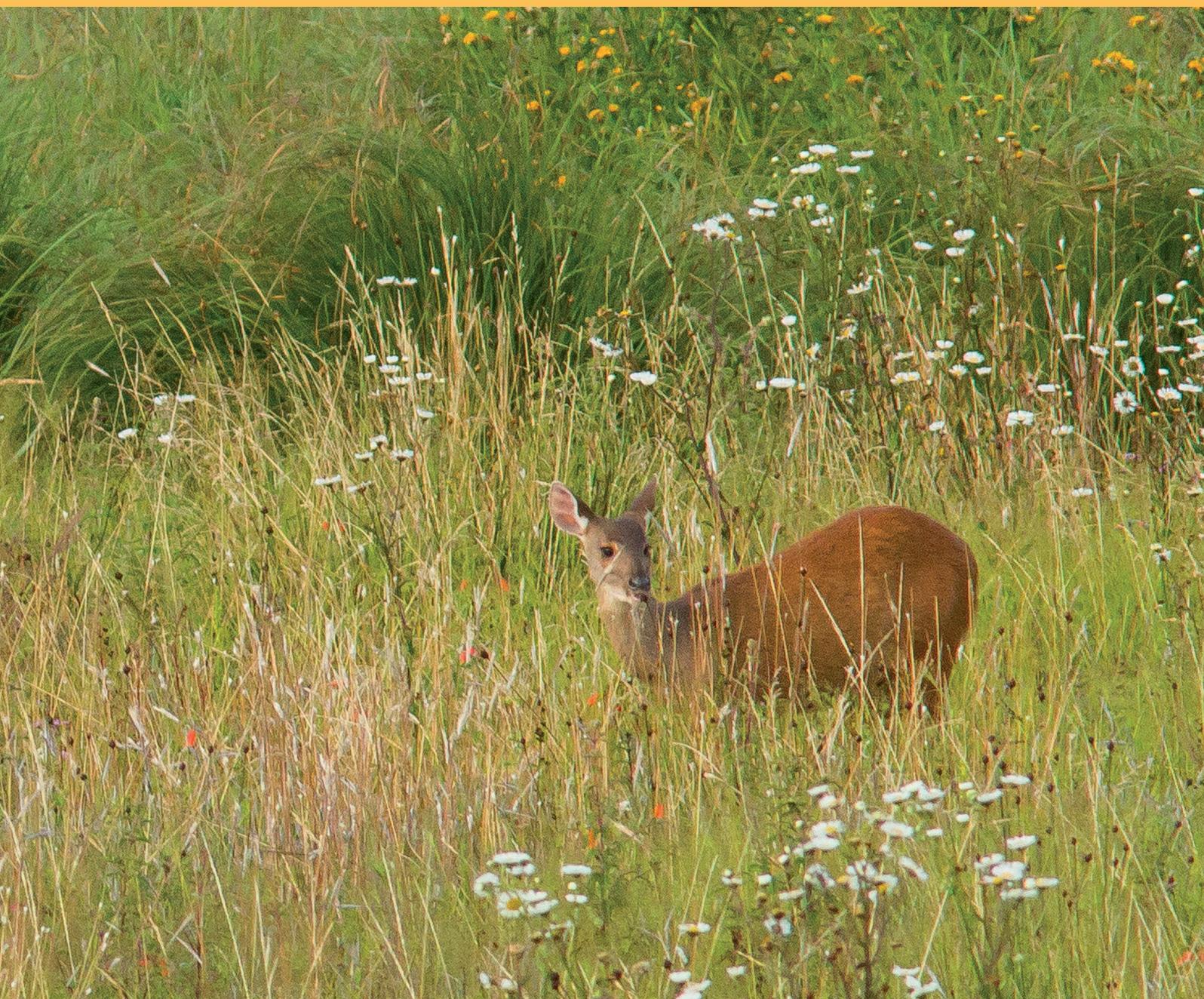




Boletim da
Sociedade Brasileira
de Mastozoologia



SOCIEDADE BRASILEIRA DE MASTOZOOLOGIA
WWW.SBMZ.ORG

PRESIDENTES DA
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MASTOZOOLOGIA

Presidente:	Cibele Rodrigues Bonvicino	1985-1991	Rui Cerqueira Silva
Vice-Presidente:	Alexandre Reis Percequillo	1991-1994	Dalva Mello
1º Secretário:	Marcelo Weksler	1994-1998	Ives José Sbalqueiro
2º Secretário:	Ana Lazar Gomes e Souza	1998-2005	Thales Renato Ochotorena de Freitas
1º Tesoureiro:	José Luís Passos Cordeiro	2005-2008	João Alves de Oliveira
2º Tesoureiro:	Diogo Loretto Medeiros	2008-2012	Paulo Sérgio D'Andrea

Os artigos assinados não refletem necessariamente a opinião da SBMz.

**As Normas de Publicação encontram-se disponíveis em
versão atualizada no site da SBMz: www.sbmz.org.**

Ficha Catalográfica de acordo com o Código de Catalogação Anglo-Americano (AACR2).
Elaborada pelo Serviço de Biblioteca e Documentação do Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo.

Sociedade Brasileira de Mastozoologia.
Boletim.
Rio de Janeiro, RJ.
Quadrimestral.

Continuação de: Boletim Informativo. SBMz, n.28-39; 1994-2004;
Boletim Informativo. Sociedade Brasileira de Mastozoologia,
n.1-27; 1985-94.

Continua como:
Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia, n.40,
2005- .

ISSN 1808-0413

1. Mastozoologia. 2. Vertebrados. I. Título

“Depósito legal na Biblioteca Nacional, conforme Lei n° 10.994, de 14 de dezembro de 2004”.

Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia

PUBLICAÇÃO QUADRIMESTRAL

Rio de Janeiro, número 67, agosto de 2013

EDITORES

Rui Cerqueira Silva (UFRJ)

Erika Hingst-Zaher (Instituto Butantan)

Lena Geise (UERJ)

EDITORES DE ÁREA

- Anatomia:** Oscar Rocha-Barbosa (UERJ) e Marcus Vinicius Vieira (UFRJ).
- Biogeografia:** Ana Paula Carmignotto (UFSCAR), Rafael N. Leite (INPA) e Luis Flamarion de Oliveira (MNRJ).
- Comportamento:** Eleonore Freire Setz (UNICAMP) e Carmen Alonso (UFPA).
- Conservação:** Leonardo Oliveira (UFRJ) e Fabiano Rodrigues de Melo (UFG).
- Ecologia:** Mauricio E. Graipel (UFSC) e Marco Mello (UFMG).
- Evolução:** Francisca C. Almeida (Fundação Miguel Lillo), Jorge Salazar-Bravo (Texas Tech University) e Pablo Gonçalves (UFRJ).
- Fauna:** Alexandra R. Bezerra (Fiocruz), Leila M. Pessôa (UFRJ) e Diego Tirira (MECN).
- Fisiologia:** Ariovaldo Cruz-Neto (UNESP) e Ricardo T Santori (UERJ).
- Genética:** Albert Menezes (INCA) e Larissa R. de Oliveira (UNISINOS).
- Paleontologia:** Joaquín Arroyo-Cabrales (UNAM), Mario Cozzuol (UFMG) e Gisele Lessa (UFV).
- Taxonomia:** Ricardo Moratelli (USNM), Hugo Mantilla-Meluk (Universidad de Quindío, Colômbia) e Alexandre Percequillo (ESALQ).

REVISORES

Os editores agradecem a colaboração dos revisores anônimos, cuja participação garantiu a qualidade da publicação.

O Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia (ISSN 1808-0413) é uma publicação quadrimestral da Sociedade Brasileira de Mastozoologia (SBMz), distribuído gratuitamente aos associados. Indivíduos e instituições que desejem informações sobre a inscrição na SBMz e recebimento do Boletim devem entrar em contato com sbmz.diretoria@gmail.com.

O desenho gráfico foi realizado por Airton de Almeida Cruz, e a capa por Ana Lazar.

Mais informações disponíveis em: www.sbmz.org.

Capa: *Mazama guazoubira*, veado-catingueiro, no Parque Estadual de Campos do Jordão, Campos do Jordão, São Paulo. Foto de Luciano Lima.

Sobre a SBMz

A **Sociedade Brasileira de Mastozoologia (SBMz)** é uma sociedade científica, sem fins lucrativos, criada em 1985, com a missão de congregar, organizar e amparar profissionais, cientistas e cidadãos que atuam ou estão preocupados com as temáticas ligadas à pesquisa e conservação de mamíferos.

A **SBMz** tem como objetivo incentivar o estudo e pesquisa dos mamíferos, além de difundir e incentivar a divulgação do conhecimento científico desenvolvido no Brasil sobre os mamíferos. A **SBMz** também atua frente a órgãos governamentais, Conselhos Regionais e Federal de Biologia, e instituições privadas, representando e defendendo os interesses dos sócios, e atendendo a consultas em questões ligadas a mamíferos. Nossa Sociedade oferece e incentiva cursos de Mastozoologia em níveis de graduação e pós-graduação, além de conceder bolsas de auxílio financeiro para simpósios e congressos nacionais e internacionais. Além disso, ajudamos a estabelecer e zelar por padrões éticos e científicos próprios da Mastozoologia brasileira.

A **SBMz** foi fundada durante o “XII Congresso Brasileiro de Zoologia”, realizado em Campinas, em fevereiro de 1985. Desde então, a **SBMz** cresceu em número de sócios, e agora conta com congressos próprios bienais realizados nas diversas regiões do país, além do apoio e promoção de eventos regionais. Nossa sociedade conta com uma publicação própria intitulada **Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia**, com 3 números anuais, classificada como B3 pela CAPES na área de Biodiversidade. Além disso, nossa sociedade atualmente mantém conta com parceria com a SAREM (Sociedade Argentina para o Estudio de los Mamíferos, fornecendo aos sócios a revista Mastozoologia Neotropical. A **SBMz** financia a publicação de livros acerca de mamíferos brasileiros para ser distribuído gratuitamente aos sócios.

Fazemos parte da Rede Latino-Americana de Mastozoologia (RELAM), o que abre portas para cooperação com pesquisadores de 12 países latino-americanos que fazem parte da rede. Integramos o Fórum da International Federation of Mammalogists (IFM), e também temos cooperação com a Sociedade Brasileira de Zoologia e Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros, facilitando a participação em congressos destas sociedades e promovendo o intercâmbio de informação entre seus associados.

Fruto da criação e organização proporcionadas pela **SBMz** ao longo desses anos, atualmente o Brasil apresenta uma comunidade científica mastozoológica madura e conectada, que congrega profissionais trabalhando em organizações e instituições públicas e privadas por todo país.

Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia Uma publicação da SBMz

INFORMAÇÕES GERAIS

O **Boletim da Sociedade Brasileira de Mastozoologia** é um periódico publicado pela **SBMz** que tem como propósito funcionar como um meio de comunicação efetivo para a comunidade de mastozoólogos. O **Boletim da SBMz** publica artigos e notas originais, revisadas por pares, sobre temas relacionados à biologia de mamíferos.

Os manuscritos devem ser enviados por e-mail para bolsbmz@gmail.com, aos cuidados de Erika Hingst-Zaher e Lena Geise, e serão considerados para publicação seguindo o pressuposto de que os autores estão de acordo com os princípios éticos do **Boletim da SBMz** (ver os princípios no site da **SBMz**). O primeiro autor (ou o autor para correspondência) deverá assinar uma declaração formal de que todos os demais autores estão de acordo com a publicação do manuscrito no **Boletim da SBMz** (modelo disponível no site da **SBMz**).

Os critérios para publicação dos artigos e notas são a qualidade e relevância do trabalho, clareza do texto, qualidade das figuras e formato de acordo com as regras de publicação (ver regras no site da **SBMz**). Os manuscritos que não estiverem de acordo com as regras de preparação de manuscritos serão devolvidos aos autores sem passar pelo processo de revisão. As submissões são direcionadas pelos Editores aos Editores de Área, que os enviarão para pelo menos dois pares para revisão. Os Editores de Área retornam as revisões e recomendações para os Editores para a decisão final. Toda a comunicação será registrada por meio eletrônico entre os Editores e o autor correspondente.

Os trabalhos devem seguir o **Código Internacional de Nomenclatura Zoológica**, e espécimes relevantes mencionados devem ser propriamente depositados em uma coleção científica reconhecida. Amostras relacionadas aos exemplares-testemunho (tecidos, ecto e endoparasitas, células em suspensão) devem ser relacionadas a seus respectivos exemplares. Os números de acesso às sequências depositadas no **Genbank** ou **EMBL** são obrigatórios para publicação. Localidades citadas e exemplares estudados devem vir listadas de forma completa, no texto ou em anexo, dependendo do número de registros.

Números Especiais: Também poderão ser publicadas monografias e estudos de revisão de até 350 (trezentas e cinquenta) páginas, individualmente. Como apenas um número limitado poderá ser publicado, os autores devem entrar em contato com os Editores previamente à submissão. Os números especiais seguem as mesmas regras de submissão e revisão dos artigos e notas. Considerando as despesas de impressão e envio, os autores serão solicitados a contribuir com R\$ 40,00 (quarenta reais) por página publicada.



Quirópteros Hospedeiros de Zoonoses no Brasil

Margaret Maria de Oliveira Corrêa^{1,2,5}, Ana Lazar³, Daniela Dias³, Cibele Rodrigues Bonvicino^{3,4}

¹ Pós-Graduação em Biodiversidade e Saúde, Instituto Oswaldo Cruz (IOC), Fundação Instituto Oswaldo Cruz (Fiocruz).

Avenida Brasil, 4.365, Pavilhão Arthur Neiva – Manguinhos, CEP 21040-360, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

² Laboratório de Mastozologia, Departamento de Zoologia, Instituto de Biologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro. Centro de Ciências da Saúde, Bloco A, 1º andar, sala 121, Cidade Universitária, CEP 21941-901, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

³ Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Silvestres Reservatórios, Instituto Oswaldo Cruz (IOC),

Fundação Instituto Oswaldo Cruz (Fiocruz). Avenida Brasil, 4.365, Pavilhão Lauro Travassos, Manguinhos, CEP 21040-900, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

⁴ Divisão de Genética, Instituto Nacional de Câncer. Rua André Cavalcanti, 47, Centro, CEP 20231-050, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

⁵ E-mail: margaret@biologia.ufrj.br

Resumo: Os quirópteros apresentam características que contribuem para um eficiente papel nas diversas zoonoses. Neste trabalho é mostrado o envolvimento dos morcegos no ciclo de algumas das mais importantes zoonoses do Brasil e sua atuação como hospedeiro e/ou vetor destas doenças. Este trabalho se baseou em pesquisa via internet de bases de dados, nacionais e internacionais, utilizando as palavras-chave Chiroptera, *bats* e *Brazil* combinadas com os nomes das zoonoses e dos agentes etiológicos. Quarenta espécies de Emballonuridae, Molossidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Phyllostomidae, Thyropteridae e Vespertilionidae estão envolvidas em zoonoses causadas por protozoários, principalmente a doença de Chagas e as leishmanioses. Nas zoonoses causadas por vírus, sendo a raiva a mais importante, 43 espécies de Phyllostomidae, Molossidae e Vespertilionidae foram reportadas. Nas zoonoses causadas por bactérias, 13 espécies de Phyllostomidae, Molossidae e Vespertilionidae estão envolvidas, sendo *Rickettsia rickettsii*, causadora da febre maculosa, encontrada em 10 espécies. Dez espécies de Phyllostomidae e Molossidae apresentaram registros de infecção por fungos, incluindo o *Histoplasma capsulatum*, causador da histoplasmose. Das nove famílias de Chiroptera encontradas no Brasil, sete apresentaram espécies envolvidas em zoonoses, com Phyllostomidae e Molossidae apresentando relação com várias zoonoses. *Artibeus lituratus*, *Desmodus rotundus* e *Molossus molossus* são as espécies com maior número de casos positivos para agentes etiológicos. Estas espécies apresentam ampla distribuição neotropical, sendo geralmente abundantes e comuns em áreas urbanas, fatores que somados às características da biologia e ecologia dos quirópteros, contribuem significativamente no ciclo de importantes zoonoses.

Palavras-chave: Morcegos; Protozoários; Vírus; Bactérias e fungos.

Abstract: The order Chiroptera presents characteristics that contribute to an efficient role in a diversity of zoonoses. In this work it is shown the involvement of bats in the cycle of some of the most important zoonoses in Brazil and their acting as a host and/or vector of these diseases. This work was based on internet research databases, national and international. The keywords used were Chiroptera, bats and Brazil combined with the names of zoonoses and the etiological agents. Forty species of Emballonuridae, Molossidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Phyllostomidae, Thyropteridae and Vespertilionidae are involved in zoonoses caused by protozoa trypanosomatids, mainly Chagas disease and the leishmaniasis. In the zoonoses caused by viruses, with rabies as the most important, 43 species of Phyllostomidae, Molossidae and Vespertilionidae were reported. Thirteen species of Phyllostomidae, Molossidae and Vespertilionidae are involved in zoonoses caused by bacteria, with *Rickettsia rickettsii* that causes Rocky Mountain spotted fever found in ten of those species. And finally, ten species of Phyllostomidae and Molossidae present fungi infection, with eight different etiological agents involved, including the *Histoplasma capsulatum*, which causes histoplasmosis. Of the nine families of Chiroptera found in Brazil, seven showed reports of species involved in zoonoses, with Phyllostomidae and Molossidae showing involvement in various zoonoses. *Artibeus lituratus*, *Desmodus rotundus* and *Molossus molossus* were involved with various zoonotic diseases. These species are widely distributed in Neotropical region, being generally plentiful and common in urban areas. These factors combined with characteristics of biology and ecology of Chiroptera, contribute significantly in important zoonoses cycle.

Keywords: Bats; Protozoan; Virus; Bacteria and fungi.



INTRODUÇÃO

A ordem Chiroptera é composta por 18 famílias, 202 gêneros e pelo menos 1200 espécies, correspondendo a aproximadamente ¼ das espécies de mamíferos (Simmons, 2005). No Brasil ocorrem nove famílias, 65 gêneros e 179 espécies, ocupando todos os domínios morfoclimáticos brasileiros e áreas urbanas (Paglia *et al.*, 2012; Reis *et al.*, 2013; Dias *et al.*, 2013; Velazco *et al.*, 2014).

Os quirópteros ocupam os mais variados nichos ecológicos e apresentam a maior variação morfológica dentre os mamíferos, com modificações para praticamente todos os hábitos alimentares (Koopman, 1994; Peracchi *et al.*, 2011). Assim, são importantes no controle populacional de insetos, na dispersão de sementes e na polinização de muitas espécies vegetais, sendo essenciais para a manutenção de vários ecossistemas (Reis *et al.*, 2007). Esta diversidade no uso do habitat e na dieta, aliada a ampla distribuição geográfica e a características como capacidade de voo e dispersão a longa distância, formação de colônias, hibernação, comportamentos sociais e adaptação a ambientes antrópicos, torna possível o envolvimento dos morcegos como reservatórios naturais de agentes etiológicos, por facilitar a manutenção e dispersão dos agentes (FAO, 2011).

Os morcegos estão associados a zoonoses causadas por vários tipos de agentes etiológicos como protozoários, vírus, bactérias e fungos (Ministério da Saúde, 1998). O envolvimento dos morcegos como reservatórios de protozoários é relatado desde o século passado. O protozoário do gênero *Plasmodium*, causador da malária, infecta morcegos das famílias Pteropodidae e Rhinolophidae na África (Curotto *et al.*, 2012). Entre os animais silvestres encontrados naturalmente infectados por tripanossomatídeos, os morcegos merecem atenção especial, pois algumas espécies são abundantes, bem adaptadas a ambientes antropizados e utilizam como abrigo áreas domiciliares, que podem ser compartilhados com triatomíneos. Além disso, as colônias de morcegos eventualmente trocam de abrigo, constituindo-se, assim, em possíveis elementos de dispersão de tripanossomíases (Fabian, 1991; Jansen & Roque, 2010). Morcegos de diferentes famílias, gêneros e hábitos alimentares tem sido relatados na literatura infectados por pelo menos 30 espécies de tripanossomatídeos (Marinkelle, 1976; Molyneux, 1991).

Mais recentemente, o envolvimento de morcegos com vírus que causam doenças ao homem, animais domésticos e silvestres tem sido documentado em espécies das famílias Arenaviridae, Bunyaviridae, Coronaviridae, Flaviviridae, Herpesviridae, Orthomyxoviridae, Paramyxoviridae, Picornaviridae, Reoviridae, Rhabdoviridae e Togaviridae (Dobson, 2005; Bennett, 2006; Halpin *et al.*, 2007; Kuzmin *et al.*, 2010). Mais de 70 espécies de quirópteros, de 10 famílias, foram identificadas como portadoras desses vírus, responsáveis por muitas doenças infecciosas emergentes (Calisher *et al.*, 2006).

Na Ásia e Austrália, os vírus Nipah, Hendra e Menangle foram encontrados em quatro espécies de morcegos frugívoros do gênero *Pteropus* (Pteropodidae),

causando síndromes respiratórias ou neurológicas graves em humanos, cavalos e porcos, podendo levar à morte (Philbey *et al.*, 1998; Love *et al.*, 2001; Hyatt *et al.*, 2004; Plowright *et al.*, 2011). Vírus da família Adenoviridae foram isolados em amostras de 23 espécies procedentes de países da Europa e Ásia e também de uma espécie de morcego hematófago, *Desmodus rotundus*, no Brasil (Lima *et al.*, 2013a).

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

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

Neste trabalho, apresentamos uma revisão da literatura sobre as principais espécies de quirópteros brasileiros infectadas com agentes etiológicos e que podem atuar como reservatórios e/ou vetores de zoonoses no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho foi baseado em pesquisa em diferentes bases bibliográficas, com o uso de diferentes conjuntos de palavras-chave (*e.g.*, Chiroptera, bats e Brazil combinadas com *Chagas diseases*, *coronavirus*, *histoplasmosis*, *leishmaniasis*, *Leptospira*, *rabies*, *rickettsias*, *trypanosomiasis*, etc). As seguintes bases foram consultadas: Base de dados Doenças Infecciosas e parasitárias,



LILACS (Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde), MEDLINE (Literatura Internacional em Ciências da Saúde), CidSaude e Repidisca; de Organismos Internacionais: PAHO (Acervo da Biblioteca da Organização Pan-Americana da Saúde) e WHOLIS (Sistema de Informações da Biblioteca da OMS); textos completos; portais de teses e dissertações: TESESSP e Thesis; e LIS (Catálogo de sites em saúde Diretório de eventos) e Google. A nomenclatura das espécies de morcegos segue Reis *et al.* (2013).

RESULTADOS

Zoonoses causadas por protozoários

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

A doença de Chagas é frequentemente transmitida através da picada de insetos hematófagos da subordem Triatominae (barbeiros) que sugam o sangue de seus hospedeiros mamíferos (Teixeira & Hecht, 2007). Esta doença, de patologia grave, é a terceira parasitose mais importante das Américas depois da malária e da esquistossomose, sendo a doença endêmica mais letal do hemisfério ocidental (Coura & Dias, 2009; Teixeira, 2007).

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

A espécie *T. cruzi* foi detectada, até o momento, em 23 espécies de Emballonuridae, Phyllostomidae, Noctilionidae, Thyropteridae, Molossidae e Vespertilionidae, com indivíduos encontrados nas regiões Norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste. Deve-se destacar que *Artibeus planirostris* e *Phyllostomus hastatus* tem sido as espécies nas quais este protozoário tem sido mais frequentemente detectado nas localidades estudadas até o momento, nos estados do Pará, Mato Grosso do Sul, Goiás e Ceará (Figura 1).

Os morcegos podem ser também reservatórios de outras espécies de *Trypanosoma*. Um exemplo é o *T. evansi*, causador do “Mal de Cadeiras”, doença grave que provoca uma série de sintomas até a paralisa dos

membros traseiros e a morte em cavalos (Silva *et al.*, 1995), e que no Pantanal brasileiro infecta animais domésticos e silvestres (Stevens *et al.*, 1989). *Trypanosoma evansi* foi detectado no município de Nhecolândia, estado de Goiás, em espécies de morcegos dos gêneros *Artibeus*, *Carollia*, *Platyrrhinus*, da família Phyllostomidae, *Noctilio*, da família Noctilionidae e *Myotis*, da família Vespertilionidae (Herrera *et al.*, 2004) (Tabela 1). Desta forma, os estudos indicam que quirópteros mantêm e dispersam várias espécies de tripanossomos e variados genótipos do *T. cruzi* em praticamente todos os biomas brasileiros (Fabian, 1991; Lisboa *et al.*, 2008; Marcilli *et al.*, 2009; Cavazzana *et al.*, 2010).

Outro protozoário da família Trypanosomatidae capaz de infectar quirópteros é o parasita do gênero *Leishmania*, e embora os morcegos tenham contato com potenciais vetores e hospedeiros, poucos estudos foram realizados para investigar a participação destes animais na leishmaniose tegumentar e visceral nas Américas (Rotureau *et al.*, 2006; Savani *et al.*, 2010). A leishmaniose tegumentar, doença parasitária que acomete a pele e as mucosas, no Brasil é uma doença endêmica distribuída em todos os estados e seus agentes etiológicos são *Leishmania (Viannia) braziliensis*, *Leishmania (Leishmania) amazonensis* e *Leishmania (Viannia) guyanensis*. Já a leishmaniose visceral, doença crônica que pode apresentar complicações, levando ao óbito, no Brasil é considerada uma endemia em expansão geográfica causada pela espécie *Leishmania chagasi*. As duas formas da doença são transmitidas através da picada de insetos flebotomíneos do gênero *Lutzomyia* (Ministério da Saúde, 2004).

Em morcegos brasileiros, *Leishmania (L.) amazonensis* foi detectada nas espécies de Phyllostomidae *Artibeus lituratus*, *Glossophaga soricina* e *Sturnira liliium*; de Molossidae *Eumops aripendulus*, *Eumops glaucinus*, *Molossus molossus*, *Molossus rufus* e *Nyctinomops laticaudatus*; e de Vespertilionidae *Myotis nigricans*, todos na cidade de São Paulo. Indivíduos de *M. molossus* e *G. soricina* foram encontrados também infectados por *Leishmania (L.) infantum chagasi* (Savani *et al.*, 2010; Tabela 1). A detecção de morcegos infectados por estes parasitas na cidade de São Paulo é curiosa já que esta é uma área onde não há casos de leishmaniose visceral e onde são raros os casos de leishmaniose cutânea. Mais estudos são necessários para determinar o papel dos quirópteros no ciclo da leishmaniose, sobretudo em áreas onde a doença é endêmica (Savani *et al.*, 2010).

Os tripanossomatídeos já foram isolados de quirópteros de sete famílias, 28 gêneros e 40 espécies no Brasil (Tabela 1). A família Phyllostomidae corresponde a 55% do total de espécies. Em seguida, vem Molossidae com 17,5%, Vespertilionidae com 15%, Noctilionidae com 5% e Emballonuridae, Mormoopidae e Thyropteridae, cada uma com 2,5% (Pinto & Bento, 1986; Lisboa *et al.*, 2008; Marcilli *et al.*, 2009; Cavazzana *et al.*, 2010; Nishimura & Ortêncio Filho, 2012). As espécies de morcegos envolvidas com estes parasitas apresentam hábitos alimentares diversificados. Os morcegos mais frequentemente detectados com



Trypanosoma são *A. planirostris*, *C. perspicillata*, *Desmodus rotundus* e *P. hastatus*, infectados por quatro ou mais espécies do protozoário, em 14 estados de todas as regiões do Brasil (Figura 1). *Molossus molossus*, *G. soricina*, *A. lituratus*, *S. liliun*, *Molossus rufus* e

M. nigricans também tem sido encontrados infectados por espécies de *Trypanosoma* e *Leishmania*, sendo as duas primeiras infectadas por *Leishmania (L.) amazonenses*, *Leishmania (L.) infantum chagasi* e *Trypanosoma cruzi* (Tabela 1).

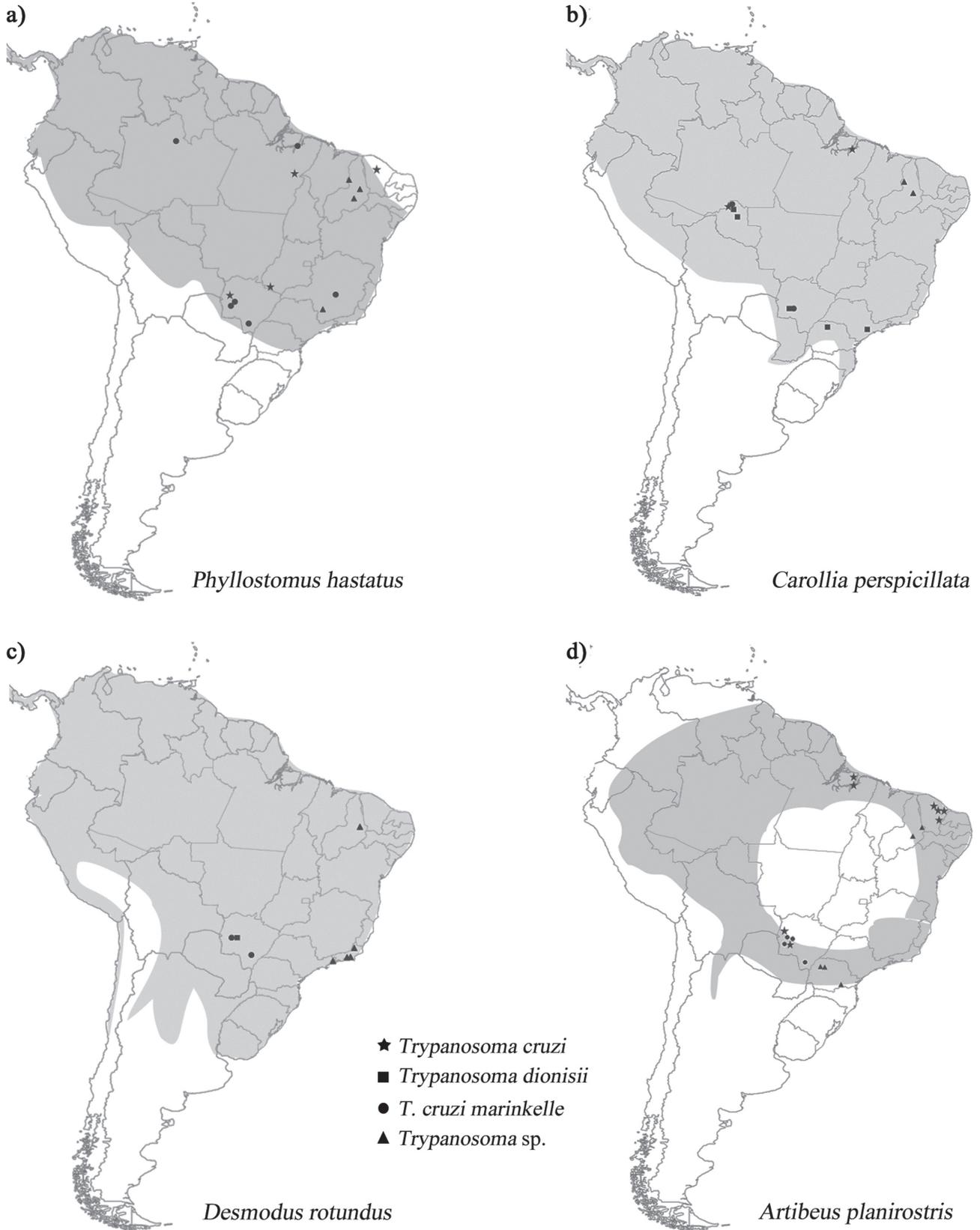


Figura 1: Distribuição e localidades de coleta de espécimes positivos de *Phyllostomus hastatus* (a), *Carollia perspicillata* (b), *Desmodus rotundus* (c) e *Artibeus planirostris* (d), para o protozoário do gênero *Trypanosoma*.

**Tabela 1:** Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas por protozoários, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro, e a referência bibliográfica. Os estados brasileiros são AM = Amazonas, BA = Bahia, CE = Ceará, GO = Goiás, MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, PA = Pará, PI = Piauí, PR = Paraná, RJ = Rio de Janeiro, RO = Roraima, SC = Santa Catarina, SP = São Paulo, TO = Tocantins.

Taxa	Agente Etiológico	Localidade	Refs.
Emballonuridae			
<i>Saccopteryx bilineata</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Iha de Marajó	4, 19
Phyllostomidae			
<i>Anoura</i> sp.	<i>Trypanosoma dionisii</i>	SP: São Bernardo do Campo	3
<i>Anoura geoffroyi</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Canto do Buriti	14
<i>Artibeus fimbriatus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PR: Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Sul	17
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Abaetetuba-PA	16
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PR: Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	CE: Canindé, Quixadá, Russas, Limeira do Norte, Pereiro; MS: Bonito, Nhecolândia PA: Cachoeira do Arari, Abaetetuba	5, 10, 15, 16
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	MS: Miranda, Aquidauana, Bonito	3
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma rangeli</i>	MS: Bonito	11
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Picos e São João do Piauí, PR: Tuneiras do Oeste, Cianorte	13, 14
<i>Artibeus obscurus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PR: Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Artibeus</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	MS: Nhecolândia	9
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	RO: Porto Velho; PA: Belém, Abaetetuba	3, 4, 12, 16
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	RO: Monte Negro, Porto Velho; SP: Piedade; PR: Londrina; MS: Bonito	3, 12
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	RO: Monte Negro, Porto Velho; MS: Bonito	3, 12
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Palmeirais, Picos	14
<i>Carollia</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	MS: Nhecolândia	9
<i>Chrotopterus auritus</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	AM: Barcelos	3
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>T. cruzi marinkellei</i> , <i>T. dionisii</i>	MS: Miranda	3
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Picos; RJ: Miracema, Paraty, Niterói, São Gonçalo, Maricá	2, 14
<i>Diphylla ecaudata</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	SP: Bititiba Mirim	3
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Norte, sul, oeste	17
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Leishmania infantum chagasi</i>	SP: Sul	17
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Leishmania</i> spp.	MS: Campo Grande	18
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Ilha de Marajó, Belém	4, 19
<i>Lonchorhina aurita</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	RJ: Miracema	2
<i>Lonchophylla mordax</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	Amazônia	19
<i>Lophostoma silvicolum</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	AM: Barcelos	3
<i>Micronycteris megalotis</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Ilha de Marajó	4, 19
<i>Platyrrhinus lineatus</i>	<i>Trypanosoma rangeli</i>	MS: Miranda	3, 11
<i>Platyrrhinus</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	GO: Nhecolândia	9
<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	AM: Barcelos; BA: São Felipe; CE: Quixadá	1, 3, 5
<i>Phyllostomus discolor</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Castelo do Piauí	14
<i>Phyllostomus elongatus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Ilha de Marajó	4, 19
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Itupiranga; GO: Aporé; MS: Nhecolândia; CE: Canindé	1, 5, 10
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	MS: Aquidauana, Bonito; AM: Barcelos; PA: Abaetetuba; MG: Pedro Leopoldo	1, 3
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Palmeirais, Picos, São João do Piauí; MG: Serrania, Pedro Leopoldo	8, 14, 21
<i>Phyllostomus</i> sp.	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	TO	3
<i>Sturnira liliium</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Centro	17
<i>Sturnira liliium</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Abaetetuba	16
<i>Sturnira liliium</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	MS: Miranda; GO: Campo Lindo; PR: Adrianópolis	3
<i>Sturnira liliium</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PR: Tuneiras do Oeste, Cianorte	13
<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	AM: Barcelos, RO: Porto Velho	3
<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Palmeirais	14
<i>Tonatia bidens</i>	<i>Trypanosoma cruzi marinkellei</i>	AM: Barcelos	3
<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	RO: Monte Negro	3
Mormoopidae			
<i>Pteronotus parnellii</i>	<i>Trypanosoma</i> sp.	PI: Canto do Buriti	14
Noctilionidae			
<i>Noctilio albiventris</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i> , <i>T. cruzi</i>	MS: Miranda	3, 12
<i>Noctilio leporinus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Ilha de Marajó	4
<i>Noctilio</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	GO: Nhecolândia	9



Taxa	Agente Etiológico	Localidade	Refs.
Molossidae			
<i>Eumops glaucinus</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Norte	17
<i>Eumops auripendulus</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Sul	17
<i>Molossus molossus</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Sul e leste	17
<i>Molossus molossus</i>	<i>Leishmania infantum chagasi</i>	SP: Norte e sul	17
<i>Molossus molossus</i>	<i>Leishmania</i> spp.	MS: Campo Grande	18
<i>Molossus molossus</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	RO: Monte Negro	3
<i>Molossus molossus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	Amazônia	19
<i>Molossus rufus</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Sul	17
<i>Molossus rufus</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	Amazônia; PA: Abaetetuba	16, 19
<i>Nyctinomops laticaudatus</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Sul	17
<i>Promops</i> sp.	<i>Trypanosoma dionisii</i>	MS: Miranda	3
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	SP: São Joaquim da Barra	6
Thyropteridae			
<i>Thyroptera tricolor</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	AM: Barcelos	3, 12
Vespertilionidae			
<i>Eptesicus brasiliensis</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i>	SP: São Paulo e TO	3
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	PA: Cachoeira do Arari	15
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Trypanosoma desterrensis</i>	SC: Florianópolis	7
<i>Eptesicus</i> sp.	<i>Trypanosoma</i> sp., <i>T. cruzi</i>	SC: Florianópolis; PA: Cachoeira do Arari	10, 20
<i>Myotis nigricans</i>	<i>Leishmania amazonensis</i>	SP: Sul	17
<i>Myotis nigricans</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i> , <i>T. cruzi</i>	SP: São Paulo; MS: Miranda;	3, 12
<i>Myotis albescens</i>	<i>Trypanosoma dionisii</i> , <i>T. cruzi</i>	MS: Miranda; SP: São Paulo, Juquitiba	3, 12
<i>Myotis levis</i> , <i>M. ruber</i>	<i>Trypanosoma cruzi</i>	SP: São Paulo	3, 12
<i>Myotis</i> sp.	<i>Trypanosoma evansi</i>	MS: Nhecolândia	9

Referências: 1 = Barnabe *et al.* (2003), 2 = Barros (2009), 3 = Cavazzana *et al.* (2010), 4 = Dias *et al.* (1942), 5 = Fabian (1991), 6 = Funayama & Barreto (1970), 7 = Grisard *et al.* (2003), 8 = Hamanaka & Pinto (1993), 9 = Herrera *et al.* (2004), 10 = Lisboa *et al.* (2008), 11 = Maia da Silva *et al.* (2009), 12 = Marcilli *et al.* (2009), 13 = Nishimura & Ortêncio Filho (2012), 14 = Pinto & Bento (1986), 15 = Roque *et al.* (2008), 16 = Roque *et al.* (2013), 17 = Savani *et al.* (2010), 18 = Shapiro *et al.* (2013), 19 = Siqueira-Batista *apud* Herrera (2010), 20 = Steindel *et al.* (1998), 21 = Teixeira *et al.* (1993).

Zoonoses causadas por vírus

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

Esta doença causa encefalite aguda em mamíferos, inclusive no homem, e é transmitida pela saliva de animais infectados principalmente através da mordedura, sendo fatal em praticamente 100% dos casos (WHO, 2013). O vírus da raiva é mantido por ciclos inter-relacionados, o ciclo urbano (em cães e gatos domésticos), o ciclo silvestre (em animais silvestres das famílias Canidae, Procyonidae, Mustelidae, Felidae, Didelphidae e Cebidae, e em morcegos), e o ciclo rural (em herbívoros).

Estudos mostraram uma grande diversidade de variantes do vírus da raiva circulando entre os morcegos que ocorrem no Brasil, com a possibilidade destas variantes virais serem espécies-específicas (Kobayashi *et al.*, 2005; Kobayashi *et al.*, 2007).

No Brasil foram isolados vírus da raiva em 41 espécies de morcegos, número que corresponde a 24% das espécies registradas no país. Desse total, 44% são espécies da família Phyllostomidae, 29% de Vespertilionidae e 27% de Molossidae (Sodrê *et al.*, 2010; Albas *et al.*, 2011; Almeida *et al.*, 2011b; Tabela 2). Indivíduos infectados de *Desmodus rotundus* foram encontrados em estados de todas as regiões do Brasil. Essa é a espécie alvo do Programa Nacional de Controle da Raiva em Herbívoros (PNCRH), o que a torna a mais pesquisada. (Figura 1). As espécies *A. lituratus*, *M. molossus* e *N. laticaudatus* também apresentaram indivíduos infectados em várias regiões do Brasil, sendo a maioria em São Paulo (Figura 2).

Em 2007 foi descrito pela primeira vez nas Américas, no estado do Colorado, EUA, um coronavírus (*Alphacoronavirus*) de morcego (*Rock Mountain Bat Coronavirus*), nas espécies insetívoras *Eptesicus fuscus* e *Myotis occultus* (Dominguez *et al.*, 2007). Em 2008 uma nova cepa de *Alphacoronavirus* foi identificada em *D. rotundus* no estado de São Paulo (Brandão *et al.*, 2008). A detecção de um coronavírus em um morcego hematófago representa um potencial problema de saúde pública já que este patógeno pode causar doenças ao homem, caso haja uma mudança de hospedeiro, como ocorreu



Tabela 2: Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas pelos vírus, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e as referências bibliográficas. Os estados brasileiros são DF = Distrito Federal, ES = Espírito Santo, GO = Goiás, MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, PA = Pará, PB = Paraíba, PE = Pernambuco, RJ = Rio de Janeiro, RS = Rio Grande do Sul, SC = Santa Catarina, SP = São Paulo.

Taxa	Agente Etiológico	Localidades	Refs.
Phyllostomidae			
<i>Anoura caudifer</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
	<i>Hantavirus</i> Araraquara-like	SP: Biritiba-Mirim	8
<i>Anoura geoffroyi</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Artibeus fimbriatus</i>	<i>Rabies virus</i>	MS: Campo Grande; RJ: Rio de Janeiro; SP: São José do Rio Preto, Monte Castelo, Valparaíso	1, 12, 14, 19, 22, 25, 46
<i>Artibeus lituratus</i>	<i>Rabies virus</i>	ES: Vitória; MG: Montes Claros; MS: Campo Grande; RJ: Rio de Janeiro; RS: Dois Irmãos; SP: Araçatuba, Dracena, Itapira, Novo Horizonte, São José do Rio Preto, Vargem Grande Paulista	5, 9, 12, 13, 18, 22, 25, 33, 35, 51
	<i>Rabies virus</i>	SP: Álvares Machado, Botucatu, Cotia, Dracena, Jacaré, Jundiá, Junqueirópolis, Martinópolis, Oswaldo Cruz, Pres. Prudente, Santo André, São José do Rio Preto, São Paulo, Teodoro Sampaio, Votuporanga	1, 5, 6, 18, 26, 45
<i>Artibeus planirostris</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: S. José do Rio Preto, Tupi Paulista	1, 9
<i>Artibeus</i> sp.	<i>Rabies virus</i>	RJ: Paracambi, Mesquita; PA: Anajás	25, 41
<i>Carollia brevicauda</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Carollia perspicillata</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Itapira; GO: Niquelândia; SP: Araçatuba, Valparaíso	6, 14, 47
	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Carollia</i> sp.	<i>Rabies virus</i>	PA: Anajás	41
<i>Chrotopterus auritus</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Desmodus rotundus</i>	<i>Rabies virus</i>	GO: Cocalzinho de Goiás, Guapó, Uruaçu, Niquelândia, Nova Iguaçu de Goiás	37
	<i>Rabies virus</i>	PA: Anajás, Augusto Corrêa; PE: Olinda; PI: São Miguel Tapuio, Buriti dos Montes	9, 16, 21, 41
	<i>Rabies virus</i>	RJ: Quissamã, Valença, Laje do Muriaé, Itaperuna; SC: São Joaquim	10, 25, 37, 50
	<i>Rabies virus</i>	SP: Ubatuba, Taubaté, Pindamonhangaba, Lindóia, São José do Barreiro, Tambaú, Guarulhos, Santa Branca, Jundiá, Pindamonhangaba, Taubaté	6, 9, 23, 25, 37
	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	SP	11
	<i>Mastadenovirus</i> sp.	RS	52
<i>Diaemus youngi</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Diphylla ecaudata</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
	<i>Hantavirus</i>	SP: Biritiba-Mirim	8
<i>Glossophaga soricina</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: São Paulo, Presidente Prudente	2, 43
<i>Lonchorrhina aurita</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Lophostoma brasiliense</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Micronycteris megalotis</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Platyrrhinus lineatus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP	6
<i>Phyllostomus hastatus</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Sturnira lilium</i>	<i>Rabies virus</i>	SP	6
<i>Sturnira lilium</i>	Vírus Mapuera	Amazônia	24
<i>Trachops cirrhosus</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Uroderma bilobatum</i>	<i>Rabies virus</i>	PA: Ponte	9
Molossidae			
<i>Cynomops abrasus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Norte e noroeste	20
<i>Cynomops planirostris</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Araçatuba	35
<i>Cynomops</i> sp.	<i>Rabies virus</i>	SP: Ribeirão Preto	32
<i>Eumops auripendulus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Norte e noroeste	6
<i>Eumops glaucinus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Araçatuba	35
<i>Eumops perotis</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Ribeirão Preto	6
<i>Molossops neglectus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: São Paulo	36
<i>Molossus currentinum</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Molossus molossus</i>	<i>Rabies virus</i>	PB: Patos; PE: Moreno, Recife; RJ: Rio de Janeiro; RS; SP: Araçatuba, Botucatu, Campinas, Ilha Solteira, Jales, Oswaldo Cruz, Pres. Prudente, São Paulo, Valparaíso	1,2,3,12,14,25,32,35,36,38,42,48
<i>Molossus molossus</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	RS: Porto Alegre	27
<i>Molossus molossus</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	SP	53
<i>Molossus rufus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Araçatuba, Paulicéia, Penápolis, Ribeirão Preto, S. José do Rio Preto, Valparaíso	1,14,32,35,39



Taxa	Agente Etiológico	Localidades	Refs.
<i>Molossus rufus</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	Nordeste do Brasil	17
<i>Molossus rufus</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	SP	53
<i>Nyctinomops laticaudatus</i>	<i>Rabies virus</i>	DF: Brasília; MS: Campo Grande; PE; RJ: Rio de Janeiro; SP: Campinas, Guarulhos, Ipiranga, Joanópolis, Mauá, Marília, Ribeirão Preto, Rio Claro, São Sebastião, S. José do Rio Preto	12, 22, 25, 29, 32, 40, 42, 48
<i>Nyctinomops macrotis</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Diadema, São Paulo	6, 34, 48
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Rabies virus</i>	RJ: Rio de Janeiro; RS; SP: Botucatu, Jundiaí, Mogi das Cruzes, Salesópolis, São Paulo, Socorro	6, 25, 32, 38, 49
<i>Tadarida brasiliensis</i>	<i>Alphacoronavirus</i> sp.	RS: Porto Alegre	27
Vespertilionidae			
<i>Eptesicus brasiliensis</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Guarulhos	6
<i>Eptesicus diminutus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: São José do Rio Preto	18
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Rabies virus</i>	PE: Moreno	3
<i>Eptesicus furinalis</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Araçatuba, Barretos, Campinas, Capivari, Catanduva, Espírito Santo do Pinhal, Jundiaí, Marília, Olímpia, Presidente Prudente, Ribeirão Preto, São José do Rio Preto	1,2,5, 25,32, 35
<i>Eptesicus</i> sp.	<i>Rabies virus</i>	SP: Jundiaí	6
<i>Histiotus velatus</i>	<i>Rabies virus</i>	MG: Belo Horizonte; SC; SP: Mairinque, Ribeirão Pires, São Paulo, Vargem Gde Paulista	6, 7, 32
<i>Lasiurus blossevillii</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Araçatuba, Jundiaí, Presidente Prudente	2, 6, 31, 35
<i>Lasiurus cinereus</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Garça, Itu, São Paulo	6, 32
<i>Lasiurus ega</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: Araçatuba, Cotia, Dracena, Franca, Panorama, Pres. Prudente, Rib. Preto, Santo André	1,2,4,6,21,28,32,35
<i>Lasiurus egregius</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Myotis albescens</i>	<i>Rabies virus</i>	Não informada	44
<i>Myotis levis</i>	<i>Rabies virus</i>	SP	44
<i>Myotis nigricans</i>	<i>Rabies virus</i>	MS: Campo Grande	22
	<i>Rabies virus</i>	SP: Águas de Lindóia, Araçatuba, Caçapava, Campinas, Jundiaí, Itapeçerica da Serra, Mauá, Nova Canaã Paulista, Paraguaçu Paulista, Presidente Prudente, Ribeirão Pires, Ribeirão Preto, São Paulo, Santo André, Taboão da Serra	1, 2, 6, 30, 32,35
<i>Myotis riparius</i>	<i>Rabies virus</i>	SP: São Paulo	36
<i>Myotis</i> sp.	<i>Rabies virus</i>	SP: Santo André	6

Referências: 1 = Albas *et al.* (2009), 2 = Albas *et al.* (2011), 3 = Albuquerque *et al.* (2012), 4 = Allendorf *et al.* (2011), 5 = Almeida *et al.* (2011a), 6 = Almeida *et al.* (2011b), 7 = Amorim (1970), 8 = Araújo *et al.* (2012), 9 = Barbosa *et al.* (2007), 10 = Bordignon *et al.* (2005), 11 = Brandão *et al.* (2008), 12 = Cabral *et al.* (2012), 13 = Carneiro *et al.* (2009), 14 = Carvalho *et al.* (2011), 15 = Castilho *et al.* (2008), 16 = Castilho *et al.* (2010), 17 = Corman *et al.* (2013), 18 = Cunha *et al.* (1998 *apud* Sodré *et al.* (2010)), 19 = Cunha *et al.* (2005), 20 = Cunha *et al.* (2006), 21 = Dantas-Torres *et al.* (2005), 22 = Deus *et al.* (2003), 23 = Ferraz *et al.* (2007), 24 = Henderson *et al.* (1995), 25 = Kobayashi *et al.* (2007), 26 = Langoni *et al.* (2005), 27 = Lima *et al.* (2013), 28 = Lino *et al.* (2008), 29 = Massunaga *et al.* (2003 *apud* Sodré *et al.* (2010)), 30 = Martorelli *et al.* (1995), 31 = Martorelli *et al.* (1996), 32 = Oliveira *et al.* (2010), 33 = Pacheco *et al.* (2010), 34 = Passos *et al.* (1998), 35 = Queiroz *et al.* (2009), 36 = Rosa *et al.* (2011), 37 = Sato *et al.* (2006), 38 = Schaefer *et al.* (2005), 39 = Silva *et al.* (1999), 40 = Silva *et al.* (2007), 41 = Silva *et al.* (2008), 42 = Silva *et al.* (2011), 43 = Sodré *et al.* (2007), 44 = Sodré *et al.* (2010), 45 = Souza *et al.* (1998 *apud* Sodré *et al.* (2010)), 46 = Souza *et al.* (2008), 47 = Tomaz *et al.* (2007), 48 = Uieda *et al.* (1995), 49 = Uieda (1998), 50 = Vieira *et al.* (2010), 51 = Vieira *et al.* (2012), 52 = Góes *et al.* (2013), 53 = Lima *et al.* (2013b).

na China no caso da SARS (Brandão *et al.*, 2008). Recentemente, outros *Alphacoronavirus* foram detectados em *M. molossus* e *Tadarida brasiliensis* em Porto Alegre, Rio Grande do Sul (Lima *et al.*, 2013b), em *C. perpicillata*, *Carollia brevicauda*, *M. rufus* e *Molossus currentium*, no nordeste do Brasil (Corman *et al.*, 2013). Novo alphacoronavirus foi detectado em um indivíduo de *M. molossus* e um de *M. rufus* coletados em área urbana no noroeste do estado de São Paulo (Góes *et al.*, 2013; Tabela 2).

Outros vírus detectados em morcegos no Brasil incluem o vírus Mapuera, um membro do gênero *Rubulavirus*, isolado das glândulas salivares do morcego frugívoro *S. lillium* da família Phyllostomidae (Henderson *et al.*, 1995), e o vírus Mojuí dos Campos, um membro do gênero *Bunyavirus*, isolado de um quiróptero não identificado em Mojuí dos Campos, estado do Pará (Wanzeller *et al.*, 2002). Estudo recente descreveu a primeira detecção de *Mastadenovirus* (Adenoviridae) em *D. rotundus*, no estado do Rio Grande do Sul (Lima *et al.*, 2013a). Em

2012 foram coletados dois indivíduos de *Diphylla ecaudata* e um indivíduo de *Anoura caudifer* infectados com o hantavírus Araraquara-like em Biritiba-Mirim, no estado de São Paulo (Araújo *et al.*, 2012). Hantavírus em tecidos de morcegos já foram registrados na Coreia e na África em duas espécies da família Vespertilionidae e uma de Rhinolophidae (Kim *et al.*, 1994; Sumibcay *et al.*, 2012).

Zoonoses causadas por bactérias

A leptospirose, doença causada pela bactéria do gênero *Leptospira*, é transmitida pela urina de roedores e outros animais silvestres e domésticos infectados. A disseminação da doença é facilitada pelo contato da mucosa da pele lesada com solo úmido ou água estagnada, ou ainda através de contato direto com os animais infectados (Ministério da Saúde, 2004). Esta bactéria foi



encontrada em morcegos não identificados, no estado do Mato Grosso (Lins *et al.*, 1986). Anticorpos anti-*Lep-tospira* foram também detectados em *D. rotundus* no estado de São Paulo (Zetun *et al.*, 2009). Estudos realizados nos municípios de Jundiá e São Paulo, onde casos de leptospirose são comuns, detectaram a presença de antígenos em tecido renal de 2 a 3% de morcegos das espécies *A. lituratus*, *G. soricina*, *P. lineatus*, *M. molossus* e *M. rufus* (Bessa *et al.*, 2010; Tabela 3).

Os morcegos também podem ser hospedeiros sil-vestres de riquéttsias, bactérias causadoras da febre maculosa brasileira, cujo vetor é o carrapato das espé-cies *Amblyomma cajennense* e *Amblyomma aureolatum* (Pinter & Labruna, 2006). Esta é uma das doenças mais graves causadas por bactérias, por apresentar alta letali-dade e quase sempre se apresentar de forma epidêmica, acometendo membros de uma mesma família e/ou co-munidade (Milagres, 2010).

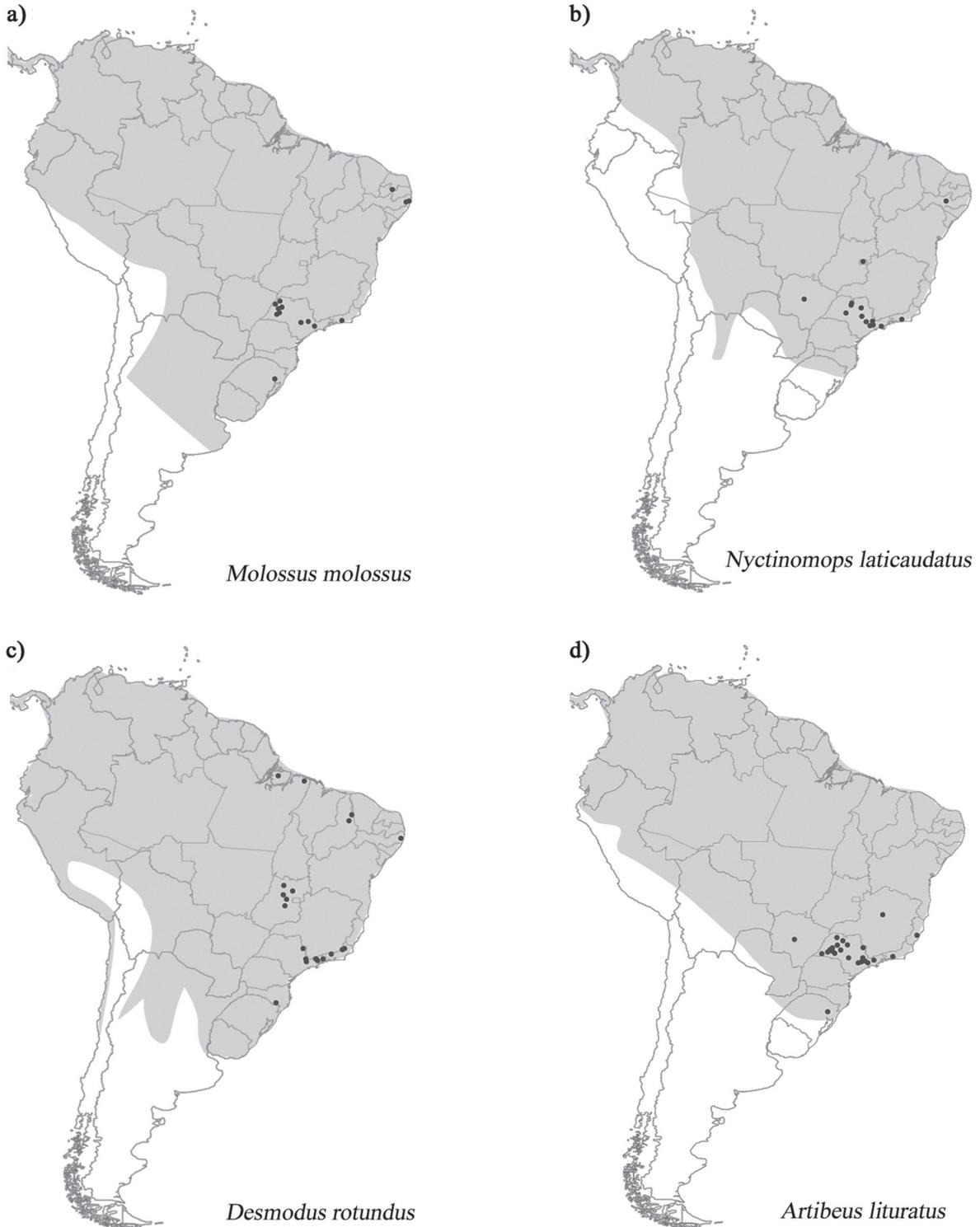


Figura 2: Distribuição e localidades de coleta de espécimes positivos de *Molossus molossus* (a), *Nyctinomops laticaudatus* (b), *Desmodus rotundus* (c) e *Artibeus lituratus* (d), para o vírus do gênero *Lyssavirus*.



Tabela 3: Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos das zoonoses causadas pelas bactérias, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e a referência bibliográfica. O estado brasileiro é SP = São Paulo.

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

Referência: 1 = Bessa *et al.* (2010), 2 = D'Auria *et al.* (2010), 3 = Zetun *et al.* (2009).

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

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

Zoonoses causadas por fungos

Dentre as doenças causadas por fungos relacionadas a morcegos, a histoplasmose é a mais importante. Seu agente etiológico é o *Histoplasma capsulatum*, cujos esporos são encontrados em solo contendo fezes de aves e morcegos em todo o mundo (Emmons, 1958; Hoff & Bigler, 1981). O homem adquire a infecção através da inalação desses esporos. Os morcegos formam colônias

em cavernas, buracos de árvores, fendas em pedras, além de sótãos e forros de telhados de casas em áreas rurais e urbanas (Reis *et al.*, 2007; Peracchi *et al.*, 2011), criando condições de umidade e temperatura adequadas para o crescimento deste fungo, que pode persistir no ambiente por longos períodos de tempo (Ferreira & Borges, 2009). Na maioria dos casos a doença é assintomática, mas em pessoas imunodeprimidas pode ser fatal (Emmons, 1958; Hoff & Bigler, 1981; Taylor *et al.*, 1999; Ministério da Saúde, 2004; Daher *et al.*, 2007).

Nas Américas, o fungo *H. capsulatum* foi isolado em 19 gêneros de morcegos das famílias Phyllostomidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Natalidae, Molossidae e Vespertilionidae (Hoff & Bigler, 1981; Taylor *et al.*, 1999). No Brasil, *H. capsulatum* foi isolado nas espécies *P. hastatus* (Phyllostomidae), na região do Distrito Federal, em Brasília (Schmidt *et al.*, 1973) e de *E. glaucinus*, *M. molossus*, *M. rufus*, *N. macrotis* e *T. brasiliensis* (Molossidae) no estado de São Paulo (Dias *et al.*, 2011; Tabela 4).

O fungo patogênico *Coccidioides posadasii*, que causa a coccidioidomicose, uma infecção séria que acomete homens e animais, foi identificado em três espécies da família Phyllostomidae, *C. perspicilata*, *D. rotundus* e *G. soricina*, no estado do Ceará (Cordeiro *et al.*, 2012; Tabela 4).

Outros fungos patogênicos oportunistas foram detectados em excretas de morcegos, como espécies dos gêneros *Candida* e *Cryptococcus* em *M. molossus* e em *G. soricina* (Matos *et al.*, 1998) e *Candida*, *Cryptococcus*, *Aspergillus*, *Rhodotorula*, *Microsporium* e *Penicillium*, em *A. lituratus*, todas no estado de São Paulo (Tencate *et al.* 2010; Tabela 4).

Até o momento, somente morcegos das famílias Phyllostomidae e Molossidae foram registrados com

**Tabela 4:** Lista das espécies de morcegos envolvidas nos ciclos de zoonoses causadas pelos fungos, discriminando o agente etiológico da doença, a localidade do registro e a referência bibliográfica. Os estados brasileiros são CE = Ceará, SP = São Paulo, e o DF = Distrito Federal.

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

Referências: 1 = Cordeiro *et al.* (2012), 2 = Dias *et al.* (2011), 3 = Matos *et al.* (1998), 4 = Schmidt *et al.* (1973), 5 = Tencate *et al.* (2010).

infecção por fungos, sendo que *A. lituratus* e *M. molossus* são infectados pelo maior número de agentes etiológicos (Tabela 4).

DISCUSSÃO

Alterações ambientais nos ecossistemas silvestres, causadas principalmente pelo aumento da ocupação humana, têm diminuído o habitat de várias espécies de morcegos, o que faz com que estes animais cada vez mais ocupem as áreas urbanas e se aproximem das residências humanas. Com isso, o relato de novas zoonoses ou a re-emergência de doenças graves transmitidas ou mantidas por morcegos têm sido frequentes.

Neste trabalho, observou-se que das nove famílias de Chiroptera que ocorrem no Brasil, sete apresentam relatos de espécies relacionadas a alguma zoonose, sendo que as famílias Phyllostomidae e Molossidae possuem espécies envolvidas em todos os tipos de zoonoses aqui abordadas (Tabelas 1-4). Devem ser destacadas *A. lituratus*, *D. rotundus* e *M. molossus*, com registros de infecção por todos os tipos de agentes causadores ou potenciais causadores de zoonoses, além de apresentarem indivíduos positivos para a raiva em uma ampla área geográfica (Figuras 1 e 2, Tabelas 1-4).

A espécie frugívora *A. lituratus*, apresentou indivíduos infectados por espécies de *Leishmania*, *Trypanosoma*, *Lyssavirus*, *Leptospira*, *Rickettsia*, *Cryptococcus*, *Microsporium*, *Candida*, *Aspergillus*, *Rhodotorula* e *Penicillium*. A espécie hematófaga *D. rotundus*, apresentou infecção por *Trypanosoma*, *Lyssavirus*, *Alphacoronavirus*, *Leptospira* e *Coccidioides*, enquanto *M. molossus*, espécie estritamente insetívora, apresentou positividade para os patógenos *Leishmania*, *Trypanosoma*, *Lyssavirus*, *Alphacoronavirus*, *Leptospira*, *Rickettsia*, *Cryptococcus*, *Candida* e *Histoplasma*. Estas espécies apresentam ampla distribuição geográfica na região neotropical e, geralmente são abundantes e bastante comuns em áreas

urbanas (Aguiar, 2007; Fabian & Gregorin, 2007; Zortéa, 2007). Estes fatores, somados a características da biologia dos quirópteros como capacidade de dispersão pelo voo, torpor, hibernação, utilização de áreas domiciliares como abrigo, colônias numerosas, comportamento e interações sociais entre os indivíduos, podem contribuir para a participação significativa destas espécies no ciclo de importantes zoonoses.

Os resultados obtidos neste estudo contribuem para aumentar o conhecimento sobre a atuação de morcegos brasileiros como reservatório de zoonoses. Contudo, considerando a grande extensão territorial do Brasil, e as 179 espécies de morcegos registradas no país (Reis *et al.*, 2013; Dias *et al.*, 2013; Velazco *et al.*, 2014), os estudos ainda são escassos, cobrindo áreas isoladas e com baixa amostragem de espécimes. A maioria das espécies detectadas com agentes etiológicos pertence à Phyllostomidae, que possui o maior número de espécies no país e com espécies abundantes (*Artibeus* spp, *Carollia* spp, *Desmodus rotundus*) além de ser a mais amostrada pelas redes de neblina, método de coleta de morcegos mais utilizado atualmente (Reis *et al.*, 2013; Peracchi & Nogueira, 2010). Além disso, a maioria dos estudos foi realizada com espécies de maior porte, devido à facilidade de obtenção de amostra de sangue.

Para compreender o papel das diferentes espécies na manutenção e transmissão de zoonoses são necessários estudos de longa duração sobre a epidemiologia das zoonoses e a biologia de quirópteros, técnicas mais sensíveis e específicas de diagnóstico, e maior amostragem de espécimes e localidades. Dados como sexo, categoria etária, método e local de captura devem ser informados. A correta identificação de hospedeiros reservatórios é também fundamental para definição de programas de monitoramento e controle de doenças infecciosas de origem zoonótica. Isto nem sempre é possível, pois a maioria das identificações dos hospedeiros nos estudos consultados não é subsidiada por material-testemunho e são realizadas em campo ou baseadas em revisões e



trabalhos taxonômicos antigos. Algumas espécies são difíceis de identificar, uma vez que vários gêneros apresentam conhecidos problemas taxonômicos. Dessa forma, é importante que os estudos incluam sempre material-testemunho para ser encaminhado a um especialista para identificação taxonômica e depositado em coleção zoológica acessível, para que possa permitir consultas a posteriori.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à FAPERJ e ao CNPq. Ana Lazar é bolsista CAPES e FAPERJ.

REFERÊNCIAS

- Aguar LMS. 2007. Subfamília Desmodontinae. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP. Pp. 17-24. In: Morcegos do Brasil (Eds.). Universidade Estadual de Londrina, Londrina.
- Albas A, ACA Campos, DB Araujo, CS Rodrigues, MM Sodr , EL Durigon, SR Favoretto. 2011. Molecular characterization of rabies virus isolated from nonhaematophagous bats in Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 44(6):678-683.
- Albas A, EAN Souza, RA Lourenço, SR Favoretto, MM Sodr . 2009. Perfil antig nico do v rus da raiva isolado de diferentes esp cies de morcegos n o hemat fagos da Regi o de Presidente Prudente, Estado de S o Paulo. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 42:15-7.
- Albuquerque P, LAM Silva, MC Cunha, CJ Silva, JLM Machado, ML Melo, VIB Alencar. 2012. Vigil ncia Epidemiol gica da raiva em morcegos no munic pio de Moreno, Pernambuco. *Revista Brasileira de Bioci ncias* 18(2):5-13.
- Allendorf SD, A Albas, JRB Cipriano, JMAP Antunes, CM Apolin rio, MG Peres, AR da Rosa, MM Sodr , J Megid. 2011. Rabies virus in a pregnant naturally infected southern yellow bat (*Lasiurus ega*). *The Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases* 17(2):223-225.
- Almeida MF, SR Favoretto, LFA Martorelli, J Trezza-Netto, ACA Campos, CH Ozahata, MM Sodr , APAG Kataoka, DRV Sacramento, EL Durigon. 2011a. Characterization of rabies virus isolated from a colony of *Eptesicus furalis* bats in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de S o Paulo* 53(1):31-37. doi: 10.1590/S0036-46652011000100006
- Almeida MF, LFA Martorelli, MM Sodr , AP Kataoka, AR Rosa, ML Oliveira, E Amatuzzi. 2011b. Rabies diagnosis and serology in bats from the State of S o Paulo, Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 44(2):140-145. doi: 10.1590/S0037-86822011005000011
- Amorim AF, RA Silva, MM Silva. 1970. Isolamento do v rus r bico de morcego inset voro *Histiotus velatus*, capturado no Estado de Santa Catarina. *Pesquisa Agropecu ria Brasileira* 5:433-435.
- Anthony SJ, R Ojeda-Flores, O Rico-Ch vez, I Navarrete-Macias, CM Zambrana-Torrel, MK Rostal, JH Epstein, T Tippos, E Liang, M Sanchez-Leon, J Sotomayor-Bonilla, AA Aguirre, R  vila-Flores, RA Medell n, T Goldstein, G Suz n, P Daszak, WI Lipkin. 2013. Coronaviruses in bats from Mexico. *Journal of General Virology* 94:1028-1038.
- Apperson CS, B Engber, WL Nicholson, DG Mead, J Engel, MJ Yabsley, K Dail, J Johnson, DW Watson. 2008. Tickborne diseases in North Carolina: is "*Rickettsia amblyommii*" a possible cause of rickettsiosis reported as Rocky Mountain spotted fever? *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 8:597-606.
- Araujo J, LM Thomazelli, DA Henriques, D Lautenschlager, T Ometto, LM Dutra, CC Aires, S Favorito, EL Durigon. 2012. Detection of hantavirus in bats from remaining rain forest in S o Paulo, Brazil. *BMC Research Notes* 5:690.
- BarbosaTFS, EST Da Rosa, DBA Medeiros, LMN Casseb, AS Pereira, AL Begot, RJS Lima, MRT Nunes, PFC Vasconcelos. 2007. Epidemiologia molecular do v rus da raiva no estado do Par  no per odo de 2000 A 2005: Emerg ncia e transmiss o por morcegos hemat fagos (*Desmodus rotundus*). *Cadernos de Sa de Coletiva, Rio de Janeiro* 15(3):329-348.
- Barnabe C, S Brisse, M Tibayrenc. 2003. Phylogenetic diversity of bat trypanosomes of subgenus *Schizotrypanum* based on multilocus enzyme electrophoresis, random amplified polymorphic DNA, and cytochrome *b* nucleotide sequence analyses. *Infection, genetics and evolution* 2:201-208.
- Barros JHS. 2009. Avalia o da ocorr ncia de tripanosomat deos (Protozoa: Kinetoplastida) em morcegos no estado do Rio de Janeiro: Occurrence of trypanosomatids (Protozoa: Kinetoplastida) in bats in the state of Rio de Janeiro. Disserta o de Mestrado. Instituto de Pesquisa Cl nica Evandro Chagas, Brasil.
- Batista HBCR, AC Franco, PM Roehe. 2007. Raiva: uma breve revis o. *Acta Scientiae Veterinariae* 35(2):125-144.
- Bennett M. 2006. Bats and human emerging diseases. *Epidemiological Infectious* 134:905-907. doi: 10.1017/S0950268806006674
- Bessa TAF, A Spichler, EGB Chapola, AC Husch, MF Almeida, MM Sodr , ESMM Savani, DRV Sacramento, JM Vinetz. 2010. The contribution of bats to Leptospirosis transmission in S o Paulo City, Brazil. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 82(2):315-317. doi: 10.4269/ajtmh.2010.09-0227
- Bordignon J, G Brasil-Dos-Anjos, CR Bueno, J Salvatiera-Oporto, AMR D vila, EC Grisard, CR Zanetti. 2005. Detection and characterization of rabies virus in Southern Brazil by PCR amplification and sequencing of the nucleoprotein gene. *Archives of Virology* 150:695-708.
- Brand o PE, K Scheffer, LY Villarreal, S Achkar, RN Oliveira, WO Fahl, JG Castilho, I Kotait, LJ Richtzenhain. 2008. A coronavirus detected in the vampire bat *Desmodus rotundus*. *The Brazilian Journal of Infectious Diseases* 12(6):466-468.
- Cabral CC, ACNB Morais, AVA Dias, MG Ara jo, WC Moreira, GLM Mattos. 2012. Circulation of the rabies virus in non-hematophagous bats in the City of Rio de Janeiro, Brazil, during 2001-2010. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 45(2):180-183.
- Calisher CH, JE Childs, HE Field, KV Holmes, T Schountz. 2006. Bats: Important Reservoir Hosts of Emerging Viruses. *Clinical Microbiology Reviews* 19(3):531-545. doi: 10.1128/CMR.00017-06
- Carneiro NFF, AP Caldeira, LA Antunes, VF Carneiro, GF Carneiro. 2009. Raiva em morcegos *Artibeus lituratus* em Montes Claros, Estado de Minas Gerais. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical de S o Paulo* 42(4):449-451.
- Carrington CV, JE Foster, HC Zhu, JX Zhang, GJ Smith, N Thompson, AJ Auguste, V Ramkissoon, AA Adesiyun, Y Guan. 2008. Detection and phylogenetic analysis of group 1 coronaviruses in South American bats. *Emerging Infectious Diseases*. 14:1890-1893.
- Carvalho C, JF Gonalves, R Franco, DKA Casagrande, WA Pedro, LH Queiroz. 2011. Caracteriza o da fauna de morcegos (Mammalia, Chiroptera) e ocorr ncia de v rus r bico na regi o noroeste do estado de S o Paulo, Brasil. *Veterin ria e Zootecnia* 18(3):490-503.
- Castilho JG, RN Oliveira, WO Fahl, R Cavalcanti, AA Santana, WLGA Rosa, ML Carrieri, I Kotait. 2010. A comparative study of rabies virus isolates from hematophagous bats in Brazil. *Journal of Wildlife Diseases* 46(4):1335-1339.
- Castilho JG, KC Scheffer, SM Achkar, ML Carrieri, I Kotait. 2008. Antigenic and genetic characterization of the first rabies virus isolated from the bat *Eumops perotis* in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de S o Paulo* 50:95-9.
- Cavazzana Jr., M, A Marcili, L Lima, FM Silva, ACV Junqueira, HH Veludo, LB Viola, M Campaner, VLB Nunes, F Paiva, JR Coura, EP Camargo, MMG Teixeira. 2010. Phylogeographical, ecological and biological patterns shown by nuclear (ssrRNA and gGAPDH) and mitochondrial (Cyt *b*) genes of trypanosomes of the subgenus *Schizotrypanum* parasitic in Brazilian bats. *International Journal for Parasitology* 40:345-355.
- Chagas C. 1909. Nova tripanozomiaz humana. Estudos sobre a morfologia e o ciclo evolutivo do *Schizotrypanum cruzi* n. gen. n. sp., agente etiol gico de nova entidade morbida do homem. *Mem rias do Instituto Oswaldo Cruz* 1:11-80.
- Cordeiro RA, KR Castro e Silva, RSN Brilhante, FBP Moura, NFH Duarte, FJF Marques, RA Cordeiro, RE Moreira Filho, RWB Ara jo, TJPG Bandeira, MFG Rocha, JJC Sidrim. 2012. *Coccidioides*



- posadasii* infection in bats, Brazil. *Emerging Infectious Diseases* 18(4):668-670.
- Corman VM, A Rasche, TD Diallo, VM Cottontail, A Stöcker, BF Souza, JI Corrêa, AJB Carneiro, CR Franke, M Nagy, M Metz, M Knörnschild, EKV Kalko, SJ Ghanen, KDS Morales, E Salsamendi, M Spínola, G Herrler, CC Voigt, M Tschapka, C Drosten, JF Drexler. 2013. Highly diversified coronaviruses in neotropical bats. *Journal of General Virology* 94:1984-1994. doi: 10.1099/vir.0.054841-0
- Coura JR, JCP Dias. 2009. Epidemiology, control and surveillance of Chagas disease – 100 years after its discovery. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 104(suppl. I):31-40.
- Cunha EMS, MCCSH Lara, AFC Nassar, MM Sodrê, LJV Amaral. 2005. Isolation of rabies virus in *Artibeus fimbriatus* bat in the State of São Paulo, Brazil. *Revista de Saúde Pública* 39:683-684.
- Cunha EMS, LHQ Silva, MCCSH Lara, AFC Nassar, A Albas, MM Sodrê, WA Pedro. 2006. Bat rabies in the north-northwestern regions of the State of São Paulo, Brazil: 1997-2002. *Revista de Saúde Pública* 40:1082-1086.
- Curto SM, TG Silva, FZ Basso, IR Barros Filho. 2012. Malária em mamíferos silvestres. *Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia da UNIPAR* 15(1):67-77.
- Daher EF, GB Silva Jr, FAS Barros, CFV Takeda, RMS Mota, MT Ferreira, SA Oliveira, JC Martins, SMHA Araújo, OA Gutiérrez-Adrianzen. 2007. Clinical and laboratory features of disseminated histoplasmosis in HIV patients from Brazil. *Tropical Medicine and International Health* 12(9):1108-1115. doi: 10.1111/j.1365-3156.2007.01894.x
- Dantas-Torres F, LA Valença, GV Andrade-Filho. 2005. First record of *Desmodus rotundus* in urban area from the city of Olinda, Pernambuco, Northeastern Brazil: a case report. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* 47:107-108.
- D'Auria, SRN, MCGO Camargo, RC Pacheco, ESMM Savani, MAG Dias, AR da Rosa, MF Almeida, MB Labruna. 2010. Serologic Survey for Rickettsiosis in Bats from São Paulo City, Brazil. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 10(5):459-463. doi: 10.1089/vbz.2009.0070
- Deus GT, M Becer, IT Navarro. 2003. Diagnóstico de raiva em morcego não-hematófago na cidade de Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Centro-oeste do Brasil: descrição de casos. *Ciências Agrárias (Londrina)* 24:171-176.
- Dias D, CE Esbérard, R Moratelli. 2013. A new species of *Lonchophylla* (Chiroptera, Phyllostomidae) from the Atlantic Forest of southeastern Brazil, with comments on *L. bokermanni*. *Zootaxa* 3722:347-360.
- Dias E, GB Mello, DR Costa, M Azevedo. 1942. Investigação sobre esquistotripanoses de morcegos do Estado do Pará. Encontro de barbeiros *Cavernicola pilosa* como transmissor. *Revista Brasileira de Biologia* 2:103-110.
- Dias MAG, RMZ Oliveira, MC Giudice, H Montenegro Netto, LR Jordão, IM Grigório, AR Rosa, J Amorim, JD Nosanchuk, LR Travassos, CP Taborda. 2011. Isolation of *Histoplasma capsulatum* from bats in the urban area of São Paulo State, Brazil. *Epidemiology and Infection* 139(10):1642-1644. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1017/S095026881000289X>.
- Dobson AP. 2005. What Links Bats to Emerging Infectious Diseases? *Science* 310:628-629.
- Dominguez SR, TJ O'Shea, LM Oko, KV Holmes. 2007. Detection of Group 1 Coronaviruses in Bats in North America. *Emerging Infectious Diseases* 13(9):1295-1300.
- Dumler JS, DH Walker. 2005. Rocky Mountain spotted fever-changing ecology and persisting virulence. *New England Journal of Medicine* 353:551-553.
- Emmons CW. 1958. Associations of bats with histoplasmosis. *Public Health Reports* 73(7):590-595.
- Fabian ME. 1991. Contribuição ao estudo da infecção de morcegos por hemoflagelados do gênero *Trypanosoma* Gruby, 1843. *Cadernos de Saúde Pública* 7(1):69-81.
- Fabian ME, R Gregorin. 2007. Família Molossidae. Pp. 17-24, In: Reis NR, AL Peracchi, WA Pedro, IP Lima (Eds.), *Morcegos do Brasil*. Universidade Estadual de Londrina, Londrina.
- Ferraz C, SM Achkar, I Kotait. 2007. First report of rabies in vampire bats (*Desmodus rotundus*) in an urban area, Ubatuba, São Paulo State, Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* 49:389-390.
- Ferreira MS, AS Borges. 2009. Histoplasmosse. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 42(2):192-198.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2011. *Investigating the role of bats in emerging zoonoses: Balancing ecology, conservation and public health interests*. In: Newman SH, HE Field, CE de Jong, JH Epstein (Eds.), *FAO Animal Production and Health Manual*. 12. Rome.
- Freuling C, M Beer, FJ Conraths, S Finke, Hoffmann B, B Keller, J Kliemt, TC Mettenleiter, E Mühlbarch, JP Teifke, P Wohlsein, T Müller. 2011. Novel lyssavirus in a Natterer's bat (*Myotis nattereri*), Germany. *Emerging Infectious Diseases* 17:1519-1522.
- Funayama G, M Barreto. 1973. Studies of wild reservoirs and vectors of *Trypanosoma cruzi*. LIV. Natural bat infection, *Epitesicus brasiliensis brasiliensis* (Desmarest, 1819) by *T. cruzi*. *Revista Brasileira de Biologia* 33:439-444.
- Góes LGB, SG Ruvalcaba, ACA Campos, LH Queiroz, C Carvalho, JA Jerez, EL Durigon, LI Dávalos, SR Dominguez. 2013. Novel bat coronaviruses, Brazil and Mexico. *Emerging Infectious Diseases* 19:1711-1713. doi: 10.3201/eid1910.130525
- Grisard EC, NR Sturm, DA Campbell. 2003. A new species of trypanosome, *Trypanosoma desterrensis* sp. n., isolated from South American bats. *Parasitology* 127:265-271.
- Halpin K, AD Hyatt, RK Plowright, JH Epstein, P Daszak, HE Field, L Wang, PW Daniels. 2007. Henipavirus Ecology Research Group. *Emerging Viruses: Coming in on a Wrinkled Wing and a Prayer*. *Emerging Infectious Diseases* 44:711-717.
- Hamanaka SI, AS Pinto. 1993. Growth and differentiation on a trypanosome of the subgenus *Schizotrypanum* from the bat *Phyllostomus hastatus*. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 26(4):225-230.
- Henderson GW, C Laird, IE Dermott, BK Rima. 1995. Characterization of Mapuera virus: structure, proteins and nucleotide sequence of the gene encoding the nucleocapsid protein. *Journal of General Virology*, 76:2509-2518.
- Herrera, L. 2010. Una revisión sobre reservorios de *Trypanosoma (Schizotrypanum) cruzi* (Chagas, 1909), agente etiológico de la Enfermedad de Chagas. *Boletín de Malariología y Salud Ambiental* L(1):3-15.
- Herrera HM, AMR D'Ávila, A Norek, UG Abreu, SS Souza, PS D'Andrea, AM Jansen. 2004. Enzootiology of *Trypanosoma evansi* in Pantanal, Brazil. *Veterinary Parasitology* 125:263-275. doi: 10.1016/j.vetpar.2004.07.013
- Hyatt AD, P Daszak, AA Cunningham, H Field, AR Gould. 2004. Henipaviruses: gaps in the knowledge of emergence. *EcoHealth* 1:25-38. doi: 10.1007/s10393-004-0017-6
- Hoff GL, WJ Bigler. 1981. The role of bats in the propagation and spread of Histoplasmosis: a review. *Journal of Wildlife Diseases* 17(2):191-196.
- Jansen AM, ALR Roque. 2010. Domestic and wild mammalian reservoirs. Pp. 249-276, In: Telleria, J., Tibyarenc, M. (Eds.), *American Trypanosomiasis – Chagas Disease*. Elsevier, London.
- Kim GR, YT Lee, CH Park. 1994. A new natural reservoir of hantavirus: solation of hantaviruses from lung tissues of bats. *Archives of Virology* 134:85-95.
- Klite PD, M Kourany. 1965. Isolation of *Salmonellae* from a Neotropical Bat. *Journal of Bacteriology* 90(3):831.
- Kobayashi Y, G Sato, M Kato, T Itou, EMS Cunha, MV Silva, CS Mota, FH Ito, T Sakai. 2007. Genetic diversity of bat rabies viruses in Brazil. *Archives of Virology* 152:1995-2004. doi: 10.1007/s00705-007-1033-y
- Kobayashi Y, G Sato, Y Shoji, T Sato, T Itou, EMS Cunha, MV Silva, CS Mota, SI Samara, AAB Carvalho, DP Nocitti, FH Ito, T Sakai. 2005. Molecular Epidemiological analysis of bat rabies viruses in Brazil. *Journal of Veterinary Medical Science* 67(7):647-652.
- Koopman KF. 1994. *Handbook of Zoology. Band/Volume VIII Mammalia. Chiroptera: Systematics*. Niethammer J, H Schliemann, D Starck (Eds.). Walter de Gruyter & Co, Berlin. 277p.
- Kosoy M, Y Bai, L Tynch, IV Kuzmin, M Niezgodna, R Franka, B Agwanda, RF Breiman, CE Rupprecht. 2010. *Bartonella* spp. in Bats, Kenya. *Emerging Infectious Diseases* 16(12):1875-1881. doi: 10.3201/eid1612.100601
- Kotait I, CA Gonçalves, NF Peres, MCAM Souza, MC Targueta. 1998. *Manual Técnico do Instituto Pasteur. Controle da raiva dos herbívoros*, Instituto Pasteur de São Paulo, São Paulo. 1. 15p.
- Kuzmin IV, AE Mayer, MI Niezgodna, W Markotter, B Agwanda, RF Breiman, CE Rupprecht. 2010. Shimoni bat virus, a new



- representative of the *Lyssavirus* genus. *Virus Research* 149:197-210.
- Labruna MB. 2009. Ecology of *Rickettsia* in South America. *Rickettsiology and Rickettsial Disease-Fifth International Conference. Annals of the New York Academy of Sciences* 1166:156-166. doi: 10.1111/j.1749-6632.2009.04516.x
- Labruna MB, O Kamakura, J Moraes-Filho, MC Horta, RC Pacheco. 2009. Rocky Mountain Spotted Fever in dogs, Brazil. *Emerging Infectious Diseases* 5:458-460.
- Langoni H, K Lima, BD Menozzi, RC Silva. 2005. Rabies in the big fruit-eating bat *Artibeus lituratus* from Botucatu, Southeastern Brazil. *Journal of Venomous Animals and Toxins and Tropical Diseases* 11:84-7.
- Lau SKP, PCY Woo, KSM Li, Y Huang, H Tsoi, BHL Wong, SSY Wong, S Leung, K Chan, K Yuen. 2005. Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proceedings of National Academy of Science U.S.A.* 102(39):14040-14045. Disponível em: www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0506735102.
- Leroy EM, B Kumulungui, X Pourrut, P Rouquet, A Hassanin, P Yaba, A Délicat, JT Paweska, J Gonzalez, R Swanepoel. 2005. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature* 438:575-576. doi: 10.1038/438575a
- Li W, ZI Shi, M Yu, W Ren, C Smith, JH Epstein, H Wang, G Cramer, Z Hu, H Zhang, J Zhang, J McEachern, H Field, P Daszak, BT Eaton, S Zhang, L Wang. 2005. Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses. *Science* 310:676-679. doi: 10.1126/science.1118391
- Lima FES, SP Cibulsk, P Carnielli Jr., F Elesbao, HBCR Batista, PM Roehle, AC Franco. 2013a. First detection of adenovirus in the vampire bat (*Desmodus rotundus*) in Brazil. *Virus Genes* 47:378-381.
- Lima FES, FS Campos, HC Kunert Filho, HBC Batista, P Carnielli Jr., SP Cibulsk, R Spilki, PM Roehle, AC Franco. 2013b. Detection of an Alphacoronavirus in velvet free-tailed bats (*Molossus molossus*) and Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) from urban area of Southern Brazil. *Virus Genes* 47(1):164-167.
- Lin JW, YM Hsu, BB Chomel, LK Lin, JC Pei, SH Wu, CC Chang. 2012. Identification of novel *Bartonella* spp. in bats and evidence of Asian gray shrew as a new potential reservoir of *Bartonella*. *Veterinary Microbiology* 156(1-2):119-126.
- Lins ZC, ML Lopes, OM Maroja. 1986. Epidemiologia das Leptospirose com particular referência a Amazônia brasileira. In: Instituto Evandro Chagas; 50 anos de Contribuição às Ciências Biológicas e à Medicina Tropical. Belém, Fundação Serviços de Saúde Pública, 1986. Volume 2. 764p.
- Lino AMCD, PA Bichiato, JRC Petroni, FCC Mello, NY Takaoka, MLAB Reichmann. 2008. Raiva animal no Município de Cotia, São Paulo: relatos de casos. In: Anais do 35º Congresso Brasileiro de Medicina Veterinária, Gramado. Disponível em: www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R1139-1.html.
- Lisboa CV, AP Pinho, HM Herrera, M Gerhardt, E Cupolillo, AM Jansen. 2008. *Trypanosoma cruzi* (Kinetoplastida, Trypanosomatidae) genotypes in neotropical bats in Brazil. *Veterinary Parasitology* 156:314-318.
- Love RJ, AW Philbey, PD Kirkland, AD Ross, RJ Davis, C Morrissey, PW Daniels. 2001. Reproductive disease and congenital malformations caused by Menangle virus in pigs. *Australian Veterinary Journal* 79(3):192-198.
- Maia da Silva F, A Marcelli, L Lima, M Cavazzana, PA Ortiz, M Campaner, GF Takeda, F Paiva, VL Nunes, EP Camargo, MMG Teixeira. 2009. *Trypanosoma rangeli* isolates of bats from Central Brazil: genotyping and phylogenetic analysis enable description of a new lineage using spliced-leader gene sequences. *Acta Tropica* 109(3):199-207.
- Marcelli A, L Lima, MJR Cavazzana, ACV Junqueira, HH Veludo, F Maia da Silva, M Campaner, F Paiva, VLB Nunes, MMG Teixeira. 2009. A new genotype of *Trypanosoma cruzi* associated with bats evidenced by phylogenetic analyses using SSU rDNA, cytochrome b and Histone H2B genes and genotyping based on ITS1 rDNA. *Parasitology* 136:641-655.
- Marinkelle C J. 1976. The biology of the trypanosomes of bats. Pp. 175-216. In: Lumdsen WHR, DA Evans. (Eds.), *Biology of the Kinetoplastida*. Academic Press, New York.
- Martorelli LFA, EAC Aguiar, MF Almeida, MMS Silva, ECR Novaes. 1995. Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro *Myotis nigricans*. *Revista de Saúde Pública* 29(2):140-141.
- Martorelli LFA, EAC Aguiar, MF Almeida, MMS Silva, VFP Nunes. 1996. Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro, *Lasurus borealis*. *Revista de Saúde Pública* 30(1):101-102.
- Marston DA, DL Horton, C Ngeleja, K Hampson, LM McElhenny, AC Banyard, D Haydon, S Cleaveland, CE Rupprecht, M Bigambo, AR Fooks, T Lembo. 2012. Ikoma lyssavirus: identification of a highly divergent novel lyssavirus in an African civet (*Civettictis civetta*). *Emerging Infectious Diseases* 18:664-667.
- Matos D, MF Almeida, EA Aguiar, LFA Martorelli, UFP Nunes. 1998. Pathogenic fungi in bats of the Jundiá City, Brazil. SMS Instituto Adolfo Lutz, 1p.
- Milagres BS. 2010. Pesquisa de *Rickettsia* em Animais Sinantrópicos e Domésticos e em seus Ectoparasitas em duas Áreas de Baixa Endemicidade para Febre Maculosa Brasileira da Região Leste de Minas Gerais, de 2005-2007. Tese de Doutorado, Núcleo de Pesquisas em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Ouro Preto, Brasil.
- Ministério da Saúde. 1998. Morcegos em áreas Urbanas e Rurais: Manual de Manejo e Controle, Brasília. Disponível em: http://portal.saude.gov.br/portal/arquivos/pdf/manual_manejo_morcegos.pdf. 117p.
- Ministério da Saúde. 2004. Doenças Infecciosas e Parasitárias: guia de Bolso/Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Departamento de Vigilância Epidemiológica. Série B. Textos Básicos de Saúde, Brasília. 198p.
- Molyneux DH. 1991. Trypanosomes of bats. Pp. 195-224. In: Kreier, JP; Baker, JR. (Eds.), *Parasitic Protozoa*. Academic Press, San Diego.
- Mühldorfer K. 2012. Bats and Bacterial Pathogens: A Review. *Zoonoses and Public Health* 60:93-103. doi: 10.1111/j.1863-2378.2012.01536.x
- Nishimura SMM, HMM Ortêncio Filho. 2012. Trypanosomatids in phyllostomids (Chiroptera, Phyllostomidae) from Perobas Biological Reserve, Paraná, Brazil *Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia da UNIPAR* 13(2):87-91.
- Oliveira RN, SP Souza, RSV Lobo, JG Castilho, CI Macedo, P Carnielli Jr., WO Fahl, SM Achkar, KC Scheffer, I Kotait, ML Carrieri, PE Brandão. 2010. Rabies virus in insectivorous bats: implications of the diversity of the nucleoprotein and glycoprotein genes for molecular epidemiology. *Virology* 405:352-360.
- Osborne C, PM Cryan, TJ O'Shea, LM Oko, C Ndaluka, CH Calisher, AD Berglund, ML Klavetter, RA Bowen, KV Holmes, SR Dominguez. 2011. Alphacoronaviruses in New World bats: prevalence, persistence, phylogeny, and potential for interaction with humans. *PLoS ONE* 6:e19156.
- Paddock CD. 2005. *Rickettsia parkeri* as a paradigm for multiple causes of tick-borne spotted fever in the western hemisphere. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1063:315-326.
- Pacheco SM, EP Caldas, JCA Rosa, DP Rosa, H Batista, JC Ferreira, J Predebom, PM Roehle. 2010. Registros de *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818) (Chiroptera: Phyllostomidae) positivo para o vírus rábico no estado do Rio Grande do Sul, Brasil. *Revista Brasileira de Biociências* 8(1):61-63.
- Paglia AP, GAB Fonseca, AB Rylands, G Herrmann, LMS Aguiar, AG Chiarello, YLR Leite, LP Costa, S Siciliano, AM Kierulff, SL Mendes, VC Tavares, RA Mittermeier, JL Patton. 2012. Lista Anotada dos Mamíferos do Brasil. *Occasional Papers in Conservation Biology* 6. 76p.
- Passos EC, ML Carrieri, E Dainovskas, M Camara, MMS Silva. 1998. Isolamento do vírus rábico em morcego insetívoro, *Nyctinompos macrotis*, no município de Diadema, SP (Brasil). *Revista de Saúde Pública* 32(1):74-76.
- Peracchi AL, IP Lima, NR Reis, MR Nogueira, HO Filho. 2011. Ordem Chiroptera. Pp. 155-234. In: Reis, NR, AL Peracchi, WA Pedro, Lima IP (Eds.), *Mamíferos do Brasil*, Londrina.
- Peracchi AL, MR Nogueira. 2010. Métodos de captura de quirópteros em áreas silvestres. In: Reis, N.R.; Peracchi, A.L., Rossaneis, B.K.; Fregonezi, M.N. (Org.). *Técnicas de estudo aplicadas aos mamíferos silvestres brasileiros*. Rio de Janeiro: Technical Books, 2010, p. 42-58.
- Philbey AW, PD Kirkland, AD Ross, RJ Davis, AB Gleeson, RJ Love, PW Daniels, AR Gould, AD Hyatt. 1998. An apparently new virus



- (Family Paramyxoviridae) infectious for pigs, humans, and fruit bats. *Emerging Infectious Diseases* 4(2):269-271.
- Picard-Meyer E, C Borel, M Moinet, A Servat, P Rasquin, F Cliquet. 2012. Découverte d'une chauve-souris de Natterer infectée par un lyssavirus Bokeloh en Moselle en 2012. *Bulletin Épidémiologique Santé animale Alimentation* 55:25. Disponível em: www.anses.fr/bulletin-epidemiologique.
- Pinter A, MB Labruna. 2006. Isolation of *Rickettsia rickettsii* and *Rickettsia bellii* in cell culture from the tick *Amblyomma aureolatum* in Brazil. *Annals of New York Academy of Sciences* 1078:523-529.
- Pinto AS, DNC Bento. 1986. *Trypanosoma cruzi*-like bloodstream trypomastigotes in bats from the State of Piauí, northeastern Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 19(1):31-34.
- Plowright RK, P Foley, HE Field, AP Dobson, JE Foley, P Eby, P Daszak. 2011. Urban habituation, ecological connectivity and epidemic dampening: the emergence of Hendra virus from flying foxes (*Pteropus* spp.). *Proceedings of the Royal Society B* 278:3703-3712.
- Poon LLM, DKW Chu, KH Chan, OK Wong, TM Ellis, YHC Leung, SKP Lau, PCY Woo, KY Suen, KY Yuen, Y Guan, JSM Peiris. 2005. Identification of a Novel Coronavirus in Bats. *Journal of Virology* 79(4):2001-2009.
- Queiroz LH, C Carvalho, DS Buso, CIL Ferrari, WA Pedro. 2009. Perfil epidemiológico da raiva na região Noroeste do Estado de São Paulo no período de 1993 a 2007. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 42:9-14.
- Reis NR, OA Shibatta, AL Peracchi, WA Pedro, IP Lima. 2007. Sobre os Morcegos Brasileiros. Pp. 17-24. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP (Eds.), *Morcegos do Brasil*. Universidade Estadual de Londrina, Londrina.
- Reis NR, MN Fregonezi, AL Peracchi, OA Shibatta. 2013. *Morcegos do Brasil – Guia de Campo*. Technical Books Editora, Rio de Janeiro. 252p.
- Roque ALR, ASCC Xavier, MG da Rocha, AC Duarte, PS D'Andrea, AM Jansen. 2008. *Trypanosoma cruzi* transmission cycle among wild and domestic mammals in three areas of orally transmitted Chagas disease outbreaks. *Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 79:742-749.
- Roque ALR, ASCC Xavier, M Gerhardt, MFO Silva, VS Lima, PS D'Andrea, AM Jansen. 2013. *Trypanosoma cruzi* among wild and domestic mammals in different areas of the Abaetetuba municipality (Pará State, Brazil), an endemic Chagas disease transmission area. *Veterinary Parasitology* 193:71-77.
- Rosa AR, APAG Kataoka, SR Favoretto, MM Sodr , JT Netto, ACA Campos, EL Durigon, LFA Martorelli. 2011. First report of rabies infection in bats, *Molossus molossus*, *Molossops neglectus* and *Myotis riparius* in the city of S o Paulo, State of S o Paulo, southeastern Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 44(2):146-149. doi: 10.1590/S0037-86822011005000018
- Rotureau B, F Catzeflis, B Carme. 2006. Short Report: Absence of *Leishmania* in Guianan bats. *American Journal of Tropical of Medicine and Hygiene* 74(2):318-321.
- Sato G, Y Kobayashi, Y Shoji, T Sato, T Ito, FH Ito, HP Santos, CJC Brito, T Sakai. 2006. Molecular epidemiology of rabies from Maranh o and surrounding states in the northeastern region of Brazil. *Archives of Virology* 151:2243-2251. doi: 10.1007/s00705-006-0770-7
- Savani ESM, MF Almeida, MCGO Camargo, SRN D' uria, MMS Silva, ML Oliveira, D Sacramento. 2010. Detection of *Leishmania (Leishmania) amazonensis* and *Leishmania (Leishmania) infantum chagasi* in Brazilian bats. *Veterinary Parasitology* 168:5-10.
- Schaefer R, HB Batista, AC Franco, FA Rijsewijk, PM Roehe. 2005. Studies on antigenic and genomic properties of Brazilian rabies virus isolates. *Veterinary Microbiology* 107:161-170.
- Schmidt S, OP Machado, AP Galv o. 1973. Microepidemia de histoplasmose na zona rural de Bras lia – DF – 1967. *Estudos Epidemiol gico e Parasitol gico da Fonte de Infec o*. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 7(2):107-115.
- Shapiro JT, MSC Lima Junior, MEC Dorval, AO Fran a, MFC Matos, MO Bordignon. 2013. First record of *Leishmania braziliensis* presence detected in bats, Mato Grosso do Sul, southwest Brazil. *Acta Tropica* 128(1):171-174. doi: 10.1016/j.actatropica.2013.07.004
- Silva RAMS, NAE Arosemena, HM Herrera, CA Sahib, MSJ Ferreira. 1995. Outbreak of trypanosomiasis due to *Trypanosoma evansi* in horses of Pantanal Mato-grossense, Brazil. *Veterinary Parasitology* 60:167-171.
- Silva LHQ, EMS Cunha, WA Pedro, TC Cardoso, MCC Souza, CIL Ferrari. 1999. Isolamento do v rus r bico em *Molossus ater* (Chiroptera: Molossidae) no estado de S o Paulo. *Revista de Sa de P blica* 33(6):626-628.
- Silva LAM, JLM Machado, ML Melo, VIB Alencar, RS Melo, LP Andrade, EMVG Silva. 2011. Rabies virus in *Molossus molossus* (Chiroptera: Molossidae) in the State of Pernambuco, Northeastern Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 44(4):526-527.
- Silva LP, OS Ramos, SM Xavier, JR Reis. 2008. V rus da raiva em quir pteros no munic pio de Anaj s, Estado do Par , Brasil. In: *Anais do 35  Congresso Brasileiro de Medicina Veterin ria*, Gramado. Disponível em: www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R0634-2.html.
- Silva MV, SM Xavier, WC Moreira, BCP Santos, CEL Esb ard. 2007. V rus r bico em morcego *Nyctinomops laticaudatus* na Cidade do Rio de Janeiro, RJ: isolamento, titula o e epidemiologia. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 4:479-481.
- Simmons NB. 2005. Order Chiroptera. Pp. 312-529. In: Wilson DE, Reeder DM (Eds.), *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference*. V. 1. Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Sodr  MM, AR Rosa, MF Almeida. 2007. Rabies in the nectarivorous bat *G. soricina* (Pallas, 1766) in S o Paulo city, Brazil. *Chiroptera Neotropical* 13:307-308.
- Sodr  MM, AR Gama, MF Almeida. 2010. Updated list of bat species positive for rabies in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de S o Paulo* 52(2):75-81. doi: 10.1590/S0036-46652010000200004
- Souza HC, GS Almeida, GLM Mattos, AVAB Dias, WC Moreira. 2008. Manuten o do v rus r bico em zona urbana da cidade do Rio de Janeiro por *Artibeus fimbriatus*. In: *Anais do 35  Congresso Brasileiro de Medicina Veterin ria*, Gramado. Disponível em: www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R0498-1.html.
- Souza V, M Rocha, A Valera, LE Eguiarte. 1999. Genetic structure of natural populations of *Escherichia coli* in wild hosts on different continents. *Applied and Environmental Microbiology* 65:3373-3385.
- Steindel M, EC Grisard, CJ de Carvalho Pinto, FD Cordeiro, R Ribeiro-Rodrigues, AJ Romanha. 1998. Characterization of trypanosomes from the subgenus *Schizotrypanum* isolated from bats, *Eptesicus* sp. (Chiroptera: Vespertilionidae), captured in Florian polis, Santa Catarina State, Brazil. *Journal of Parasitology* 84(3):601-607.
- Stevens JR, VLB Nunes, SM Lanham, ET Oshiro. 1989. Isoenzyme characterization of *Trypanosoma evansi* isolated from capybaras and dogs in Brazil. *Acta Tropica* 46:213-222.
- Sumibacay L, B Kadjo, SH Gu, HJ Kang, BK Lim, JA Cook, JW Song, R Yanagihara. 2012. Divergent lineage of a novel hantavirus in the banana pipistrelle (*Neoromicia nanus*) in C te d'Ivoire. *Virology Journal* 9:34.
- Taylor ML, CB Ch vez-Tapia, R Vargas-Ya ez, G Rodr guez-Arellanes, GR Pe a-Sandoval, C Toriello, A P rez, MR Reyes-Montes. 1999. Environmental conditions favoring bat infection with *Histoplasma capsulatum* in Mexican shelters. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 61(6):914-919.
- Teeling EC, MS Springer, O Madsen, P Bates, JS O'Brien, WJ Murphy. 2005. A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science* 307(5709):580-584.
- Teixeira A. 2007. Os jogos e nicos. Pp. 29-50. In: Teixeira A. (Ed.), *Doen a de Chagas e Evolu o*. Editora Universidade de Bras lia: Finatec, Bras lia.
- Teixeira LFM, AM Gon alves, AJ Romanha, M Steindel, AS Pinto. 1993. Schizodeme and zymodeme analysis of trypanosomes of the subgenus *Schizotrypanum* from the bat. *Parasitology Research* 79:497-500.
- Teixeira A, MM Hecht. 2007. O agente infeccioso e o hospedeiro. Pp. 51-57. In: Teixeira, A (Ed.), *Doen a de Chagas e Evolu o*. Editora Universidade de Bras lia: Finatec, Bras lia.



- Tencate LN, C Carvalho, CV Táparo, M Marinho. 2010. Presença de *Cryptococcus neoformans* em excretas de morcegos da região noroeste do estado de São Paulo – Resultados Parciais. *Veterinária e Zootecnia* 17(Supl. 1):118.
- Thomas ME, IVJJ Rasweiler, A D'Alessandro. 2007. Experimental transmission of the parasitic flagellates *Trypanosoma cruzi* and *Trypanosoma rangeli* between triatomine bugs or mice and captive neotropical bats. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 102(5):559-565.
- Tomaz LAG, M Zortea, M Souza, VS Jayme. 2007. Isolamento do vírus rábico em morcego *Carollia perspicillata* em Niquelândia, Goiás. *Chiroptera Neotropical* 13:309-312.
- Towner JS, X Pourrut, CG Albariño, CN Nkogue, BH Bird, G Grard, TG Ksiazek, JP Gonzalez, ST Nichol, EM Leroy. 2007. Marburg Virus Infection Detected in a Common African Bat. *PLoS ONE* 2(8): e764. doi: 10.1371/journal.pone.0000764
- Uieda W. 1998. Rabies in the insectivorous bat *Tadarida brasiliensis* in Southeastern Brazil. *Revista de Saúde Pública* 32(5):484-485.
- Uieda W, NMS Harmani, MMS Silva. 1995. Raiva em morcegos insetívoros (Molossidae) do Sudeste do Brasil. *Revista de Saúde Pública* 29(5):393-397.
- Vayssier-Taussat M, D Le Rhun, S Bonnet, V Cotté. 2009. Insights in *Bartonella* Host Specificity. Pp. 127-132. In: *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1166, Rickettsiology and Rickettsial Diseases Fifth International Conference.
- Velazco PM, R Gregorin, RS Voss, NB Simmons. 2014. Extraordinary Local Diversity of Disk-Winged Bats (Thyropteridae: *Thyroptera*) in Northeastern Peru, with the Description of a New Species and Comments on Roosting Behavior. *American Museum Novitates* 3795:1-28.
- Vieira LFP, SRFG Pereira, P Carnieli-Junior, LCB Tavares, I Kotait. 2010. Caracterização molecular do vírus da raiva isolado de *Desmodus rotundus* capturados no Estado do Rio de Janeiro. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* 62(2):343-349.
- Vieira LFP, SRFG Pereira, P Carnieli-Junior, LC Tavares, I Kotait. 2013. Phylogeography of rabies virus isolated from herbivores and bats in the Espírito Santo State, Brazil. *Virus Genes* 46(2):330-336. doi: 10.1007/s11262-012-0866-y
- Wanzeller ALM, JAP Diniz, MLC Gomes, ACR Cruz, MCP Soares, W Souza, APAT Rosa, PFC Vasconcelos. 2002. Ultrastructural, Antigenic and Physicochemical Characterization of the Mojuí dos Campos (*Bunyavirus*) Isolated from Bat in the Brazilian Amazon Region. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 97(3):307-311.
- Woo PCY, SKP Lau, K Yuen. 2006. Infectious diseases emerging from Chinese wet-markets: zoonotic origins of severe respiratory viral infections. *Current Opinion in Infectious Diseases* 19:401-407.
- World Health Organization. 2013. Expert Consultation on Rabies: second report World Health Organization. Technical reports Series 982.
- Zetun CB, JL Hoffmann, RC Silva, LC Souza, H Langoni. 2009. *Leptospira* spp. and *Toxoplasma gondii* antibodies in vampire bats (*Desmodus rotundus*) in Botucatu region, SP, Brazil. *Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases* 15(3):546-552.
- Zortéa M. 2007. Subfamília Stenodermatinae. Pp. 17-24. In: Reis NR, Peracchi AL, Pedro WA, Lima IP. (Eds.), *Morcegos do Brasil*. Universidade Estadual de Londrina, Londrina.



Análise Filogenética entre Suínos Asselvajados no Pantanal e Comerciais (*Sus scrofa*, Artiodactyla: Suidae)

Fabiana Batalha Knackfuss^{1,*}, Rita de Cássia da Silva Paes², Albert Nobre de Menezes³, Heitor Miraglia Herrera⁴, Ubiratan Piovezan⁵, Cibele Rodrigues Bonvicino⁶

¹ Pós-Graduação (Doutorado) do Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Centro de Ciências da Saúde (CCS). Avenida Carlos Chagas Filho, 373, Bloco A, 2º andar, sala A2-099, Cidade Universitária, CEP 21941-902, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

² Agência Estadual de Defesa Sanitária Animal e Vegetal (IAGRO). Avenida Senador Filinto Muller, 1.146, Vila Ipiranga, CEP 79074-902, Campo Grande, MS, Brasil.

³ Instituto Nacional de Câncer "José Alencar Gomes da Silva" (INCA) – Divisão de Genética. Praça Cruz Vermelha, 23, Centro, CEP 20230-130, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

⁴ Universidade Católica Dom Bosco. Avenida Tamandaré, 6.000, Jardim Seminário, CEP 79117-900, Campo Grande, MS, Brasil.

⁵ EMBRAPA Pantanal. Rua Vinte Um de Setembro, 1.880, Aeroporto, CEP 79320-900, Corumbá, MS, Brasil.

⁶ Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

* A quem enviar a correspondência. E-mail: fbknackfuss@hotmail.com

Resumo: O gene mitocondrial *citocromo b* completo (1.140 pb) foi sequenciado para onze amostras de suínos asselvajados do Pantanal (porco-monteiro) do Mato Grosso do Sul, Brasil (duas no município de Aquidauana e nove no município de Corumbá) e onze amostras de suínos domésticos de uma granja comercial de Guapimirim, Rio de Janeiro, sendo uma amostra referente a um animal resultante do cruzamento de várias raças, aqui designado composto comercial. Além disso, foram utilizadas 104 amostras de *Sus scrofa* de origens asiáticas e europeias depositadas no GenBank. Análises de máxima verossimilhança e inferência Bayesiana evidenciaram a existência de duas linhagens de *Sus scrofa*: uma asiática, na qual a amostra do composto comercial ficou agrupada e uma europeia, estando incluídas as amostras de suínos asselvajados e domésticos sequenciadas neste trabalho. As análises também confirmaram a existência de monofiletismo dos espécimes asselvajados e domésticos, indicaram baixo grau de diversidade genética entre eles, e não mostraram estruturação geográfica entre as amostras de porco-monteiro das duas sub-regiões do Pantanal. Os resultados sugerem que os processos de seleção (artificial em suínos domésticos, e natural nos asselvajados) exercem baixa influência sobre a diversidade genética nas duas populações, apesar da evidente diferença morfológica entre elas. Esse resultado tem implicação na manutenção e transmissão de agentes etiológicos de doenças de interesse veterinário e humano em ambiente silvestre, principalmente em áreas onde suínos asselvajados e domésticos coexistam, como no Pantanal do Mato Grosso do Sul.

Palavras-Chave: *Citocromo b*; *Sus scrofa*; Suínos comerciais; Suínos ferais; Análise filogenética.

Abstract: The mitochondrial gene cytochrome *b* (1,140 pb) was sequenced in eleven samples of feral pigs from Pantanal Mato Grosso do Sul, Brazil (two from Aquidauana and nine from the municipality of Corumbá), eleven samples of domestic pigs from a farm in Guapimirim (RJ) and one individual from a breeding company. Furthermore, 104 samples of *Sus scrofa* (of Asian and European origin) deposited in GenBank were used. Analyses of maximum likelihood and Bayesian inference showed two lineages of *Sus scrofa*: one of Asian pigs, including the individual specimen sold by the breeding company, and another lineage of European pigs, including the domestic and feral pigs sequenced by us. Analyses confirmed the monophyly of feral and domestic pigs and a low level of genetic diversity between them as well as lack of geographic structure of feral pigs from two different sub-regions of the Pantanal. These results showed that different selection processes (during captive breeding for domestic pigs and natural selection for feral pigs) had limited influence on the overall genetic diversity of *Sus scrofa* populations. These results are relevant for areas where feral and domestic animals are presently coexisting, like the Pantanal of Mato Grosso do Sul, mainly for the maintenance and transmission of etiologic agents of diseases of veterinary and human importance.

Key-Words: Cytochrome *b*; *Sus scrofa*; Domestic pigs; Feral pigs; Phylogenetic analysis.

INTRODUÇÃO

Os suínos da espécie *Sus scrofa* Linnaeus, 1758, ordem Artiodactyla e família Suidae, descendem dos

Knackfuss *et al.*: Análise filogenética de suínos asselvajados e domésticos

Javalis da Eurásia (*Sus scrofa*), sendo que a domesticação teria ocorrido de forma independente a partir de subespécies de javali na Europa e Ásia cerca de 9.000 anos a.c. (Giuffra *et al.*, 2000).



Em várias regiões do mundo incluindo as Américas, Austrália, Europa e Ásia, *Sus scrofa* asselvajou-se, sendo considerado um invasor de áreas naturais e agrícolas (Hone, 2002), além de ser um dos 100 organismos invasores mais eficazes do planeta (Lowe *et al.*, 2000). Outro aspecto importante da sua ecologia é a sua provável participação como reservatório de agentes etiológicos de doenças infecto-contagiosas como brucelose, leptospirose, doença de Aujeszky e, febre aftosa (Ickes *et al.*, 2005; Paes *et al.*, 2013). Recentemente um vírus similar ao vírus da hepatite B humana foi isolado em suínos comerciais na China (Li *et al.*, 2010) e no Brasil (Vieira *et al.*, 2012).

De acordo com Cavalcanti (2000), os primeiros suínos domésticos introduzidos no Brasil foram originários da Península Ibérica na época do descobrimento. A partir daí sofreram influência de inúmeros fatores, agruparam-se independentemente e, com o passar dos séculos, formaram as raças locais ou naturalizadas. No Pantanal, os suínos foram introduzidos há mais de dois séculos, sendo a sua forma asselvajada localmente denominada "porco-monteiro". As populações de porco-monteiro do Pantanal mato-grossense têm sua origem nas raças trazidas pelos colonizadores que fundaram Albuquerque, atual Corumbá, em 1778 (Castro *et al.*, 2002).

Durante a Guerra da Tríplice Aliança (1864-1870), conhecida como Guerra do Paraguai, as fazendas foram abandonadas pelos proprietários e invadidas por tropas paraguaias em busca de mantimentos. Com o abandono das fazendas, algumas espécies de animais domésticos como os bovinos e os suínos encontraram na planície pantaneira excelentes condições para se manter e reproduzir. Deste modo, no início do século XX era comum avistar grupos de porcos em estado feral. Inicialmente eram chamados de "puercos del monte" e por expressão coloquial passaram a ser denominados localmente de porcos "monteiro" (Donkin, 1985).

Sua adaptação ao ambiente pantaneiro por mais de 200 anos propiciou alterações morfológicas que, atualmente, o assemelham mais aos javalis do que aos seus ancestrais domésticos. A pelagem preta é a mais comum, embora a vermelha, russa e piau, também possam ser encontradas. Os pelos no dorso tornaram-se longos e os membros compridos apropriados para o forrageamento na água e fuga de predadores. O focinho é alongado, o tecido subcutâneo é especialmente espesso e os caninos são longos e direcionados lateralmente (Sicuro & Oliveira, 2002).

Em todo Pantanal, são estimados cerca de 9800 grupos constituídos por até 50 indivíduos com fêmeas que podem procriar até duas vezes ao ano, gerando até seis leitões por parto. Estudos apontam que populações de porco-monteiro na região do Pantanal da Nhecolândia possuem organização social caracterizada por grupos matriarcais, compostos de várias gerações de fêmeas aparentadas, da prole e de um ou vários machos, configurando um sistema poligâmico de acasalamento (Desbiez *et al.*, 2009).

Os porcos-monteiro são mais ativos à noite e são onívoros, alimentando-se de folhas, sementes, raízes,

frutos, insetos, ovos de pássaros, lagartos e pequenos mamíferos. No Pantanal, a ocupação espacial de *Sus scrofa* parece estar associada às áreas abertas, com disponibilidade de água, incluindo áreas de ocupação da pecuária (Santos, 2009). Frequentemente são encontrados se alimentando de carcaças bovinas e nas margens dos corpos de água (Desbiez, 2007), mostrando que essa espécie não perdeu a característica de se alimentar e termorregular em banhados (Donkins, 1985; Choquetot & Ruscoe, 2003).

Grupos de *Sus scrofa* selvagens podem migrar de 100 a 150 km em busca de alimentos ricos em energia (Massei & Genov, 2004). O deslocamento espacial e o tamanho populacional de porcos-monteiro no Pantanal estão influenciados grandemente pela disponibilidade sazonal anual e plurianual de recursos, que variam segundo a alternância entre anos de cheias e longos períodos secos (Mourão *et al.*, 2002).

A subdivisão em grupos sociais, que constituem unidades reprodutivas, e o padrão de dispersão sexual de uma espécie são importantes para o entendimento da genética das populações e os índices de endogamia encontrados (Biondo *et al.*, 2011). Até o presente, poucos estudos sobre a avaliação da diversidade genética entre porcos domésticos e porcos-monteiro foram realizados.

A combinação de técnicas moleculares para caracterizar geneticamente populações domésticas e selvagens através da determinação de suas frequências alélicas em *locus* marcadores têm gerado informações valiosas sobre a diversidade genética e relacionamentos filogenéticos (Ferreira & Grattapaglia, 1996). Dentre os marcadores moleculares utilizados para análises filogenéticas destacam-se os genes de herança mitocondrial, que apresentam como principais características serem haplóides, não receberem influência da recombinação sexual, herança clonal e alta taxa mutacional fazendo dessa molécula uma estrutura apropriada para estudos de filogenia (Irwin *et al.*, 1991), por acumular substituições de base, inserções e deleções.

O presente estudo tem como objetivo analisar a diversidade genética e as relações filogenéticas entre *Sus scrofa* asselvajado e doméstico e investigar a existência de estruturação geográfica entre amostras de porcos-monteiro no Pantanal mato-grossense utilizando como marcador o gene mitocondrial *citocromo b*.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostras de tecido de porco-monteiro do Pantanal foram coletadas, entre os anos 2003 e 2008, em dois municípios do Mato Grosso do Sul: Corumbá e Aquidauana, distantes entre si cerca de 135 km. Foram analisadas nove amostras em Corumbá (CO), sendo sete na Fazenda Alegria (19°03'S e 56°47'W) e duas na Fazenda Nhumirim (18°59'S e 56°39'W), e duas amostras em Aquidauana (AQ), no limite das Fazendas Santa Emília e Santa Marta (19°30'S e 55°36'W). Onze amostras de porcos domésticos foram obtidas na granja Vale dos



Girassóis localizada no município de Guapimirim (RJ) em 2006, sendo que uma dessas amostras era de um animal utilizado como reprodutor da granja (identificado como GV412) adquirido de uma empresa de genética como composto comercial. Adicionalmente foram utilizadas 104 amostras de *Sus scrofa* de diferentes origens (Tabela 1) depositadas no GenBank, além de uma amostra de *Sus barbatus* (AM492662) e uma de *Sus celebensis* (AM492663), utilizadas como grupo externo.

O DNA das amostras foi isolado de tecido pelo método de fenol-clorofórmio (Sambrook *et al.*, 1989) e o gene *citocromo b* (*Citb*) completo (1.140 pb) foi amplificado por PCR com os iniciadores Sot Out 1 (5' AATGAYATGAAAARYCATCGTTG 3') e Sot Out 2 (5' TCTTCCTTGAGTCTTAGGGAG 3'), ambos desenhados por Cassens *et al.* (2000). As condições de ciclagem dos iniciadores foram: desnaturação a 92°C por 4 minutos, seguida de 35 ciclos (92°C por 2 minutos, 54°C por 1,5 minutos, 72°C por 2 minutos) e extensão final a 72°C por 7 minutos. As amostras amplificadas foram checadas por eletroforese em gel de agarose a uma concentração de 1,5% contendo brometo de etídio (2,0 mg/mL) e observadas em um transiluminador de ultravioleta (UV). Os produtos amplificados foram purificados através do "GFX TM PCR DNA and Gel Band Purification Kit", e a presença do fragmento checada por eletroforese em um gel de agarose. Para o sequenciamento foram utilizados os mesmos iniciadores utilizados para amplificação além dos iniciadores internos Sot in1 (5' TTRTTRGATCCTGTTTCR 3') e Sot in2 (5' TGAGGACAAATATCATTYTGAG 3') também desenhados por Cassens *et al.* (2000). Os produtos do sequenciamento foram precipitados utilizando o protocolo de isopropanol, de acordo com o fabricante, para serem submetidos ao sequenciador automático ABI 3130 xl (Applied Biosystems). As sequências foram verificadas com o programa BioEdit Sequence Alignment Editor (Hall, 1999) e alinhadas manualmente. Para as análises filogenéticas, o modelo de evolução foi indicado pelo teste de Critério de Informação de Akaike, do inglês "Akaike information criterion" (Akaike, 1973) com modificações (AIC2; Posada & Crandall 1998), usando o programa ModelGenerator 0.85 (Keane *et al.*, 2006). A topologia de máxima verossimilhança (MV) foi obtida com o programa PhyML versão 3.0 (Anisimova & Gasuel, 2006). As relações filogenéticas foram também determinadas por meio de inferência Bayesiana (BA), sendo utilizado o método de Monte Carlo – Cadeia de Markov, conjugado ao algoritmo de Metropolis (MC3), usando o programa Mr. Bayes 3.1 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003). Foram rodadas duas corridas de 1.000.000 gerações, cada uma com uma cadeia fria e três quentes e amostragem a cada 100 gerações. As primeiras 1.000 gerações foram excluídas para o cálculo da convergência das cadeias, e após a confirmação da convergência utilizando o programa Tracer (Rambaut & Drummond, 2007), uma árvore de consenso foi computada. As probabilidades posteriores foram usadas como valores de suporte para os agrupamentos. A confiabilidade dos ramos foi calculada por meio do teste de razão de Verossimilhança aproximado (approximate Likelihood Ratio

Test – aLRT) e pelas probabilidades posteriores obtidas pela análise Bayesiana (pp).

Para o cálculo e elaboração de uma rede de haplótipos foi utilizada a análise de median-joining (MJ), com o programa NETWORK 4.5.1.6 (Bandelt *et al.*, 1999) que adota o critério de parcimônia.

RESULTADOS

A existência de duas linhagens de *Sus scrofa*, baseada na sequência do gene mitocondrial *citocromo b*, sendo uma de origem asiática e outra europeia, mostrada em trabalhos anteriores (Giuffra *et al.*, 2000, Jiang *et al.*, 2008), foi confirmada nesse estudo. Foram obtidas 11 sequências de porcos-monteiro correspondentes a dois haplótipos (Hap26 e 27; Tabela 1) e 11 sequências de porcos domésticos correspondentes a seis haplótipos (Hap 11, 13 e 28 a 31, Tabela 1).

A análise de verossimilhança máxima e Bayesiana confirmaram o monofiletismo de *Sus scrofa* (suporte respectivamente de 0,98 aLRT e 1 pp). Na análise de verossimilhança máxima foram observados dois clados principais, um formado pelos agrupamentos Itália e Europa/Brasil/Austrália (respectivamente 0,82 aLRT

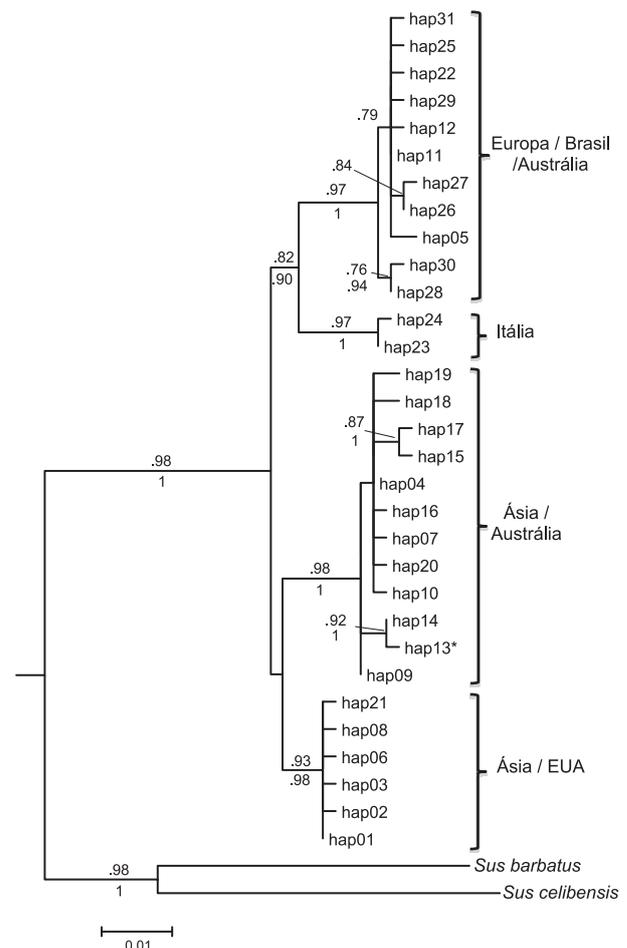


Figura 1: Topologia da Máxima Verossimilhança com o gene *citocromo b* para *Sus scrofa* selvagem e doméstico. Valores próximos aos nós representam suporte de aLRT (em cima) e probabilidade posterior (em baixo). * refere-se ao haplótipo da marca comercial, a lista dos demais haplótipos encontra-se na Tabela 1.



Tabela 1: Lista dos haplótipos (Hap) das amostras analisadas especificando o número de acesso do GenBank (Número), localidade e referência. As abreviações RCSP, CRB, e GV referem-se ao número de campo de Rita de Cássia da Silva Paes, Cibele Rodrigues Bonvicino, e Granja Vale dos Girassóis. 1 = Mona *et al.* (2007).

Hap	Número	País/localidade	Ref.
Hap01	AM492546-047, AM492550, AM492552-53, AM492555	Indonésia, Asmat Territories – Oeste Nova Guiné	1
Hap01	AM492564, AM492568	Indonésia, Bali	1
Hap01	AM492571-72	Indonésia, Manokwari – Oeste Nova Guiné	1
Hap01	AM492577	Indonésia, Nabire – Oeste Nova Guiné	1
Hap01	AM492588-89, AM492584	Indonésia, Sorong – Oeste Nova Guiné	1
Hap01	AM492614-16	Indonésia, Nabire Highlands – Oeste Nova Guiné	1
Hap01	AM492634, AM492638, AM492642	Indonésia, Bandung – Java	1
Hap01	AM492644	Indonésia, Melinani – Seram	1
Hap01	AM492645-52	Papua Nova Guiné, Aipos village	1
Hap02	AM492548-49, AM492554, AM492557	Indonésia, Asmat Territories – Oeste Nova Guiné	1
Hap03	AM492551, AM492556	Indonésia, Asmat Territories – Oeste Nova Guiné	1
Hap04	AM492558, AM492560	Australia	1
Hap04	AM492562-63, AM492567	Indonésia, Bali	1
Hap04	AM492575, AM492578	Indonésia, Nabire – Oeste Nova Guiné	1
Hap04	AM492590	Indonésia, Sorong – Oeste Nova Guiné	1
Hap04	AM492591	Indonesia, Kecamatan Simpang Hulu – Borneo	1
Hap04	AM492595-96	Sri Lanka	1
Hap04	AM492598-99	China, Zizhong	1
Hap04	AM492603	China, Wenjiang	1
Hap04	AM492613	Indonesia, Nabire Highlands – Oeste Nova Guiné	1
Hap04	AM492627, AM492629-30, AM492632-33, AM492635-36	Indonésia, Solo – Java	1
Hap04	AM492641	Indonesia, Bandung – Java	1
Hap04	AM492655-57	Vietnam	1
Hap05	AM492559	Australia	1
Hap06	AM492561	Indonésia, Bali	1
Hap06	AM492581	Indonésia, Senopi – Oeste Nova Guiné	1
Hap07	AM492569-70	Indonésia, Bali	1
Hap07	AM492579-80	Indonésia, Senopi – Oeste Nova Guiné	1
Hap08	AM492573-74	Indonésia, Manokwari – Oeste Nova Guiné	1
Hap09	AM492576	Indonésia, Nabire – Oeste Nova Guiné	1
Hap09	AM492586-87	Indonésia, Sorong – Oeste Nova Guiné	1
Hap09	AM492639	Indonésia, Bandung – Java	1
Hap09	AM492643	Indonésia, Melinani – Seram	1
Hap10	AM492582, AM492583, AM492585	Indonésia, Sorong – Oeste Nova Guiné	1
Hap11	AM492592	Bulgária	1
Hap11	AM492617-18	Israel	1
Hap11	AM492625, AM492626	Itália	1
Hap11	AM492637, AM492640	Indonésia, Bandung – Java	1
Hap11	KJ476229, KJ476213, KJ476217, KJ476226	Brasil, RJ, Guapimirim, Granja Vale dos Girassóis	Este estudo
Hap12	AM492593	Bulgária	1
Hap13	AM492631	Indonésia, Solo – Java	1
Hap13	KJ476225	Brasil, RJ, Guapimirim, Granja Vale dos Girassóis	Este estudo
Hap13	AM492594	Sri Lanka	1
Hap14	AM492597	China, Zizhong	1
Hap15	AM492600	China, Ziyang	1
Hap16	AM492601	China, Jingtang	1
Hap17	AM492602	China, Jingtang	1
Hap18	AM492606	China, Huayang	1
Hap19	AM492608	China, Jingtang	1
Hap20	AM492609	China, Xindu	1
Hap21	AM492611	Indonésia, Manggarai – Flores	1
Hap21	AM492612	Indonésia, Manggarai – Flores	1
Hap22	AM492620	Itália	1
Hap23	AM492621-23	Itália	1
Hap24	AM492624	Itália	1
Hap25	AM492653-54	Portugal	1
Hap26	KJ476207, KJ476209, KJ476211, KJ476214, KJ476215	Brasil, MS, Corumbá, Fazenda Alegria	Este estudo
Hap26	KJ476220	Brasil, MS, Aquidauana, Fazenda Santa Emília/Santa Marta	Este estudo
Hap26	KJ476221, KJ476222	Brasil, MS, Corumbá, Fazenda Nhumirim	Este estudo
Hap26	KJ476223	Brasil, MS, Aquidauana, Fazenda Santa Emília/Santa Marta	Este estudo
Hap27	KJ476208, KJ476210	Brasil, MS, Corumbá, Fazenda Alegria	Este estudo
Hap28	KJ476224, KJ476216, KJ476219	Brasil, RJ, Guapimirim, Granja Vale dos Girassóis	Este estudo
Hap29	KJ476218	Brasil, RJ, Guapimirim, Granja Vale dos Girassóis	Este estudo
Hap30	KJ476228	Brasil, RJ, Guapimirim, Granja Vale dos Girassóis	Este estudo
Hap31	KJ476230	Brasil, RJ, Guapimirim, Granja Vale dos Girassóis	Este estudo

e 0,90 pp) e outro clado formado pelos agrupamentos de Ásia/Austrália e Ásia/EUA (Figura 1). Entretanto, esse último clado além de não apresentar um suporte alto de aLRT, não foi recuperado na análise Bayesiana, que agrupou as amostras em dois cladogramas, parafiléticos ao primeiro clado (resultado não mostrado). O clado das amostras europeias se dividiu em duas linhagens, uma com amostras da Itália (Haplótipos 23 e 24, Figura 1), e a outra com as amostras da Europa/Brasil/Austrália (Bulgária-Hap 12, Portugal-Hap 25, Itália-Hap 22, Austrália-Hap 05, Brasil-porcões domésticos-Hap 28 a 31 e ferais Hap 26, 27). Além disso, em ambas as análises, MV e BA, as amostras de porcos asselvajados e domésticos se agrupam com sequências europeias em um clado com alto valor de suporte (0,97 aLRT e 1 pp).

A análise de rede indicou quatro linhagens, duas contendo a maioria dos haplótipos de origem europeia e duas contendo haplótipos de origem asiática. Pelo menos 11 substituições separam os haplótipos de origem asiática dos agrupamentos contendo haplótipos de origem europeia. As amostras de porco-monteiro se agruparam com as europeias, e não indicaram estruturação quanto à origem geográfica, com amostras de Corumbá e Aquidauana compartilhando o mesmo haplótipo (Figura 2; Tabela 1). A amostra do composto comercial apresentou o mesmo haplótipo de amostras asiáticas (Sri

Lanka e Indonésia), separado do restante das amostras de porcos domésticos sequenciados nesse trabalho (Figura 2; Tabela 1) por pelo menos 15 substituições e dos ferais por pelo menos 16 substituições. Entre os demais espécimes domésticos e asselvajados sequenciados nesse trabalho foi encontrada pelo menos uma transição (Figura 2; Tabela 1).

DISCUSSÃO

A confirmação do monofiletismo de *Sus scrofa* e a baixa diferenciação genética, com apenas uma substituição entre o agrupamento de porcos-monteiro e o de porcos domésticos, indicam que ambos devem ser considerados uma única espécie, apesar das diferenças morfológicas como, por exemplo, peso corporal, perfil craniano e pelagem (Figuras 3a e 3b) e zootécnicas, como número de filhotes por parição, idade da primeira parição das fêmeas, intervalo de gerações, número de partos por ano, e idade a primeira cria (Desbiez *et al.*, 2009). A baixa diferenciação genética entre os porcos-monteiro e a pequena distância genética em relação aos espécimes domésticos pode também ser explicada pelo recente processo de asselvajamento dos porcos-monteiro no Pantanal. Este processo se iniciou a pouco

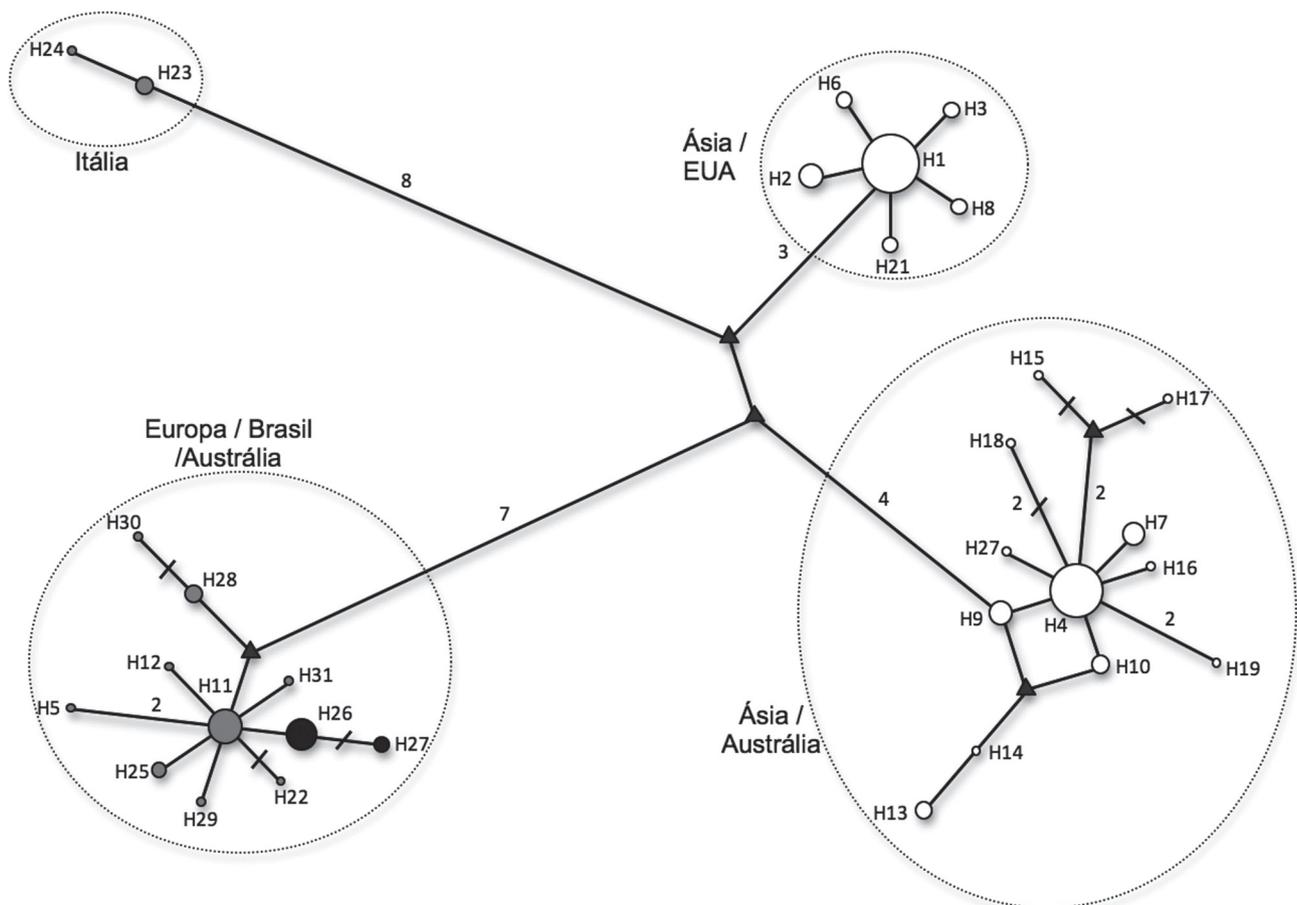


Figura 2: Rede de haplótipos Median-joining de *Sus scrofa* doméstico e feral. A lista dos haplótipos encontra-se na Tabela 1. Os círculos e seus tamanhos correspondem aos haplótipos e o número de indivíduos. Círculos cinza representam haplótipos com ao menos um espécime de porco doméstico sequenciado neste trabalho, círculos negros de porco-monteiro, e círculos brancos haplótipos do GenBank. Números próximos às linhas correspondem ao número de transições (> 1), e os traços transversais correspondem às transversões entre haplótipos. Os triângulos representam vetores médios que são haplótipos não amostrados ou recentemente extintos



Figura 3: a) Matriz suína doméstica, Granja Vale dos Girassóis, RJ. Foto de FB Knackfuss; b) Macho de porco-monteiro capturado nos limites das Fazendas Santa Emília e Santa Marta-Pantanal, MS. Foto de RCS Paes.

mais de 200 anos com o escape para o ambiente natural dos exemplares domésticos introduzidos na colonização do Brasil (Donkin, 1985), não havendo tempo para acumular mutações. Uma baixa diversidade genética em javalis, suínos domésticos, seus híbridos e amostras de porco-monteiro também foram observados por Grossi *et al.* (2006) ao analisarem a variação existente no marcador mitocondrial D-loop.

O alto número de haplótipos encontrados nos espécimes domésticos sequenciados nesse trabalho pode ser explicado pela formação do rebanho suíno no país. No Brasil, até o final do século XIX e início do século XX, os suínos eram selecionados principalmente para banha, e os acasalamentos eram realizados de forma não orientada. A partir do início do século XX, a necessidade de aumentar a produção de carne no Brasil, assim como na Europa, fez com que as raças inicialmente introduzidas, e que até então eram selecionadas principalmente para banha, fossem substituídas gradativamente pelas raças do tipo carne, que produzem animais com pouca deposição de gordura (Sollero, 2006), dando início a um intenso processo de melhoramento genético nos suínos domésticos. Desta forma, entre 1930 e 1960, com a importação de raças como Large Black, Berkshire, Large White, Wessex, Hampshire, Duroc e Landrace (Cavalcanti, 2000), novas combinações gênicas contribuíram para o aumento da variabilidade genética nos suínos domésticos. Outro fator relevante é que a reposição dos animais utilizados nas unidades de produção dos reprodutores comerciais, a fim de permitir alta variabilidade genética

e evitar endogamia indesejável (Antunes, 2007), o que faz com que as matrizes comerciais gerem uma média de 2,5 ciclos reprodutivos por ano (Dias *et al.*, 2011). Já no ambiente selvagem, a organização social dos porcos-monteiro é caracterizada por grupos compostos de várias gerações de fêmeas aparentadas, de suas proles e de varões adultos solitários (Barret, 1978; Boitani *et al.*, 1994; Gabor *et al.*, 1999), o que poderia explicar uma menor variabilidade frente aos porcos domésticos.

A ausência de estruturação geográfica no clado formado pelas amostras de porco-monteiro, com amostras de Corumbá e Aquidauana compartilhando o mesmo haplótipo sugere um possível fluxo gênico entre essas populações de diferentes sub-regiões do Pantanal. Essa hipótese é corroborada pelo fato dos porcos-monteiro percorrem longas distâncias em busca de recursos (Massei & Genov, 2004) e a maior barreira entre Corumbá e Aquidauana é o rio Negro, é atravessado facilmente pelos porcos nos períodos de seca.

O agrupamento da amostra do composto comercial no clado das amostras de *Sus scrofa* de origem asiática pode ser explicado pelo fato de várias marcas comerciais produzidas no Brasil receberem contribuição de raças de origem asiática (como as Meishan, Jiaxing e Jinhua), buscando, principalmente, a produção de ninhadas numerosas (Monteiro, 1999). Da mesma forma, o agrupamento das amostras de porcos-monteiro com os de origem europeia pode ser explicado pelo fato de os primeiros suínos introduzidos no Brasil por Martin Afonso de Souza terem sido representantes de raças europeias, como as portuguesas (Alentejana e Bísara), espanholas (Galega e Perijordina) e italiana (Napolitana), entre outras (Castro *et al.*, 2002). Esses resultados foram confirmados por Grossi *et al.* (2006) que observaram haplótipos asiáticos e europeus nas amostras de porco doméstico, mas apenas haplótipos europeus nas amostras de porcos-monteiro. A separação das amostras de porcos-monteiro em um clado a parte, também foi observada por Sollero (2006), que ao analisar uma filogenia baseada na diversidade de 12 diferentes grupos raciais de *Sus scrofa* a partir de 24 marcadores do tipo microssatélites, observou que as amostras representantes do composto comercial MS60 se agruparam a parte das amostras de porco-monteiro.

Por último, a separação das amostras australianas é corroborada pelos resultados observados por Lopez (2013), que ao analisar sete microssatélites em 434 amostras de porcos ferais em Queensland (Austrália), evidenciou um forte padrão de estruturação genética em uma escala de 25 a 35 km de distância. Esse autor encontrou uma forte evidência de acasalamento não aleatório entre os suínos de origem europeia e asiática, indicando que a estruturação pode ser influenciada pela ancestralidade.

AGRADECIMENTOS

À CAPES, pela concessão de bolsa de estudo à Fabiana Batalha Knackfuss e Albert Nobre Menezes, à Knackfuss *et al.*: Análise filogenética de suínos asselvajados e domésticos



FAPERJ pelos financiamentos a Cibele Rodrigues Bonvicino (E26/102.956/2011) e Albert Nobre Menezes (E26/102.810/2011), ao CNPq pelos financiamentos à Cibele Rodrigues Bonvicino (307669/2013-0) e à Anhanguera-UNIDERP pelo suporte financeiro.

REFERÊNCIAS

- Akaike H. 1973. Information theory as an extension of the maximum likelihood principle. Pp. 267-281, in: Petrov BN, Csaki F (Eds.). Proceedings of the Second International Symposium on Information Theory. Budapest, Akademiai Kiado, Budapest.
- Anisimova M, Gascuel O. 2006. Approximate likelihood-ratio test for branches: A fast, accurate, and powerful alternative. *Systematic Biology* 55:539-552.
- Antunes RC. 2007. Planejando a reposição de reprodutores (macho e fêmea) e impacto sobre a eficiência reprodutiva da granja. *Revista Brasileira de Reprodução Animal* 31(1):41-46.
- Bandelt HJ, Forster P, Rohl A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* 16:37-48.
- Barrett RH. 1978. The feral hog at Dye Creek Ranch, California. *Hilgardia* 46:283-355.
- Biondo C, Keuroghlian A, Gongora J, Miyaki C. 2011. Population genetic structure and dispersal in white-lipped peccaries (*Tayassu pecari*) from the Brazilian Pantanal. *Journal of Mammalogy* 92(2):267-274.
- Boitani L, Mattei L, Nonis D, Corsi F. 1994. Spatial and activity patterns of wild boars in Tuscany, Italy. *Journal of Mammalogy* 75:600-612.
- Cassens I, Vicario S, Waddell VG, Balchowsky H, Van Belle D, Ding W, Fan C, Mohan RSL, Simões L PC, Bastida R, Meyer A, Stanhope MJ, Milinkovitch MC. 2000. Independent adaptation to riverine habitats allowed survival of ancient cetacean lineages. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(21):11343-11347.
- Castro STR, Albuquerque MSM, Germano JL. 2002. Census of Brazilian naturalized swine breeds. *Archivos de Zootecnia* 52:235-239.
- Cavalcanti SS. 2000. Suinocultura Dinâmica. Rome. Fep. MEZ. ed. Contagem.
- Choquenot D, Ruscoe WA. 2003. Landscape complementation and food limitation of large herbivores: habitat-related constraints on the foraging efficiency of wild pigs. *Journal of Animal Ecology* 72:14-26.
- Desbiez ALJ. 2007. Wildlife conservation in the Pantanal: habitat alteration, invasive species and bushmeat hunting. Institute of Conservation and Ecology, University of Kent, Kent, Inglaterra.
- Desbiez ALJ, Santos SA, Keuroghlian A, Bodmer RE. 2009. Niche partitioning among white-lipped peccaries (*Tayassu pecari*), collared peccaries (*Pecari tajacu*), and feral pigs (*Sus scrofa*). *Journal of Mammalogy* 90:119-128.
- Dias D, Carraro BZ, Dallanora D, Coser FJ, Machado GS, Machado IP, Pinheiro R, Rohr S. 2011. Manual Brasileiro de Boas Práticas Agropecuárias na Produção de Suínos. ABCS; MAPA. 1. ed. Concórdia, Brasil.
- Donkin RA. 1985. The Peccary-with observations on the introduction of pigs to the New World. *Transactions of the American Philosophical Society* 75(5):1-145.
- Ferreira ME, Grattapaglia D. 1996. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 2. ed. EMBRAPA-Cenargen, Brasília.
- Gabor TM, Hellgren EC, Van den Bussche RA, Nova JS. 1999. Demography, sociospatial behaviour and genetics of feral pigs (*Sus scrofa*) in a semi-arid environment. *Journal of Zoology* 247:311-322.
- Giuffra E, Kijas JMH, Amarger V, Carlborg O, Jeon JT, Andersson L. 2000. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression *Genetics* 154:1785-1791.
- Grossi SF, Lui JF, Garcia JE, Meirelles FV. 2006. Genetic diversity in wild (*Sus scrofa scrofa*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) pigs and their hybrids based on polymorphism of a fragment of the D-loop region in the mitochondrial DNA. *Genetics and Molecular Research* 5(4):564-568.
- Hall TA. 1999. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis 135 program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41:95-98.
- Hone J. 2002. Feral pigs in Namadgi National Park, Australia: dynamics, impacts and management. *Biological Conservation* 105:231-242.
- Ickes K, Paciorek JC, Thomas, SC. 2005. Impacts of nest construction by native pigs (*Sus scrofa*) on Lowland Malaysian rain forest saplings. *Ecology* 86:1540-1547.
- Irwin DM, Kocker TD, Wilson AC. 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal Molecular and Evolution* 32:128-144.
- Jiang YN, Wu CY, Huang CY, Chu HP, Ke MW, Kung MS, Li KY, Wang CH, Li SH, Wang Y, Ju YT. 2008. Interpopulation and intrapopulation maternal lineage genetics of the Lanyu pig (*Sus scrofa*) by analysis of mitochondrial cytochrome and control region sequences. *Journal of Animal Science* 86:2461-2470.
- Keane TM, Creevey CJ, Pentony MM, Naughton TJ, McInerney JO. 2006. Assessment of methods for amino acid matrix selection and their use on empirical data shows that ad hoc assumptions for choice of matrix are not justified. *BMC Evolutionary Biology* 6:29.
- Li W, She R, Liu L, You H, Yin J. 2010. Prevalence of a virus similar to human hepatitis B virus in swine. *Virology Journal* 7(1):60.
- Lopez J. 2013. Targeted Control of feral pigs in far north Queensland: defining management units using molecular techniques. Faculdade de Ciências e Engenharia, University of Technology Brisbane, Brisbane, Austrália.
- Lowe S, Browne M, Boudjelas S, De Poorter M. 2000. 100 of the World's Worst Invasive Alien Species. A selection from the Global Invasive Species Database. ISSG Auckland, New Zealand, www.issg.org/database/species/reference_files/100English.pdf. Acesso em Junho de 2013.
- Massei G, Genov PV. 2004. The Environmental Impact of Wild Boar. *Galemys* 16:135-145.
- Mona S, Randi E, Tommaseo-Ponzetta M. 2007. Evolutionary history of the genus *Sus* inferred from cytochrome b sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 45:757-762.
- Monteiro MHGV. Aspectos Reprodutivos de Fêmeas da raça Suína Alentejana. 1999. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-Graduação em Produção Animal. Faculdade de Medicina Veterinária. Universidade Técnica de Lisboa, Lisboa, Portugal.
- Mourão GM, Coutinho ME, Mauro RA, Tomaz WM, Magnusson W. 2002. Levantamentos aéreos de espécies introduzidas no Pantanal: porcos ferais (porco-monteiro), gado bovino e búfalos. *Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento* 28:7-22.
- Paes RCS, Fonseca AA Jr, Monteiro LA, Jardim GC, Piovezan U, Herrera HM, Mauro RA, Vieira-da-Motta O. 2013. Serological and molecular investigation of the prevalence of Aujeszky's disease in feral swine (*Sus scrofa*) in the subregions of the Pantanal wetland, Brazil. *Veterinary Microbiology* 165:448-454.
- Posada D, Crandall KA. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* 14:817-818.
- Rambaut A, Drummond AJ. 2007. Tracer v. 1.5. [cited 2012 nov 10]. Available from: Computer program and documentation distributed by the authors at <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>.
- Ronquist F, Huelsenbeck JP. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19:1572-1574.
- Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*. 2nd edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Santos LGRO. 2009. Ecologia e conservação de ungulados florestais em uma área do Pantanal. Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação, Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande, Brasil.
- Sicuro FL, Oliveira LFB. 2002. Coexistence of Peccaries and Feral Hogs in the Pantanal Wetland: an ecomorphological view. *Journal of Mammalogy* 83:207-217.
- Sollero BP. 2006. Diversidade Genética das raças naturalizadas de suínos no Brasil por meio de marcadores microssatélites. 2006. 87f. Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília, Brasil.
- Vieira YR, Vieira AA, Ciacci-Zanella JR, Barquero G, Lago BV, Gomes SA, Silva, MFM, Santos DRL, Pinto MA, de Paula VS. 2012. Serological and molecular evidence of hepatitis b virus infection in swine from Brazil. *Veterinary Virology* 17(Suppl 1): 402-403.



First record of *Cabassous tatouay* (Desmarest, 1804) (Cingulata: Dasypodidae) for Alagoas State: A distribution extension for the Atlantic Forest of Northeastern Brazil

Anna Ludmilla da Costa Pinto Nascimento¹

¹ Universidade Federal de Alagoas, Museu de História Natural, Setor de Mastozoologia. Avenida Aristeu de Andrade, 452, Farol, CEP 57051-090, Maceió, AL, Brasil. E-mail: ludmillacpn@gmail.com

Abstract: The known geographic distribution of the greater naked-tailed armadillo, *Cabassous tatouay* was recently expanded to encompass several States of Northeastern Brazil, based on the reidentification of specimens deposited in scientific collections. Here I present the first record for this species in the Alagoas State. The new locality is Estação Ecológica de Murici (ESEC Murici), Municipality of Murici, Brazil. It is part of the Pernambuco Centre of Endemism of the Northeastern Atlantic Forest, and located 200 km south and 1500 km north from the nearest known localities of occurrence of the species, in Pernambuco and Minas Gerais States, respectively.

Keywords: Pernambuco Centre of Endemism; Biogeography; Cingulata; Naked-tailed armadillo.

Resumo: *Cabassous tatouay* teve sua distribuição geográfica recentemente ampliada para muitos Estados do Nordeste brasileiro devido a correções na identificação de espécimes depositados em coleções. Apresento o primeiro registro do tatu-grande-do-rabo-mole no Estado de Alagoas. A nova localidade faz parte do Centro de Endemismo de Pernambuco e localiza-se na Estação Ecológica de Murici (ESEC Murici), Município de Murici, Brasil, a 200 km ao sul e 1500 km ao norte de seus registros mais próximos, nos Estados de Pernambuco e Minas Gerais, respectivamente.

Palavras-chave: Centro de Endemismo de Pernambuco; Biogeografia; Cingulata; tatu-do-rabo-mole.

The naked-tailed armadillo, genus *Cabassous* McMurtrie, 1831 (Cingulata: Dasypodidae), is the only species of armadillo without a complete armor of bony scutes on the tail – the tail scutes are either absent or small and widely spaced (Eisenberg & Redford, 1999; Wetzel, 1980; Wetzel *et al.*, 2007). The genus occurs from Southern Mexico to Uruguay and Northern Argentina (Wetzel *et al.*, 2007) and comprises four species: *C. centralis* (Miller, 1899), *C. chacoensis* Wetzel, 1980, *C. unicinctus* (Linnaeus, 1758) and *C. tatouay* (Desmarest, 1804). Only *C. unicinctus* e *C. tatouay* are found in Brazil, with *C. unicinctus* being found in the Amazonia, Atlantic Forest, Cerrado, Caatinga and Pantanal biomes (Paglia *et al.*, 2012), while the distribution of *C. tatouay* encompasses all Brazilian biomes except the Amazonia (Feijó & Langguth, 2013). Until recently, the known northern limit of the distribution of *C. tatouay* in the Atlantic Forest was Minas Gerais State (Wetzel, 1980). However, after analysing specimens of *Cabassous* from the States of Paraíba, Pernambuco and Ceará, Feijó & Langguth (2013) updated the geographic distribution of the species from Ceará to Rio Grande do Sul State, but they did not find any recorded specimens of *C. tatouay* in Alagoas State.

Known as greater naked-tailed armadillo, *C. tatouay* is the largest member of the genus. It has head and body length of more than 400 mm, less than 50 scutes on cephalic shield and an elongated palate, which extends

posteriorly behind the level of the anterior margins of the squamosal root of the zygomatic arches (Wetzel, 1980; Wetzel *et al.*, 2007).

Here I report the first record of *C. tatouay* in Alagoas State, filling a gap in the known geographic distribution on this species about 200 km south and 1500 km north from its nearest registers: the Municipalities of Sertânia, in Pernambuco State (Feijó & Langguth, 2013)

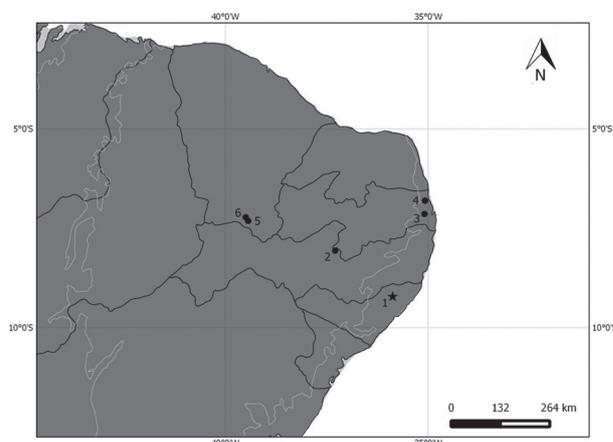


Figure 1: Distribution records of *Cabassous tatouay* in Northeastern Brazil: 1 = Murici/AL, 2 = Sertânia/PE, 3 = Cruz do Espírito Santo/PB, 4 = Rio Tinto/PB, 5 = Barbalha/CE and 6 = Crato/CE. The Caatinga/Atlantic Forest limit is represented by the white line.

Nascimento: New record of *Cabassous tatouay* in the State of Alagoas



Figure 2: Adult female specimen of *Cabassous tatouay*, from ESEC Murici (MUFAL 0051): (A) dorsal, ventral and (B) lateral views of the skull; right (up) and left (bottom) parts of mandible; and (C) photo of the first live individual found (D). Pictures: A.L.C.P. Nascimento. Scale bar = 2 cm.

and Santa Rita, Minas Gerais State (Wetzel, 1980), respectively. Before this finding, *C. tatouay* was recorded only for five localities in Northeastern Brazil in Ceará (CE), Pernambuco (PE) and Paraíba (PB) States (Figure 1) (Feijó & Langguth, 2013).

The specimen presented here was collected in the Estação Ecológica Murici (ESEC Murici), Municipality of Murici, Alagoas State, Brazil (09°12'40"S, 035°51'53"W), a Federal Conservation Unit with an area of 6,116 ha, altitude between 200-650 meters, located in the Pernambuco Centre of Endemism. According to Veloso *et al.* (1991), the vegetation in the ESEC is classified as Submontane Open Humid Atlantic Rain Forest. This is considered one of the largest remnants and most important protected areas of Atlantic Forest above São Francisco River (Brasil – MMA, 2002).

A total of three specimens were captured in 60 l pitfall traps at the ESEC Murici: one adult female with 43 scutes in the cephalic shield (Figure 2C), photographed and released in March, 2013; one young female with 39 cephalic scutes, in July 2013; and a third female, adult, found dead in a pitfall trap during the same field trip and collected as a voucher specimen. The area where this individual was captured is next to a manioc plantation, close to a creek and presenting a typical rainforest phytophysiology.

The specimen consists of skull and skeleton (Figure 2A-B), and external features and cranial morphological measurements of the specimen were compared to the description of *C. tatouay* found in Wetzel (1980) and Feijó & Langguth (2013) to confirm the identification. Measurements (in mm) are: condylo-nasal length 95.8, rostral length 48.2, palatal length 58.1, postrostral length 47.7, palatal width 15.9, interlacrim-al width 40.2, interorbital width 31.2, zygomatic width 50.6 and height of cranium 40.13. The external features noted were head and body length (412 mm) and presence of 45 scutes on cephalic shield. The specimen was deposited at Mammal Collection at the Museu de História Natural of the Universidade Federal de Alagoas, as MUFAL 0051.

Nascimento: New record of *Cabassous tatouay* in the State of Alagoas

Before the review of Feijó & Langguth (2013), *C. unicinctus* was the species reported for the Northeastern Brazil. These authors analysed morphological features of specimens available from Paraíba, Pernambuco and Ceará State showing that they belong to *C. tatouay*. Despite being listed as Least Concern in the IUCN List of Threatened Species (Abba & Superina, 2010), *C. tatouay*, as most of armadillos, is threatened by illegal hunting and the permanent issue of habitat degradation, both present at the ESEC Murici, an area ranked as of 'extreme biological importance' (Conservation International do Brasil *et al.*, 2000). This discovery of an additional population of the greater-naked-tailed armadillo highlights the need for further studies and conservation efforts for the species in this and others remnants of the Northeastern Brazilian Atlantic Forest.

ACKNOWLEDGEMENTS

I would like to thank all colleagues from the Museu de História Natural de Alagoas; the Murici Field Team: Janisson Santos, José Neto and specially Ingrid Tiburcio, for the photographs and field support; Anderson Feijó, who identified by photograph the first animal captured; and to the ICMBio-Murici.

REFERENCES

- Abba AM, M Superina. 2010. *Cabassous tatouay*. IUCN 2013. IUCN Red list of threatened species. Version 2013.2. (www.iucnredlist.org). Accessed April 05, 2014.
- Brasil – MMA. 2002. Biodiversidade brasileira: Avaliação e identificação de áreas e ações prioritárias para conservação, utilização sustentável e repartição de benefícios da biodiversidade brasileira. Ministério do Meio Ambiente, Brasília.
- Conservation International do Brasil, Fundação SOS Mata Atlântica, Fundação Biodiversitas, Instituto de Pesquisas Ecológicas, Secretaria de Meio Ambiente do Estado de São Paulo, Instituto Estadual De Florestas – MG. 2002. Avaliação e ações prioritárias



- para a conservação da biodiversidade da Mata Atlântica e Campos Sulinos. MMA/SBF, Brasília.
- Eisenberg JF, KH Redford. 1999. Mammals of the Neotropics, volume 3. The University of Chicago Press, Chicago.
- Feijó JA, A Langguth. 2013. Mamíferos de médio e grande porte do Nordeste do Brasil: distribuição e taxonomia, com descrição de novas espécies. Revista Nordestina de Biologia 22(1):3-225. <http://periodicos.ufpb.br/ojs/index.php/revnebio/article/view/16716>.
- Paglia, AP, GAB Fonseca, AB Rylands, G Herrmann, LMS Aguiar, AG Chiarello, YLR Leite, LP Costa, S Siciliano, MCM Kierulff, SL Mendes, VC Tavares, RA Mittermeier, JLPatton. 2012. Lista anotada dos mamíferos do Brasil/Annotated checklist of Brazilian mammals. 2ª Edição/2nd Edition. Occasional Papers in Conservation Biology, 6:1-76. www.conservation.org.br/publicacoes/files/annotated_checklist_of_brazilian_mammals_2nd_edition.pdf.
- Veloso, HP, AR Rangel Filho, JCA Lima. 1991. Classificação da vegetação brasileira, adaptada a um sistema universal. IBGE, Rio de Janeiro.
- Wetzel RM. 1980. Revision of the naked-tailed armadillos, genus *Cabassous* McMurtrie. Annals of the Carnegie Museum of Natural History 49:323-357.
- Wetzel RM, AL Gardner, KH Redford, JF Eisenberg. 2007. Order Cingulata Illiger, 1811. Pp. 128-157, in: Gardner AL (Ed.), Mammals of South America, volume 1: marsupials, xenarthrans, shrews, and bats. University of Chicago Press, Chicago.



Panorama dos estudos com mamíferos no estado do Paraná, Brasil

Guilherme Grazzini
guigrazzini@gmail.com

Trabalho de Conclusão de Curso
Bacharelado em Ciências Biológicas. Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG)
Orientador: Gledson Vigiano Bianconi (Instituto Neotropical: Pesquisa e Conservação, Curitiba, PR)
Defesa: 10 de novembro de 2011

A mastofauna brasileira apresenta uma das maiores diversidades do mundo, sendo atualmente representada por 701 espécies, distribuídas em 12 Ordens e 50 Famílias. No Estado do Paraná são registradas 195 espécies de mamíferos (11 Ordens e 35 Famílias), das quais 32 (16%) são ameaçadas regionalmente e outras 24 (12%) estão categorizadas como 'deficientes de dados' – ou seja, necessitam de mais informações para que seu *status* de ameaça possa ser corretamente avaliado. O presente trabalho teve como objetivo revisar a bibliografia sobre a mastofauna do Estado, organizando-a sob alguns parâmetros que permitam: (i) avaliar o panorama atual do conhecimento, (ii) indicar grupos taxonômicos, assuntos e regiões prioritárias para pesquisas, e (iii) tornar acessível uma importante base de dados para estudantes e pesquisadores interessados no tema. Foram reunidas as referências de 527 estudos (artigos científicos, resumos de congressos, dissertações, teses e livros), datando de 1824 a 2011. O período mais estudado foi de 2000 a 2011 e as ordens mais vezes abordadas foram Chiroptera e Primates. Em relação aos ecossistemas e regiões com maior número de trabalhos, destacam-se: a floresta estacional semidecidual e a floresta ombrófila mista, e as regiões próximas aos municípios de Londrina, Curitiba e litoral. Por fim, os trabalhos abordando temas em 'biologia' e 'ecologia', seguidos pelas 'listas de espécies', foram os mais numerosos. Os resultados indicam que embora os esforços tenham aumentado recentemente, o estágio de conhecimento é ainda inicial para a maioria das ordens de mamíferos. Este fato é evidenciado pela carência de até mesmo informações básicas referentes à riqueza e distribuição de espécies em grandes porções territoriais, como as regiões centro-sul, central e noroeste do estado. As inúmeras e crescentes pressões antrópicas exercidas sobre a mastofauna tornam urgente a ampliação dos estudos com diferentes abordagens (básicas a avançadas), incluindo aspectos taxonômicos, ecológicos, fisiológicos e evolutivos. Como resultado, cabe a indicação, o fortalecimento e a sustentação de ações prioritárias para a conservação do grupo e seus ecossistemas no Paraná.



Cariótipos de marsupiais (Didelphidae) no Vale do Jequitinhonha, Minas Gerais

Marcia Agueiras
marcinha.agueiras@gmail.com

Monografia de Bacharelado
Bolsa de Iniciação Científica FAPERJ
Universidade Veiga de Almeida
Orientadora: Lena Geise
Defesa: 28 de novembro de 2012

Marsupiais didelfídeos foram coletados em algumas localidades do vale do rio Jequitinhonha, no Estado de Minas Gerais. As localidades de coleta foram Fazenda Santa Cruz (18°16'12,5"S/43°24'11,6"O – 1.129 m), no município de Diamantina; Sítio Antônio da Flora (18°04'47,4"S/43°12'12,6"O – 779 m) e Pousada Água Quente (18°05'15,9"S/43°10'53,9"O – 775 m), no Município de Felício dos Santos; Fazenda Ilha (16°38'5,8"S/41°50'54"O – 278 m), no Município de Itinga; e Fazenda Palmares (17°07'16,6"S/41°36'37,6"O – 747 m), no Município de Padre Paraíso. Os espécimes foram identificados no nível específico de acordo com características morfológicas diagnósticas. O cariótipo foi preparado em duas etapas: no campo, e finalizado em laboratório. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar a composição cariótica (número diplóide, 2n, e número de braços autossômicos, NA) da fauna de marsupiais. Foram coletadas sete espécies de marsupiais: *Marmosa (Micoureus) paraguayana* (2n = 14, NA = 24), *Monodelphis americana* (2n = 18, NA = 32), *Monodelphis domestica* (2n = 18, NA = 30), *Didelphis albiventris* (2n = 22, NA = 20), *Gracilinanus agilis* (2n = 14, NA = 24), *G. microtarsus* (2n = 14, NA = 24), e *Marmosops incanus* (2n = 14, NA = 24). Os resultados obtidos para todas as espécies neste estudo estão em concordância com os cariótipos publicados.



Estudo de uma população de *Molossus molossus* (Pallas, 1766) (Mammalia, Chiroptera, Molossidae) na Praia do Gato, Ilha de Itacuruçá, Rio de Janeiro

Gustavo Pena Freitas
gustavopenfre@gmail.com

Dissertação de Mestrado

Biologia Animal, Instituto de Biologia, Departamento de Biologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ

Orientador: Carlos Eduardo Lustosa Esbérard

Bolsista CAPES

Defesa: 29 de fevereiro de 2012

Este trabalho teve como objetivo geral realizar um estudo sobre uma população de *Molossus molossus* (Pallas, 1766) na Praia do Gato na Ilha de Itacuruçá, Rio de Janeiro, analisando aspectos como variação do tamanho da população, uso dos abrigos, reprodução e atividade. Para o desenvolvimento deste trabalho foram realizadas 18 noites de amostragens com intervalos de aproximadamente 40 dias entre cada uma delas entre os meses de agosto de 2009 e agosto de 2011. Redes de neblina foram armadas próximas as saídas de dois refúgios encontrados na praia, um em forro de uma residência e outro no oco de uma árvore. Durante os 25 meses de acompanhamento da colônia, foram realizadas 689 capturas e recapturas, sendo marcados 309 indivíduos. O número de animais capturados e recapturados variou durante o período de amostragem, sendo inversamente proporcional à duração da noite, com os meses de novembro/2009 (88 indivíduos) e dezembro/2009 (78 indivíduos) registrando os maiores números de capturas. Foi observado um decréscimo no número de indivíduos no segundo ano de amostragem, como possível consequência do estresse de captura e/ou do aprendizado pelos morcegos da posição das redes. Foram observados também um maior número de indivíduos transientes e um maior número de fêmeas, durante todo o trabalho. No forro da residência foi observado um maior número de jovens, possivelmente em virtude da maior temperatura registrada. Os indivíduos realizaram trocas entre esses dois abrigos durante todo o ano, sendo registrados 36 indivíduos realizando trocas e a ocorrência de 51 eventos desse tipo. Com relação à reprodução, as fêmeas apresentaram um padrão reprodutivo monoéstrico compreendido entre os meses de novembro e janeiro, com os machos não apresentando um padrão sazonal definido. Com relação ao período de atividade, a espécie apresentou um padrão predominantemente crepuscular, com as fêmeas saindo primeiro que os machos dos abrigos, possivelmente pela maior demanda energética. Os animais gastaram em média 36 minutos fora do abrigo, ingerindo em média 0,8 gramas de alimento, não ocorrendo diferença ao longo do ano.



