

Roedores de importância epidemiológica do gênero *Holochilus*: *H. vulpinus* ou *H. brasiliensis* no Rio Grande do Sul? Uma abordagem taxonômica com base em sequências de DNA

Bruna Valenzuela Garcia¹ e Thales Renato O. de Freitas²
¹Zootecnia/UFRGS, ²Dept. de Genética/UFRGS

INTRODUÇÃO

O gênero *Holochilus* (Brandt, 1835) compreende roedores sigmodontíneos distribuídos na América do Sul, de hábitos herbívoros e semiaquáticos, com importância epidemiológica (hospedeiro natural do parasita *Schistosoma mansoni*). Abordagens utilizando caracteres morfológicos, citogenéticos e moleculares, buscaram elucidar aspectos da conflituosa taxonomia desse gênero, que possui alta similaridade morfológica, e dificuldade de identificação de caracteres diagnósticos. Recentemente, se investigou as relações filogenéticas e status específico desse gênero neotropical através de marcadores moleculares, que deu suporte a distinção das espécies *H. vulpinus* e *H. brasiliensis*. Entretanto, algumas questões permaneceram abertas para os taxa ocorrentes nas ecorregiões do Chaco e Pampas, do nordeste Argentino e Uruguai, incluindo o sul do Brasil (Estado do Rio Grande do Sul, RS) (Fig. 1). Historicamente se atribuiu ao RS a espécie *H. brasiliensis* (Desmarest, 1819), cuja localidade tipo é o município de Lagoa Santa, Minas Gerais (MG). Entretanto, *H. vulpinus* (Brants, 1827) habita amplamente a região pampeana e considera-se como localidade tipo o Rio Uruguai, próximo ao município de Itaqui, no oeste do RS.

OBJETIVO

Elucidar a espécie de *Holochilus* ocorrente no Rio Grande do Sul usando como base a análise filogenética de sequências de mtDNA e nDNA.

RESULTADOS

Dois clados reciprocamente monofiléticos com alto suporte foram verificados nessa espécie, sendo os espécimes do RS pertencentes, exceto localidade de Dom Pedrito, ao clado sul (Fig. 1, 2). A distância genética entre *H. vulpinus* e *H. brasiliensis* foi de 9.3%.

Os espécimes presentes no RS agruparam ao clado pertencente a *H. vulpinus* com alto suporte de ramo (probabilidade posterior = 1), sendo o grupo irmão de *H. brasiliensis* (Fig. 2). Dentro de *H. vulpinus* foi encontrada alta divergência intraspecífica (2.5%), evidenciando marcada estrutura genética (Tab. 1).

Tabela 1. Média de distâncias genéticas observadas (p, expressa em %) entre os pares de haplótipos de *Citb* de diferentes espécies de *Holochilus*.

Grupos	RS	<i>H. vulpinus</i>	<i>H. brasiliensis</i>	<i>H. chacarius</i>	<i>H. sciureus</i>
RS	-	-	-	-	-
<i>H. vulpinus</i>	2.5	-	-	-	-
<i>H. brasiliensis</i>	9.3	10.4	-	-	-
<i>H. chacarius</i>	13.8	13.8	13.7	-	-
<i>H. sciureus</i>	14.7	14.7	14.2	6.5	-

CONCLUSÕES

- O táxon presente no RS é *H. vulpinus*;
- A alta distância genética observada dentro dessa espécie revela um potencial padrão de diferenciação para os espécimes presentes no clado sul (incluindo o RS) e que precisa ser investigada em detalhes;
- Espécimes de *H. brasiliensis* capturados no Estado de Minas Gerais foram apontados como hospedeiro de *S. mansoni*, podendo atuar como intermediário (juntamente com o caramujo do gênero *Biomphalaria*), causador da esquistossomose (Carvalho et al. 1976).
- Silva-Souza e Vasconcelos (2005) e Miranda et al. (2015) reafirmaram a importância deste roedor na manutenção do ciclo como hospedeiro em outras localidades do Sudeste e também Nordeste do Brasil, onde a presença do parasito é evidente em espécimes de vida livre.
- Pesquisas direcionadas a *H. vulpinus* dentre deste contexto são inexploradas, necessitando de estudos comprobatórios de que esta espécie é infectada e/ou capaz de manter o ciclo do parasita, em especial nas áreas ocorrentes no RS.

MATERIAL E MÉTODOS

- Amostra:** 19 indivíduos, 9 localidades do RS (Tab. 1, Fig. 1).

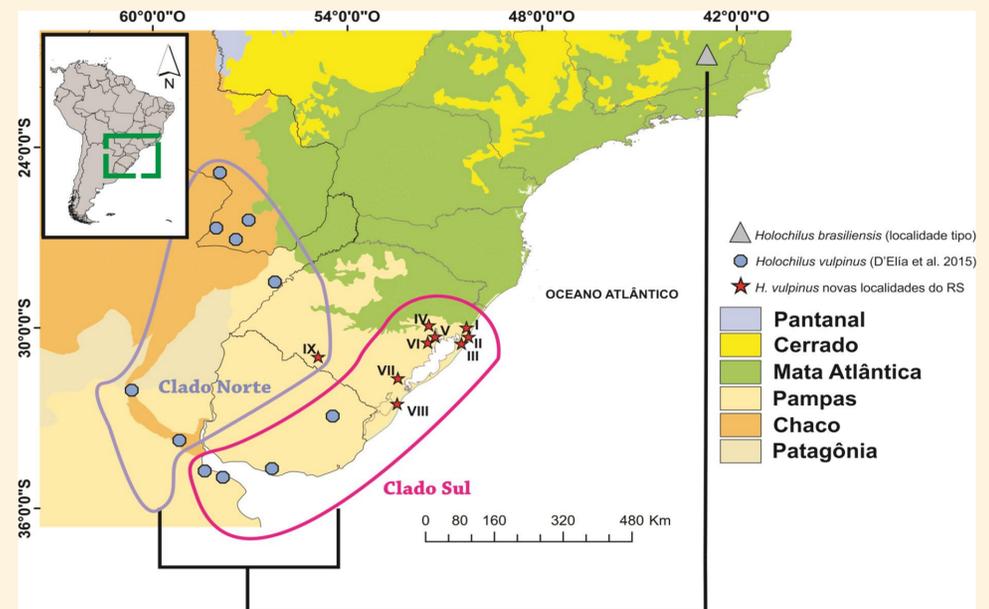


Figura 1. Em azul (círculos), pontos de ocorrência de *Holochilus vulpinus* de acordo com D'Elia et al. (2015). Em vermelho (estrela) as novas localidades indicadas neste estudo (I - Tramandaí, II - Xangrilá, III - Palmares do Sul, IV - Eldorado do Sul, V - Guaíba, VI - Barra do Ribeiro, VII - Pelotas, VIII - Rio Grande e, IX - Dom Pedrito).

- Reação em Cadeia da Polimerase (PCR):**
 - mtDNA: citocromo-*b* (~801 pb, *citb*)
 - nDNA: β -Fibrinogênio (~650 pb, *Fgb*)
- Reconstrução filogenética (inferência Bayesiana):**
 - BEAST v1.8.4 (40 milhões de gerações de MCMC);
 - relógio molecular relaxado;
 - *tree prior*: critério de Yule;
 - LogCombiner (Matriz de dados concatenados).
- Distância genética:**
 - distancia *p* no programa MEGA v7 (mtDNA)

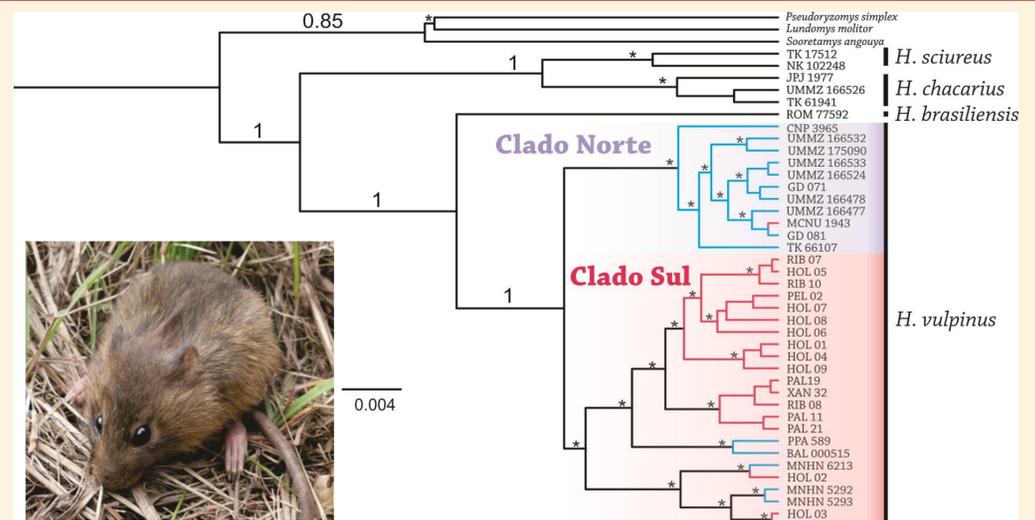


Figura 2. Relações filogenéticas obtida através de análise bayesiana com base em uma matriz concatenada de sequências de dois genes (*Citb* e *Fgb-17*) do gênero *Holochilus*. A probabilidade posterior Bayesiana (BPP) é indicada acima de cada ramo. Os asteriscos indicam BPP < 0.80.

Referências:

- D'Elia G, Hanson JD, Mauldin MR, Teta P, Pardiñas UFJ. Molecular systematics of South American marsh rats of the genus *Holochilus* (Muroidea, Cricetidae, Sigmodontinae). *Journal of Mammalogy*, xx(x):1-14, 2015. doi:10.1093/jmammal/gyv115.
- Carvalho OS, Andrade RM, Cortês MIN. Roedores silvestres na epidemiologia da esquistossomose mansônica no Lago da Pampulha, Belo Horizonte, Minas Gerais (Brasil). *Rev. Soc. bras. Med. trop.*, 9:27-35, 1976.
- Silva-Souza N, Vasconcelos SD. Histopatologia de *Holochilus brasiliensis* (Rodentia: Cricetidae) infected with *Schistosoma mansoni* (Schistosomatida: Schistosomatidae). *Revista de Patologia Tropical*, vol. 34, n.2, p. 145-150, 2005. DOI: https://doi.org/10.5216/rpt.v34i2.1920.
- Miranda, GS et al. Monitoramento de positividade para *Schistosoma mansoni* em roedores *Holochilus* sp. Naturalmente infectados. *Cienc. anim. bras.* v.16,n.3, p. 456-463, 2015. doi.org/10.1590/1089-6891v16i3n3164.

Financiamento:

