, coincidindo com os clados das análises filogenéticas *U. bilobatum*, *U. convexum* e *U. davisii*. No caso do COI, houve a formação de duas redes coincidindo com os clados resgatados como *U. convexum* e *U. bilobatum* nas demais análises e a amostra do Equador que aparece associado à *U. bakeri* nas análises filogenéticas, torna-se isolada das demais redes (Fig. 9 b).

Os resultados da análise no BAPS, para citocromo b mostram a formação de três *clusters* (*U. bilobatum* em azul, *U. convexum* em verde e *U. davisii* em vermelho), sendo que *U. bakeri* seria parte da variação intrapopulacional de *U. davisii* no caso do gene citocromo b (Fig. 9 c). No caso do COI, dois *clusters* foram recuperados pela análise de BAPS (Fig. 9 d), correspondendo a *U. convexum* e *U. bilobatum* e a amostra do Equador foi associada à *U. convexum*.

As networks geradas pelo programa TCS a partir das análises do citocromo b, constituem-se de três redes sem conexão (Fig. 9 e); a rede de *U. bilobatum* (azul) possui todas as amostras do Brasil e parte das amostras dos demais países ao leste dos Andes; a rede referente à *U. convexum* (verde) contém amostras do Equador (oeste dos Andes) e parte da América Central (Panamá, Costa Rica, Belize, Honduras e Nicarágua); a rede de *U. davisii* (vermelho) contém todas as amostras de El Salvador, Peru, Equador e de *U. bakeri*.

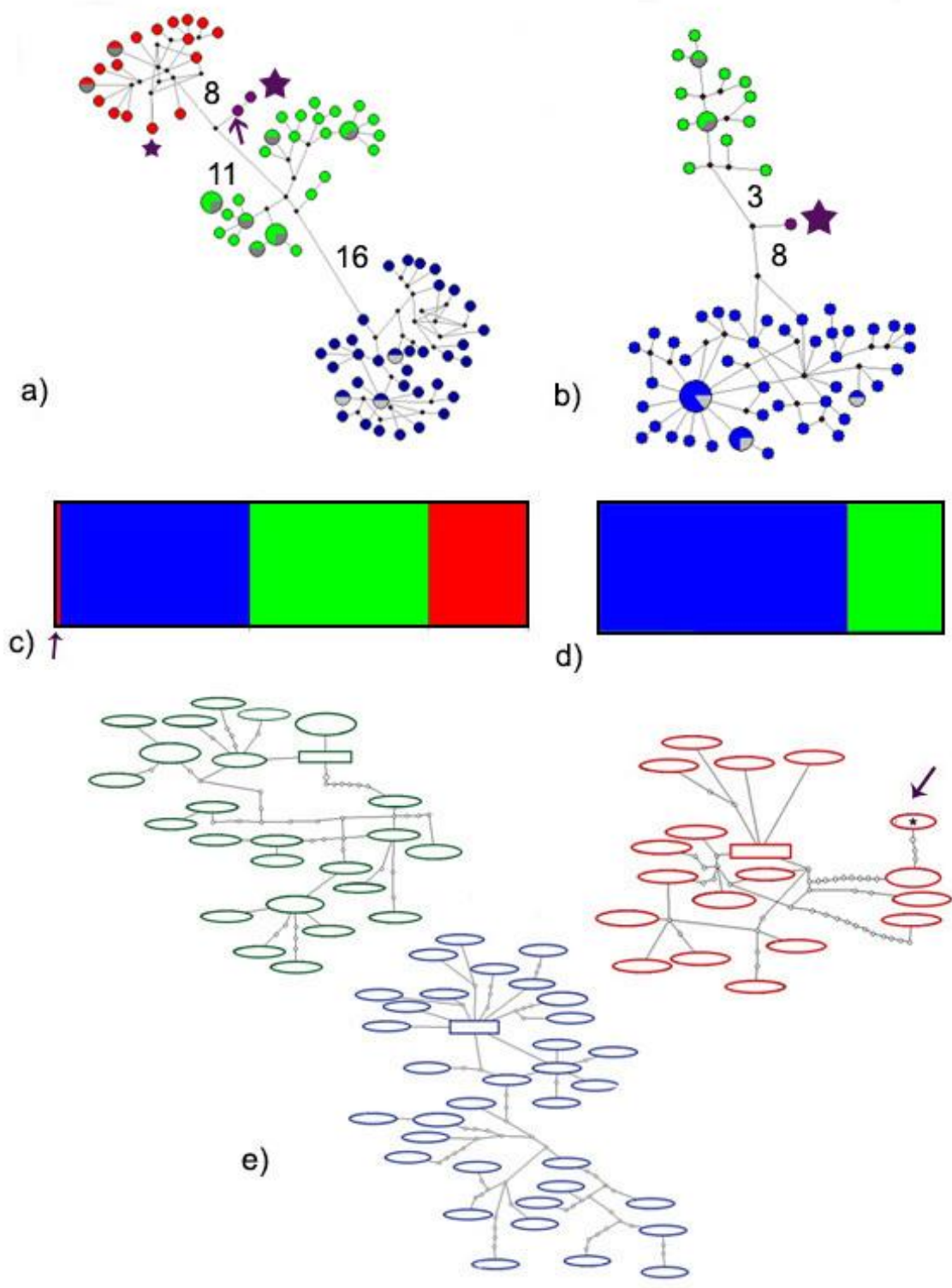


Figura 10. Redes de haplótipos e análises de estrutura populacional do complexo *U. bilobatum*. a) e b) Network (citocromo b e COI respectivamente), valores indicam o número de mutações e estrela indica as amostras do Equador e Peru; c) e d) BAPS (citocromo b e COI respectivamente); e) TCS para citocromo b, as cores representam as associações cada agrupamento resgatado: *U. bilobatum* (azul), *U. convexum* (verde), *U. davisii* (vermelho) e *U. bakeri* (seta).

- Análises morfométricas

Para as análises morfométricas foram incluídas 110 fêmeas e 97 machos totalizando 207 indivíduos adultos analisados.

As amostras foram tratadas *a priori* com base nos clados resgatados pela filogenia. Na ACP o primeiro componente principal (PC1) representou 51.63% e 49.78% de variação entre machos e fêmeas, respectivamente. Todas as cargas do PC1 foram positivas para ambos os sexos, indicando variação no tamanho dos crânios (Tabela 4).

Na análise de variáveis canônicas (CVA), machos e fêmeas de *U. bilobatum* são estatisticamente distintos dos demais agrupamentos (Tabela 5). Para as demais espécies, as fêmeas foram mais informativas do que os machos. As fêmeas de *U. convexum* são relacionadas estatisticamente e graficamente com *U. davisi*, já as amostras de *U. bakeri* são estatisticamente próximas à *U. davisi* apesar dessa relação não ser vista graficamente (Fig. 10 e 11).

Tabela 4. Cargas (*loadings*) dos eixos para cada componente principal na análise de componentes principais. (FA – antebraço; METIII - terceiro metacarpo; GLS - comprimento total do crânio; MTL - comprimento da série de dentes superiores; BL - profundidade da caixa craniana; ML - comprimento da mandíbula; ZB - largura zigomática; BC - largura do rosto através dos caninos; PL -comprimento palatal).

Variável	Sexo	Eixo 1	Eixo 2	Eixo 3	Eixo 4	Eixo 5	Eixo 6	Eixo 7	Eixo 8	Eixo 9
FA	♀	0.07	0.03	0.20	0.23	0.64	-0.04	0.08	-0.06	-0.69
	♂	0.03	0.03	-0.07	0.07	-0.19	0.13	0.63	0.20	-0.71
MTEIII	♀	0.05	0.02	0.08	0.23	0.63	0.02	0.11	0.21	0.69
	♂	0.01	0.03	-0.06	0.00	-0.20	0.03	0.69	0.05	0.69
GLS	♀	0.36	-0.12	0.27	0.07	-0.05	-0.08	0.24	-0.83	0.19
	♂	0.26	0.31	-0.06	-0.14	0.19	0.34	-0.15	0.79	0.12
MTL	♀	0.48	-0.09	-0.13	0.00	0.04	-0.71	-0.49	0.11	0.01
	♂	0.37	0.29	0.01	0.62	-0.49	-0.34	-0.18	0.10	0.03
BL	♀	0.18	0.92	0.19	-0.24	-0.03	-0.10	0.11	0.04	0.03
	♂	0.23	0.06	0.95	-0.10	-0.03	0.11	0.09	-0.07	-0.01
ML	♀	0.38	-0.18	0.13	0.17	-0.28	-0.16	0.68	0.45	-0.09
	♂	0.29	0.32	-0.19	0.14	0.01	0.69	-0.03	-0.52	0.00
ZB	♀	0.26	0.13	0.33	0.63	-0.27	0.39	-0.42	0.11	0.00
	♂	0.24	0.05	0.00	0.40	0.80	-0.26	0.25	-0.06	-0.01
BC	♀	0.48	0.12	-0.76	0.06	0.11	0.38	0.08	-0.09	-0.06
	♂	0.66	-0.73	-0.13	-0.09	-0.07	0.07	-0.03	0.03	0.02
PL	♀	0.41	-0.25	0.35	-0.63	0.14	0.40	-0.18	0.17	-0.01
	♂	0.40	0.42	-0.16	-0.62	-0.02	-0.44	0.08	-0.21	-0.08

Tabela 5. Resultados dos testes MANOVA para variação de *Uroderma*, complexo *U. bilobatum*; os valores em destaque representam os valores Hotelling de p com correções de significância de Bonferroni entre os agrupamentos.

		<i>bilobatum</i>	<i>convexum</i>	<i>davisi</i>	<i>U. bakeri</i>
FÊMEAS	<i>bilobatum</i>		0.000	0.005	0.009
	<i>convexum</i>	0.000		0.706	0.001
	<i>davisi</i>	0.004	0.706		0.416
	<i>bakeri</i>	0.009	0.001	0.416	
		<i>bilobatum</i>	<i>convexum</i>	<i>davisi</i>	<i>U. bakeri</i>
MACHOS	<i>bilobatum</i>		0.000	0.001	0.001
	<i>convexum</i>	0.000		0.582	0.169
	<i>davisi</i>	0.001	0.582		0.504
	<i>bakeri</i>	0.001	0.169	0.504	

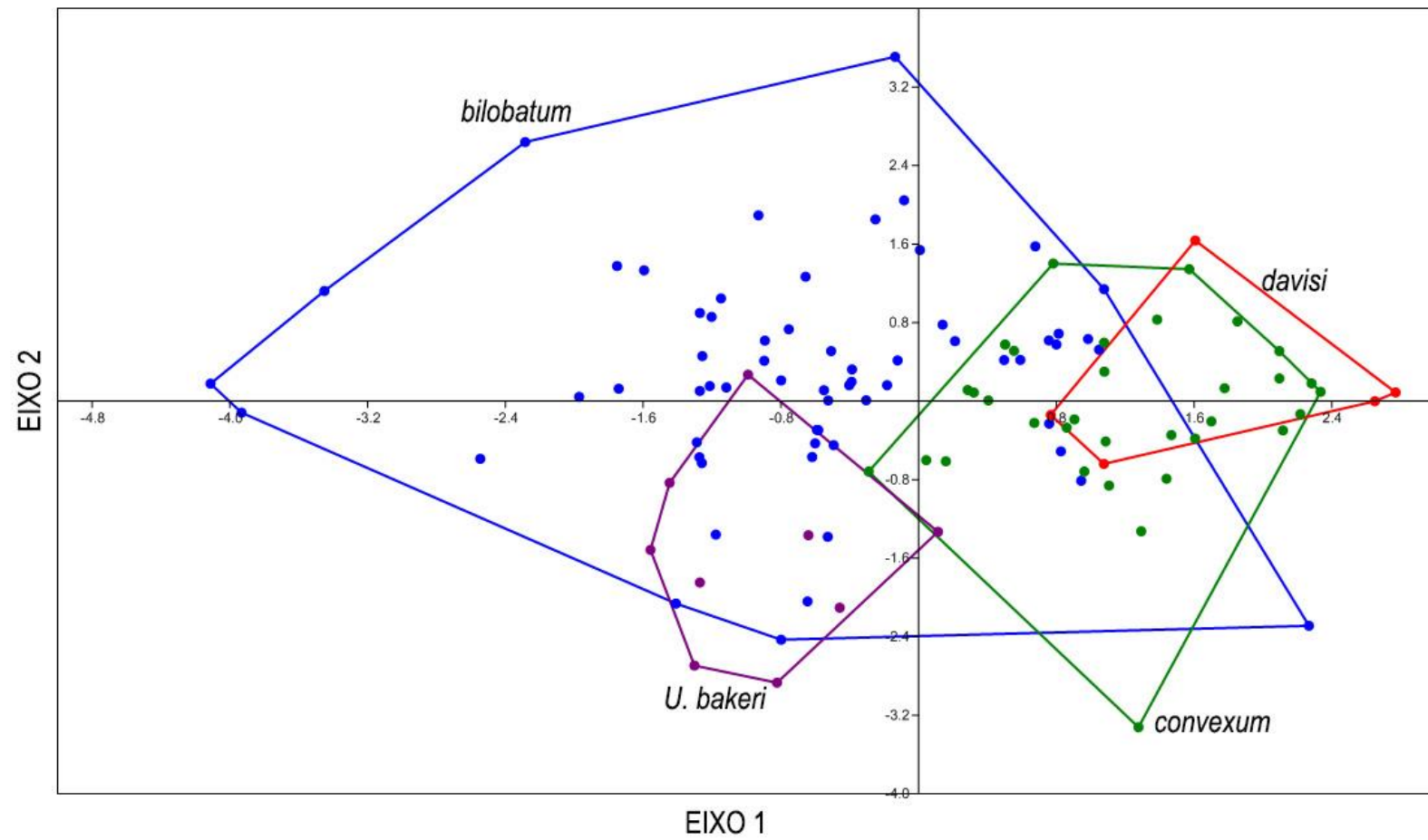


Figura 11. CVA de dados morfométricos para fêmeas, em roxo, *U. bakeri* (n=9); em azul *bilobatum* (n=63); em verde *convexum* (n=33); em vermelho *davisii* (n=5).

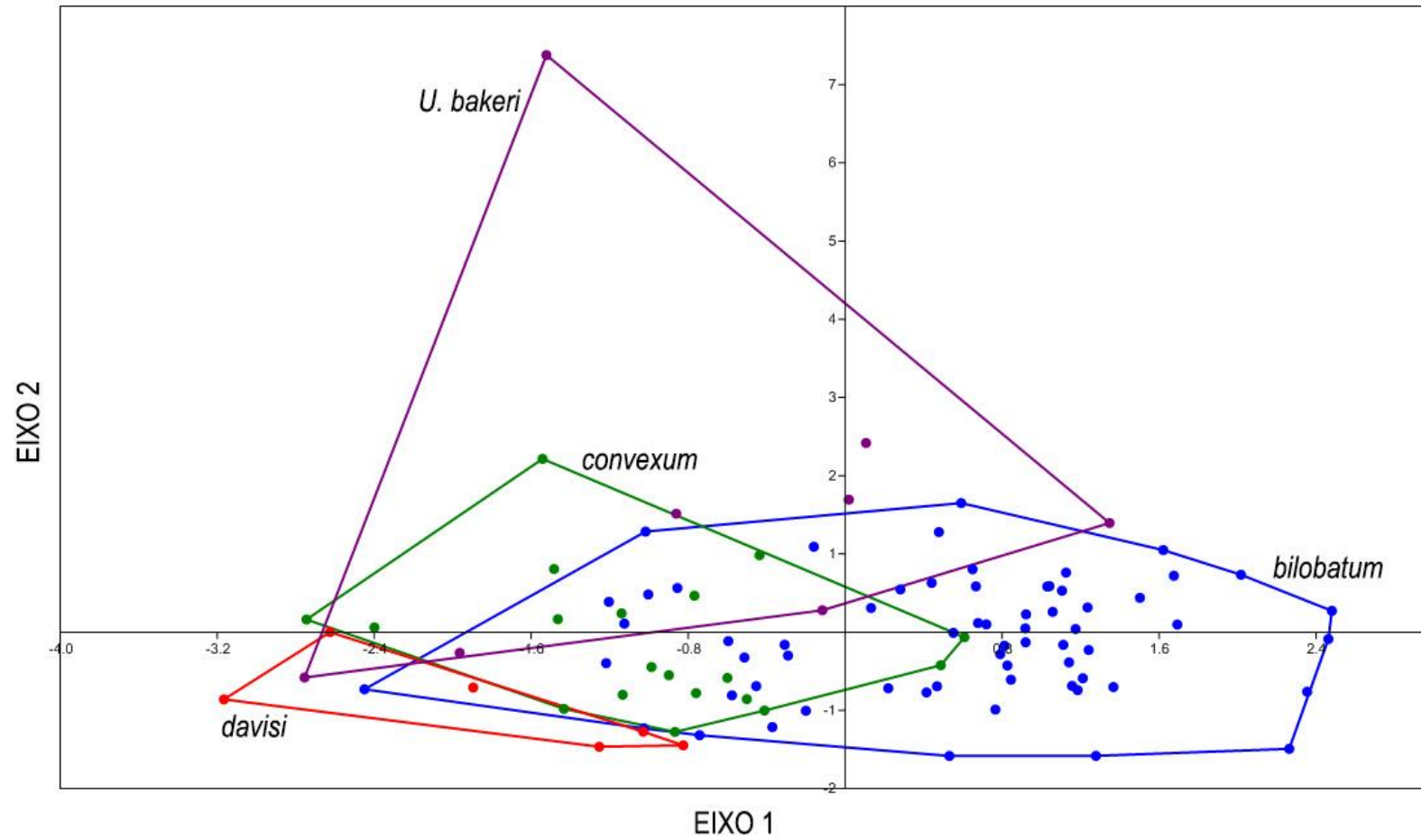


Figura 12. CVA de dados morfométricos para machos, em roxo, *U. bakeri* (n=8); em azul *bilobatum* (n=64); em verde *convexum* (n=20); em vermelho *davisii* (n=6).

- Análises morfométricas

Foi realizada uma análise de parcimônia com caracteres discretos selecionados e codificados (Apêndice B), obtendo uma árvore com politomias e sem resolução. De modo geral, os táxons analisados apresentaram caracteres externos, cranianos e dentários polimórficos, tornando-se difícil a caracterização e identificação de unidades específicas, baseando-se apenas em morfologia discreta.

A coloração da pelagem dorsal apresentou variações não descritas anteriormente, com diferentes tonalidades de marrom claro a escuro (Apêndice C). O padrão de pelagem dorsal bicolor, com a base pálida e ponta mais escura foi observado em indivíduos de todos os táxons analisados. A pelagem ventral sempre se diferencia da dorsal para todos os táxons analisados bem como a variação macroscópica, do padrão geral da pelagem em tons de cinza. Os pelos, isoladamente, são bicolores com base cinza ou marrom clara e as extremidades esbranquiçadas. Embora existam variações nas pelagens dorsal e ventral, com indivíduos com padrão bicolor no dorso menos evidentes, esse caractere nos táxons analisados aparenta ser homogênea.

Observaram-se variações em termos do padrão bilobado dos incisivos superiores internos, que variavam desde aproximadamente igual a proporção dos lobos a indivíduos cujos lobos internos eram ligeiramente maiores que os externos. Assim como a pelagem, os padrões de lóbulos nos incisivos superiores variaram polimorficamente ao longo das espécies de *Uroderma*, agrupamentos e clados conforme determinados durante o presente estudo.

- Resumo geral das análises

Tabela 6. Resumo de todos os resultados já produzidos no estudo do complexo *U. bilobatum*

Gene	Filogenia		População			Morfologia
	ML/IB	GMYC	Network	BAPS	TCS	
Citocromo b	Clados <i>bilobatum</i> <i>convexum</i> <i>davisi</i> <i>bakeri</i>	Três clusters <i>bilobatum</i> <i>convexum</i> <i>davisi + bakeri</i>	Três redes <i>bilobatum</i> <i>convexum</i> <i>davisi + bakeri</i>	Três clusters <i>bilobatum</i> <i>convexum</i> <i>davisi + bakeri</i>	Três redes <i>bilobatum</i> <i>convexum</i> <i>davisi + bakeri</i>	Quatro agrupamentos <i>bilobatum</i> <i>convexum</i> <i>davisi</i> <i>bakeri</i>
Citocromo Oxidase subunidade I			<i>bilobatum</i> <i>convexum</i>	<i>bilobatum</i> <i>convexum</i>		

DISCUSSÃO

Uroderma bilobatum é um sistema biológico intrigante que vem sendo estudado desde a década de 1960, através de estudos cariotípicos, sequências de DNA e morfologia, todos separadamente. A partir desses estudos foram verificadas: variações morfométricas correlacionadas à distribuição geográfica (Davis, 1968; Baker e McDaniel, 1972), polimorfismos cromossômicos (raças cromossômicas) e uma zona de hibridização entre raças cromossômicas (Baker e Lopez, 1970; Owen e Baker, 2001) e, mais recentemente, uma nova espécie do complexo (Mantilla-Meluk, 2014).

À luz dos dados moleculares, por meio de análises filogenéticas, populacionais e dados morfométricos, podemos sugerir que o sistema *Uroderma bilobatum* (*sensu lato*) consiste em três unidades de espécies bem definidas e assim distribuídas:

- *U. bilobatum*, distribuído na América do Sul a leste dos Andes, incluindo Trinidad e Tobago, Brasil, Guianas, Peru, Bolívia e Equador;
- *U. convexum*, com distribuição na costa pacífica do Equador e da Colômbia e para a América central, incluindo o Panamá, a Costa Rica, a Nicarágua, Honduras e Belize;
- *U. davisi*, com distribuição para El Salvador e Guatemala;

Os resultados filogenéticos encontrados foram semelhantes aos de Hoffman e colaboradores (2003), pois ambos recuperaram clados que correspondem às raças cromossômicas ($2n=38$; 42 e 44). As principais diferenças encontradas são referentes ao clado formado por *bakeri* + amostra do Equador e sua posição na filogenia. Além disto, observa-se uma possível separação na população de *U. bilobatum*, a variação ao longo dos eixos N/S e E/O, na América do Sul, já foi indicado em outros táxons de Stenodermatinae (e.g. *Platyrrhinus* spp., Velazco e Patterson, 2008).

As divergências genéticas interespecíficas, considerando-se o citocromo b, para as espécies correntemente descritas de *Uroderma* variam de 1% entre *bakeri* e *U. davisi*, 2% entre *U. convexum* e as demais espécies. De modo geral, valores iguais ou acima de 2% de divergência genética vêm sendo aplicados como parâmetros auxiliares para se distinguir espécies de mamíferos, e, em particular, de morcegos (Bradley e Baker, 2001; Velazco *et al.*, 2010; Clare *et al.*, 2011). Em muitos casos, entretanto, apesar da busca

pela padronização dos valores de divergências, recomenda-se não utilizá-los isoladamente para distinguir espécies e sim integrados a outras abordagens. Dávalos (2006), por exemplo, ao utilizar genes mitocondriais e um gene nuclear, mostrou uma baixa taxa de divergência entre dois gêneros morfológicamente bem delimitados anteriormente por Tavares 2008: *Phyllops* e *Stenoderma*, não conseguindo resolver a posição filogenética desses.

Hoffman e colaboradores (2003) comentam que, ao analisarem redes haplotípicas de amostras de *Uroderma* (não mostradas em seu trabalho) com o gene citocromo b, encontraram quatro redes sem ligação e aparentemente sem estruturação geográfica. Em contraste, foram obtidos no presente trabalho três *clusters* contendo os mesmos clados recuperados nas análises filogenéticas, sendo que *bakeri* foi incorporado à rede de $2n=44$ segundo os dados do TCS e BAPS para citocromo b.

Trabalhos de revisões do complexo *U. bilobatum* incluindo dados morfológicos apresentam em sua maioria dados de morfometria craniana (Davis, 1968; Baker *et al.*, 1972; Baker e McDaniel, 1972), sendo que os caracteres discretos têm sido pouco estudados. Davis (1968) descreveu cinco subespécies de *U. bilobatum* baseado em dados morfológicos, porém o próprio autor cita a dificuldade de se encontrar caracteres discretos distintivos entre as subespécies, fato também registrado no presente estudo, uma vez que a maioria dos caracteres estudados são polimórficos.

Mantilla-Meluk (2014) propôs *U. bakeri* como nova espécie com base em dados morfométricos, além de um novo arranjo para o complexo *U. bilobatum*, onde existiriam na verdade quatro espécies: *U. bakeri*, *U. bilobatum*, *U. b. trinitatum*, *U. b. thomasi*, *U. convexum*, *U. c. molaris* e *U. davisii*. Os dados genéticos não corroboram com a existência de subespécies, logo passamos a tratá-las como possíveis variações no decorrer das análises. Nossos dados geraram agrupamentos semelhantes aos quatro principais táxons propostos por Mantilla-Meluk (2014), incluindo a espécie recém descrita *U. bakeri*.

O *status* de *U. bakeri* parece incerto até o momento, a princípio, por ser fracamente delimitado por meio de dados moleculares (filogenia e análises populacionais) com citocromo b. No entanto, evidências morfológicas apontam para o seu reconhecimento como espécie separada de *davisii* e de outros táxons (Mantilla-Meluk, 2014). Analisando os conjuntos de dados apresentados para *bakeri* (citocromo b

+ morfologia) é possível constatar maior afinidade do táxon com *U. davisii*, fato curioso, pois os dois táxons estão distribuídos alopatricamente.

O fato de *bakeri* não ter apresentado relação com nenhum outro táxon sul-americano é intrigante, assim como a ausência de resolução de sua relação com *U. davisii*, o que pode ter sido ocasionado também pela baixa amostragem do táxon. Existem poucos dados sobre *bakeri* sobre a sua ecologia e informações cariotípicas, apesar disso sabe-se que a sua área de ocorrência inclui os “piedmontes” da cordilheira leste da Colômbia, e nas Cordilheiras de Mérida e do Caribe na Venezuela, ao leste dos Andes; dados do presente trabalho sugerem também que seja possível encontrar seus representantes no Equador.

Todos os nossos resultados indicam que as espécies encontradas são geograficamente distintas como havia sido sugerido em trabalhos anteriores (Davis, 1968; Baker e McDaniel, 1972; Hoffman *et al.*, 2003, Mantilla-Meluk, 2014). Na América do Sul encontramos três grupos *U. bilobatum*, *U. convexum* e *U. bakeri* e na América Central dois grupos *U. convexum* e *U. davisii*.

A proximidade genética entre *bakeri* e *U. davisii* (América Central) é evidente nas análises populacionais e morfométricas, sugerindo que outros fatores devam ser investigados, além da distribuição geográfica atual, que possam ter contribuído para a maior proximidade, pelo menos em termos do gene citocromo b.

Mantilla-Meluk (2014) sugere que algumas características morfológicas encontradas em *bakeri* podem ser decorrentes de ambientes com altitudes elevadas onde são encontrados, com até 2.000 m de altitude. Coincidentemente *U. davisii* vive em territórios que são em parte isoladas por cordilheiras de até 3.800 m (Marshall, 2007), a hipótese de que a relação desses dois agrupamentos possa ter influência na distribuição altitudinal das espécies não pode ser completamente ignorada. A maioria dos stenodermátíneos tem limites de distribuição para altitudes abaixo de 2000 m, com relativamente poucas exceções (e.g. algumas espécies de *Vampyressa*, Tavares *et al.*, 2014). Sendo necessários assim, testes de hipóteses de convergência genética e fenotípica entre esses dois táxons que, distribuídos em continentes distintos, parecem ocupar localidades mais altas.

Na América Central foi constatada a ocorrência de zona híbrida entre *U. davisii* (2n=44) e *U. convexum* (2n=38) (Baker e Lopez, 1970; Baker *et al.*, 1979, 1981; Baker

et al., 1975; Greenbaum, 1981; Barton, 1982; Hafner, 1982; Owen e Baker, 2001) e os dados aqui apresentados indicam que esses táxons são geneticamente distintos, apesar de se sobreporem morfometricamente. Ainda assim, aparentemente, as variações fenotípicas não impedem o reconhecimento dos indivíduos e, conseqüentemente, a troca gênica entre esses dois táxons. Sabe-se que a região geográfica onde ocorre a hibridização é uma das poucas áreas de contato entre os animais, tratando-se de um vale (Marshall, 2007). Indivíduos híbridos foram coletados apenas nas adjacências do local (centro-sul de El Salvador até noroeste da Nicarágua), o que levou Baker (1981) a especular que os mesmos teriam a tendência de se manterem próximos à essa região. De fato, os híbridos conforme identificados por Hoffman e colaboradores (2003), estavam distribuídas entre os clados de *U. convexum* e *U. davisii*.

A utilização de múltiplas ferramentas para solucionar problemas taxonômicos pode reduzir a falha eminente de quando se utiliza apenas uma abordagem para se delimitar espécies (Schick-Steiner *et al.*, 2010). As fontes independentes de dados como: DNAm, dados morfológicos, informações cariotípicas e geográficas, são de grande importância para testar as unidades evolutivas dentro do complexo *U. bilobatum*.

Ainda assim, as relações entre os clados resgatados nas análises filogenéticas não foram totalmente esclarecidas. De fato, análises filogenéticas de DNAm costumam representar os períodos relativamente mais recentes na história de uma espécie, podendo produzir árvores que sugerem parafilia e só após sucessivos eventos de sorteio completo de linhagens, as espécies irão recuperar a monofilia (Hudson e Coyne, 2002; Kizirian e Donnelly, 2004). Portanto, é possível que a utilização de outras fontes de dados, seja de ajuda para elucidar os problemas e dificuldades encontrados para o entendimento da diversidade desse até então complexo de espécies.

Verificamos que cada clado encontrado dentro de *Uroderma* apresenta uma história evolutiva sutilmente diferente, que converge para fenótipos relativamente similares. O complexo *Uroderma bilobatum* é um exemplo de um sistema biológico de alta complexidade, que envolve polimorfismo cromossômico, hibridização, separação geográfica e que demonstra a importância da natureza dos dados utilizados para a descrição de diversidade (Davis, 1968; Baker e McDaniel, 1972; Baker e Lopez, 1970; Owen e Baker, 2001; Hoffman *et al.*, 2003; Mantilla-Meluk, 2014).

Conclusões finais

A abordagem da união de dados moleculares e morfológicos é inédito nos estudos até hoje realizados sobre o complexo *U. bilobatum*. Graças à ela, foram obtidas evidências filogenéticas, filogeográficas e morfológicas de que o complexo compreende de três grandes clados que refletem unidades taxonômicas em nível de espécie: (*U. bilobatum*, *U. convexum* e *U. davisi*). Sendo que o *status* do táxon mais recentemente descrito *U. bakeri*, ainda gera incertezas já que este apresenta baixa divergência genética (DNAmt) e grande similaridade nas análises populacionais e de delimitação de espécies em relação ao táxon *U. davisi*, embora essa similaridade genética não corresponda a variação fenotípica, que claramente separa essas espécies de acordo com Mantilla-Meluk (2014) e o presente estudo. O teste de hipóteses da igualdade de topologia entre a filogenia previamente conhecida e a produzida no presente estudo demonstra que temos uma hipótese alternativa para a origem e evolução de *U. bilobatum* nas Américas. Os testes realizados cobriram a maior parte da distribuição conhecida dos táxons, incluindo regiões inéditas de estudo de *U. bilobatum* no Brasil, também da Guiana, do Suriname, do Equador e da Bolívia, todos pertencentes a raça cromossômica de $2n=42$; novas amostragens de Belize, do Panamá, da Costa Rica, da Nicarágua e do México referentes a *U. convexum* ($2n=38$). As relações entre os clados resgatados nas análises filogenéticas não foram totalmente esclarecidas e é possível que a utilização de genes nucleares ou abordagens genômicas, seja de ajuda para elucidar os problemas e dificuldades encontrados para o entendimento da diversidade desse grupo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agapow, P. M.; Bininda-Emonds, O. R. P.; Crandall, K. A.; Gittleman, J. L.; Mace, G. M.; Marshall, J. C.; Purvis, A. 2004. The impact of species concept on biodiversity studies. *The quarterly review of biology*, 79 (2): 161 - 179.
- Andersen, K. A. 1908. Monograph of the chiropteran genera *Uroderma*, *Enchistenes*, and *Artibeus*. *Proceedings of the Zoological Society of London*, p. 204-319.
- Aydin, Z.; Marcussen, T.; Ertekin, A. S.; Oxelman, B. 2014. Marginal likelihood estimate comparisons to obtain optimal species delimitations in *Silene* sect. *Cryptoneurae* (Caryophyllaceae). *Plosone*, 9: 1 – 9.
- Baker, R. J., Lopez, G. 1970. Chromosomal variation in bats of the genus *Uroderma* (Phyllostomatidae). *Journal of Mammalogy*, 5:786-789.
- Baker, R. J.; McDaniel, V. R. 1972. A new subspecies of *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomatidae) from middle America. *Occasional papers the Museum Texas Tech University*, 7: 1 – 4.
- Baker, R. J.; Atchley, W. R.; McDaniel, V. R. 1972. Karyology and morphometrics of Peters tent-making bat *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Systematic Zoology*, 21, 414 – 429.
- Baker, R. J.; Bleier, W. J.; Atchley, W. R. 1975. A contact zone between characterized taxa of *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Systematic Zoology*, 24: 133 –142.
- Baker, R. J.; Bass, R. A.; Johnson, M. A. 1979. Evolutionary implications of chromosomal homology in four genera of stenodermatine bats (Phyllostomyidae: Chiroptera). *Evolution*, 33: 220 –226.
- Baker, R. J. 1981. Chromosome flow between chromosomally characterized taxa of a volant mammal *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomatidae). *Evolution*, 35 (2): 296 – 305.
- Bandelt, H. J.; Forster, P. R. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16: 37-48.

- Barton, N. H. 1982. The structure of the hybrid zone in *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomatidae). *Evolution*, 36:863 – 866.
- Boinski, S.; Timm, R. 1985. Predation by squirrel monkeys and double-toothed kites on tent-making bats. *American Journal of Primatology*, 9: 121-127.
- Bradley, R. D.; Baker, R. J. 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-b sequences and mammals. *Journal of mammalogy*, 82(4): 960 – 973.
- Choe, J.C. 1994. Ingenious design of tent roosts by Peter's tent-making bat, *Uroderma bilobatum* (Chiroptera:Phyllostomidae). *Journal of Natural History*, 28: 731-737.
- Clare, E. L.; Burton, K. L.; Fenton, M. B.; Herbert, P. D. D. 2011. Neotropical bats: estimating species diversity with DNA barcode. *Plosone*, 6: 1 – 14.
- Clement, M.; Posada, D.; Crandall, K. A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9: 1657 – 1659.
- Corander, J.; Gyllenberg, M.; Koski, T. 2007. Random Partition models and Exchangeability for Bayesian Identification of Population Structure. *Bulletin of Mathematical Biology*, 69: 797 – 815.
- Darriba, D.; Taboada, G. L.; Posada, D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9 (8): 772.
- Davalos, L. M. 2006. Short-faced bats (Phyllostomidae: Stenodermatina): a Caribbean radiation of strict frugivores. *Journal of Biogeography*, 34: 364 – 375.
- Davis, W. D. 1968. Review of the genus *Uroderma* (Chiroptera). *Journal of Mammalogy*, 49: 676 – 698.
- Dayrat, B. 2005. Toward integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85:407-415.
- Domingos, F. M. C. B.; Bosque, R. J.; Cassimiro, J.; Colli, G. R.; Rodrigues, M. T.; Santos, M. G.; Beheregaray, L. B. 2014. Out of the deep: Cryptic speciation in a Neotropical gecko (Squamata, Phyllodactylidae) revealed by species delimitation methods. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 80: 113 – 124.

- Drummond, A. J.; Suchard, M. A.; Xie, D.; Rambaut, A. 2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 29: 1969 – 1973.
- De Queiroz, K.; Gauthier, J. 1990. Phylogeny as a central principle in taxonomy: Phylogenetic definitions of taxon names. *Systematic Zoology*, 39(4): 307 – 322.
- De Queiroz, K. 1998. The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation: A conceptual unification and terminological recommendations. p. 57–75. *In*: Howard, D. J.; Berlocher, S. H. (Eds.). *Endless forms: Species and speciation*. Oxford University Press, New York.
- De Queiroz, K. 2007. Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56 (6): 879 – 886.
- Esselstyn, J. A.; Evans, B. J.; Sedlock, J. L.; Khan, F.A. A.; Heaney, L. R. 2012. Single-locus species delimitation: a test of mixed Yule-Coalescent model, with an empirical application to Philippine round-leaf bats. *Proceedings of the Royal Society B*, 219: 3678 – 3686.
- Felsenstein, J. 1985. Phylogenies and the comparative method. *The American Naturalist*, 125: 1-15.
- Fujita, M. K.; Leaché, A. D.; Burbrink, F. T.; McGuire, J. A.; Moritz, C. 2012. Coalescent-based species delimitation in an integrative taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution*, 27 (9): 480 – 488.
- Fujisawa, T.; Barraclough, T. G. 2013. Delimiting species using single-locus data and the General Mixed Yule Coalescent (GMYC) approach: A revised method and evaluation on simulated datasets. *Systematic Biology*, 1 – 49.
- Gardner, A. L. 2007. Order Chiroptera, p. 187- 481. *In*: Gardner, A. L., eds. *Mammals of South America - Marsupials, Xenarthrans, Shrews and Bats*. Chicago and London: University of Chicago Press. 1^a ed. 912p.
- Greenbaum, I. F. 1981. Genetic interactions between hybridizing cytotypes of the tent-making bat (*Uroderma bilobatum*). *Evolution*, 35: 305 – 320.
- Guindon, S.; Gascuel, O. 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. *Systematic Biology*, 52: 696-704.

- Hafner, J. C. 1982. Genetic interactions at a contact zone of *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Evolution*, 36:852–862.
- 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: 2981–2993.
- Hudson, R. R.; Coyne, J. A. 2002. Mathematical consequences of the genealogical species concept. *Evolution*, 56: 1557–1565.
- Huelsenbeck, J.P.; Ronquist, F. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, 17: 754–755.
- Ivanova, N. V.; Dewaard, J. R.; Hebert, P. D. N. 2006. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology*, 6: 998 – 1002.
- Kizirian, D.; Donnelly, M. A. 2004. The criterion of reciprocal monophyly and classification of nested diversity at the species level. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32: 1072 – 1076.
- Knowles, L. L.; Carstens, B. C. 2007. Delimiting species without monophyletic gene. *Systematic Biology*, 56 (6): 887 – 895.
- Lewis, S. E. 1992. Behavior of Peter's tent-making bat, *Uroderma bilobatum*, at maternity roots in Costa Rica. *Journal of Mammalogy*, 73 (3): 541-546.
- Lim, B. K. 1993. Cladistic reappraisal of Neotropical stenodermatinae bat phylogeny. *Cladistics*, 9: 147-165.
- Liu, L.; Yu, L.; Kubatko, L.; Pearl, D. K.; Edwards, S. C. 2009. Coalescent methods for estimating phylogenetic trees. *Molecular Phylogenetics*, 53: 320 – 328.
- Lyon, Jr. M. W. 1902. Description of a new phyllostome bat from the Isthmus of Panama. *Proc. Biology Society*, 15: 83 – 84.
- Mantilla-Meluk, H. 2014. Defining species and species boundaries in *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae) with a description of a new species. *Occasional papers from Museum of Texas Tech University*, 325: 1 -25.

- Marshall, J.S. 2007. Geomorphology and physiographic provinces. p 79. In: Bundschuh, J e Alvarado, G.E. (Eds.). Central America: Geology, Resources and Hazards.
- Messing, J. 1983. New M13 vectors for cloning. *Methods Enzymology*, 101: 20–79.
- Owen, J. G.; Baker, R. J. 2001. The *Uroderma bilobatum* (Chiroptera: Phyllostomidae) cline revisited. *Journal of Mammalogy*, 82 (4): 1102-1113.
- Padial, J. M.; Miralles, A.; De la Riva, I.; Vences, M. 2010. The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology*, 7:16.
- Peters, W. 1966. Machte eine Mittheilung uber neue oder ungenugend bekannte Flerthiere (*Vampyrops*, *Uroderma*, *Chiroderma*, *Ametrida*, *Tylostoma*, *Vespertilio*, *Vesperugo*) und Nager (*Tylomys*, *Lasiomys*). *Monatsb. Kon. Preuss. Akad. Wiss. Berlin*, 392-397.
- Pons, J.; Barraclough, T. G.; Gomez-Zurita, J.; Cardoso, A.; Duran, D. P.; Hazell, S.; Kamoun, S.; Sumlin, W. D.; Vogler, A. P. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55 (4): 595-609.
- R Development Core Team, R: 2013. A language and environment for statistical computing. [2.12.1]. Vienna, Austria, R Foundation for Statistical Computing.
- 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: 44-58.
- Rehn, J. A. G. 1901. Notes on Chiroptera. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 52 :755 - 759.
- Sanger, F.; Nicklen, S.; Coulson, A. R. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74 (12): 5463 – 5467.
- Schilick-Steiner, B. C.; Steiner, F. M.; Seifert, B.; Stauffer, C.; Christian, E.; Crozier, R. H. 2010. Integrative taxonomy: a multisource approach to exploring biodiversity. *Annual Review of Entomology*, 55: 421 – 438.

- Shimodaira, H.; Hasegawa, M. 1999. Multiple comparisons of log-likelihoods with applications to phylogenetic inference. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 16: 1114–1116.
- Shimodaira, H.; Hasegawa, M. 2001 CONSEL: for assessing the confidence of phylogenetic tree selection. *Bioinformatics*, 17 (12): 1246-1247.
- Shimodaira, H. 2002. An approximately unbiased test of phylogenetic tree selection. *Systematic biology*, 51 (3): 492-508.
- Simmons, N.B.; Voss, R.S. 1998. The mammals of Paracou, French FUIDJ: a Neotropical lowland rainforest fauna. Part 1. Bats. *Bulletin American Museum of Natural History*, 237: 1-219.
- Simmons, N.B. 2005. Order Chiroptera, p. 312-529. *In*: Wilson, D.E.; Reeder, D.M., eds. *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference*. Baltimore, Johns Hopkins University Press, 3^a ed. 2142p.
- Smith, M.F.; Patton, J.L. 1993. The diversification of South America murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data for the akodontine tribe. *Biological Journal of the Linnean Society*, 50: 149 – 177.
- Stamatakis, A. 2014. RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30:1312-1313.
- Taddei, V.A.; De Souza, S.A.; Mamuzzi, J.L. 1988. Notas sobre uma coleção de Lonchophylla bokermanni de Ilha Grande, Sudeste do Brasil (Mammalia, Chiroptera). *Revista Brasileira de Biologia*, 48 (4): 851-855.
- Talavera, G.; Dinca, V.; Vila, R. 2013. Factors affecting species delimitations with the GMYC model: insights from a butterfly survey. *Methods in Ecology and Evolution*, 1 - 9.
- Tamura, K.; Peterson, D.; Peterson, N.; Stecher, G. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Likelihood, Distance, and Parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28 (10):2731-2739
- Tavares, V. C. 2008. *Revisionary systematics and phylogeny of Vampyressa and Stenodermatinae* (Chiroptera: Phyllostomidae). 412. Tese (Phd. em Biologia pelo

subprograma Ecology, Evolution, Behavior and Systematic. City University of New York (CUNY) e American Museum of Natural History, New York.

Tavares, V. C.; Gardner, A. L.; Ramírez-Chaves, H. E.; Velazco, P. M. 2014. Systematics of *Vampyressa melissa* Thomas, 1926 (Chiroptera:Phyllostomidae), with descriptions of two new species of *Vampyressa*. *American Museum Novitates*, 3813: 27pp.

Templeton, A. R.; Crandall, K. A.; Sing, C. F. 1992. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III. Cladogram estimation. *Genetics*, 132: 619 – 633.

Velazco, P. M.; Patterson, B. D. 2008. Phylogenetics and biogeography of the broad-nosed bats, genus *Platyrrhinus* (Chiroptera:Phyllostomidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49: 749 - 759

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

Wetterer, A. L.; Rockman, M. V.; Simmons, N. B. 2000. Phylogeny of Phyllostomid bats (Mammalia: Chiroptera): data from diverse morphological systems, sex chromosomes and restriction sites. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 248: 1 -190.

Zelditch, M. L.; Swiderski D. L.; Sheets H. D.; Fink, W. L. 2004. *Geometric Morphometrics for biologists: a primer*. Elsevier Academic Press: London. 443 pp.

ANEXOS

Anexo A. Lista de seqüências produzidas no presente trabalho para o gene citocromo b e COI. Siglas: **IFES** = Universidade Federal do Espírito Santos; **MPEG** = Museu Paraense Emílio Goeldi; **INPA** = Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia; **USP** = Universidade Federal de São Paulo; **ROM** = Royal Ontario Museum; **FMNH** = Field Museum of Natural History; **ID** = Número de identificação.

INSTITUIÇÃO	ID	Espécie	Cit-b	COI	LOCAL
UFES	RZ58	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Barcelos, Amazonas, Brasil
INPA	INPA6065/BG20	<i>U. bilobatum</i>	x		Porto Velho, Módulo Búfalos, Rondônia, Brasil
INPA	PEB133	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Amazonas, Brasil
USP_LABEC	TOC009	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Fazenda Nova, Porto Franco, Maranhão, Brasil
USP_LABEC	CA001	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Rodrigues Alves, Acre, Brasil
USP_LABEC	UHSA51A	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Rio Jari, Laranjal do Jari, Amapá, Brasil
INPA_UFMG	VCT1070	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT4934	<i>U. bilobatum</i>	x		FLONA Carajás, Canaã dos Carajás, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT6103	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Marabá, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT6112	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Marabá, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT783/ UFMG 3296	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Porto Trombetas, Oriximiná, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT724/ UFMG 3280	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Porto Trombetas, Oriximiná, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT6221/ MPEG 40790	<i>U. bilobatum</i>	x		FLONA Carajás, Parauapebas, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT6215/ MPEG 40784	<i>U. bilobatum</i>	x	x	FLONA Carajás, Parauapebas, Pará, Brasil
INPA_UFMG	VCT6172A	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Marabá, Pará, Brasil
IEPA	536	<i>U. bilobatum</i>		x	Amapá, Brasil
IEPA	745	<i>U. bilobatum</i>	x		Cerrado, Amapá, Brasil
IEPA	3595	<i>U. bilobatum</i>	x		Garimpo do Lourenço, Amapá, Brasil
IEPA	1907	<i>U. bilobatum</i>	x		Vila Nova, Amapá, Brasil
ROM	104028	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Napo, Equador
ROM	104203	<i>U. convexum</i>	x	x	Canal Zone, Panamá
ROM	98026	<i>U. bilobatum</i>	x		Potato-Siparuni, Guiana
ROM	98731	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Barima-Waini, Guiana
ROM	117603	<i>U. bilobatum</i>		x	Sipaliwini, Suriname
ROM	104351	<i>U. convexum</i>	x	x	Darien, Panamá
ROM	117644	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Sipaliwini, Suriname
ROM	100805	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Barima-Waini, Guiana
ROM	104211	<i>U. convexum</i>	x	x	Canal, Panamá
ROM	120481	<i>U. convexum</i>	x	x	Orange walk county, Belize
ROM	104023	<i>U. bilobatum</i>	x		Napo, Equador

ROM	108309	<i>U. convexum</i>	x	x	Limon, Costa Rica
ROM	104027	<i>U. bilobatum</i>	x		Napo, Equador
ROM	104350	<i>U. convexum</i>	x	x	Darien, Panamá
ROM	102997	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Takutu, Guiana
ROM	121013	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Sipaliwini, Suriname
ROM	120990	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Sipaliwini, Suriname
ROM	104050	<i>Uroderma</i> sp.	x	x	Napo, Equador
ROM	108319	<i>U. bilobatum</i>	x	x	Limon, Costa Rica
ROM	108320	<i>U. convexum</i>	x	x	Limon, Costa Rica
FMNH	170215	<i>U. bilobatum</i>	x		Madre de Dios, Peru

Anexo B. Lista de sequências que foram incorporadas via *GenBank* e *BOLD* para citocromo b e COI, seus respectivos números de acesso, espécie, gene, localidade e número diploide adotado pela referência.

NÚMERO DE ACESSO	Espécie	citb	COI	2n	LOCAL
AY169943	<i>U. convexum</i>	x		39	Choluteca, Honduras
AY169942	<i>U. convexum</i>	x		39	Choluteca, Honduras
AY169935	<i>U. convexum</i>	x		39	Choluteca, Honduras
AY169949	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169941	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169948	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY179947	<i>U. convexum</i>	x		39	Choluteca, Honduras
AY169937	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169946	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169945	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169944	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169936	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169940	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169939	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169934	<i>U. convexum</i>	x		41	Choluteca, Honduras
AY169938	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169950	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169951	<i>U. convexum</i>	x		38	Choluteca, Honduras
AY169931	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169930	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169929	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169933	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169932	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169928	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169927	<i>U. convexum</i>	x		38	Chinadega, Nicarágua
AY169925	<i>U. davisii</i>	x		44	Usulután, El Salvador
AY169923	<i>U. davisii</i>	x		44	Usulután, El Salvador
AY169926	<i>U. davisii</i>	x		44	Usulután, El Salvador
AY169924	<i>U. davisii</i>	x		44	Usulután, El Salvador

AY169920	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169915	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169912	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169913	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169916	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169910	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169921	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169919	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169922	<i>U. davisii</i>	x	43	La Paz, El Salvador
AY169918	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169914	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169917	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169911	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169904	<i>U. davisii</i>	x	44	La Paz, El Salvador
AY169901	<i>Uroderma</i> sp.	x	42	Huanuco, Peru
AY169902	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Marowijne, Suriname
AY169905	<i>U. bakeri</i>	x	42	Guarico, Calabozo Venezuela
AY169900	<i>U. bilobatum</i>	x	42	La Paz, Bolivia
AY169953	<i>U. bilobatum</i>	x	42*	Esmeraldas, Ecuador
DQ312406	<i>U. bilobatum</i>	x	42*	Esmeraldas, Ecuador
AY169952	<i>U. bilobatum</i>	x	42*	Esmeraldas, Ecuador
AY169903	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Nickerie Sipaliwini, Suriname
AY169907	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Onkone Gare, Ecuador
AY169906	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
AY169955	<i>U. convexum</i>	x	38	Darien, Panamá
AY169954	<i>U. convexum</i>	x	38	Darien, Panamá
AY169909	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Madre de Dios, Peru
AY169908	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Madre de Dios, Peru
ABECA055-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA334-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA605-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA616-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA636-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA654-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA772-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB022-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB024-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB026-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABGYB163-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB294-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB703-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Demerara-Berbice, Guiana
ABGYC133-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYC599-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana

ABGYC757-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Cuyuni-Mazaruni, Guiana
ABGYE269-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYE314-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYE461-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYG764-08	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABSMS466-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
BCBN346-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
BCBN629-05	<i>U. convexum</i>	x	38	Darien, Panamá
BCBNT431-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Limon, Costa Rica
BCBNT741-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Brokopondo, Suriname
ABECA169-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA324-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA506-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA511-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA643-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA935-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABGYA333-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYA715-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	East Berbice-Corentyne, Guiana
ABGYB031-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB161-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB162-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB332-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB380-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB411-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB490-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB563-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYD316-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYF240-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Demerara-Mahaica, Guiana
ABGYG1109-08	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABSMS482-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
ABSRA1365-10	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
BCBN354-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
BCBN576-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
BCBN590-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
BCBNT442-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Limon, Costa Rica
ABECA054-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA358-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA574-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA803-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB021-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABGYA191-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYA462-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana

ABGYA852-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB144-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB175-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB189-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB226-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB412-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB468-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB493-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYC365-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYC741-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Cuyuni-Mazaruni, Guiana
ABGYD134-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD431-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD440-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABSCA136-06	<i>U. convexum</i>	x	42	Limon, Costa Rica
BCBN340-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
BCBN575-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
BCBN711-05	<i>U. convexum</i>	x	38	Darien, Panamá
BCBNT769-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Brokopondo, Suriname
ABECA041-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA359-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA360-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA361-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB004-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABGYA048-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYA190-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYA306-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB292-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB518-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB593-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYC001-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD049-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Cuyuni-Mazaruni, Guiana
ABGYD171-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD194-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD372-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD491-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYF119-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Demerara-Mahaica, Guiana
ABGYF120-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Demerara-Mahaica, Guiana
ABGYF297-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABSCA035-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Canal Zone, Panamá
ABSRA426-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Nickerie, Suriname
ABSRA794-10	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname

BCBN794-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
BCBNT441-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Limon, Costa Rica
ABECA936-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA937-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB023-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECB025-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABGYA167-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYA491-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYA492-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB291-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB375-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYC107-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYD317-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYD473-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYE313-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYF199-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Demerara-Mahaica, Guiana
ABGYG500-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYG572-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYG848-08	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABSCA051-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Parque Nacional Altos de Campana, Panamá
ABSCA112-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Darien, Panamá
ABSMS262-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
ABSMS441-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
ABSMS485-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
BCBN628-05	<i>U. convexum</i>	x	38	Parque Nacional Altos de Campana, Panamá
BCBN979-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
BCBZ024-09	<i>U. convexum</i>	x	38	Orange Walk, Belize
ABECA700-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABECA934-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Napo, Ecuador
ABGYB143-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB148-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana
ABGYB489-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB491-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYB492-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYD137-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABGYF067-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Upper Takutu-Upper Essequibo, Guiana
ABGYG549-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Potaro-Siparuni, Guiana
ABSCA113-06	<i>U. convexum</i>	x	38	Darien, Panamá
ABSMS288-06	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Sipaliwini, Suriname
BCBN359-05	<i>U. bilobatum</i>	x	42	Barima-Waini, Guiana

BCBN608-05	<i>U. convexum</i>	x	38	Canal Zone, Panamá
BCBZ038-09	<i>U. convexum</i>	x	38	Orange Walk, Belize
BCBZ158-09	<i>U. convexum</i>	x	38	Orange Walk, Belize

Anexo C. Espécimes analisados morfológicamente. Siglas: **INPA** = Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia; **MZUSP** = Museu de Zoologia da Universidade Federal de São Paulo; **AMNH** = American Museum of Natural History; **USNM** = National Museum of Natural History, Smithsonian Institution; **UFMG** = Universidade Federal de Minas Gerais.

INSTITUIÇÃO	ID	LOCAL	S	TIPO DE ANÁLISE		
				PELE	CRÂNIO	MEDIDA CRANIANA
INPA	5737	Manaquiri, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	3946	Santarém, Pará, Brasil	F	X	X	X
INPA	6494	Careiro Castanho, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	6563	Humaitá, Amazonas, Brasil	F	X	-	X
INPA	6661	Careiro Castanho, Amazonas, Brasil	F	X	X	-
INPA	6560	Humaitá, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	6707	Manicoré, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	6065	Porto Velho, Roraima, Brasil	M	X	-	-
INPA	6167	Porto Velho, Roraima, Brasil	F	X	-	-
INPA	5981	Porto Velho, Roraima, Brasil	M	X	-	-
INPA	6271	Porto Velho, Roraima, Brasil	F	X	-	-
INPA	5998	Porto Velho, Roraima, Brasil	F	X	-	-
INPA	5970	Porto Velho, Roraima, Brasil	M	X	-	-
INPA	4995	Tapauá, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	4839	Envira, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	5329	Rio Madeira, Amazonas, Brasil	F	X	X	-
INPA	4911	Boca do Acre, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	4917	Boca do Acre, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	4940	Novo Aripuanã, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	5007	Beiruri, Amazonas, Brasil	M	X	X	-
INPA	1984	PDBFF, Amazonas, Brasil	M	X	-	X
INPA	0991	Uatumã, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	0824	Rio trombetas, Pará, Brasil	M	X	X	X
INPA	0827	Rio trombetas, Pará, Brasil	M	X	X	X
INPA	1583	Amazonas, Brasil	M	X	-	-
INPA	1092	Suframa, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	0825	Rio Trombetas, Pará, Brasil	F	X	X	-
INPA	1088	Suframa, Amazonas, Brasil	F	X	-	X
INPA	1523	Uraricoera, Roraima, Brasil	F	X	X	X
INPA	0990	Uatumã, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	0826	Rio Trombetas, Pará, Brasil	M	X	X	X
INPA	1199	Uraricoera, Roraima, Brasil	F	X	-	-
INPA	0989	Uatumã, Amazonas, Brasil	M	X	X	X

INPA	0828	Trombetas, Pará, Brasil	M	X	-	-
INPA	0525	Uatumã, Amazonas, Brasil	F	X	-	-
INPA	1986	PDBFF, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	1985	PDBFF, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
INPA	1983	PDBFF, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	1981	PDBFF, Amazonas, Brasil	M	X	X	X
INPA	1988	PDBFF, Amazonas, Brasil	F	X	-	X
INPA	6661	Careiro Castanho, Amazonas, Brasil	M	X	X	-
INPA	RM1063	Canutamas, Amazonas, Brasil	F	X	-	-
INPA	RM0887	Canutamas, Amazonas, Brasil	F	X	-	-
INPA	RM0892	Canutamas, Amazonas, Brasil	F	X	-	-
INPA	RM1117	Canutamas, Amazonas, Brasil	M	X	-	-
UFMG	VCT6277/ MPEG 40922	FLONA Carajás, Parauapebas, Pará, Brasil	M	X	X	-
UFMG	VCT1398	Pará, Brasil	M	X	X	-
UFMG	VCT6352	FLONA Carajás, Parauapebas, Pará, Brasil	F	X	X	-
UFMG	VCT6215/ MPEG 40790	FLONA Carajás, Parauapebas, Pará, Brasil	F	X	-	-
UFMG	VCT6221/ MPEG 40790	FLONA Carajás, Parauapebas, Pará, Brasil	F	X	X	X
UFMG	VCT1129	Pará, Brasil	F	X	X	X
UFMG	VCT698	Pará, Brasil	M	X	X	X
UFMG	VCT724/ UFMG 3280	Porto Trombetas, Oriximiná, Pará, Brasil	F	X	-	-
UFMG	VCT783/ UFMG 3296	Porto Trombetas, Oriximiná, Pará, Brasil	F	X	-	-
UFMG	VCT2844	Saracá, Pará, Brasil	F	X	X	X
UFMG	VCT2855	Pará, Brasil	F	X	X	-
UFMG	VCT4591	Pará, Brasil	F	X	X	X
UFMG	VCT1070	Pará, Brasil	F	X	X	X
UFMG	VCT2840	Saracá, Pará, Brasil	F	X	X	X
UFMG	VCT4590	Pará, Brasil	F	-	-	X
UFMG	VCT4198	Pará, Brasil	M	-	-	X
UFMG	VCT4475	Pará, Brasil	M	-	-	X
UFMG	VCT4594	Pará, Brasil	F	-	-	X
UFMG	VCT4564	Pará, Brasil	M	-	-	X
UFMG	VCT1398*	Pará, Brasil	M	-	-	X
UFMG	VCT1014	Pará, Brasil	M	-	-	X
UFMG	VCT1127	Pará, Brasil	F	-	-	X
UFMG	VCT3328	Pará, Brasil		-	-	X
UFMG	VCT3837	Pará, Brasil	F	-	-	X
UFMG	VCT1598	Pará, Brasil	F	-	-	X
UFMG	CA03	Brasil - Pantanal		-	-	X
UFMG	IG32W	Brasil - Pará		-	-	X
UFMG	VCT1129	Pará, Brasil	F	-	-	X
UFMG	VCT1410	Pará, Brasil	M	-	-	X
UFMG	VCT6222	Pará, Brasil	F	-	-	X

AMNH	243934	Santa Rosa, Guatemala	F	-	-	X
AMNH	244336	Santa Rosa, Guatemala	M	X	X	X
AMNH	7736/6121	Trinidad, Caroni County, Trinidad e Tobago	M	X	-	-
AMNH	7734/6122	Trinidad, Caroni County, Trinidad e Tobago	F	X	-	-
AMNH	29691	Trinidad, Saint George County, Trinidad e Tobago	M	X	X	X
AMNH	260011	Rio Negro, Amazonas, Venezuela	F	-	-	X
AMNH	260010	Rio Negro, Amazonas, Venezuela	M	-	-	X
AMNH	260009	Rio Negro, Amazonas, Venezuela	F	-	-	X
AMNH	256322	Trinidad, Saint George County, Trinidad e Tobago	F	X	X	X
AMNH	17026	Bolivar, Venezuela	F	X	X	-
AMNH	31509	Carabobo, Venezuela	M	X	-	-
AMNH	131802	Cartago, Costa Rica	F	X	X	-
AMNH	131803	Cartago, Costa Rica	F	X	-	-
AMNH	123330	Putaneras, Costa Rica	M	X	X	-
AMNH	132765	Lara, Venezuela	F	X	X	X
AMNH	132766	Lara, Venezuela	F	X	X	X
AMNH	132768	Lara, Venezuela	F	X	-	-
AMNH	132769	Lara, Venezuela	F	X	-	-
AMNH	37595	Darien, Panamá	F	-	-	X
AMNH	37602	Darien, Panamá	F	-	-	X
AMNH	38138	Darien, Panamá	F	X	-	X
AMNH	38139	Darien, Panamá	M	X	-	X
AMNH	38142	Darien, Panamá	M	X	-	-
AMNH	38143	Darien, Panamá	F	X	-	-
AMNH	212904	Darien, Panamá	F	X	X	X
AMNH	38136	Darien, Panamá	F	X	-	-
AMNH	38135	Darien, Panamá	F	X	-	-
AMNH	185003	Colon, Panamá	F	-	-	X
AMNH	185002	Colon, Panamá	F	-	-	X
AMNH	184994	Colon, Panamá	F	-	-	X
AMNH	18767	Chiquiri, Panamá	M	X	-	-
AMNH	213379	Pasco, Peru	M	X	-	X
AMNH	230631	Pasco, Peru	M	X	X	X
AMNH	230632	Pasco, Peru	F	X	X	X
AMNH	230633	Pasco, Peru	M	X	X	X
AMNH	230634	Pasco, Peru	M	X	X	X
AMNH	11837/10129	San Martin, Peru	M	X	-	-
AMNH	11838/10130	San Martin, Peru	F	X	X	X
AMNH	11839/10131	San Martin, Peru	F	X	-	-
AMNH	11840/10132	San Martin, Peru	F	X	X	X
AMNH	11842/10134	San Martin, Peru	M	X	-	-
AMNH	69230	Bagua, Amazonas, Peru	M	X	-	X
AMNH	69231	Bagua, Amazonas, Peru	F	X	X	X

AMNH	73504	Loreto, Peru	F	-	-	X
AMNH	33226	Esmeraldas, Ecuador	F	X	-	-
AMNH	33228	Esmeraldas, Ecuador	M	X	-	-
AMNH	33232	Esmeraldas, Ecuador	M	X	X	X
AMNH	33230	Esmeraldas, Ecuador	M	-	-	X
AMNH	267463	Cayenne, Guiana Francesa	M	-	-	X
AMNH	267464	Cayenne, Guiana Francesa	M	-	-	X
AMNH	267465	Cayenne, Guiana Francesa	F	-	-	X
AMNH	267469	Cayenne, Guiana Francesa	F	-	-	X
AMNH	266257	Cayenne, Guiana Francesa	F	X	X	X
AMNH	267174	Cayenne, Guiana Francesa	F	X	X	X
AMNH	267178	Cayenne, Guiana Francesa	F	X	-	-
AMNH	267183	Cayenne, Guiana Francesa	M	X	X	X
AMNH	267470	Cayenne, Guiana Francesa	M	X	X	X
AMNH	15201	Magdalena, Colômbia	M	X	X	X
AMNH	15200	Magdalena, Colômbia	F	X	-	-
AMNH	15198	Magdalena, Colômbia	F	X	X	X
AMNH	15192	Magdalena, Colômbia	F	X	-	-
AMNH	15196	Magdalena, Colômbia	F	X	X	X
AMNH	15195	Magdalena, Colômbia	F	X	-	X
AMNH	14578	Magdalena, Colômbia	?	X	X	X
AMNH	14577	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
AMNH	254643	Chiapas, México	F	-	-	X
AMNH	254641	Chiapas, México	F	-	-	X
AMNH	23653	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
AMNH	23652	Magdalena, Colômbia	F	X	-	-
AMNH	23651	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
AMNH	15206	Magdalena, Colômbia	M	X	X	X
AMNH	15205	Magdalena, Colômbia	F	X	X	X
AMNH	15204	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
AMNH	15203	Magdalena, Colômbia	M	X	X	X
AMNH	15202	Magdalena, Colômbia	F	X	-	-
AMNH	15197	Magdalena, Colômbia	M	-	-	X
AMNH	23655	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
AMNH	23654	Magdalena, Colômbia	F	X	-	-
AMNH	95466	Pará, Brasil	F	X	-	-
AMNH	95467	Pará, Brasil	F	X	X	X
AMNH	97077	Pará, Brasil	M	X	-	-
AMNH	97078	Pará, Brasil	F	X	-	-
AMNH	97079	Pará, Brasil	M	X	-	X
AMNH	97086	Pará, Brasil	M	X	-	X
AMNH	95459	Pará, Brasil	M	X	-	-
AMNH	95461	Pará, Brasil	F	X	-	-
AMNH	95462	Pará, Brasil	F	X	-	-
AMNH	95463	Pará, Brasil	F	X	-	-

AMNH	95465	Pará, Brasil	F	X	-	X
AMNH	175649	Trinidad, Mayaro County, Trinidad	F	-	-	X
AMNH	183166	Trinidad, Saint George County, Trinidad	M	-	-	X
AMNH	210775	Cochabamba, Bolívia	F	X	X	X
AMNH	210776	Cochabamba, Bolívia	M	X	X	X
AMNH	210777	Santa Cruz, Bolívia	F	X	X	X
AMNH	248109	Cochabamba, Bolívia	F	X	X	-
AMNH	248110	Cochabamba, Bolívia	F	X	-	-
AMNH	248111	Cochabamba, Bolívia	F	X	-	X
USNM	281150	Magdalena, Colômbia	F	X	-	X
USNM	281153	Magdalena, Colômbia	F	X	X	X
USNM	281154	Magdalena, Colômbia	F	X	-	X
USNM	281155	Magdalena, Colômbia	F	X	-	-
USNM	281156	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
USNM	281157	Magdalena, Colômbia	F	X	X	X
USNM	281159	Magdalena, Colômbia	F	-	-	X
USNM	281161	Magdalena, Colômbia	M	X	-	-
USNM	393686	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	M	X	X	X
USNM	393687	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	M	X	X	X
USNM	393688	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	F	X	X	X
USNM	393689	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	M	X	X	X
USNM	393690	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	M	X	X	X
USNM	393691	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	F	X	X	X
USNM	393692	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	M	X	X	X
USNM	393693	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	M	X	X	X
USNM	393694	Serra do Roncador, Mato Grosso, Brasil	F	X	X	X
USNM	256485	San Geronimo, Costa Rica	M	X	X	X
USNM	566448	Puntarenas, Costa Rica	F	X	X	X
USNM	317605	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317606	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317607	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317608	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317609	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317610	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317611	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317612	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	317613	Canal Zone, Panamá	F	X	X	X
USNM	502257	Santa Rosa, Guatemala	M	X	X	X
USNM	502258	Santa Rosa, Guatemala	M	X	X	X

USNM	502259	Santa Rosa, Guatemala	F	X	X	X
USNM	502260	Santa Rosa, Guatemala	F	X	X	X
USNM	502261	Santa Rosa, Guatemala	F	X	X	X
USNM	564889	Zacapa, Guatemala	F	X	X	X
USNM	564890	San Marcos, Guatemala	M	X	X	X
USNM	564891	San Marcos, Guatemala	M	X	X	X
USNM	564892	San Marcos, Guatemala	M	X	X	X
USNM	498909	Guayas, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498911	Guayas, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498910	Guayas, Ecuador	F	X	X	X
USNM	498913	Los Rios, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498912	Guayas, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498914	Los Rios, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498915	Los Rios, Ecuador	F	X	X	X
USNM	498916	Los Rios, Ecuador	F	X	X	X
USNM	498917	Los Rios, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498918	Los Rios, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498919	Los Rios, Ecuador	M	X	X	X
USNM	498920	Los Rios, Ecuador	F	X	-	X
USNM	461253	Pucallpa, Peru	M	X	X	X
USNM	499090	Ucayali, Peru	F	X	X	X
USNM	499092	Ucayali, Peru	M	X	X	X
USNM	499093	Ucayali, Peru	F	X	X	X
USNM	507185	Junin, Peru	M	X	X	X
USNM	507186	Junin, Peru	F	X	X	X
USNM	583029	Stann Creek, Belize	M	X	X	X
USNM	583030	Stann Creek, Belize	M	X	X	X
USNM	583031	Stann Creek, Belize	M	X	X	X
USNM	565530	Potaro-Siparuni, Guiana	M	X	X	X
USNM	582323	Upper Demerara-Berbice, Guiana	F	X	X	X
USNM	448539	Zulia, Venezuela	M	X	X	X
USNM	448540	Zulia, Venezuela	M	X	X	X
USNM	560586	Neblina Base Camp, Rio Mawarinuma, Venezuela	M	X	X	X
USNM	560587	Neblina Base Camp, Rio Mawarinuma, Venezuela	M	X	X	X
USNM	560588	Neblina Base Camp, Rio Mawarinuma, Venezuela	F	X	X	X
USNM	560589	Neblina Base Camp, Rio Mawarinuma, Venezuela	F	X	X	X
USNM	560802	Neblina Base Camp, Rio Mawarinuma, Venezuela	F	X	X	X
USNM	530977	Manaus, Amazonas, Brasil	F	X	X	X
USNM	549406	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X
USNM	549407	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X
USNM	549408	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X
USNM	549409	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X

USNM	549411	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X
USNM	549410	Altamira, Pará, Brasil	F	X	X	X
USNM	549412	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X
USNM	549413	Altamira, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22549	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22551	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22583	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22722	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22655	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22633	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	22538	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	F	X	X	X
MZUSP	22652	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	F	X	X	X
MZUSP	22559	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	X	X
MZUSP	18486	Belém, Pará, Brasil	F	X	X	-
MZUSP	22548	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	F	X	X	-
MZUSP	2371	Junin, Chanchamayo, Peru	M	X	-	X
MZUSP	22550	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	22547	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	28241	Alta Floresta Rio Cristalino, Mato Grosso, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	28240	Alta Floresta Rio Cristalino, Mato Grosso, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	12339	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	9905	Benjamin Constant, Amazonas, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	13213	Rio Trombetas, Lago Leonardo, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	13260	Lago jacaré, Rio Trombetas, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12600	Transamazônica, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	20240	Cachoeira de Nazaré, Rondônia, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12984	Lago Leonardo Rio Trombetas, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	13316	Lago Leonardo Rio Trombetas, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	28242	Alta Floresta Rio Teles Pires, Mato Grosso, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	20241	Cachoeira de Nazaré, Rondônia, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12909	Lago Leonardo Rio Trombetas, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12735	Transamazônica, Pará, Brasil	F	X	-	-

MZUSP	12736	Transamazônica, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	13334	Lago Leonardo Rio Trombetas, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12631	Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	22826	Pedra Branca, Roraima, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	22824	Pedra Branca, Roraima, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	22825	Pedra Branca, Roraima, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	21499	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	21500	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	21501	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12350	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12343	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12346	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12340	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12348	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	12341	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	12345	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	12351	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	?	X	-	-
MZUSP	12344	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	12347	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	12342	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	F	X	-	-
MZUSP	12349	Ilha Grande, Uruá, Rio Tapajós, Pará, Brasil	M	X	-	-
MZUSP	3943	Amorim, Rio Tapajós, Pará, Brasil	F	-	-	X
MZUSP	18486	Belém, Pará, Brasil	F	-	-	X
MZUSP	22548	Cachoeira do Espelho, Rio Xingú, Pará, Brasil	F	-	-	X

Anexo D. Seleção dos caracteres discretos utilizados no presente trabalho.



7N – cinza claro



3N – cinza sem aspecto frosting



6/N/4 bege claro

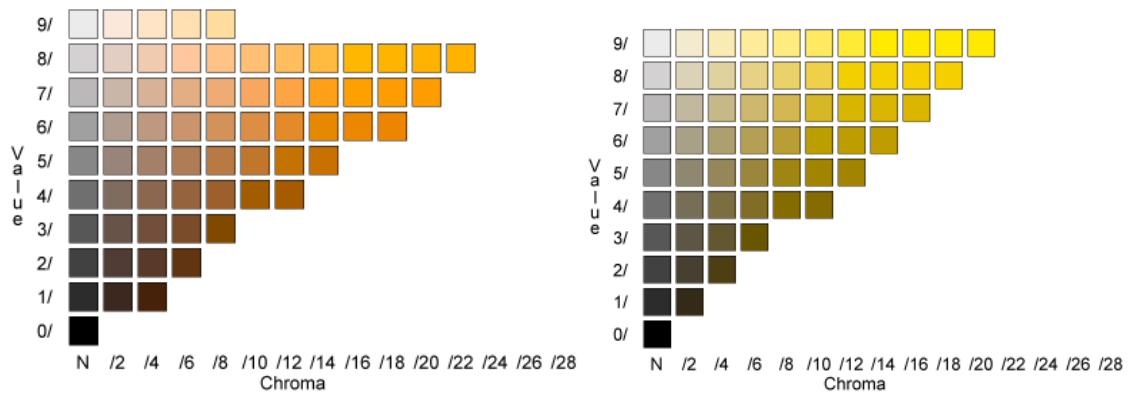


Tabela cromática de Munsell para cores utilizada como base para o caráter coloração dos pelos.

LISTA DE CARACTERES MORFOLÓGICOS DISCRETOS

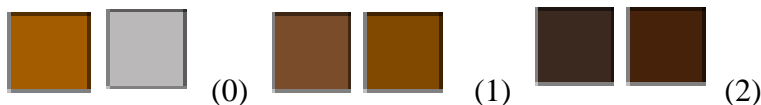
Carácter 1: *Diferenciação na coloração da pelagem dorsal e ventral* (Tavares 2008)

Pelagem dorsal diferente, em coloração, da pelagem ventral (0); pelagem dorsal e ventral uniforme (1).

Carácter 2: *Coloração geral da pelagem dorsal*

Pelagem dorsal de cores bege claro ou cinza claro (0); castanho médio ou bege escuro (1); marrom escuro ou cinza escuro (2).

Este carácter não foi previamente utilizado em análises filogenéticas de Stenodermatinae.



Carácter 3: *Padrão de bandas do pelo dorsal* (Wetterer *et al.* 2000)

Pelos individuais da pelagem dorsal unicolores, sem bandeamento aparente (0); bicolors, com a base clara e ponta marrom (1); tricolors, com base clara, meio marrom e extremidade de aspecto como se fora congelado, ou “frosting” (2).

Carácter 4: *Coloração geral dos pelos ventrais (macroscopicamente)*

Pelagem ventral bege-pálido com aspecto congelado, “frosting” (0); cinza claro com aspecto “frosting” (1); cinza claro sem aspecto “frosting” (2).

Este carácter não foi previamente utilizado em análises filogenéticas de Stenodermatinae.

Carácter 5: Padrão de bandas do pelo ventral

Pelos individuais da pelagem ventral unicolores, sem bandeamento aparente (0); bicolores, com bases bege claro e pontas cinza claro (1); tricolores, com base bege, meio cinza e extremidades *frosting* (3).

Carácter 6: Presença de lista dorsal (Lim 1993)

Ausência de listra na região mediana (0); presença de listra mediana (1)

Carácter 7: Intensidade da lista dorsal (modificado de Tavares 2008)

Listra tênue, não contrastando fortemente com a cor da pelagem dorsal (0); listra evidente, contrastando fortemente com a cor da pelagem dorsal (1)

Carácter 8: Extensão da lista dorsal (Tavares 2008)

Listra dorsal estende anteriormente à cabeça, passando em paralelo e entre as listras dorso-medianas faciais (0); listra dorsal termina na base da cabeça, não corre entre listras faciais ou se o faz é apenas em uma pequena extensão (1); começa na metade do dorso (2).

Carácter 9: Listas faciais (Tavares 2008)

Pelagem facial uniforme (0); pelagem facial interrompida por manchas brancas rudimentares ou listras antero-dorsal ou ventromedial (1); listras pálidas presentes na região dorso- medial e ventro-laterais (2).

Carácter 10: Largura de listas faciais (Tavares 2008)

Dorso-medial (=supra-orbital) e ventro-laterais (=malar) listras faciais de largura iguais (0); listras faciais dorso-medial mais amplas que as listras ventro-laterais (1)

Carácter 11: Intensidade das listas faciais (Tavares 2008)

Lista facial tênue (0); fortemente marcada (1)

Carácter 12: Distribuição de pelos do plagiopatágio ventral (modificado de Tavares 2008)

Plagiopatágio ventral pouco piloso, pelos com a mesma cor da pelagem dorsal (0); plagiopatágio com pelos longos e grisalhos (1).

Carácter 13: Cor do pelo na região dorsal do uropatágio (Tavares 2008)

Cor semelhante à pele sendo imperceptível macroscopicamente (0); pelo contrasta com a cor da pele do uropatágio (1)

Carácter 14: Coloração do pavilhão auricular (Tavares 2008)

Pavilhão auricular com coloração uniforme (0); pavilhão auricular com bordas de coloração diferenciada (1)

Carácter 15: Extensão da lista pálida nas margens do pavilhão auricular (Tavares 2008)

Listra pálida ao longo da margem do pavilhão auricular não contínuos e desaparecem dorsolaterais (0); listra pálido contínuo ao longo da fronteira inteira de pavilhão auricular (1).

Carácter 16: Cor de lista pálida nas margens do pavilhão auricular (Tavares 2008)

Lista creme ou esbranquiçada ao redor do pavilhão auricular (0), ou listras amarelo puro (1).

Carácter 17: Cor do lóbulo basal (Tavares 2008)

Lóbulo da mesma cor do pavilhão auditivo, sem contraste (0); lóbulo basal colorido ou amarelo pálido ou esbranquiçado (1).

Carácter 18: Cor do trago (Tavares 2008)

Tragus de coloração pálida, não contrastante com a cor do pavilhão auricular interno (0); a maior parte do tragus colorido e contrasta fortemente com a cor do pavilhão do ouvido interno de fundo (1).

Carácter 19: Coloração da folha nasal (modificado de Tavares 2008)

Folha unicolor, ou com gradações de cores que não são possíveis de distinguir (0); bicolor (1).

MORFOLOGIA DO CRÂNIO

Carácter 20: Perfil vista dorsal (2) (Davis 1968)

Marcada depressão na região frontal do rosto (0); rosto plano (1).

Carácter 21: Comprimento rosto crânio (4) (modificado de Tavares 2008)

Comprimento do crânio relativamente longo, aproximadamente, duas vezes o comprimento do rostro (0); relativamente reduzido, o comprimento do crânio cerca de 1/2 do comprimento do rostro (1).

Carácter 22: Largura e altura relativas da caixa craniana (5) (modificado de Tavares 2008)

Altura maior que a largura da caixa craniana (0); igual ou largura ligeiramente maior do que a altura, teto anterior de caixa craniana visivelmente arredondado (1).

DENTES

Carácter 23: Forma do incisivo interno superior (7) (Tavares 2008)

Quadrado em vista anterior, largura e altura semelhantes, com margem ventral arredondada (0); retangular em vista anterior, com margem ventral arredondada (1).

Carácter 24: Orientação do incisivo interno superior (8) (Tavares 2008)

Extremidades dirigidas ventralmente, não convergente (0); dirigido medialmente, pontas parecem convergir (1).

Carácter 25: Lobos nos incisivos internos superiores (9) (modificado de Tavares 2008)

Incisivo interno superior geralmente sem entalhe em sua margem distal e nunca bilobado (0); bilobado (1).

Carácter 26: Profundidade do entalhe no interior incisivo superior bilobado(10) (Tavares 2008)

Entalhe de incisivo superior interna profundo e aberta (0); superficial (1).

Carácter 27: Padrão bilobado do incisivo superior interno (11) (Tavares 2008)

Incisivo superior interno bilobado, sem desgaste aparente (0); bilobado, indivíduo muitas vezes mostra desgaste e perda parcial ou completa da condição bilobado (1).

Carácter 28: Tamanho relativo de lobos no incisivo interno superior (12) (Tavares 2008)

Lobo interior e exterior iguais (0); lobo interior mais amplo e alongado que lobo exterior (1); lobo exterior mais amplo que o lobo interior (2).

Carácter 29: Forma do incisivo superior externo (modificado de Tavares 2008)

Incisivo superior externo simples, sem cúspide posterior (0); bilobado, com lobos iguais e se assemelha à um pequeno incisivo interno superior (1); bilobado, com a região pósteromediana sulcada formando os lobos (2); irregularmente bilobado, com grande lobo inferior medial (3); sulcado longitudinalmente (4).

APÊNDICES

Apêndice A. Teste de dimorfismo sexual (Hotelling – test), realizado no programa R, $p < 0.001$ *. Siglas: **FA** = antebraço; **METIII** = terceiro metacarpo; **GLS** = comprimento total do crânio; **MTL** = comprimento da série de dentes superiores; **BL** = profundidade da caixa craniana; **ML** = comprimento da mandíbula; **ZB** = largura zigomática; **BC** = largura do rosto através dos caninos; **PL** = comprimento palatal; **Sum sq** = desvio da média dentro e entre as variáveis independentes; **Mean sq** = soma dos quadrados dividido pelo grau de liberdade; **F-value** = grau de diferente que a variável dependente gera sob a variável independente.

	FA	MTEIII	GLS	MTL	BL	ML	ZB	BC	PL
Sum sq	444	399	28060	21560	20454	16124	4132	9156	31050
Mean sq	222.1	199.3	14029.8	10780.1	10227	8062.1	2066.13	4577.9	15525
F-value	1.192	1.177	11.081	16.996	10.219	9.7279	2.2244	12.687	15.28
Pr > F	0.305	0.31	$2.944 \cdot 10^{-5} *$	$1.48 \cdot 10^{-7} *$	$5.88 \cdot 10^{-5} *$	$9.20 \cdot 10^{-5} *$	0.1107	$6.38 \cdot 10^{-6} *$	$6.52 \cdot 10^{-7} *$

Apêndice B. Matriz de caracteres discretos para indivíduos do complexo *Uroderma bilobatum*, siglas: **INPA** = Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia; **MZUSP** = Museu de Zoologia da Universidade Federal de São Paulo; **AMNH** = American Museum of Natural History; **USNM** = National Museum of Natural History, Smithsonian Institution; **UFMG** = Universidade Federal de Minas Gerais; ? = *missing-data*.

Instituição	Número de Identificação	País	S	Número de																												
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
INPA	5007	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	1	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	2
INPA	4911	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	3
INPA	4917	Brasil	M	0	1	1	1	1	1	?	2	2	?	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1
INPA	6661	Brasil	F	0	2	1	1	1	1	?	1	2	?	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	3
INPA	6494	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	2
INPA	4839	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	2	2	1	?	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	2
INPA	6560	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	2
INPA	5329	Brasil	F	0	1	1	1	1	1	?	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	1
INPA	5737	Brasil	F	0	1	1	1	1	1	?	2	2	?	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1

INPA	1583	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	?	?	2	1	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?				
INPA	6707	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1	2				
INPA	4940	Brasil	M	0	1	1	1	1	1	?	?	1	1	0	?	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2		
INPA	1985	Brasil	M	0	?	1	?	?	1	1	?	1	?	0	?	?	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2		
INPA	1981	Brasil	M	0	?	1	?	?	1	1	?	1	?	0	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2		
INPA	1984	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	?	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
INPA	1988	Brasil	F	0	?	1	?	?	1	1	?	1	?	0	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
INPA	1986	Brasil	M	0	?	1	?	?	1	1	?	1	?	0	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2		
INPA	1983	Brasil	M	0	?	1	?	?	1	1	?	1	?	0	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2	
INPA	825	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	2	
INPA	824	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	1	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	
INPA	826	Brasil	M	0	1	2	1	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2	
INPA	827	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	3	
INPA	828	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
INPA	3946	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	1	1	2	?	1	?	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2	
INPA	1092	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	2	
INPA	1088	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	4995	Brasil	M	0	2	1	1	1	1	1	1	2	?	1	0	0	1	1	0	1	1	?	1	1	1	1	0	1	1	1	?	?	
INPA	990	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	
INPA	989	Brasil	M	0	1	1	0	1	1	?	?	2	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2
INPA	991	Brasil	M	0	1	1	1	1	1	?	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	
INPA	1523	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	?	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	
INPA	6563	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	?	1	2	?	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	6271	Brasil	F	0	1	1	1	1	1	?	1	2	?	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	6065	Brasil	M	0	1	1	0	1	?	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	6167	Brasil	F	0	1	1	1	1	1	?	1	?	0	0	1	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	5981	Brasil	M	0	1	1	1	1	1	?	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	5998	Brasil	F	0	1	1	1	1	1	?	1	?	1	0	0	1	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	5970	Brasil	M	0	1	1	1	1	1	?	2	2	?	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	1199	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	?	?	2	2	2	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	525	Brasil	?	0	1	1	1	3	1	?	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
INPA	RM1063	Brasil	F	0	?	1	1	3	1	1	1	1	?	0	2	0	0	?	?	0	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		

INPA	RM887	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?								
INPA	RM892	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?						
INPA	RM1117	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?					
UFMG	1398	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	1	?	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	?	0												
UFMG	1070	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0										
UFMG	1129	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	?	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	2													
UFMG	6277	Brasil	M	0	2	1	1	1	1	?	?	2	1	1	1	?	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0													
UFMG	2844	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	2	0																			
UFMG	4591	Brasil	F	0	0	1	0	1	1	1	?	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0															
UFMG	2840	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	?	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0																	
UFMG	783	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?				
UFMG	698	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2																			
UFMG	6221	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	?	?	2	1	?	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2																	
UFMG	6352	Brasil	F	0	2	1	1	1	1	?	?	2	1	?	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	?	0	1	1	1	1	2																			
UFMG	724	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
UFMG	2855	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	?	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	?	?	0	0	1	0	0	1	2																				
UFMG	6215	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	?	1	2	1	?	1	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	131803	Costa Rica	F	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	123330	Costa Rica	M	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	2																				
AMNH	131802	Costa Rica	F	0	1	1	?	?	1	1	1	2	0	1	?	?	?	?	?	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	2																				
AMNH	33226	Ecuador	F	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
AMNH	33228	Ecuador	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
AMNH	33232	Ecuador	M	0	1	1	2	1	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	3																					
AMNH	244336	Guatemala	M	0	1	1	2	1	1	1	1	2	0	1	1	?	0	?	?	1	1	0	?	1	1	1	0	1	0	0	1	?																				
AMNH	266257	Guiana Francesa	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	2														
AMNH	267183	Guiana Francesa	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1																	
AMNH	267174	Guiana Francesa	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1																	

AMNH	267178	Guiana Francesa	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?					
AMNH	267470	Guiana Francesa	M	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4			
AMNH	29691	Trinidad e Tobago	M	0	1	2	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	0	1	1	?	?	?	?			
AMNH	256322	Trinidad e Tobago	F	0	1	1	0	1	1	1	?	2	0	1	?	?	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	
AMNH	6121	Trinidad e Tobago	M	0	1	2	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	?	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	6122	Trinidad e Tobago	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	31509	Venezuela	F	0	0	1	?	?	1	1	1	2	0	1	?	0	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	17026	Venezuela	F	0	2	1	1	1	1	1	?	2	0	1	?	?	0	?	?	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0		
AMNH	132765	Venezuela	F	0	1	1	1	1	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	
AMNH	132766	Venezuela	F	0	2	1	1	1	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	
AMNH	132768	Venezuela	F	0	0	1	1	1	1	1	?	2	0	1	1	0	?	?	?	?	?	?	1	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	132769	Venezuela	F	0	2	1	1	3	1	0	1	2	0	1	1	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	38135	Panamá	F	0	2	1	1	1	1	1	1	2	?	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	38136	Panamá	F	0	2	1	1	1	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	18767	Panamá	M	0	2	1	2	1	1	1	1	2	?	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	38138	Panamá	F	0	1	1	1	1	1	0	?	2	?	1	?	0	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	38139	Panamá	M	0	2	1	1	1	1	1	1	2	?	1	1	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	38142	Panamá	M	0	2	1	2	1	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	38143	Panamá	F	0	2	1	1	1	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	212904	Panamá	F	0	1	1	1	2	1	0	1	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1
AMNH	10129	Peru	M	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	11838	Peru	F	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2
AMNH	11839	Peru	F	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	11840	Peru	F	0	1	1	2	1	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0
AMNH	11842	Peru	M	0	0	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	69230	Peru	F	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	69231	Peru	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0

AMNH	213379	Peru	M	0	1	1	2	1	1	0	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?							
AMNH	230631	Peru	M	0	1	1	2	3	1	0	?	?	?	?	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	2									
AMNH	230632	Peru	F	0	1	1	1	3	1	0	?	2	1	?	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0									
AMNH	230633	Peru	M	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1								
AMNH	230634	Peru	M	0	1	1	1	3	1	1	1	1	?	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	2								
AMNH	14577	Colômbia	M	0	1	1	0	3	1	1	?	2	0	1	1	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?							
AMNH	14578	Colômbia	?	0	1	1	0	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1							
AMNH	15201	Colômbia	M	0	1	1	2	3	1	0	?	2	0	1	?	0	?	?	?	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2	0	0	1	2								
AMNH	15200	Colômbia	F	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?						
AMNH	15195	Colômbia	F	0	1	1	0	3	1	0	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?						
AMNH	15196	Colômbia	F	0	1	1	0	3	1	1	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1							
AMNH	15198	Colômbia	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	4	0	0	0	4							
AMNH	23653	Colômbia	M	0	1	1	0	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?					
AMNH	23652	Colômbia	F	0	1	1	0	3	1	1	1	2	0	1	1	1	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?					
AMNH	23651	Colômbia	M	0	1	1	0	3	1	?	?	2	0	1	?	?	1	0	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?					
AMNH	15206	Colômbia	M	0	1	1	0	3	1	?	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	2	0	0	0	0	2							
AMNH	15205	Colômbia	F	0	1	1	0	3	1	1	1	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	4	0	0	0	0	4							
AMNH	15204	Colômbia	M	0	1	1	0	3	1	?	?	?	0	0	?	?	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?				
AMNH	15203	Colômbia	M	0	1	1	0	3	?	?	?	2	0	1	1	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	4	0	0	0	0	4							
AMNH	15202	Colômbia	F	0	1	1	0	3	?	?	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?				
AMNH	23655L	Colômbia	M	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?				
AMNH	23654	Colômbia	F	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	95466	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?				
AMNH	95467	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
AMNH	97077	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	97078	Brasil	F	0	2	?	?	?	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	97079	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	97086	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	?	?	?	1	1	0	1	?	0	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	95459	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	95461	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	95462	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
AMNH	95463	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		

AMNH	95465	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?			
AMNH	210775	Bolívia	F	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	?	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0		
AMNH	210776	Bolívia	M	0	1	1	1	3	1	0	1	2	0	1	?	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	
AMNH	210777	Bolívia	F	0	1	1	1	3	1	0	1	2	0	1	?	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0
AMNH	248109	Bolívia	F	0	1	1	1	3	0	?	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	4
AMNH	248110	Bolívia	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
AMNH	248111	Bolívia	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	0	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	18486	Brasil	F	0	1	1	2	1	1	0	?	2	0	1	0	0	?	?	?	?	?	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	4
MZUSP	12339	Brasil	M	0	1	1	0	1	?	?	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	9905	Brasil	M	0	1	1	?	1	1	?	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	13213	Brasil	M	0	1	1	?	1	1	?	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	13260	Brasil	M	0	1	1	2	?	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12600	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	20240	Brasil	M	0	1	1	?	?	1	1	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12984	Brasil	F	0	2	1	?	?	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	13316	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	28242	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	20241	Brasil	M	0	1	1	2	?	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12909	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12735	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12736	Brasil	M	0	2	1	2	1	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	13334	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12631	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	22826	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	22824	Brasil	M	0	2	1	?	?	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	22825	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	0	?	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	21499	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	21500	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	21501	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12350	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12343	Brasil	M	0	1	1	?	?	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	12346	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?

MZUSP	12340	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12348	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12341	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12345	Brasil	F	0	1	1	1	3	0	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12351	Brasil	?	0	1	1	1	3	?	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12344	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12347	Brasil	M	?	0	1	?	?	0	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12342	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	12349	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	?	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	28241	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	?	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	28240	Brasil	F	0	1	1	0	1	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	22547	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
MZUSP	22549	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0
MZUSP	22550	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
MZUSP	22551	Brasil	M	0	1	1	1	3	0	0	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	
MZUSP	22583	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	2	4	4	
MZUSP	22722	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	4	4
MZUSP	22655	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1
MZUSP	22633	Brasil	M	0	2	1	1	3	0	?	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	4	4	4
MZUSP	22538	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	0	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	2	2	2
MZUSP	22652	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	2	2	2
MZUSP	22559	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	4	4	4
MZUSP	22548	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1
MZUSP	2371	Peru	M	0	2	1	2	1	1	0	?	2	0	0	?	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
USMN	583029	Belize	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	4	4	4
USMN	583030	Belize	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	2	2	2
USMN	583031	Belize	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4	4	4
USMN	530977	Brasil	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	?	?	?	?	?	?	4	4	4
USMN	393686	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	2	2	2
USMN	393687	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	2	2	2
USMN	393688	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	2	2	2
USMN	393689	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1

USMN	393690	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	
USMN	393691	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
USMN	393692	Brasil	M	0	1	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	2								
USMN	393693	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2								
USMN	393694	Brasil	F	0	2	1	1	3	0	?	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	2					
USMN	549406	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	4						
USMN	549407	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	549408	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	549409	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	549410	Brasil	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	549411	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	549412	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	2						
USMN	549413	Brasil	M	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	2						
USMN	281150	Colômbia	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	
USMN	281153	Colômbia	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0					
USMN	281154	Colômbia	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
USMN	281155	Colômbia	F	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
USMN	281156	Colômbia	M	0	2	1	2	1	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
USMN	281157	Colômbia	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	4			
USMN	281161	Colômbia	M	0	2	1	?	?	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
		Costa																																			
USMN	256485	Rica	M	0	1	1	2	1	1	1	1	2	0	1	?	?	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
		Costa																																			
USMN	566448	Rica	F	0	1	1	2	1	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	4						
USMN	498909	Equador	M	0	2	1	?	?	1	1	1	2	0	1	1	0	0	?	?	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	498911	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	0	?	?	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	2						
USMN	498910	Equador	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	?	2						
USMN	498913	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	?	0	?	?	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2					
USMN	498912	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2					
USMN	498914	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	4						
USMN	498915	Equador	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	4						
USMN	498916	Equador	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	2						

USMN	498917	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	2		
USMN	498918	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	2	
USMN	498919	Equador	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	0	?	?	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	3			
USMN	498920	Equador	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?		
USMN	502257	Guatemala	M	0	1	1	2	1	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	2			
USMN	502258	Guatemala	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	2			
USMN	502259	Guatemala	F	0	1	1	?	?	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	2			
USMN	502260	Guatemala	F	0	1	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	2			
USMN	502261	Guatemala	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	4			
USMN	564889	Guatemala	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2			
USMN	564890	Guatemala	M	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2			
USMN	564891	Guatemala	M	0	1	1	2	1	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	?			
USMN	564892	Guatemala	M	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2			
		Guiana																																	
USMN	565530	Francesa	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2
		Guiana																																	
USMN	582323	Francesa	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	4			
USMN	317605	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	?	?	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2			
USMN	317606	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	3			
USMN	317607	Panamá	F	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4			
USMN	317608	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1			
USMN	317609	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4			
USMN	317610	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2			
USMN	317611	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4			
USMN	317612	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4			
USMN	317613	Panamá	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	?			
USMN	461253	Peru	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	2			
USMN	499090	Peru	F	0	2	1	1	3	1	0	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	2			
USMN	499092	Peru	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	?	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	2			
USMN	499093	Peru	F	0	2	1	1	3	1	1	?	2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2			
USMN	507185	Peru	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2			
USMN	507186	Peru	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	2			

USMN	448539	Venezuela	M	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2
USMN	448540	Venezuela	M	0	1	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	4
USMN	560586	Venezuela	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	4	
USMN	560587	Venezuela	M	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4
USMN	560588	Venezuela	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	2
USMN	560589	Venezuela	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	4
USMN	560802	Venezuela	F	0	2	1	1	3	1	1	1	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	4

Apêndice C. Prancha com espécimes analisados para os três grupos propostos: *U. bilobatum*, *U. convexum* e *U. davisii*; Foto de *U. bakeri* retirada de Mantilla-Meluk 2014.