Ecologia alimentar e estratégias de germinação de sementes consumidas por marsupiais (Didelphimorphia: Didelphidae) em uma área de Cerrado no sudeste do Brasil

Leonardo Guimarães Lessa
leoglessa@gmail.com

Tese de Doutorado

Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução. Instituto de Biologia Roberto Alcântara, Universidade do Estado do Rio de Janeiro

Orientadora: Lena Geise

Bolsista CAPES

Defesa: 06 de julho de 2012

No Brasil, a Família Didelphidae é composta por 56 espécies com ampla distribuição por diferentes habitats e um padrão de consumo alimentar que pode variar desde espécies mais frugívoras até as mais insetívoras/carnívoras. O objetivo deste estudo foi avaliar a relação entre a dieta de sete espécies de didelfídeos (*Caluromys philander*, *Didelphis albiventris*, *Gracilinanus agilis*, *G. microtarsus*, *Marmosa (Micoureus) paraguayana*, *Marmosops incanus* e *Metachirus nudicaudatus*) e a seleção de recursos alimentares (artrópodes e frutos) disponíveis. O estudo foi realizado entre novembro de 2009 e outubro de 2011, em uma área de mata ciliar de cerrado no Parque Estadual do Rio Preto, Minas Gerais, Brasil. Artrópodes, frutos, flores e vertebrados foram consumidos em diferentes proporções pelas espécies estudadas. Flores e vertebrados foram consumidos preferencialmente na estação seca e a diversidade da dieta de todas as espécies foi maior durante a estação chuvosa. Nem todos os recursos (artrópodes e frutos) foram consumidos de acordo com sua disponibilidade na área de estudo. Apesar de abundante, Hymenoptera (Formicidae) foi rejeitado por todas as espécies, sendo consumido abaixo de sua disponibilidade local. Os didelfídeos selecionaram frutos de Melastomataceae (*Clidemia urceolata* e *Miconia* spp.) e rejeitaram frutos de Rubiaceae, um recurso altamente abundante na área de estudo. Os resultados indicaram que o freqüente consumo de um item alimentar está associado tanto com a preferência (seleção) por parte do consumidor, bem como com a disponibilidade local do recurso. Identificamos sementes de 23 espécies de angiospermas em 427 amostras fecais analisadas. A maior parte das sementes, que permaneceram intactas após passagem pelo trato digestório dos animais, não apresentou diferenças significativas em suas taxas de germinação quando comparadas com as sementes do grupo controle. O tempo médio de germinação das sementes consumidas variou de 12 dias (*Cipocereus minensis* (Werdern) Ritter) à 171 dias (*Cordia sessilis* (Vell.) Kuntze). *Gracilinanus agilis* e *G. microtarsus*, que ocorrem em simpatria na área de estudo, apesar de apresentarem uma alta sobreposição de nicho apresentaram diferenças no uso do habitat e na diversidade da dieta. O pequeno número de sementes danificadas após passagem pelo trato digestório e os resultados obtidos nos testes de germinação reforçam a importância dos didelfídeos na dinâmica reprodutiva de algumas espécies de plantas, especialmente pequenas sementes (0,61,0 mm) de espécies pioneiras do Cerrado. Entretanto, os benefícios da passagem pelo trato digestório (quebra de dormência) e os efeitos do tempo de retenção sobre a dinâmica de germinação (germinabilidade e tempo médio de germinação) precisam ainda ser melhor compreendidos.



Ecologia de pequenos mamíferos arborícolas: estado do conhecimento, métodos de amostragem e estudo populacional, com ênfase no bioma da Mata Atlântica

Diogo Loretto
diogoloretto@gmail.com

Tese de Doutorado
Ciências Biológicas (Ecologia), Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro
Orientador: Marcus Vinicius Vieira
Bolsista CNPq
Defesa: 27 de abril de 2012

As florestas tropicais concentram os maiores níveis conhecidos de biodiversidade. Sua maior cobertura está na América do Sul, sobretudo no Brasil. A maioria das espécies de mamíferos arborícolas habita a zona tropical do planeta, preferencialmente, nestas florestas. No entanto, a ênfase de estudos mundial está concentrada nas espécies de mamíferos terrestres: de 169 estudos avaliados, realizados na região tropical na última década, apenas três (1,8%) estudaram espécies de mamíferos arborícolas acessando diretamente seu habitat – o dossel florestal. A Ecologia de Dossel surgiu há apenas 40 anos, mas sua disseminação como ciência, surgimento de técnicas e pesquisadores especializados cresceu, de fato, nos últimos 20 anos. No Brasil, ainda há pouca ênfase no tema. Uma parte relevante da diversidade de mamíferos vive nos dosséis das florestas brasileiras, é arborícola e está ameaçada de extinção: *ca.* 50% das espécies presentes na lista vermelha nacional. A maioria dos estudos desenvolvidos em dossel florestal, na última década (N = 70), esteve concentrada na Amazônia (48,6%; N = 34), 21 dos quais (61,8%), liderados por pesquisadores estrangeiros. Mata Atlântica (28,6%) e Cerrado (18%) seguem em número de estudos, com baixa contribuição estrangeira (N = 5). Os temas principais de pesquisa foram: biologia vegetal (38,6%; N = 27), entomologia (21,4%; N = 15) e fluxo de energia entre a floresta e a atmosfera (20%; N = 14). Em apenas nove estudos (12,8%) os mamíferos foram o tema de pesquisa. A minoria dos doutores que pesquisam ecologia no país estudam temas relacionados ao dossel (*ca.* 2%; N = 3.500). O grupo dos pequenos mamíferos, informalmente composto pelos marsupiais da família Didelphidae e roedores das famílias Echimyidae e Cricetidae, é amplamente estudado no Brasil, com técnicas semelhantes e bem estabelecidas. Porém, as espécies arborícolas do grupo, de mais difícil detecção em seu habitat, são as menos conhecidas: ainda é comum que estudos usem apenas técnicas para a captura de espécies terrestres. Um dos fatores que influenciam no poder de detecção destas espécies são os itens alimentares usados como isca, que normalmente não são testados quanto à sua eficiência. A escolha da isca, tarefa aparentemente simples, pode resultar em diferenças de estimativas de abundância, composição de espécies e densidade. Em uma busca por estudos sobre pequenos mamíferos desenvolvidos no Brasil nos últimos 30 anos (N = 113), registramos 25 itens alimentares usados como isca. Basicamente, não há estudos na Caatinga, Pantanal e Campos Sulinos sobre o grupo, que é majoritariamente conhecido através de estudos desenvolvidos na Mata Atlântica. A maioria dos estudos foi de curta duração (menos de dois anos), e as iscas mais usadas foram a banana e o amendoim (*ca.* 75% dos estudos), não importando o bioma onde tenham sido desenvolvidos, ao contrário do que prevíamos. Supúnhamos haver diferença na escolha de iscas entre biomas, em razão de diferenças na composição de espécies e habitats amostrados. Apenas 15 estudos (13,2%) empregaram armadilhas nos estratos arbóreos, e usaram 13 itens alimentares como isca; novamente, banana e amendoim foram os itens mais frequentes. De abril a junho de 2010, testamos em campo a eficiência de itens alimentares (*abacaxi, banana, carne e pasta*) na atração e captura de pequenos mamíferos arborícolas. Usamos armadilhas Sherman no sub-bosque e, no dossel, em conjunto com armadilhas Tomahawk em plataformas suspensas em galhos de árvores, totalizando 2.880 armadilhas-noites. Todas as armadilhas e estações de captura receberam as quatro iscas por cinco noites de amostragem, em quatro campanhas, em um total de 20 dias de estudo. Foram capturadas 10 espécies de pequenos mamíferos (cinco arborícolas e cinco terrestres) em 158 eventos (sucesso de captura [sc] = 5,5%). As espécies arborícolas foram mais atraídas pela *banana*, (sc = 10,1%; $\chi^2 = 176,9$; gl = 3; p = 0,1*10⁶), que capturou mais indivíduos (N = 45; 77,6%) mais vezes (N = 73; 46%), *ca.* 30% a mais que a *pasta*, a segunda mais eficiente (N = 49; 32%; sc = 6,94%). A *carne* foi a isca menos eficiente (N = 7; 4%; sc = 0,97%), e o *abacaxi* obteve sucesso intermediário (N = 28; 18%; sc = 3,89%). As armadilhas Sherman foram 50% mais eficientes que as Tomahawks ($\chi^2 = 11,05$ gl = 1 p = 0,9*10⁴). Espécies que não eram capturadas normalmente pelas armadilhas na área de estudo (*Caluromys philander* Linnaeus, 1758 [Didelphidae]; *Guerlinguetus ingrami* Thomas, 1901 [Scuriidae]), o foram durante o teste de iscas, majoritariamente em armadilhas iscadas com *banana* (*ca.* 75%). A menos que sejam feitos testes de eficiência específicos, sob forma de estudos-piloto, recomendo o uso da *banana* como isca padrão para o estudo de pequenos mamíferos arborícolas, tanto em armadilhas no sub-bosque quanto no dossel. Como alternativa às armadilhas, o método dos ninhos artificiais (NA) também pode ser usado para o estudo populacional de pequenos marsupiais arborícolas. Usamos este método e a seleção de modelos para estudar, pela primeira vez, a história de vida e a



dinâmica de uma população de *C. philander* na Mata Atlântica, ao longo de sete anos (2004-2010). Registramos 48 indivíduos (22♀; 26♂), em 196 capturas; uma população abundante ($177 \pm 75 \text{ ind} * (\text{km}^2)^{-1}$), com a maior longevidade (máx. média = 4 anos; máx. absoluta = 4,75 anos), maturação sexual mais tardia (1213 meses) e cuidado parental mais prolongado (67 meses) já registrada para a espécie. A população mostrou padrão estacional monoestral de reprodução, único dentre os marsupiais que vivem mais de um ano. Observamos o desenvolvimento de 13 ninhadas (8♀; 51 filhotes, $\bar{X} = 4,23 \pm 0,6$): cio, acasalamento e nascimento ocorreram entre as primeiras semanas de junho e setembro – período médio de um mês entre fases. A maioria dos nascimentos ($N = 8$; 67%) foram estimados para agosto; a minoria dos filhotes permaneceu residente ($N = 2$; 4%). Do desmame à fase adulta, o desenvolvimento durou até 8 meses ($\bar{X} = 6$). As fêmeas mostraram diminuição de peso ao final do período de lactação; os machos apenas em julho, exatamente o mês estimado de acasalamento. A abundância flutuou de forma estável entre anos: picos – recrutamento de jovens (janeiro-março); depressões – dispersão/mortalidade (maio-setembro). O ciclo reprodutivo de *C. philander* esteve associado ao ciclo fenológico das plantas arbóreas, acompanhando o pico de produção de frutos (novembro-março), coincidente ao período de desmame. A probabilidade de captura (60%) e de sobrevivência (78%) foi constante no tempo, e a taxa de crescimento populacional variou entre os períodos de recrutamento e dispersão durante os anos (0,891,58), sugerindo regulação denso-dependente de retroalimentação negativa. A senioridade variou apenas dentro dos anos (0,620,87). Foi maior nos meses de menor índice de abundância, mostrando que a maioria dos indivíduos capturados é residente. A estratégia reprodutiva de *C. philander* parece ser explicada pelo ciclo fenológico das plantas arbóreas, através da disponibilidade de frutos, que são influenciados pelo regime de chuvas e o fotoperíodo, consequentes da latitude. O balanço energético seria o fator determinante para as fêmeas e o investimento reprodutivo seria limitado em períodos de escassez de recursos. O estudo de outras populações da espécie ajudaria a explicar como *C. philander* gere suas necessidades energéticas, e como ocorre a escolha/mudança da estratégia reprodutiva, frente à disponibilidade de recursos e à sua própria regulação populacional. O estrato vertical e, principalmente o dossel florestal, são pouco estudados nas florestas tropicais úmidas. Já existem formas de acessá-lo, mas mesmo sendo um dos ambientes mais biodiversos é, paradoxalmente, desconhecido. Novos estudos devem considerar avaliar o uso deste habitat tridimensional pelas espécies arborícolas, principalmente as ameaçadas de extinção. Quanto aos pequenos mamíferos arborícolas, seu estudo pode ser feito usando métodos tradicionais, com armadilhas iscadas com *banana*, mas também com os NA, ambos os métodos apropriados para obter dados sobre a história de vida e demografia dessas espécies. Mais importante, talvez, que o método, seja a formalização de um protocolo mínimo de amostragem, que unifique técnicas básicas e permitam maior comparabilidade entre estudos.



Influência de Plantações de Banana na Assembleia de Morcegos (Chiroptera) e na Dieta e Dispersão de Sementes

Júlia Lins Luz
julialinsluz@yahoo.com.br

Tese de Doutorado
Instituto de Biologia, Departamento de Biologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ
Orientador: Carlos Esberárd
Bolsista CNPq
Defesa: 29 de fevereiro de 2012

A modificação da paisagem para a produção de alimentos e outras comodidades para consumo humano representa a mais severa e comum ameaça à biodiversidade global. Os objetivos deste trabalho foram analisar como o plantio de bananas afeta a comunidade de morcegos, analisar se o plantio de bananas diminui a dispersão de sementes, verificar se a abundância de recurso alimentar influencia a abundância e a riqueza de morcegos em áreas de plantação de banana, verificar se os morcegos se deslocam entre áreas de plantações e fragmentos florestais e se mantêm fidelidade à área de captura. Foram selecionadas 12 áreas de plantação do estado do Rio de Janeiro. Mensalmente, entre novembro de 2008 e outubro de 2010, foram realizadas duas noites de coleta, sendo uma em área de plantação de banana e outra em um fragmento florestal adjacente. As coletas foram realizadas com redes de neblina, totalizando 142.560 m².h de esforço amostral. Os morcegos foram identificados, permaneceram em sacos de pano para obtenção de amostras fecais, e soltos após receberem marcação. No laboratório, as sementes foram classificadas em morfotipos e contadas. A disponibilidade de recurso alimentar nas áreas de plantação de banana foi estimada através de cinco plots de 100 m², nos quais era contabilizado o número de bananeiras, infrutescências e inflorescências de banana. Um total de 2.369 capturas e recapturas de 27 espécies foi registrado. Nos bananais, foram capturadas 22 espécies, sendo quatro exclusivas; nos fragmentos, 23, sendo cinco exclusivas. A frequência de captura nos bananais foi maior do que nos fragmentos. A riqueza, a diversidade e a equitabilidade mostraram-se similares. As espécies significativamente mais abundantes nos bananais foram *Artibeus lituratus*, *Carollia perspicillata*, *Glossophaga soricina* e *Phyllostomus hastatus*. A abundância de frugívoros, nectarívoros e onívoros foi maior em áreas de plantio, enquanto a de insetívoros foi maior em áreas de floresta. A riqueza estimada para cada ambiente sugere que os fragmentos florestais são mais ricos do que as áreas de plantio. Uma análise de escalonamento multidimensional (NMDS) indicou separação entre os bananais e os fragmentos florestais baseado no número de capturas por espécie, através da distância Bray-curtis. Foram analisadas 1.127 amostras fecais de 20 espécies, que apresentaram sementes de 33 morfotipos de 12 famílias de plantas. Foi possível verificar a presença de polpa de banana em amostras fecais de 10 espécies. A riqueza e abundância de sementes dispersadas nos dois ambientes não diferiram. No entanto, a abundância de sementes por amostra fecal foi menor em áreas de plantação de banana. A abundância de *Sturnira lilium* foi inversamente proporcional à abundância de bananeiras e infrutescências de banana. A abundância de *G. soricina*, *A. lituratus*, morcegos nectarívoros e frugívoros foi diretamente proporcional à abundância de recurso alimentar. Foram obtidas 102 recapturas de 99 morcegos de 10 espécies. As espécies mais recapturadas foram *C. perspicillata*, *A. lituratus* e *P. hastatus*. Vinte e oito indivíduos transitaram entre os ambientes, 68 permaneceram no mesmo ambiente da captura e três foram recapturados duas vezes, uma em cada ambiente. Em todos os casos analisados, a proporção de indivíduos recapturados no mesmo local da captura foi maior do que a proporção de indivíduos recapturados em ambientes diferentes. Em áreas de plantação de banana, a ordem Chiroptera foi capaz de manter uma comunidade diversa, a capacidade de dispersão de espécies pioneiras de plantas e a capacidade de deslocamento. Esses resultados reforçam o potencial dos morcegos como regeneradores de habitats modificados pelo homem.



II Curso teórico-prático de coleta e taxidermia de pequenos mamíferos terrestres

A Sociedade Brasileira de Mastozologia (SBMz), a Reserva Serra Bonita e o Programa de Pós-Graduação em Zoologia da UESC ofereceram o **II Curso teórico-prático de coleta e taxidermia de pequenos mamíferos terrestres**, realizado entre os dias 02 a 07 de setembro de 2013 na RPPN Serra Bonita, Camaçã, Bahia, Brasil. Esta é uma das iniciativas da SBMz para incentivar e promover continuamente a formação técnico-científica de biólogos, e profissionais de áreas de atuação correlatas, para fomentar o crescimento do estudo de mamíferos no Brasil. Nesta edição, o objetivo foi de atender ao máximo possível de profissionais e estudantes do estado da Bahia, para estimular as pesquisas, e cobrir a carência de conhecimento da diversidade de mamíferos no estado. Aos discentes foram introduzidos conceitos teóricos e a prática de trabalho de campo no estudo dos pequenos mamíferos, com ênfase no planejamento e realização de captura, eutanásia, taxidermia, e técnicas citogenéticas e moleculares.

Em sua primeira edição, o curso, realizado em 2012, após o VI Congresso Brasileiro de Mastozologia (VI CBMz), em Corumbá (MS), focou o estudo da mastofauna do bioma Pantanal. Nesta segunda edição, pela primeira vez na Mata Atlântica, o local escolhido foi o Complexo de RPPNs Serra Bonita, no sul da Bahia. Esta é uma área de preservação ambiental considerada relevante para a conservação de espécies ameaçadas da Mata Atlântica, pois ainda preserva alta biodiversidade. A região também é de particular interesse para os docentes da UESC, que já desenvolvem inúmeros estudos na região, com o apoio e incentivo indispensáveis, do Dr. Vitor Becker e da MSc. Clemira Souza, donos e idealizadores da RPPN e toda sua infraestrutura para pesquisa.

O curso foi ministrado pelos Profs. Dr. Martín R. Alvarez (PPG em Zoologia / DCB – UESC, BA), Dr. Marcelo Weksler (Depto Zoologia – UNIRIO, RJ), Dr. Diogo Loretto (Depto Ecologia – UFRJ, RJ), e os tutores MSc. Felipe Velez Garcia (doutorando do PPG em Ecologia e Biodiversidade – UESC, BA), BSc. Maria Carolina Viana (Divisão de Genética – INCA, RJ) e BSc. Kalinka Correia da Silva Oliveira (mestranda do PPG em Zoologia – UESC, BA). A duração foi de 60 horas e os temas abordados foram: procedimentos para obtenção de autorização de trabalho de acordo com o marco legal, planejamento e logística do trabalho de campo; procedimentos de biossegurança para coleta e preparação de pequenos mamíferos; obtenção de informações sobre a área de estudo e georeferenciamento; delineamento amostral; métodos de captura, manipulação, medição e coleta de espécimes em campo; procedimentos para taxidermia e conservação em meio líquido; procedimentos de obtenção de células em suspensão para estudos citogenéticos e de coleta e preservação de tecidos para procedimentos

moleculares; noções básicas de identificação dos pequenos mamíferos da Mata Atlântica.

Foram oferecidas 12 vagas, amplamente divulgadas aos sócios da SBMz através dos canais de comunicação eletrônicos. As vagas foram preenchidas por estudantes e profissionais oriundos de três Estados (BA, MG e RJ) e de variadas instituições (UESC, UNEB, UEFS, UFVJM, UFLA, UFMG e FIOCRUZ).

A SBMz pretende dar periodicidade anual a este curso de forma itinerante por todo o Brasil. Em anos de Congresso Brasileiro de Mastozologia, o curso poderá ser organizado como atividade pré ou pós congresso. **Em 2014, a expectativa é que o III Curso teórico-prático de coleta e taxidermia de pequenos mamíferos terrestres seja realizado na Serra Gaúcha, próximo a cidade de Gramado, onde teremos nosso VII CBMz.** Já para os anos sem Congresso, serão buscadas parcerias com outras instituições e universidades, bem como colegas, professores, e outros estudiosos de mamíferos que desejem levar este tipo de conhecimento mais próximo de alunos e profissionais de seu convívio. Propostas de novos locais e docentes interessados devem se comunicar com a diretoria da SBMz, através do correio eletrônico (sbmz.diretoria@gmail.com).

Martin R. Alvarez¹, Diogo Loretto², Marcelo Weksler³

¹ Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz. Rodovia Jorge Amado, km 16, Salobrinho, CEP 45662-900, Ilhéus, BA. E-mail: malva@uesc.br

² Laboratório de Vertebrados, Departamento de Ecologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro. Caixa Postal 68.020, CEP 21941-599, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. E-mail: diogoloretto@gmail.com

³ Departamento de Vertebrados, Museu Nacional, Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ). Quinta da Boa Vista, s/n, São Cristóvão, CEP 20940-040, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. E-mail: marcelo.weksler@gmail.com



Alunos e docentes do II Curso teórico-prático de coleta e taxidermia de pequenos mamíferos terrestres na RPPN Serra Bonita, Camaçã, Bahia. Em pé, da esquerda para direita: Marco A. Pacheco, Clarissa A. Rosa, Mateus Carvalho, Marcelo Weksler, Vitor Becker, Martin Alvarez, Felipe V. Garcia, Kalinka Oliveira. Abaixados da esquerda para direita: Diogo Loretto, Adilson Almeida, Kamila Freitas, Daniele Barcelos, Igor M. Assis, Denise Lauton, Larissa Lima, Maria C. Viana, Kamila Barros, Elizabeth Cunha, Elson Rios).

NOTÍCIAS

II Curso teórico-prático de coleta e taxidermia de pequenos mamíferos terrestres

Martin R. Alvarez, Diogo Loretto, Marcelo Weksler..... 56



Boletim da
Sociedade Brasileira
de Mastozoologia



ÍNDICE

ARTIGOS

- Quirópteros Hospedeiros de Zoonoses no Brasil
Margaret Maria de Oliveira Corrêa, Ana Lazar, Daniela Dias, Cibele Rodrigues Bonvicino 23
- Análise Filogenética entre Suínos Asselvajados no Pantanal e Comerciais (*Sus scrofa*, Artiodactyla: Suidae)
Fabiana Batalha Knackfuss, Rita de Cássia da Silva Paes, Albert Nobre de Menezes, Heitor Miraglia Herrera, Ubiratan Piovezan, Cibele Rodrigues Bonvicino 39
- First record of *Cabassous tatouay* (Desmarest, 1804) (Cingulata: Dasypodidae) for Alagoas State: A distribution extension for the Atlantic Forest of Northeastern Brazil
Anna Ludmilla da Costa Pinto Nascimento 46

RESUMOS

- Panorama dos estudos com mamíferos no estado do Paraná, Brasil
Guilherme Grazzini 49
- Cariótipos de marsupiais (Didelphidae) no Vale do Jequitinhonha, Minas Gerais
Marcia Aguiaras 50
- Estudo de uma população de *Molossus molossus* (Pallas, 1766) (Mammalia, Chiroptera, Molossidae) na Praia do Gato, Ilha de Itacuruçá, Rio de Janeiro
Gustavo Pena Freitas 51
- Ecologia alimentar e estratégias de germinação de sementes consumidas por marsupiais (Didelphimorphia: Didelphidae) em uma área de Cerrado no sudeste do Brasil
Leonardo Guimarães Lessa 52
- Ecologia de pequenos mamíferos arborícolas: estado do conhecimento, métodos de amostragem e estudo populacional, com ênfase no bioma da Mata Atlântica
Diogo Loretto 53
- Influência de Plantações de Banana na Assembleia de Morcegos (Chiroptera) e na Dieta e Dispersão de Sementes
Júlia Lins Luz 55

continua na capa interna...

Remetente: Sociedade Brasileira de Mastozoologia
A/C Dr^a Cibele Rodrigues Bonvicino
Laboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Silvestres Reservatórios
Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz
Avenida Brasil, 4365, Pavilhão Lauro Travassos, Sala 70
21040-360, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Destinatário: