



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA, CONSERVAÇÃO E
MANEJO DE VIDA SILVESTRE**



Samantha Priscila Silva Campos

**ECOLOGIA DE VIROSES EMERGENTES:
RELAÇÕES ENTRE PEQUENOS MAMÍFEROS
HOSPEDEIROS E SEUS HABITAT**

Dissertação de Mestrado

Belo Horizonte

2016

Samantha Priscila Silva Campos

**ECOLOGIA DE VIROSES EMERGENTES:
RELAÇÕES ENTRE PEQUENOS MAMÍFEROS
HOSPEDEIROS E SEUS HABITAT**

Dissertação apresentada ao
Instituto de Ciências Biológicas da
Universidade Federal de Minas
Gerais para obtenção do título de
Mestre em Ecologia, Conservação e
Manejo de Vida Silvestre.

Orientador: Dr. Adriano Pereira Paglia

Belo Horizonte

2016

DEDICATÓRIA

Aos meus amados pais Irani e Ilza por não medirem esforços para as realizações dos meus sonhos, a minha irmã Bianca e ao Robert por toda confiança e companheirismo.

AGRADECIMENTOS

À Deus por essa luz que me guia.

Ao Rodolfo que colaborou imensamente para realização desse trabalho, ajudou desde as taxidermias, análises, discussões, desabafos e com deliciosos brownies. Impossível agradecer por tudo.

Ao Adriano pela oportunidade e orientação.

Aos meus pais e minha irmã que sempre acreditaram em mim e me apoiaram muito, principalmente na reta final.

Ao Robert por todo amor e compreensão nos momentos em que fui ausente.

À minha família no geral que sempre fizeram questão de me apoiar.

Aos Laboratórios de Vírus da UFJF e UFMG.

À Flávia Nunes pela disponibilidade e informações sobre o projeto.

À Lívia Sachetto por ter me ajudado não só como amiga, mas também em muitas discussões.

À Natália Lopes que foi super querida e me ajudou com o mapa da área de estudo.

À galera que ajudou com as análises Marina Beirão, Arleu Viana, Rafa Almeida.

À minha turma de mestrado que foi a melhor que podia se ter. Foi lindo!

À minha amiga Sarinha por todo apoio desde sempre e por me ceder um pedaço do seu cantinho.

Às minhas friendinhas Ferdis e Flávinha foi amor à primeira vista.

Aos meus amigos da graduação que mesmo estando cada um num canto do país ou do mundo foram companheiros.

Às minhas companheiras de república Laís e Marcela que foram parceiras nessa fase e aguentaram minhas loucuras dentro de casa.

Ao Hugo e Thaís que me receberam em seu doce e lindo lar.

À galera do Laboratório de Mastozoologia que me aceitou como agregada e tornou meus dias mais divertidos e saborosos com tantos bolos gostosos e brownies.

Aos membros da banca Giliane, Flávio e Vincenzo por ter aceito o convite.

Ao CNPq pela concessão da bolsa.

À FAPEMIG pelo apoio ao projeto PRONEM.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1: ESTRUTURA DA COMUNIDADE DE PEQUENOS MAMÍFEROS EM DIFERENTES AMBIENTES DE ÁREAS ANTROPIZADAS EM MINAS GERAIS

- Figura 1.** Localização dos municípios de Serro e Rio Pomba no estado de Minas Gerais e indicação das áreas onde os transectos foram estabelecidos.....16
- Figura 2.** Distribuição de abundância das espécies de pequenos mamíferos capturados nos três ambientes em Rio Pomba/MG.....19
- Figura 3.** Distribuição de abundância das espécies de pequenos mamíferos capturados nos três ambientes no Serro/MG.....19
- Figura 4.** Diagrama de Venn ilustrando espécies exclusivas e compartilhadas entre os três ambientes.....20
- Figura 5.** Média (\pm desvio padrão) da abundância de pequenos mamíferos em três ambientes diferentes nos municípios de Rio Pomba e Serro/MG. Letras diferentes indicam diferença significativa para $\alpha = 5\%$21
- Figura 6.** Curvas de rarefação baseada em amostras (intervalo de confiança de 95%) comparando a riqueza de pequenos mamíferos em diferentes ambientes de Rio Pomba e Serro/MG. Mata: verde, Pasto: Vermelho, Peridomicílio: cinza.....21
- Figura 7.** Riquezas estimadas de pequenos mamíferos obtidas pelo estimador assintótico *Jackknife 1* e intervalos de confiança de 95%.....22
- Figura 8.** Projeção da análise NMDS da comunidade de pequenos mamíferos nos diferentes ambientes (MA: mata, PA: pasto, PE: peridomicílio) de Rio Pomba/MG, baseadas na abundância das espécies (utilizando o coeficiente de similaridade *Bray-Curtis*). Stress = 0,2503.....24
- Figura 9.** Projeção da análise NMDS da comunidade de pequenos mamíferos nos diferentes ambientes (MA: mata, PA: pasto, PE: peridomicílio) de Serro/MG, baseadas na abundância das espécies (utilizando o coeficiente de similaridade *Bray-Curtis*). Stress = 0,42.....24
- Figura 10.** Partição aditiva da diversidade total de espécies de pequenos mamíferos em Rio Pomba/MG, $\gamma = \alpha_1 + \beta_1 + \beta_2$, $\alpha_2 = \alpha_1 + \beta_1$26

Figura 11. Partição aditiva da diversidade total de espécies de pequenos mamíferos no Serro/MG, $\gamma = \alpha_1 + \beta_1 + \beta_2$, $\alpha_2 = \alpha_1 + \beta$26

CAPÍTULO 2: VIROSES EMERGENTES: RELAÇÕES ENTRE PEQUENOS MAMÍFEROS HOSPEDEIROS E SEUS HABITAT

Figura 1. Localização dos municípios de Serro e Rio Pomba no estado de Minas Gerais e indicação das áreas onde os transectos foram estabelecidos.....41

Figura 2. Rede de interação hospedeiro-vírus em Rio Pomba/MG. Círculos são os pequenos mamíferos infectados e quadrados os vírus. A cor do círculo representa o tipo de ambiente onde a espécie foi capturada (mata: cinza claro, pasto: cinza médio e peridomicílio: cinza escuro). Akocur: *Akoodon cursor*, Akomys: *Akodon cf. mystax*, Calten: *Calomys tener*, Calphi: *Caluromys philander*, Didaur: *Didelphis aurita*, Gueing: *Guerlinguetus ingrami*, Neclas: *Necomys lasiurus*, Julpic: *Juliomys pictipes*, Olinig: *Oligoryzomys nigripes*, Corona: coronavírus, Flavi: flavivírus, Hanta: hantavírus, Ortho: ortopoxvírus.....52

Figura 3. Rede de interação hospedeiro-vírus no Serro/MG. Círculos são os pequenos mamíferos infectados e quadrados os vírus. A cor do círculo representa o tipo de ambiente onde a espécie foi capturada (mata: cinza claro, pasto: cinza médio e peridomicílio: cinza escuro). Akocur: *Akoodon cursor*, Calexp: *Calomys expulsus*, Calphi: *Caluromys philander*, Mus: *Mus musculus*, Necsqu: *Necomys squamipes*, Olinig: *Oligoryzomys nigripes*, Rattus: *Rattus rattus*, Hanta: hantavírus, Ortho: ortopoxvírus.....53

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1: ESTRUTURA DA COMUNIDADE DE PEQUENOS MAMÍFEROS EM DIFERENTES AMBIENTES DE ÁREAS ANTROPIZADAS EM MINAS GERAIS

Tabela 1. Esforço amostral, sucesso amostral, número de indivíduos e de espécies de pequenos mamíferos capturados por ambiente nos municípios de Serro e Rio Pomba/MG. Os números entre parênteses representam abundância relativa em porcentagem de cada espécie no ambiente amostrado. *Espécies exóticas.....20

Tabela 2. Valores do R gerados pela Análise de Similaridade (ANOSIM) das abundâncias das espécies de pequenos mamíferos entre os ambientes dos municípios de Rio Pomba e Serro/MG.....22

Tabela 3. Análise de SIMPER com as espécies que contribuíram para mais de 80% dissimilaridade cumulativa entre os diferentes ambientes em Rio Pomba e Serro/MG, utilizando dados de abundância (coeficiente de similaridade de *Bray-Curtis*).....25

Tabela 4. Valores da partição aditiva da diversidade gama (γ) de pequenos mamíferos em Rio Pomba e Serro/MG.....26

CAPÍTULO 2: VIROSES EMERGENTES: RELAÇÕES ENTRE PEQUENOS MAMÍFEROS HOSPEDEIROS E SEUS HABITAT

Tabela 1. Iniciadores utilizados em ensaios de PCR em tempo real. Descrição para sequências, alvos, tamanho da sequência amplificada e temperatura de desnaturação.....43

Tabela 2. Espécies e número de indivíduos positivos pelo número de animais testados para distintos vírus, em três tipos de ambientes dos municípios de Rio Pomba e Serro/MG. Entre parênteses o valor da prevalência em (%). (-) Não foram testados.....49

Tabela 3. Número total de indivíduos positivos por indivíduos testados nos diferentes ambientes em Rio Pomba e Serro/MG.....49

Tabela 4. Valores de p resultantes dos modelos lineares generalizados.....50

Tabela 5. Métricas da rede de interação hospedeiro-vírus de Rio Pomba e Serro/MG. Modularidade da rede (M).....50

Tabela 6. Valores das métricas de centralidade da rede de Rio Pomba/MG.....51

Tabela 7. Valores das métricas de centralidade da rede do Serro/MG.....51

LISTA DE ABREVIATURAS

ANOSIM - Analysis of Similarities

ANOVA *one-way* - Análise de Variância de um fator

ARAV - *Araraquara vírus*

cm - centímetro

DENV - *Dengue virus*

GLM - Generalized Linear Model - modelos lineares generalizados.

ha - hectares

JABV - *Jabora virus*

JEV - *Japanese Encephalitis virus*

JUQV - *Juquitiba virus*

LAMV - Longquan Aa mouse coronavirus

LRLV - Longquan Rl rat coronavirus

LRNV - Lucheng Rn rat coronavirus

m - metros

mm - milímetros

MG - Minas Gerais

MHV - *Murine hepatitis virus* (vírus da hepatite murina)

NMDS - Non-Metric Multidimensional Scaling

PAST -Paleontological Statistic Software Package for Education and Data Analysis

PR - Paraná

PRNT - Plaque Reduction Neutralization Test

qPCR - *quantitative* PCR (PCR quantitativo – PCR em Tempo Real)

RCoV - *Rat coronavirus* (coronavírus de rato)

SIMPER - Similarity Percentage

UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora.

UFMG - Universidade Federal de Minas Gerais

VACV - *Vaccinia virus*

YFV - *Yellow fever virus*

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	12
------------------------------	-----------

CAPÍTULO 1: ESTRUTURA DA COMUNIDADE DE PEQUENOS MAMÍFEROS EM DIFERENTES AMBIENTES DE ÁREAS ANTROPIZADAS EM MINAS GERAIS

RESUMO.....	13
INTRODUÇÃO.....	14
MATERIAIS E MÉTODOS.....	14
Captura de Pequenos Mamíferos.....	15
Análise de Dados.....	17
RESULTADOS.....	18
DISCUSSÃO.....	27
REFERÊNCIAS.....	31

CAPÍTULO 2: VIROSES EMERGENTES: RELAÇÕES ENTRE PEQUENOS MAMÍFEROS HOSPEDEIROS RESERVATÓRIOS E SEUS HABITAT

RESUMO.....	37
INTRODUÇÃO.....	38
MATERIAIS E MÉTODOS.....	40
Captura de pequenos mamíferos.....	41
Prospecção de vírus em pequenos mamíferos.....	42
Análise de infecção de pequenos mamíferos por vírus zoonóticos.....	46
Análise de redes de interação.....	46
RESULTADOS.....	48
DISCUSSÃO.....	53

REFERÊNCIAS.....	59
------------------	----

ANEXOS

Lista de espécimes tombados na Coleção de Mamíferos da UFMG.

INTRODUÇÃO GERAL

A emergência e reemergência de doenças infecciosas está relacionada a diversos fatores, entre eles o aumento da degradação ambiental. A expansão da agricultura, pecuária, áreas urbanas e indústria tem levado a um processo de perda e fragmentação do habitat, proporcionando um contato entre as populações humanas e de seus animais domésticos com as populações de animais silvestres. Este contato estreito facilita a disseminação de agentes infecciosos e parasitários para novos hospedeiros e ambientes, estabelecendo-se assim novas relações entre hospedeiros e parasitas e novos nichos ecológicos na cadeia de transmissão das doenças.

Minas Gerais é um estado onde a diversidade de tipos de ambiente, as diferenças climáticas, a grande variação altitudinal e as variadas tipologias vegetacionais propiciam a ocorrência de áreas com elevados índices de diversidade e endemismo de mamíferos. Os roedores e marsupiais representam grande parte de todas as espécies de mamíferos e possuem características que os favorecem como reservatórios zoonóticos, como alta diversidade, proximidade com os seres humanos e capacidade de adaptação em novos ambientes.

Dessa forma é imprescindível a realização de estudos que visem aumentar as informações a respeito da comunidade de pequenos mamíferos e o papel deles no fluxo de viroses entre sistema natural e antrópico. Portanto, objetivo desse trabalho é analisar a circulação de agentes virais zoonóticos com potencial emergente em pequenos mamíferos, distribuídos na extensão geográfica do estado de Minas Gerais e avaliar se como uma consequência da degradação ambiental, algumas espécies de pequenos mamíferos possam estar se aproximando de áreas antrópicas, aumentando o contato tanto com populações humanas quanto com animais domésticos e de criação, com isso aumentando o fluxo de zoonoses entre o sistema natural e antrópico.

A dissertação está estruturada em dois capítulos:

O primeiro capítulo aborda a estrutura e composição da comunidade de pequenos mamíferos em três ambientes com diferentes alterações ambientais nos municípios de Serro e Rio Pomba em Minas Gerais, apresentando dados acerca da riqueza, abundância, composição e partição da diversidade.

O segundo capítulo analisa o papel de pequenos mamíferos no fluxo de viroses entre ambiente silvestre e antropizados nos municípios de Serro e Rio Pomba em Minas Gerais e se abundância, riqueza e o tipo de ambiente influenciam na prevalência de viroses.

CAPÍTULO 1

ESTRUTURA DA COMUNIDADE DE PEQUENOS MAMÍFEROS EM DIFERENTES AMBIENTES DE ÁREAS ANTROPIZADAS EM MINAS GERAIS

RESUMO

As atividades antrópicas degradam o habitat e formam uma paisagem com fragmentos imersos em uma matriz de pasto e agricultura. A matriz funciona como um filtro o qual algumas espécies tem capacidade de cruzar e outras não. Essa alteração ambiental pode gerar modificações distintas na estrutura de comunidade de pequenos mamíferos. Portanto, o objetivo deste trabalho é investigar as alterações na estrutura e composição da comunidade de pequenos mamíferos em três ambientes com diferentes alterações ambientais. As capturas ocorreram entre setembro de 2012 e setembro 2013, nos municípios de Rio Pomba e Serro, em Minas Gerais. Capturamos os pequenos mamíferos em três ambientes distintos: em fragmentos de vegetação nativa; em áreas de pastagem próximas às áreas de vegetação; e nas áreas peridomiciliares. Na mata e pasto foram estabelecidos quatro transectos e dois no peridomicílio. Em cada ponto foi colocada armadilha do tipo gaiola e uma Sherman e utilizado o método de captura-marcação-recaptura. Em Rio Pomba foram capturados 163 espécimes pertencentes à 13 espécies e no Serro 45 espécimes distribuídos em 14 espécies. A abundância foi maior no pasto de Rio Pomba, sendo que mata e peridomicílio não diferiram. Já a riqueza de espécies não foi diferente entre mata e pasto neste município. No Serro não houve diferença significativa na abundância e riqueza de espécies entre os ambientes. Apesar disso, a estrutura da comunidade foi influenciada pelos diferentes ambientes, sendo que pasto e mata diferiram nos dois municípios. As comunidades de pequenos mamíferos foram compostas, predominantemente, por espécies florestais e típicas de Mata Atlântica no ambiente de mata e no pasto por espécies generalistas que ocorrem geralmente em áreas abertas ou perturbadas. O peridomicílio foi composto por espécies generalistas e adaptadas ao ambiente antropizado, além de espécies exóticas que vivem próximo ao homem. Apesar de termos encontrados espécies restritas às áreas de mata nativa, percebemos que algumas tem uma distribuição mais ampla e circulam entre todos os ambientes. Nestes casos a matriz não limita o movimento e, dependendo da sua biologia, algumas espécies podem se beneficiar das alterações ambientais.

Palavras-chaves: fragmentação, marsupiais, pasto, peridomicílio, roedores.

INTRODUÇÃO

A perda de habitat para estabelecimento de atividades humanas leva à fragmentação local e formação de mosaicos contendo fragmentos de habitat inseridos em uma matriz de áreas de atividade rural ou de ocupação humana (Fahrig, 2003). As principais causas de fragmentação e perda de habitat são a expansão de áreas urbanas, fronteiras agrícolas (Metzger *et al.*, 2009) e a construção de rodovias (Freitas *et al.*, 2010).

Em geral a matriz funciona como um filtro de habitat, diminuindo a possibilidade de movimento ou o estabelecimento de algumas espécies em comparação com a área de origem, mas esse efeito depende da habilidade das espécies em cruzar este ambiente e de sua qualidade (Gascon *et al.*, 1999; Umetsu *et al.*, 2008). A presença de animais domésticos e a intensidade de uso podem ser formas de medir a qualidade da matriz (Brady *et al.*, 2011).

Algumas espécies de pequenos mamíferos generalistas podem ser beneficiadas por alterações ambientais adaptando-se às condições adversas, enquanto que com as espécies que dependem da floresta isso não ocorre (Vieira *et al.*, 2003; Pardini *et al.*, 2005; Vieira e Izar, 2009). Assim, as comunidades de roedores, geralmente tornam-se restritas a um pequeno número de espécies oportunistas cuja densidade populacional pode aumentar dramaticamente devido à ausência de pressões competitivas. Isso tem sido demonstrado repetidas vezes, em relação à agricultura, a pecuária e o desmatamento (Ruedas *et al.*, 2004; Carrol *et al.*, 2005; Mills, 2005).

Assim, a alteração ambiental pode ter consequências variadas sobre as espécies de pequenos mamíferos de uma região e pode produzir alterações distintas na estrutura e composição das comunidades. Tais alterações nos padrões de riqueza e abundância de espécies e ocupação diferencial do habitat degradado por sua vez influenciam na dinâmica natural de transmissão dos ciclos silvestres de patógenos (Kruse *et al.*, 2004; Mills 2006).

O objetivo deste trabalho é investigar as alterações na estrutura e composição da comunidade de pequenos mamíferos não voadores em três ambientes com diferentes alterações ambientais nos municípios de Rio Pomba e Serro no estado de Minas Gerais. Mais especificamente, busca-se comparar a riqueza, abundância, composição de espécies e partição da diversidade entre as áreas com diferentes níveis de perturbação antrópica.

MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi realizado em dois municípios de Minas Gerais, Rio Pomba (21°16'29"S, 43°10'45"W), localizado na Zona da Mata, e Serro (18°36'18" S, 43°22'44"W), localizado na mesorregião metropolitana de Belo Horizonte (Figura 1).

O município de Rio Pomba, inserido no domínio Mata Atlântica (IBGE, 2015), era em grande parte recoberto por Floresta Estacional Semidecidual e Floresta Ombrófila Densa. Atualmente restam 8,32% de Floresta Estacional Semidecidual Montana e 3,46% de Floresta Estacional Semidecidual Sub Montana (PMGIRS, 2014). O clima da região (classificação de Köppen 2013) é do tipo Cwa: clima subtropical de inverno seco e verão quente. Na região a precipitação média anual é de 1.200 a 1.600 mm, e a temperatura média anual varia de 17,4°C a 24,7°C (Guedes, 2012). Altitudes variam de 419 m a 910 m (Prefeitura de Rio Pomba, 2015). As capturas de pequenos mamíferos foram realizadas na propriedade rural do Campus Rio Pomba do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia (IFET) do Sudeste de Minas Gerais.

Serro está localizado numa área de transição do Cerrado com Mata Atlântica (IBGE, 2015). A cobertura vegetal apresenta fisionomias do Domínio Atlântico, Floresta Estacional Semidecidual Montana e Aluvial, Brejos, Campo rupestre e Vegetação Arbustivo-Lenhosa sobre Canga (Pifano *et al.*, 2010). O clima da região (classificação de Köppen 2013) é do tipo Cwb: subtropical de altitude, com inverno seco e verão ameno, com temperaturas média anual variando de 14°C a 27,5°C. As chuvas ocorrem de setembro a março com média de precipitação anual de 1300 mm (EMATER, 2002). Altitudes variam de 2.002 m a 853 m (SENAC, 2015). As capturas de pequenos mamíferos foram realizadas em duas fazendas que apresentam como principal atividade a produção de leite para a fabricação de queijo.

Captura de pequenos mamíferos

Foram realizadas seis coletas bimestrais em cada área nos dois municípios, com duração de quatro noites cada, entre setembro de 2012 e setembro 2013. Em cada área os pequenos mamíferos foram coletados em três ambientes distintos: (1) em quatro transectos estabelecidos em fragmentos de vegetação nativa (Mata); (2) em quatro transectos em áreas de pastagem próximas as áreas de vegetação (Pasto) e (3) dois transectos nas áreas próximas as construções (casas, paióis, estábulos, etc) das fazendas (Peridomicílio). Em cada um dos 10 transectos foram estabelecidas 15 estações de coletas distantes 20 metros entre si. Em cada estação foi colocada uma armadilha do tipo Sherman (8 x 8 x 26 cm) e uma do tipo gaiola (50 x 21,5 x 20cm) com isca suspensa. Na Mata, em cada estação de coleta, uma armadilha foi colocada no solo e a outra no sub-bosque e a posição das armadilhas foi alternada entre estações adjacentes. No

pasto e peridomicílio ambas armadilhas foram colocadas no solo. No pasto as trilhas eram próximas aos fragmentos (de 30 m a 120 m). As iscas utilizadas foram pedaços de abacaxi e algodão embebido em óleo de fígado de bacalhau. As armadilhas foram revisadas todas as manhãs.

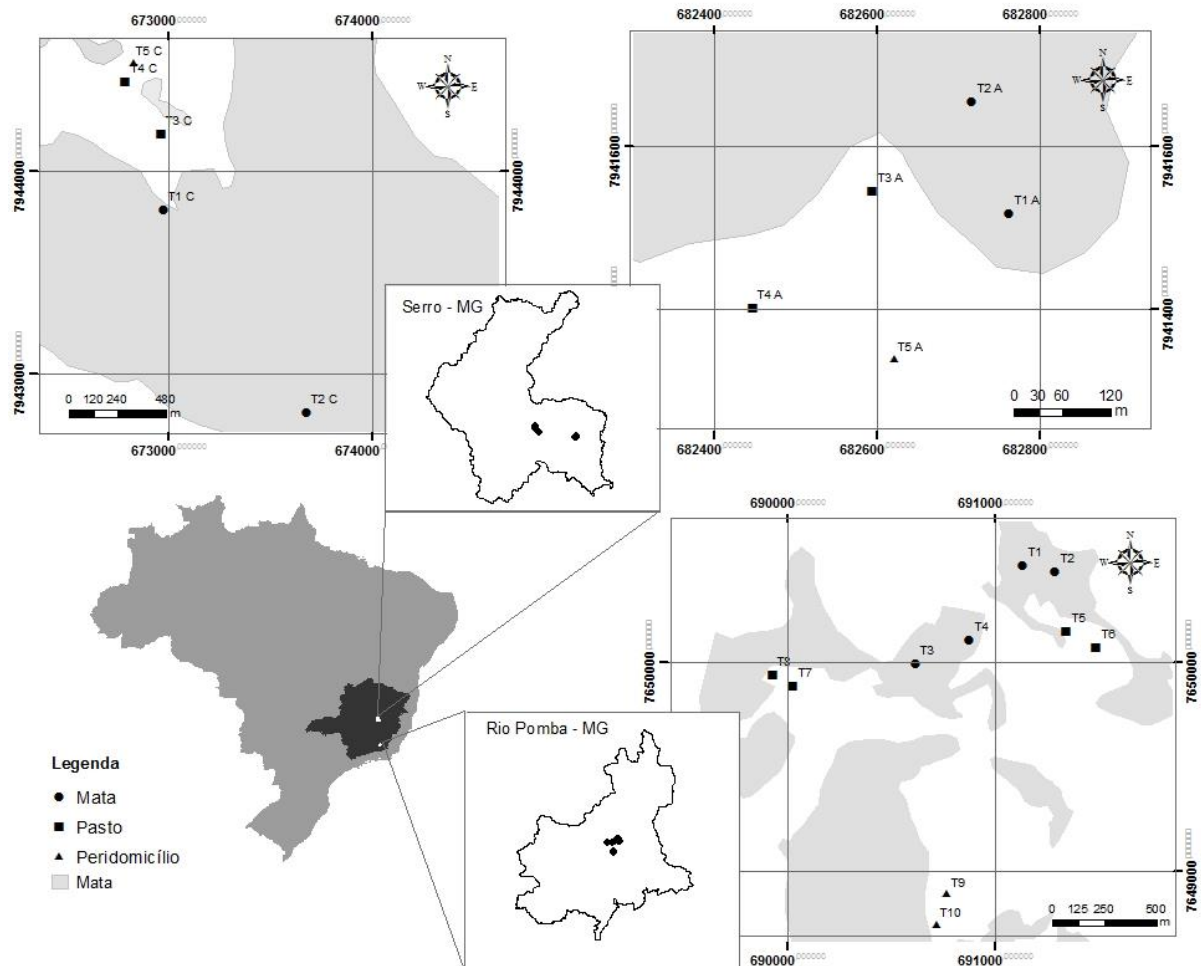


Figura 1. Localização dos municípios de Serro e Rio Pomba no estado de Minas Gerais e indicação das áreas onde os transectos foram estabelecidos.

Os animais capturados foram marcados com brincos numerados presos à orelha. Após a captura e marcação, os animais foram liberados no local de coleta. Espécimes testemunho de cada área foram coletados e depositados na Coleção de Mamíferos da UFMG. O sacrifício foi realizado através da administração de uma dose três vezes superior à dose máxima de cetamina e cloridrato de xilazina (240mg/Kg de cetamina e 45mg/Kg de xilazina), via intraperitoneal. A identificação das espécies seguiu chaves de identificação (Patton *et al.* 2015) e comparação com

material de museus. Técnicas de análise citogenética foram também empregadas para auxiliar na identificação e classificação das espécies (Ford e Hamerton, 1956).

Foram registradas informações como sexo, idade, peso e condição reprodutiva dos roedores, além das medidas morfométricas (comprimentos do corpo, cauda, orelha e tarso).

Análise de Dados

Para cada ambiente, o número de indivíduos capturados por espécie foi usado como índice de abundância relativa expresso em porcentagem do número total de indivíduos capturados (Slade e Blair, 2000). Para avaliar se os ambientes diferem quanto à abundância foi utilizada uma ANOVA *one-way*. No caso de ter ocorrido diferença significativa, o teste de Tukey foi realizado *a posteriori* para verificar quais ambientes diferiam entre si.

Devido à diferença de esforço amostral entre os ambientes, o método de rarefação foi empregado para se comparar as riquezas. Foram construídas curvas de rarefação baseadas em 12 amostras para cada ambiente, com 500 aleatorizações e com intervalo de confiança de 95%. Para estimativa de riqueza dos diferentes ambientes, foi utilizado o estimador assintótico *Jackknife 1*. Esse método estima a riqueza total somando a riqueza observada a um parâmetro calculado a partir do número de amostras e número de espécies raras (Santos, 2006). Com base nos intervalos de confiança, é possível comparar visualmente as diferenças entre os ambientes. Dois ambientes serão estatisticamente diferentes quando o limite do intervalo de confiança não alcançar o valor central da estimativa do outro. As análises foram feitas utilizando EstimateS 9.1.0 (Colwell, 2013).

A análise comparativa da composição em espécies entre os ambientes foi realizada através do teste de ordenação não paramétrico de escalonamento multidimensional NMDS (*Non-Metric Multidimensional Scaling*), obtido por matriz de similaridade calculada pelo coeficiente de *Bray-Curtis*. Em seguida foi realizada uma análise de comparação de similaridade entre os ambientes usando a função ANOSIM (*Analysis of Similarities One-way*). Para ambas análises foi utilizado o programa PAST 2.16 (Hammer *et al.*, 2001).

O método SIMPER (*Similarity Percentage*) foi usado para definir quais foram as espécies que determinaram o grau de distância de similaridade entre os ambientes. O método indica as espécies que mais contribuíram para as dissimilaridades e similaridades entre os ambientes, ordenados pelo NMDS e significativamente separados pelo ANOSIM (Clarke, 1993). O SIMPER calcula a dissimilaridade *Bray-Curtis* média entre todos os pares de amostras intra-grupo para identificar as características de discriminação.

A diversidade beta (variação da composição de espécies das comunidades) pode ocorrer de duas formas: por aninhamento (ganho e perda de espécies) ou *turnover* (substituição de espécies entre os locais) (Baselga, 2010). Para testar se as diferenças (beta diversidade) entre os ambientes são por aninhamento ou *turnover*, foi realizada a decomposição do beta. Para isso foi utilizado o teste de dissimilaridade de Sorensen, que produz três índices: o de Simpson (β_{sim}) que representa o componente de substituição de espécies, o de Sorensen (β_{sor}) que representa o total da beta diversidade, e o de fração aninhada resultante (β_{sne}) que representa o aninhamento (Baselga, 2010, 2012; Baselga e Orme, 2012). Para essas análises foi utilizado o pacote *betapart* (Baselga *et al.*, 2012) no Programa R 3.2.0 (R Core Team, 2015).

RESULTADOS

Com um esforço amostral de 7200 armadilhas.noite em cada município, foram capturados 163 espécimes em Rio Pomba, pertencentes a 13 espécies (4 *Didelphimorphia* e 9 *Rodentia*), e 45 espécimes no Serro, distribuídos em 14 espécies (4 *Didelphimorphia* e 10 *Rodentia*). No total foram capturadas 21 espécies de pequenos mamíferos, sendo duas delas exóticas (*Rattus rattus* e *Mus musculus*). O sucesso amostral em Rio Pomba foi 2,26% e no Serro 0,68%. O esforço foi distribuído de maneira desigual entre as ambientes amostradas dentro dos municípios, sendo 2880 armadilhas.noite na mata, igual valor no pasto e 1440 armadilhas.noite no peridomicílio.

Nenhuma recaptura ocorreu entre ambientes diferentes. Em Rio Pomba *Calomys tener* foi a espécie mais recapturada e todas as recapturas ocorreram no mesmo transecto. No Serro a mais recapturada foi *Didelphis aurita* e apenas um *Trinomys setosus* foi recapturado em transecto diferente, resultando em um deslocamento de aproximadamente 1,33 km entre os transectos.

Em Rio Pomba, a espécie mais abundante foi *Calomys tener* com 72 espécimes capturados. As espécies dominantes em cada ambiente, no entanto, foram diferentes. Na mata, a espécie mais capturada foi *Gracilinanus microtarsus* (26,92%); no pasto, *Calomys tener* (54,55%); e no peridomicílio, *Oligoryzomys nigripes* (60%) (Figura 2). No peridomicílio do Serro *Didelphis aurita* (35,71%) foi a espécie mais abundante, também foram capturadas duas espécies exóticas de roedores, *Mus musculus* e *Rattus rattus*, com abundância relativa de 17,65% cada. Na mata, a espécie mais abundante foi *Trinomys setosus* (39,13%), já no pasto foi *Calomys spp.* (44,44%) (Figura 3 e Tabela 1).

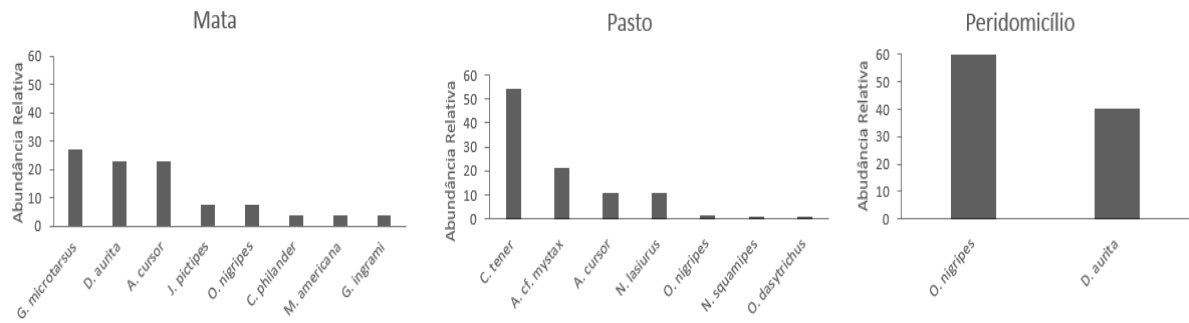


Figura 2. Distribuição de abundância das espécies de pequenos mamíferos capturados nos três ambientes em Rio Pomba/MG.

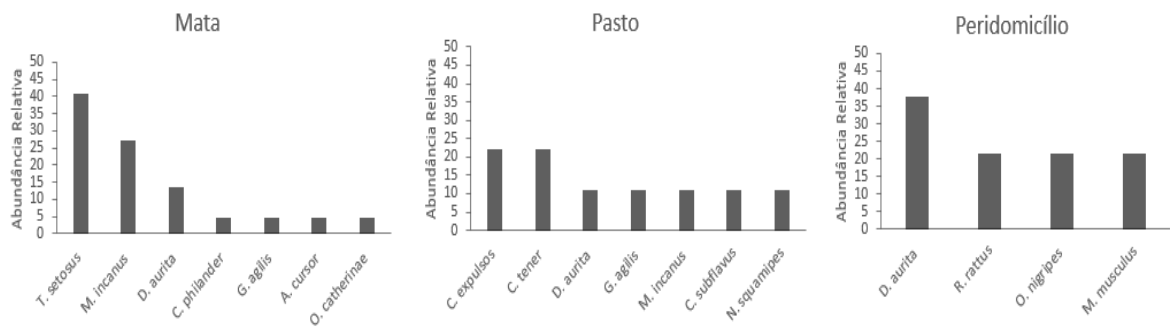


Figura 3. Distribuição de abundância das espécies de pequenos mamíferos capturados nos três ambientes no Serro/MG.

Algumas espécies foram encontradas em mais de um dos ambientes. Em Rio Pomba, *O. nigripes* foi encontrado nos três ambientes, *A. cursor* na mata e no pasto e *D. aurita* na mata e no peridomicílio. No Serro, *G. agilis* e *Marmosops incanus* foram detectadas tanto na mata quanto no pasto e *D. aurita* em todos ambientes (Figura 4).

Com relação à abundância, em Rio Pomba somente o pasto apresentou diferença significativa ($F_{2;15} = 16,11$; $p < 0,001$), com maior abundância que os outros ambientes. No Serro, não houve diferença significativa entre os ambientes ($F_{2;15} = 1,98$; $p = 0,17$) (Figura 5).

Tabela 1. Esforço amostral, sucesso amostral, número de indivíduos e de espécies de pequenos mamíferos capturados por ambiente nos municípios de Serro e Rio Pomba/MG. Os números entre parênteses representam abundância relativa em porcentagem de cada espécie no ambiente amostrado. *Espécies exóticas.

	Rio Pomba			Serro		
	Mata	Pasto	Peridomicílio	Mata	Pasto	Peridomicílio
Esforço Amostral (armadilhas.noite)	2880	2880	1440	2880	2880	1440
Sucesso amostral	0.90%	4.58%	0.35%	0.80%	0.31%	1.18%
Espécies	Número de indivíduos (Abundância relativa)					
Ordem Didelphimorphia						
<i>Caluromys philander</i> (Linnaeus, 1758)	1 (3.85)	-	-	1 (4.54)	-	-
<i>Didelphis aurita</i> (Wied-Neuwied, 1826)	6 (23.08)	-	2 (40)	3 (13.63)	1 (11.11)	5 (35.71)
<i>Gracilinanus agilis</i> (Burmeister, 1854)	-	-	-	1 (4.54)	1 (11.11)	-
<i>Gracilinanus microtarsus</i> (Wagner, 1842)	7 (26.92)	-	-	-	-	-
<i>Marmosops incanus</i> (Lund, 1840)	-	-	-	6 (27.27)	1 (11.11)	-
<i>Monodelphis americana</i> (Müller, 1776)	1 (3.85)	-	-	-	-	-
Ordem Rodentia						
<i>Akodon cursor</i> (Winge, 1887)	6 (23.08)	14 (10.61)	-	1 (4.54)	-	-
<i>Akodon cf. mystax</i> (Hershkovitz, 1998)	-	28 (21.21)	-	-	-	-
<i>Calomys expulsos</i> (Lund, 1841)	-	-	-	-	2 (22.22)	-
<i>Calomys tener</i> (Winge, 1887)	-	72 (54.55)	-	-	2 (22.22)	-
<i>Cerradomys subflavus</i> (Wagner, 1842)	-	-	-	-	1 (11.11)	-
<i>Guerlinguetus ingrami</i> (Thomas, 1901)	1 (3.85)	-	-	-	-	-
<i>Juliomys pictipes</i> (Osgood, 1933)	2 (7.69)	-	-	-	-	-
<i>Necomys lasiurus</i> (Lund, 1841)	-	14 (10.61)	-	-	-	-
<i>Nectomys squamipes</i> (Brants, 1827)	-	1 (0.76)	-	-	1 (11.11)	-
<i>Oecomys catherinae</i> (Thomas, 1909)	-	-	-	1 (4.54)	-	-
<i>Oligoryzomys nigripes</i> (Olfers, 1818)	2 (7.69)	2 (1.52)	3 (60)	-	-	3 (21.42)
<i>Oxymycterus dasytrichus</i> (Schinz, 1821)	-	1 (0.76)	-	-	-	-
<i>Trinomys setosus</i> (Desmarest, 1817)	-	-	-	9 (40.90)	-	-
<i>Mus musculus</i> * (Linnaeus, 1758)	-	-	-	-	-	3 (21.42)
<i>Rattus rattus</i> * (Fisher, 1803)	-	-	-	-	-	3 (21.42)
Total de indivíduos	26	132	5	22	9	14
Total de espécies	8	7	2	7	7	4

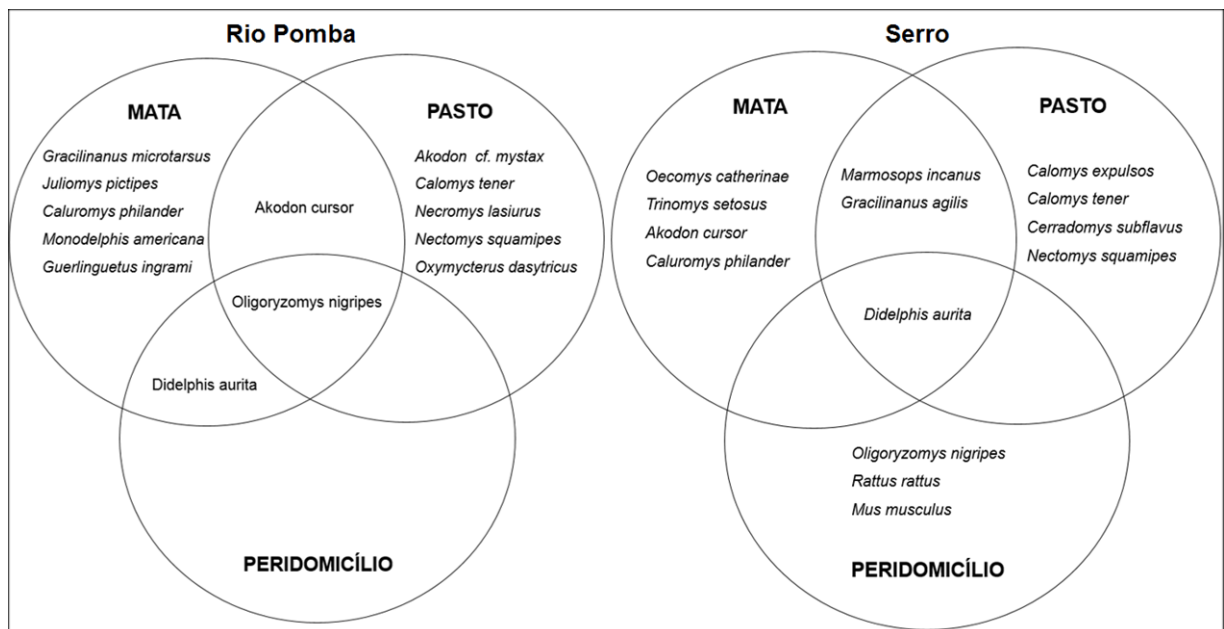


Figura 4. Diagrama de Venn ilustrando espécies exclusivas e compartilhadas entre os três ambientes.

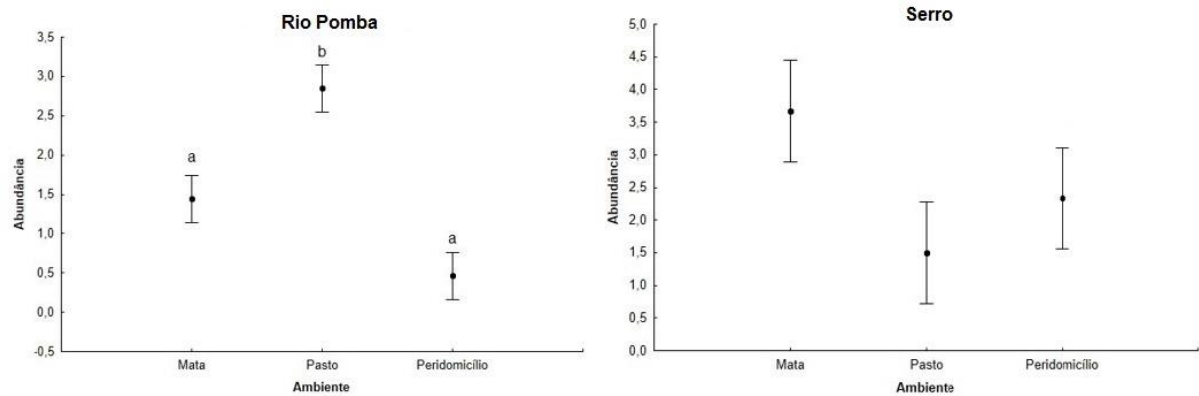


Figura 5. Média (\pm desvio padrão) da abundância de pequenos mamíferos em três ambientes diferentes nos municípios de Rio Pomba e Serro/MG. Letras diferentes indicam diferença significativa para $\alpha = 5\%$.

As curvas de rarefação obtidas sugerem que o esforço amostral não atingiu uma estabilização na amostragem de espécies, pois a curva não atingiu a assíntota. (Figura 6). Com os resultados da rarefação para 12 amostras em cada ambiente, em Rio Pomba, não houve diferença significativa na riqueza entre a mata ($5,68 \pm 1,54$) e o pasto ($5,73 \pm 1,16$), somente entre esses ambientes e o peridomicílio (2 ± 0). No Serro, não houve diferença significativa entre os ambientes.

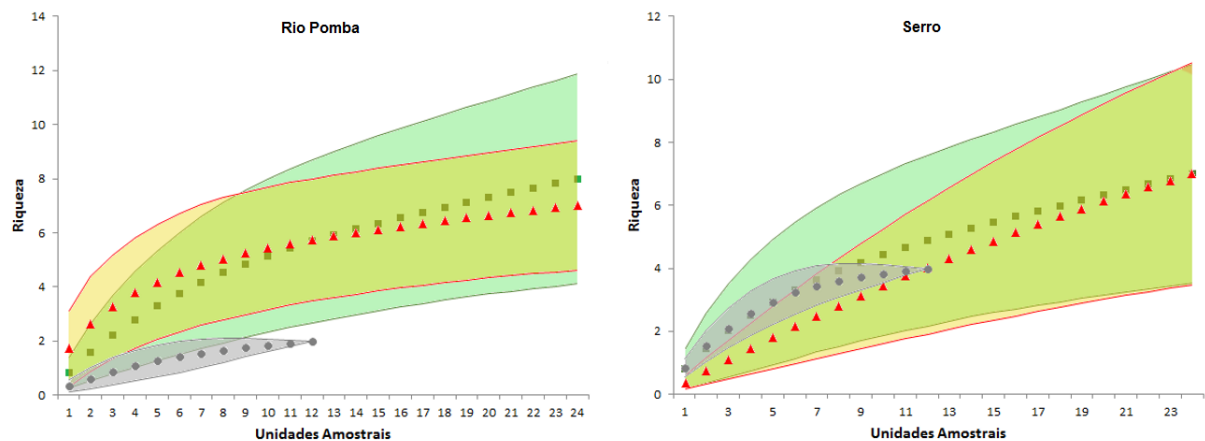


Figura 6. Curvas de rarefação baseada em amostras (intervalo de confiança de 95%) comparando a riqueza de pequenos mamíferos em diferentes ambientes de Rio Pomba e Serro/MG. Mata: verde, Pasto: Vermelho, Peridomicílio: cinza.

Em Rio Pomba, o *Jackknife* estimou 12 espécies para a Mata, nove no Pasto e três no Peridomicílio. Os intervalos de confiança gerados mostram que não houve diferença entre Mata e Pasto, mas entre essas e o Peridomicílio. No Serro, para a Mata foram estimadas 11 espécies, 12 no Pasto e cinco no Peridomicílio. Pelos intervalos de confiança gerados, os resultados foram

semelhantes àqueles encontrados em Rio Pomba. Não houve diferença significativa entre o ambiente de mata e pasto, mas estes foram diferentes do peridomicílio (Figura 7).

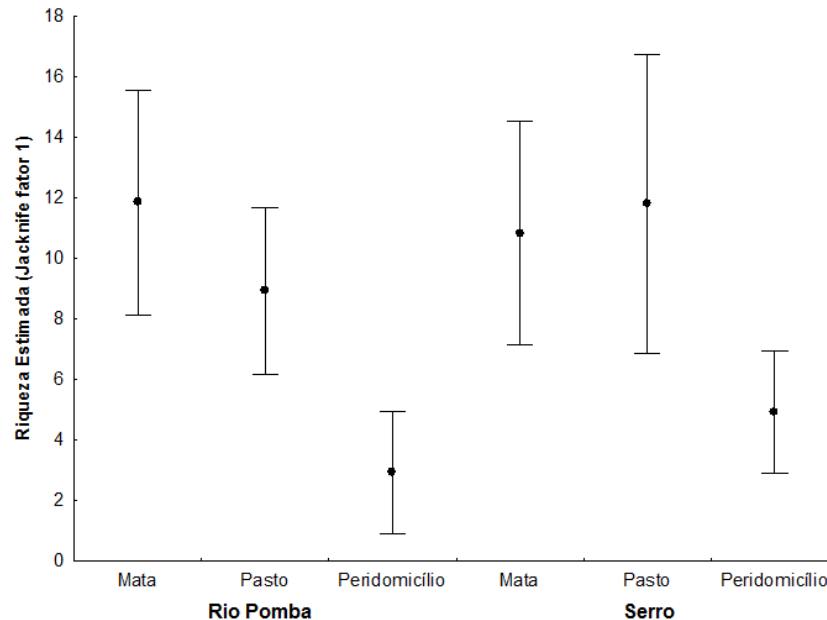


Figura 7. Riquezas estimadas de pequenos mamíferos obtidas pelo estimador assintótico *Jackknife 1* e intervalos de confiança de 95%.

A análise de similaridade (ANOSIM) realizada por meio do índice de *Bray-Curtis* revelou que em Rio Pomba a estrutura da comunidade entre os ambientes é significativamente diferente ($R_{\text{global}} = 0,67$; $p < 0,05$). A estrutura das comunidades na mata e pasto é diferente, não possuindo nenhuma relação de similaridade ($p = 0,02$). Mas a diferença entre o peridomicílio e mata ($p = 0,59$) não foi significativa, o mesmo aconteceu entre peridomicílio e pasto ($p = 0,19$). No Serro, também foi evidente a diferença significativa na estrutura entre os ambientes ($R_{\text{global}} = 0,5457$; $p < 0,01$). Na mata e pasto, houve uma diferença significativa da estrutura ($p = 0,02$), mas a diferença entre o peridomicílio e os outros dois ambientes não foi significativa (mata $p = 0,06$; pasto $p = 0,19$).

A análise produz valores de R gerados para cada associação entre ambientes. Estes valores de R variam de -1 e +1 (Tabela 2).

Tabela 2. Valores do R gerados pela Análise de Similaridade (ANOSIM) das abundâncias das espécies de pequenos mamíferos entre os ambientes dos municípios de Rio Pomba e Serro/MG.

Ambientes	Rio Pomba			Serro		
	Mata	Pasto	Peridomicílio	Mata	Pasto	Peridomicílio
Mata	0	0,7396	-0,1667	0	0,4844	0,9107
Pasto	0,7396	0	1	0,4844	0	0,3571
Peridomicílio	-0,1667	1	0	0,9107	0,3571	0

Para comparar a estrutura dos distintos ambientes, foram produzidos gráficos a partir da análise multivariada NMDS, utilizando os dados de abundância com coeficiente de similaridade *Bray-Curtis*. Nos dois municípios a representação indica um afastamento ordenado da similaridade entre a mata e o pasto, indicando que nestes ambientes a estrutura entre as comunidades é diferente (Figuras 8 e 9).

A análise SIMPER indica a posição das espécies com maior relevância para a diferenciação da composição das espécies de pequenos mamíferos entre os ambientes nos dois municípios. A contribuição de cada espécie para dissimilaridade dos ambientes é grande. Em Rio Pomba, foram necessárias 4 espécies para ultrapassar 80% de dissimilaridade cumulativa, utilizando dados de abundância, entre todos os pares de ambientes. A espécie que mais influenciou na dissimilaridade dos pares mata/pasto e do pasto/peridomicílio foi *C. tener*, já para mata/peridomicílio foi *O. nigripes*. No Serro, para os pares mata/pasto e mata/peridomicílio são necessárias 6 espécies e para o par pasto/peridomicílio são necessárias 5 espécies para chegar aos 80% de dissimilaridade cumulativa. Para o par mata/pasto a espécie que mais influenciou foi *Trinomys setosus*, para os outros dois pares foi *Didelphis aurita* (Tabela 3).

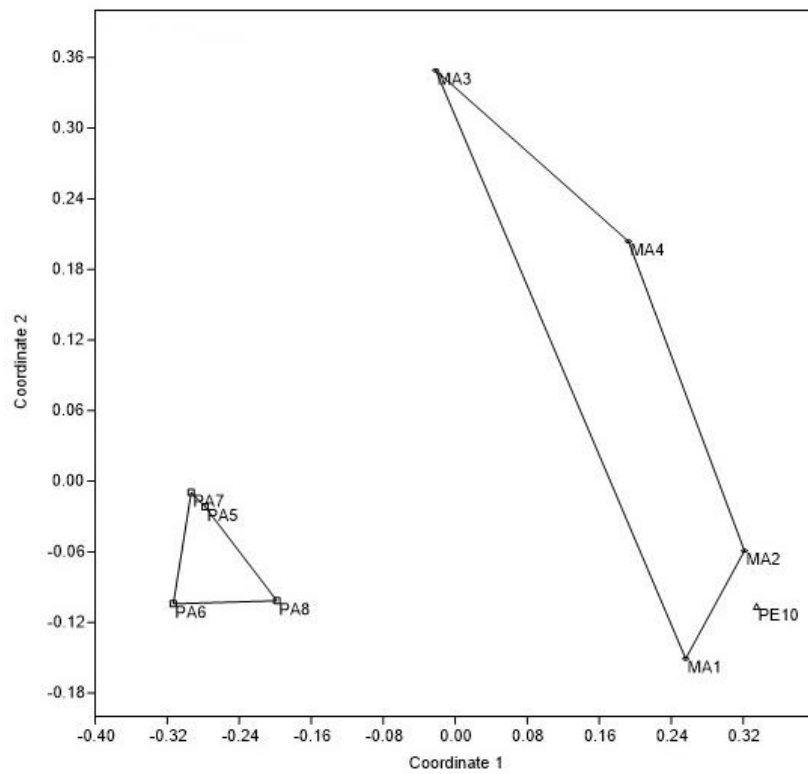


Figura 8. Projeção da análise NMDS da comunidade de pequenos mamíferos nos diferentes ambientes (MA: mata, PA: pasto, PE: peridomicílio) de Rio Pomba/MG, baseadas na abundância das espécies (utilizando o coeficiente de similaridade Bray-Curtis). Stress = 0,2503.

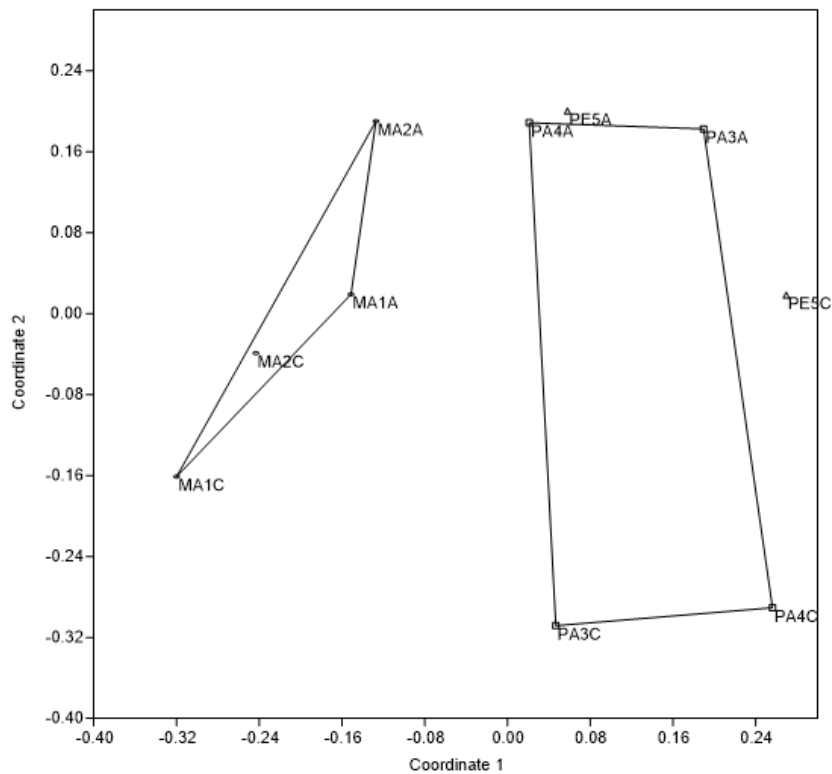


Figura 9. Projeção da análise NMDS da comunidade de pequenos mamíferos nos diferentes ambientes (MA: mata, PA: pasto, PE: peridomicílio) no Serro/MG, baseadas na abundância das espécies (utilizando o coeficiente de similaridade *Bray-Curtis*). Stress = 0,42.

Tabela 3. Análise de SIMPER com as espécies que contribuíram para mais de 80% dissimilaridade cumulativa entre os diferentes ambientes em Rio Pomba e Serro/MG, utilizando dados de abundância (coeficiente de similaridade de *Bray-Curtis*).

Dissimilaridade entre os ambientes (%)	Mata X Pasto	Mata X Peri	Pasto x Peri
Rio Pomba			
<i>Calomys tener</i>	56,64		56,01
<i>Akodon cf. mystax</i>	11,46		11,18
<i>Akodon cursor</i>	8,58	15,37	9,88
<i>Necromys lasiurus</i>	5,99		
<i>Oligoryzomys nigripes</i>		37,05	9,23
<i>Gracilinanus microtarsus</i>		17,71	
<i>Didelphis aurita</i>		13,03	
Total	82,68	83,15	86,31
Serro			
<i>Trinomys setosus</i>	30,29	18,71	
<i>Marmosops incanus</i>	18,41	11,67	
<i>Didelphis aurita</i>	13,78	20,67	25,61
<i>Calomys expulsos</i>	7,29		5,76
<i>Calomys tener</i>	7,09		
<i>Gracilinanus agilis</i>	5,21		
<i>Oligoryzomys nigripes</i>		14,02	18,96
<i>Rattus rattus</i>		13,32	17,69
<i>Mus musculus</i>		12,63	16,43
Total	82,09	91,02	84,46

A partição aditiva da diversidade em termos proporcionais à diversidade total, para Rio Pomba teve a diversidade local (α_1) maior que o esperado, isto é, ocorreram mais espécies por transecto do que o esperado. A diversidade entre os locais (β_1) foi menor do que o esperado, a diversidade entre os ambientes (β_2) foi igual ao esperado e o que mais contribui com a diversidade (Figura 10). No Serro, α_1 foi igual ao esperado, a diferença entre os transectos do mesmo ambiente (β_1) foi menor do que o esperado e β_2 foi maior que o esperado, sendo assim a diferença entre os ambientes é maior do que o esperado. Assim como em Rio Pomba, o β_2 foi que contribuiu mais com a diversidade (Figura 11 e Tabela 4).

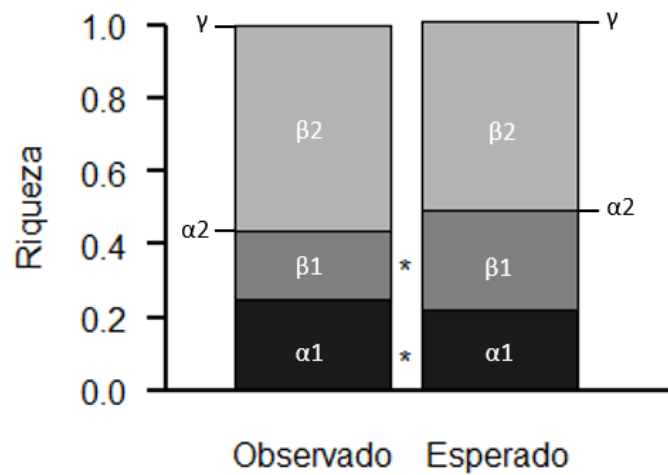


Figura 10. Partição aditiva da diversidade total de espécies de pequenos mamíferos em Rio Pomba, $\gamma = \alpha_1 + \beta_1 + \beta_2$, $\alpha_2 = \alpha_1 + \beta_1$.

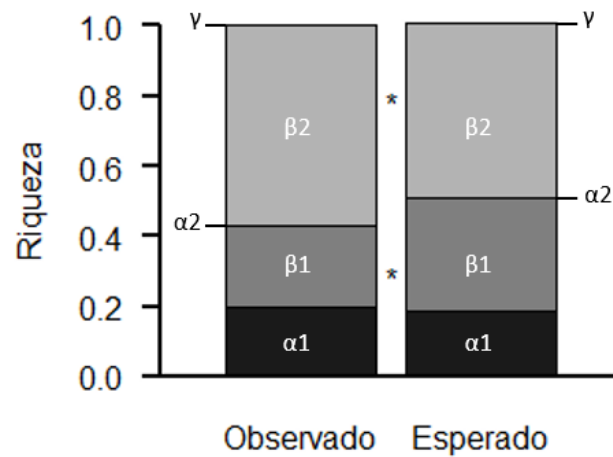


Figura 11. Partição aditiva da diversidade total de espécies de pequenos mamíferos no Serro/MG, $\gamma = \alpha_1 + \beta_1 + \beta_2$, $\alpha_2 = \alpha_1 + \beta_1$.

Tabela 4. Valores da partição aditiva da diversidade gama (γ) de pequenos mamíferos em Rio Pomba e Serro/MG.

	Rio Pomba	Serro
Diversidade alfa por transecto - α_1	0,24786	0,20000
Diversidade alfa por ambiente - α_2	0,43590	0,42857
Diversidade beta entre os transectos do mesmo ambiente - β_1	0,18803	0,22857
Diversidade beta entre os ambientes - β_2	0,56410	0,57143
Diversidade gama - γ	1	1

A maior parte da diversidade beta total (β_{sor}) de Rio Pomba reflete a substituição ($\beta_{sim} = 0,7538$) de espécies de pequenos mamíferos e uma pequena parte reflete a diversidade beta

devido ao aninhamento ($\beta_{sne} = 0,0877$). No Serro a composição também muda mais por substituição de espécies ($\beta_{sim} = 0,8426$) do que por aninhamento ($\beta_{sne} = 0,0366$).

DISCUSSÃO

As comunidades de pequenos mamíferos nos dois municípios foram compostas, predominantemente, por espécies florestais e típicas de Mata Atlântica no ambiente de mata, e no pasto por espécies generalistas que ocorrem geralmente em áreas abertas ou perturbadas. O peridomicílio foi composto por espécies generalistas e adaptadas ao ambiente antropizado, também ocorreram espécies exóticas que vivem próximo ao homem. Espécies de pequenos mamíferos endêmicos da Mata Atlântica tendem a ocupar vegetação de mata nativa, enquanto que espécies de biomas abertos tendem a ocupar habitat mais perturbados (Umetsu e Pardini 2007; Godoi *et al.*, 2010; Braga *et al.*, 2015).

Na mata de Rio Pomba, *Gracilinanus microtarusus* foi a espécie mais abundante, sendo exclusiva desse ambiente. Essa espécie é tipicamente florestal e possui preferência pelo estrato arbóreo (Rossi *et al.*, 2006). Segundo Pires *et al.* (2002) essa espécie não é capaz de atravessar matrizes constituídas na sua maior parte por gramíneas exóticas. *Juliomys pictipes*, *Caluromys philander* e *Guerlinguetus ingrami* também foram exclusivos da mata, sendo que as duas primeiras são arborícolas e a última escansorial (Paglia *et al.*, 2012) e, portanto, são espécies que dependem do estrato arbóreo. Além disso, *C. philander* e *G. ingrami* possuem hábito alimentar frugívoro. Provavelmente, a matriz de pasto está funcionando como um filtro ambiental, impedindo o movimento e estabelecimento dessas espécies. Portanto, essas espécies ficam confinadas a um fragmento de vegetação nativa.

Necromys lasiurus e *Calomys tener*, espécies típicas do Cerrado, foram abundantes no pasto de Rio Pomba. Em outros estudos, essas espécies também foram mais frequentes em áreas abertas, como pastagens, plantações, borda de matas (Umetsu e Pardini, 2007; Santos-Filho, 2008; Braga, 2011; Martin *et al.*, 2012; Assis, 2014). Segundo Rocha (2007), *C. tener* está associada positivamente com a quantidade de gramíneas e negativamente com o número de árvores. Portanto, essas espécies podem estar sendo beneficiadas nesse tipo de ambiente alterado, uma vez que são típicas de Cerrado que se caracteriza por vegetações abertas, e na área de Mata Atlântica com a degradação ambiental tem disponível esse tipo habitat.

No mesmo trabalho também foi observado que houve um maior número de capturas de *C. tener* nas trilhas próximas a cupinzeiros. No pasto de Rio Pomba, *C. tener* representou mais de 50% da abundância total, e no Serro *Calomys* spp. foram dominantes, isso pode estar

associado à alta produtividade primária encontrada nos pastos e à presença de vários cupinzeiros que podem servir de lugar para nidificação e até mesmo como recurso alimentar para as espécies insetívoras. Como *Oxymycterus dasytrichus* que possui uma dieta especializada e que 25% dos insetos que consomem são cupins (Oliveira e Bonvicino, 2006).

Apesar de *Marmosops incanus* e *Gracilinanus agilis* explorarem primeiramente o estrato arbóreo (Rossi *et al.*, 2006), além da mata também foram capturados no pasto, no Serro. O transecto no qual foram capturados era próximo ao fragmento de mata e apenas um indivíduo de cada espécie foi capturado no pasto, então não é possível afirmar que esses indivíduos dessas espécies tenham capacidade de atravessar longas distâncias na matriz de pasto.

Nos dois municípios *Didelphis aurita* foi capturada na mata e no peridomicílio, no Serro foi capturado também no pasto. *D. aurita* é considerada generalista e adaptada a perturbações antrópicas e é encontrada até mesmo em cidades (Rossi *et al.*, 2006). *Oligoryzomys nigripes* também foi encontrada nos dois municípios nos ambientes antropizados. No contexto de perturbações ambientais as espécies generalistas e adaptadas podem ser favorecidas, porque além de usar o ambiente natural, podem procurar recursos, muitas vezes abundantes (lixo doméstico, armazéns de colheitas) em áreas antropizadas.

As espécies exóticas *Mus musculus* e *Rattus rattus* foram capturadas apenas no peridomicílio no Serro. Essas espécies são encontradas geralmente próximas a plantações, habitações humanas, armazéns de grãos e entre pavimentos (Umetsu e Pardini, 2007; Braga, 2011), sendo registradas poucas vezes longe de habitações humanas, como em estradas por onde sejam transportados grãos ou outros itens que sirvam de alimento (Oliveira e Bonvicino, 2006).

Apesar de *A. mystax* ser considerado endêmico do Maciço do Caparaó, na divisa de Minas Gerais e Espírito Santo, e restrito aos campos de altitude, que ocorrem entre 1800-2890m (Herskovitz, 1998; Gonçalvez *et al.*, 2007), os indivíduos de *A. cf. mystax* foram capturados no pasto de Rio Pomba numa altitude de 536 m. Embora pareçam seguir a descrição da espécie, optamos por deixar a espécie a confirmar.

Em Rio Pomba a abundância geral foi maior no pasto, isso pode ter ocorrido por que as espécies dominantes nesse município (*C. tener*, *A. cf. mystax*) são típicas de áreas abertas. Também pode estar associada à produtividade primária do pasto e ao tipo de dieta dessas espécies. No Serro, a abundância não foi diferente entre os ambientes.

O peridomicílio de Rio Pomba, como esperado, teve uma riqueza menor, provavelmente por se tratar de um ambiente perturbado em que poucas espécies são capazes de se adaptar ou mesmo de atravessar a matriz até as proximidades de habitações. No entanto, no Serro a riqueza

do peridomicílio não foi estatisticamente diferente, provavelmente devido ao sucesso amostral geral ter sido baixo (0,68%) e à presença de duas espécies exóticas.

Quanto à comparação da riqueza entre os ambientes baseada no *Jackknife* de 1ª ordem, somente os valores estimados para os ambientes de peridomicílio foram semelhantes aos detectados, para os outros ambientes o valor detectado foi menor que o estimado. As curvas obtidas não estabilizaram, sugerindo que esforço amostral não atingiu uma estabilização na amostragem de espécies. Provavelmente, nesse estudo não foram capturadas todas as espécies da área.

A estrutura da comunidade de pequenos mamíferos foi influenciada pelos diferentes ambientes, sendo pasto e mata diferentes entre si nos dois municípios. Essas diferenças devem estar relacionadas à complexidade de cada ambiente e também à situação destes ambientes em relação à antropização, sendo a mata um ambiente mais complexo e preservado e o pasto um ambiente antropizado, no qual parte das espécies não tem capacidade de se estabelecer. As espécies dominantes foram as que contribuíram mais para a dissimilaridade entre os ambientes. Apesar do número de espécies ser semelhante entre os ambientes, as espécies dominantes de cada ambiente diferiram.

A diversidade beta descreve as mudanças na composição de espécies entre locais em uma região. A diversidade entre os ambientes (β_2) foi a que mais contribuiu para diversidade total nos dois municípios e também foi maior que o esperado. Assim como previsto, uma vez que os ambientes possuem estruturas muito diferentes, espécies florestais ficariam restritas a mata; no pasto, estariam presentes espécies generalistas e típicas de áreas abertas, e no peridomicílio apenas espécies generalistas e adaptadas a antropização. A diversidade maior, expressa a diferença na composição local e que as espécies tem restrições diferentes. A diversidade entre os transectos (β_1) foi menor que o esperado nos dois municípios. Pode ser que as características de micro-habitat de cada transecto não tenham uma influência significativa na comunidade de cada ambiente. As espécies podem estar mais ligadas à estrutura geral do ambiente do que do micro-habitat.

Os padrões de diversidade β são gerados a partir do mesmo mecanismo nas duas áreas, substituição de espécies (*turnover*). Essa troca de espécies pode ter sido determinada pela diferença estrutural do habitat e pelas restrições de algumas espécies aos ambientes alterados.

Apesar de termos encontrados espécies restritas às áreas de mata nativa, percebemos que algumas espécies (*O. nigripes*, *D. aurita*, *A. cursor*) são capazes de usarem o habitat mais amplamente e circulam entre dois ou mais ambientes. Para essas espécies, a matriz não limita o movimento e, dependendo da sua biologia, algumas espécies podem se beneficiar das

alterações ambientais. A circulação desses animais silvestres por ambientes antrópicos pode ter diversas consequências, inclusive a transmissão de viroses emergentes, já que aumenta a probabilidade de contato entre o homem e seus animais domésticos.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, T. O. 2014. Utilização de matriz de pasto e matriz de café por pequenos mamíferos em uma paisagem fragmentada no sul de Minas Gerais. **Dissertação de Mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Ecologia Aplicada, Lavras, MG. 87p.
- BASELGA, A. 2010. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. **Global Ecology and Biogeography**. 19: 134-143.
- BASELGA, A. 2012. The relationship between species replacement, dissimilarity derived from nestedness, and nestedness. **Global Ecology and Biogeography**. 21: 1223-1232.
- BASELGA, A.; ORME, C. D. L. 2012. Betapart: an R package for the study of beta diversity. **Methods in Ecology and Evolution**. 3: 808-812.
- BRADY, M. J.; MCALPINE, C. A.; POSSINGHAM, H. P.; MILLER, C. J.; BAXTER, G. S. 2011. Matrix is importante for mammals in landscapes with small amounts of native forest habitat. **Landscape Ecology**. 26: 617-628.
- BRAGA, C. A. DE C.; PREVEDELLO, J. A.; PIRES, M. R. S. 2015. Effects of cornfields on small mammal communities: a test in the Atlantic Forest hotspot. **Journal of Mammalogy**. xx (x): 1-8.
- CÁCERES N. C.; BORNSCHEIN, M. R.; LOPES, W. H.; PERCEQUILLO, A. R. 2007a. Mammals of the Bodoquena Mountains, southwestern Brazil: an ecological and conservation analysis. **Revista Brasileira de Zoologia**. 24(2): 426-435.
- CARROLL, D. S.; MILLS, J. N.; MONTGOMERY, J. M.; BAUSCH, D. G., BLAIR P. J.; BURANS, J. P., FELICES, V.; GIANELLA, A.; IIHOSHI, N.; NICHOL, S. T.; OLSON, J. G.; ROGERS, D. S.; SALAZAR, M.; KSIAZEK, T. G. 2005. Hantavirus pulmonar syndrome in central Bolivia: relationships between reservoir hosts, habitats, and viral genotypes. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. 72: 42-46.
- CLARKE, K. R. 1993. Non-parametric multivariate analyses of change in community structure. **Australian Journal of Ecology**. 18: 117-143.

- COLWELL, R. K. 2013. **Estimates: statistical estimation of species richness and shared species from samples**. Version 9.1.0. Disponível em: <<http://viceroy.eeb.uconn.edu/estimates>>. Acesso em: ago. 2015.
- DASZAK, P.; CUNNINGHAM, A. A.; HYATT, A. D. 2001. Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife. **Acta Tropica**. 78: 103-116.
- EMATER. Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado de Minas Gerais. 2012. Documento de caracterização da região do Serro/MG como produtora de queijo Minas artesanal. Disponível em: <http://www.emater.mg.gov.br/doc/intranet/upload/queijo_historico/dossi%C3%AA%20do%20serro%20def2.pdf>. Acesso em: set. 2015.
- FAHRIG, L. 2003. Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity. **Annual Review of Ecology, and Systematics**. 34: 487-515.
- FORD, C. E.; HAMERTON, J. L. 1956. A colchicines hypotonic citrate squash sequence for mammalian chromosomes. **Stain Technology**. 31(6): 247-251.
- FORERO-MEDINA, G.; VIEIRA. 2007. Conectividade funcional e a importância da interação organismo-paisagem. **Oecologia Brasiliensis**. 11(4): 493-502.
- GASCON, C.; LOVEJOY, T. E.; BIERREGAARD, R. O.; MALCOLM, J. R.; STOUFFER, P. C.; VASCONCELOS, H. L.; LAURANCE, W. F.; ZIMMERMAN, B.; TOCHE, R. M.; BORGES, S. 1999. Matrix habitat and species richness in tropical forest remnants. **Biological Conservation**. 9: 223-229.
- GODOI, M. N.; CUNHA, N. L. DA; CÁCERES, N. C. Efeito do gradiente floresta-cerradocampo sobre a comunidade de pequenos mamíferos do Alto do Maciço do Urucum, oeste do Brasil. **Mastozoología Neotropical**. 17(2): 263-277.
- GUEDES, H. A. S.; SILVA, D. D. DA; ELESBON, A. A. A.; RIBEIRO, C. B. M.; MATOS, A. T. DE; SOARES, J. H. P. 2012. Aplicação da análise estatística multivariada no estudo da qualidade da água do Rio Pomba, MG. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. 16(5): 558-563.

- HAMMER, O.; HARPER, D. A. T.; RIAN, P. D. 2001. **PAST: Palaeontological statistics software package for education and data analysis**. Version 2.16. Disponível em: <http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm>. Acesso em: jun. 2015.
- HERSHKOVITZ, P. 1998. Report on some sigmodontine rodents collected in southeastern Brazil with descriptions of a new genus and six new species. **Bonner Zoologischer Beitrage**. 47: 193-256.
- IBGE. 2015. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Cidades@**. Informações sobre os municípios brasileiros. Disponível em: <<http://www.cidades.ibge.gov.br/painel/painel.php?lang=&codmun=316710&search=minas-gerais|serro|infograficos:-dados-gerais-do-municipio>>. Acesso em: out. 2015.
- JONES, K. E.; PATEL, N. G.; LEVY, M. A.; STOREYGARD, A.; BALK, D.; GITTLEMAN, J. L.; DASZAK, P. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. **Nature**. 451: 990-993.
- KRUSE H, KIRKEMO AM, HANDELAND K. 2004. Wildlife as source of zoonotic infections. **Emerging infectious diseases**. 10: 2067-2072.
- LYRA-JORGE, M. C.; PIVELLO, V. R.; MEIRELLES, S. T.; VIVO, M. 2001. Riqueza e abundância de pequenos mamíferos em ambientes de cerrado e floresta, na reserva de Cerrado Pé-de-Gigante, Parque Estadual de Vassununga (Santa Rita do Passa Quatro, SP). **Naturalia**. 26: 287-302.
- MACKENZIE, J. S., JEGGO, M. 2013. Reservoirs and vectors of emerging viruses. **Current opinion in virology**. 3(2): 170-179.
- MARTIN, P. S.; GHELIER-COSTA, C.; LOPES, P. C.; ROSALINO, L. M.; VERDADE, L. M. 2012. Terrestrial non-volant small mammals in agro-silvicultural landscapes of Southeastern Brazil. **Forest Ecology and Management**. 282(2012): 185-195.
- METZGER, J. P.; MARTENSEN, A. C.; DIXO, M.; BERNACCI, L. C.; RIBEIRO, M. C.; TEIXEIRA, A. M. G.; PARDINI, R. 2009. Time-lag in biological responses to landscape changes in a highly dynamic Atlantic forest region. **Biological Conservation**. 142(6): 1166-1177.

- MILLS, J. N. 2005. Regulation of rodent-borne viruses in the natural host: implications for human disease. **Archives of Virology, Supplement**. 19: 45-57.
- MILLS, J. N. 2006. Biodiversity loss and emerging infectious disease: An example from the rodent-borne hemorrhagic fevers. **Emerging Infectious Diseases** 7: 9-17.
- MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; FONSECA, G. A. B.; KENT, J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**. 403: 853-858.
- OLIFIERS, N.; GENTILE, R.; FISZON, J. T. 2005. Relation between small-mammal species composition and anthropic variables in the brazilian atlantic forest. **Brazilian Journal of Biology**. 65(3): 495-501.
- OSTFELD, R. S.; KEESING, F. 2000. Biodiversity and disease risk: the case of Lyme disease. **Conservation Biology**. 14: 722-728.
- PABLO RODRIGUES GONÇALVES, P. R.; MYERS, P.; VILELA, J. F.; OLIVEIRA, J. A. DE. 2007. Systematics of species of the genus *Akodon* (Rodentia: Sigmodontinae) in southeastern Brazil and implications for the biogeography of the campos de altitude. **Museum of Zoology, University of Michigan**. 197.
- PAGLIA, A. P.; FONSECA, G. A. B. DA; RYLANDS, A. B.; HERRMANN, G.; AGUIAR, L. M. S.; CHIARELLO, A. G.; LEITE, Y. L. R.; COSTA, L. P.; SICILIANO, S.; KIERULFF, M. C. M.; MENDES, S. L.; TAVARES, V. DA C.; MITTERMEIER, R. A. & PATTON J. L. 2012. **Lista Anotada dos Mamíferos do Brasil / Annotated Checklist of Brazilian Mammals**. 2ª Edição / 2nd Edition. Occasional Papers in Conservation Biology, No. 6. Conservation International, Arlington, VA. 76p.
- PARDINI, R.; SOUZA, S. M.; BRAGA-NETO, R.; METZGER, J. P. 2005. The role of forest structure, fragment size and corridors in maintaining small mammal abundance and diversity in an Atlantic forest landscape. **Biological Conservation**. 124: 253-266.
- PATTON, J. L.; PARDINÃS, U. F. J.; D' ELÍA, G. 2015. Mammals of South America, Volume 2: Rodents. **Chicago**. 1384p.
- PIFANO, D. S; VALENTE, A. S. M; ALMEIDA, H. S.; MELO, P. H. A. de; CASTRO, R. M. de; BERG, E. V. D. 2010. Caracterização florística e fitofisionômica da Serra do Condado, Minas Gerais, Brasil. **Biota Neotropica**. 10(1): 55-71.

- PIRES, A. S., LIRA, P. K., FERNANDEZ, F. A. S., SCHITTINI, G. M., OLIVEIRA, L. C. 2002. Frequency of movements of small mammals among Atlantic Coastal Forest fragments in Brazil. **Biological Conservation**. 108: 229-237.
- PMGIRS. Plano Municipal de Gestão Integrada de Resíduos Sólidos Rio Pomba. 2014. Disponível em: < <http://ceivap.org.br/saneamento/mg/rio-pomba-produto7.pdf> > Acesso em: out. 2015.
- PREFEITURA DE RIO POMBA. Dados demográficos. **Portal de Rio Pomba**. 2016. Disponível em: <<http://www.riopomba.mg.gov.br/dados-demograficos.php>>. Acesso em: abr. 2016.
- R CORE TEAM. 2015. **R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria**. Disponível em: < <https://www.r-project.org/> >. Acesso em: jun. 2015.
- ROCHA, C.R. 2007. Utilização de microhabitat por três espécies de roedores cricetídeos em um Cerrado do Brasil Central. **Dissertação de Mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Ecologia. Instituto de Ciências Biológicas, Brasília, UNB. 46p.
- ROSSI, R. V.; BIANCONI, G.V.; PEDRO, W. A. 2006. Ordem Didelphimorphia. In: Reis, N. R.; Peracchi, A. L.; Pedro, W. A.; Lima, I. P. (eds). **Mamíferos do Brasil. Londrina**. 27-66.
- RUEDAS, L. A.; SALAZAR-BRAVO, J.; TINNIN, D. S.; ARMIEN, B.; CACERES, L.; GARCIA, A.; DIAZ, M. A.; GRACIA, F.; SUZAN, G.; PETERS, C. J.; YATES, T. L.; MILLS, J. N. 2004. Community ecology of small mammal populations in Panama following an outbreak of Hantavirus pulmonary syndrome. **Journal of Vector Ecology**. 29: 177-191.
- SANTOS, A. J. DOS. 2006. Estimativas de riquezas em espécies. In: CULLEN JR., L.; RUDRAN, R.; PADUA, C. V. (Org.). **Métodos de Estudos em Biologia da Conservação e Manejo da Vida Silvestre**. 2.ed. Curitiba. Editora Universidade Federal do Paraná. 1: 19-42.
- SANTOS-FILHO, M.; SILVA, D. J. DA.; SANAIOTTI, T. M. 2008. Edge effects and landscape matrix use by a small mammal community in fragments of semideciduous submontane forest in Mato Grosso, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**. 68(4): 703-710.
- SENAC. Serviço Nacional de Aprendizagem Comercial. 2015. Informações sobre municípios mineiros. Disponível em:

<http://descubraminas.com.br/Turismo/DestinoPagina.aspx?cod_destino=19&cod_pgi=2034>
Acesso em: nov. 2015.

SIAM. Sistema Estadual de Meio Ambiente. Disponível em:
<<http://www.siam.mg.gov.br/siam/login.jsp>>. Acesso em: nov. 2015.

SLADE, N. A.; BLAIR, S. M. 2000. An empirical test of using counts of individuals captured as indices of population size. **Journal of Mammalogy**. 81(4): 1035-1045.

TEIXEIRA, B. R. 2013. Estudo Longitudinal da infecção por hantavírus em roedores silvestres no estado do Paraná. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Biologia Parasitária do Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ. 139p.

UMETSU, F.; METZGER, J. P.; PARDINI, R. 2008. Importance of estimating matrix quality for modeling species distribution in complex tropical landscapes: a test with Atlantic forest small mammals. **Ecography**. 31(3): 359-370.

UMETSU, F.; PARDINI, R. 2007. Small mammals in a mosaic of forest remnants and anthropogenic habitats-evaluating matrix quality in an Atlantic forest landscape. **Landscape Ecology**. 22: 517-530.

VIEIRA, M. V.; MONTEIRO-FILHO, E. L. A. 2003. Vertical stratification of small mammals in the Atlantic Rain Forest of South-eastern Brazil. **Journal of Tropical Ecology**. 9(5): 501-50.

CAPÍTULO 2

VIROSES EMERGENTES: RELAÇÕES ENTRE PEQUENOS MAMÍFEROS HOSPEDEIROS E SEUS HABITAT

RESUMO

As alterações ambientais influenciam a dispersão de animais de ambientes silvestres para áreas próximas às construções humanas e agricultura e, com isso, aumentam as chances de contato destes com o homem e animais domésticos, e consequente transmissão de patógenos. Diante disto, o objetivo deste trabalho foi analisar o papel de pequenos mamíferos no fluxo de viroses entre ambiente silvestres e antropizados e se abundância, riqueza e tipo de ambiente influenciam na prevalência de viroses. Nos municípios de Rio Pomba e Serro, em Minas Gerais, entre setembro de 2012 e setembro 2013, os pequenos mamíferos foram capturados em três ambientes diferentes: em fragmentos de vegetação nativa, em áreas de pastagem próximas as áreas de vegetação, e no peridomicílio. Na mata e pasto foram estabelecidos quatro transectos e dois no peridomicílio. Em cada ponto foi colocada uma armadilha do tipo gaiola e uma Sherman e utilizado o método de captura-marcação-recaptura. Coletamos sangue por punção cardíaca e alguns espécimes foram sacrificados e eviscerados para a prospecção de ortopoxvírus, coronavírus, hantavírus e flavivírus. A abundância, riqueza e tipo de ambiente (mata, pasto, peridomicílio) não influenciaram na prevalência de infectados. *Calomys tener* foi a espécie de pequeno mamífero mais central da nossa rede de interação de Rio Pomba, sendo infectado por todos os vírus testados. Ortopoxvírus teve maior prevalência de infectados e o maior número de espécies de pequenos mamíferos positivas nos dois municípios. Pequenos mamíferos capturados em ambientes silvestres e antropizados apresentaram resultados positivos para todos os vírus testados, mostrando potencial circulação desses vírus entre mata nativa, pasto e peridomicílio.

Palavras-chaves: degradação ambiental, doenças infecciosas, roedores, transmissão, vírus.

INTRODUÇÃO

A expansão das atividades antrópicas destrói habitat, diminui sua qualidade e facilita o contato entre animais silvestres, homem e animais domésticos. Uma das consequências da degradação ambiental é o aumento das possibilidades de disseminação de doenças emergentes (Karesh *et al.*, 2012).

As doenças infecciosas emergentes são um dos principais problemas de saúde pública mundial e estão relacionadas a determinantes sociais, econômicos e ambientais. Aproximadamente 60% são zoonoses e, destas, cerca de 70% são causadas por patógenos de origem silvestres (Jones *et al.*, 2008). O surgimento de uma doença infecciosa zoonótica depende de fatores que propiciam a dinâmica do agente patogênico de explorar outros nichos e adaptar-se a novos hospedeiros. As causas subjacentes que criam ou fornecem acesso a estes novos nichos parecem ser mediadas por ações antropogênicas, que incluem, na maioria dos casos, a exploração do solo, desmatamento, extração de recursos naturais e sistemas intensos de produção pecuária (Karesh *et al.*, 2012). Estas condições propiciam a introdução de um patógeno a uma nova população e a sua disseminação neste novo ambiente, estabelecendo um novo ciclo de vida em seres humanos, predispondo a emergência de uma nova doença (Daszak *et al.*, 2001).

A degradação do habitat por atividades antrópicas e consequente fragmentação, pode levar as espécies restritas ao ambiente florestal ao desaparecimento local, caso o habitat não tenha a qualidade suficiente para sustentar populações viáveis. Já espécies generalistas podem ser favorecidas, como pelo fornecimento de alimentos introduzidos pela agricultura, resultando no aumento de densidades populacionais. Por outro lado, o adensamento populacional em áreas com restrições ambientais pode levar ao estresse social, o que diminui a resistências dos animais a doenças. A circulação zoonótica pode ser então potencializada pelo aumento da probabilidade de contato de animais silvestres com humanos e animais domésticos (Mills, 2006). No caso das espécies favorecidas serem as mais eficientes para transmissão de patógenos, podem ser aumentadas as prevalências entre as espécies hospedeiras e, por fim, aumentar o risco de transmissão ao homem (Teixeira, 2013). Existe também uma aparente relação entre a infecção e a riqueza das espécies, de modo que em locais com alta riqueza de espécies em geral apresentam menor prevalência de infecção nas espécies hospedeiras devido a uma maior pressão de competição interespecífica (Mills, 2006).

A maioria dos animais reservatórios de doenças infecciosas zoonóticas pertence ao grupo dos mamíferos (Mackenzie e Jeggo, 2013). Os roedores apresentam fatores que os

classificam como bons reservatórios para transmissão de doenças zoonóticas, como alta taxa de fecundidade, rápida reprodução, são mais frequentes em locais habitado pelo homem que outros animais silvestres. Portanto, favorecem o contato e a transmissão à população humana de patógenos intrínsecos aos roedores (Mills, 2006). Muitos desses patógenos são virais e novos vírus pertencentes às famílias *Poxviridae*, *Coronaviridae*, *Bunyaviridae* e *Flaviviridae* tem sido descritos a partir de animais silvestres (Mackenzie e Jeggo, 2013).

O gênero *Orthopoxvirus* pertencente à família *Poxviridae* contém vírus capazes de infectar humanos (*Variola virus*), roedores (*Ectromelia virus*) e outros que infectam múltiplos hospedeiros, como *Vaccinia virus* (VACV) (Shchelkunov, 2013). O VACV leva ao surgimento de lesões pustulares, ulcerativas na pele que afeta principalmente o gado e humanos (Trindade *et al.*, 2003). A transmissão ocorre pelo contato com as lesões, e em alguns experimentos por fezes e leite (Abrahão *et al.*, 2009a; D’Anunciação *et al.*, 2012).

O gênero *Hantavirus*, pertencente à família *Bunyaviridae*, consiste em mais que 80 vírus geneticamente relacionados. As infecções humanas causadas pelos hantavírus ocorrem principalmente pela inalação de aerossóis de partículas virais, formados a partir de excretas de roedores infectados, manifestando-se sob duas diferentes patologias clínicas: a Febre Hemorrágica com Síndrome Renal (FHSR) e a Síndrome Cardiopulmonar por Hantavírus (SCPH) (Oliveira *et al.*, 2014). No Brasil, nove genótipos de hantavírus foram identificados em 12 espécies de roedores pertencentes aos gêneros: *Akodon*, *Calomys*, *Holochilus*, *Oligoryzomys*, *Oxymycterus*, *Necromys* e *Rattus* (Oliveira *et al.*, 2014). A infecção por hantavírus nos roedores resulta em uma infecção crônica e aparentemente assintomática (Oliveira *et al.*, 2014). Formas alternativas de transmissão foram descritas: através de escoriações na pele ou mordeduras de roedores, contato do vírus com o tecido conjuntivo da boca, olhos e nariz (Pereira, 2006).

Os coronavírus da família *Coronaviridae* infectam uma grande variedade de animais, causando doenças respiratórias, entéricas, hepáticas e neurológicas de gravidade variável (Lau *et al.*, 2014). Esses vírus encontram-se amplamente distribuídos entre os seres humanos, outros mamíferos e aves (Masters e Perlman, 2013). O gênero *Betacoronavirus* compreende vírus que infectam humanos (HCoV-HKU1 e HCoVOC43) e roedores (MHV e RCoV) entre outros (Masters e Perlman, 2013).

O gênero *Flavivirus*, da família *Flaviviridae*, é constituído por aproximadamente 50 vírus, que causam encefalites, febres hemorrágicas e hepatites em humanos. Dentre os flavivírus que ocorrem no Brasil destacam-se os vírus do dengue 1-4 (DENV) e vírus da Febre Amarela (YFV). Os culicídeos vêm sendo descritos como potenciais vetores para os flavivírus,

e se infectam após realizar o repasto sanguíneo em animais silvestres ou humanos (Figueiredo *et al.*, 2010). Entre os vetores de importância médica, estão os mosquitos dos gêneros *Aedes*, *Psorophora* e *Culex* (Laporta *et al.*, 2012). O homem ou animais podem ser infectados quando entram em contato com ambientes silvestres, no qual os vírus são mantidos em ciclos silvestres (Figueiredo, 2000).

A crescente degradação ambiental contribui para disseminação de doenças infecciosas, uma vez que o contato de animais silvestres com homem e animais domésticos são intensificados pelas mudanças que ocorrem na paisagem. Diante desse contexto, o objetivo deste trabalho é analisar o papel de pequenos mamíferos no fluxo de viroses entre ambiente silvestres e antropizados de Rio Pomba e Serro, em Minas Gerais, e analisar se a abundância e riqueza de pequenos mamíferos e o tipo de ambiente influenciam na prevalência de viroses.

As hipóteses avaliadas são que (1) a degradação ambiental permite que espécies de pequenos mamíferos com hábitos de vida generalistas se aproximem de áreas antrópicas, potencializando o fluxo de viroses entre o sistema natural e antrópico, e essas espécies tem papel importante na rede de interação hospedeiro-vírus (2) a prevalência de infecção por viroses é influenciada pela abundância e riqueza de pequenos mamíferos e pelo tipo de ambiente (mata, pasto e peridomicílio).

MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi realizado em dois municípios de Minas Gerais, Rio Pomba (21°16'29"S, 43°10'45"W), localizado na Zona da Mata, e Serro (18°36'18" S, 43°22'44"W), localizado na mesorregião metropolitana de Belo Horizonte (Figura 1).

O município de Rio Pomba, inserido no domínio Mata Atlântica (IBGE, 2015), era em grande parte recoberto por Floresta Estacional Semidecidual e Floresta Ombrófila Densa. Atualmente restam 8,32% de Floresta Estacional Semidecidual Montana e 3,46% de Floresta Estacional Semidecidual Sub Montana (PMGIRS, 2014). O clima da região (classificação de Köppen 2013) é do tipo Cwa: clima subtropical de inverno seco e verão quente. Na região a precipitação média anual é de 1.200 a 1.600 mm, e a temperatura média anual varia de 17,4°C a 24,7°C (Guedes, 2012). Altitudes variam de 419 m a 910 m (Prefeitura de Rio Pomba, 2015). As capturas de pequenos mamíferos foram realizadas na propriedade rural do Campus Rio Pomba do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia (IFET) do Sudeste de Minas Gerais.

Serro está localizado numa área de transição do Cerrado com Mata Atlântica (IBGE, 2015). A cobertura vegetal apresenta fisionomias do Domínio Atlântico, Floresta Estacional Semidecidual Montana e Aluvial, Brejos, Campo rupestre e Vegetação Arbustivo-Lenhosa sobre Canga (Pifano *et al.*, 2010). O clima da região (classificação de Köppen 2013) é do tipo Cwb: subtropical de altitude, com inverno seco e verão ameno, com temperaturas média anual variando de 14°C a 27,5°C. As chuvas ocorrem de setembro a março com média de precipitação anual de 1300 mm (EMATER, 2002). Altitudes variam de 2.002 m a 853 m (SENAC, 2015). As capturas de pequenos mamíferos foram realizadas em duas fazendas que apresentam como principal atividade a produção de leite para a fabricação de queijo.

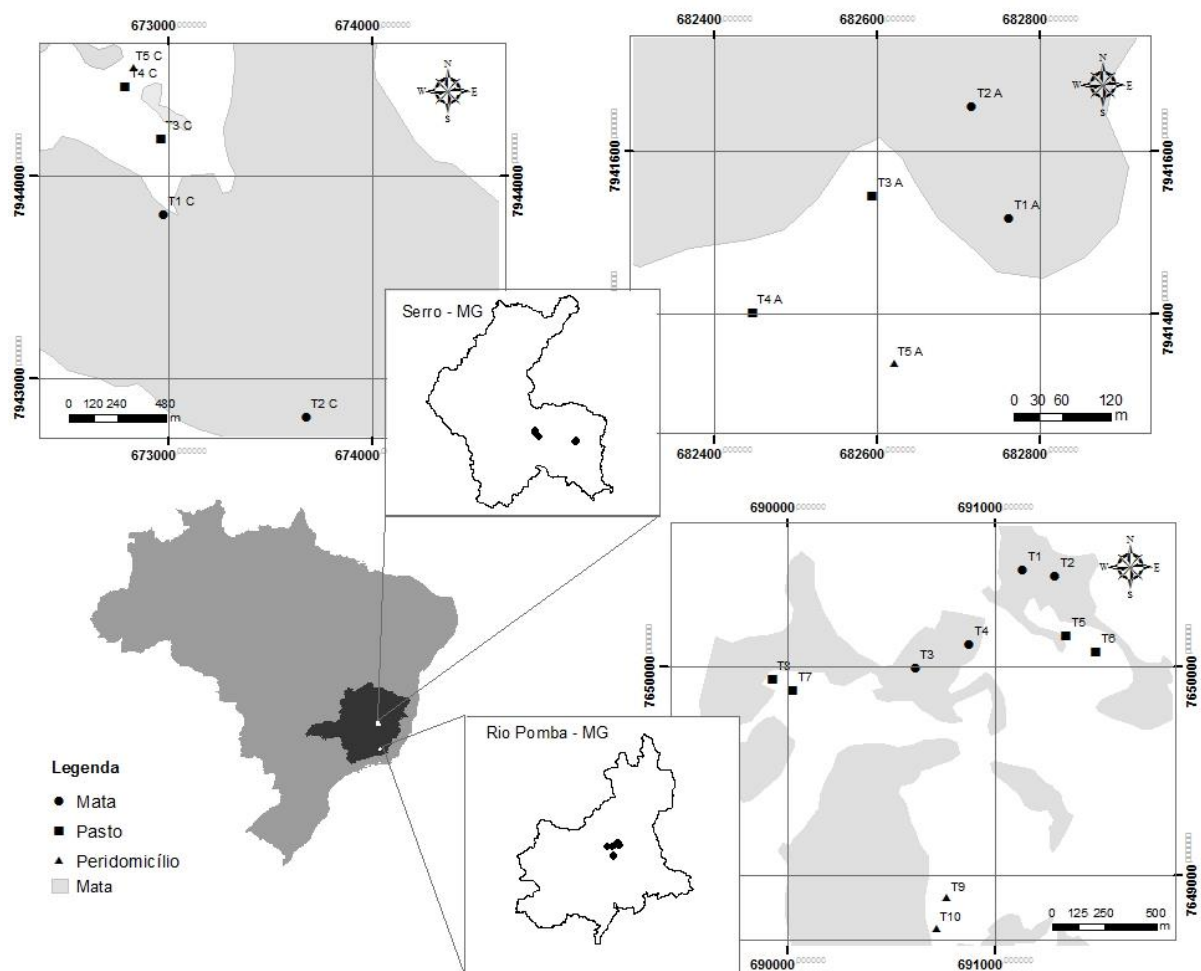


Figura 1. Localização dos municípios de Serro e Rio Pomba no estado de Minas Gerais e indicação das áreas onde os transectos foram estabelecidos.

Captura de pequenos mamíferos

Foram realizadas seis coletas bimestrais em cada área nos dois municípios, com duração de quatro noites cada, entre setembro de 2012 e setembro 2013. Em cada área os pequenos

mamíferos foram coletados em três ambientes distintos: (1) em quatro transectos estabelecidos em fragmentos de vegetação nativa (Mata); (2) em quatro transectos em áreas de pastagem próximas as áreas de vegetação (Pasto) e (3) dois transecto nas áreas próximas as construções (casas, paióis, estábulos, etc) das fazendas (Peridomicílio). Em cada um dos 10 transectos foram estabelecidas 15 estações de coletas distantes 20 metros entre si. Em cada estação foi colocada uma armadilha do tipo Sherman (8 x 8 x 26 cm) e uma do tipo gaiola (50 x 21,5 x 20cm) com isca suspensa. Na Mata, em cada estação de coleta, uma armadilha foi colocada no solo e a outra no sub-bosque e a posição das armadilhas foi alternada entre estações adjacentes. No pasto e peridomicílio ambas armadilhas foram colocadas no solo. No pasto as trilhas eram próximas aos fragmentos (de 30 m a 120 m). As iscas utilizadas foram pedaços de abacaxi e algodão embebido em óleo de fígado de bacalhau. As armadilhas foram revisadas todas as manhãs.

Os animais capturados foram anestesiados na região intramuscular do membro inferior com cetamina e cloridrato de xilazina (80 mg/kg de cetamina e 12 mg/kg de xilazina) (Ramirez *et al.*, 2003). Em seguida, 10% do sangue foi coletado por punção cardíaca. Os animais sacrificados foram eviscerados para a prospecção dos vírus de interesse a partir das vísceras. O sacrifício foi realizado através da administração de uma dose três vezes superior à dose máxima de cetamina e cloridrato de xilazina (240 mg/kg de cetamina e 45 mg/kg de xilazina), via intraperitoneal.

Após a captura e marcação, os animais foram liberados no local de coleta. Espécimes testemunho de cada área foram coletados e depositados na Coleção de Mamíferos da UFMG. A identificação das espécies seguiu chaves de identificação (Patton *et al.* 2015) e comparação com material de museus. Técnicas de análise citogenética foram também empregadas para auxiliar na identificação e classificação das espécies (Ford e Hamerton, 1956).

Prospecção de vírus em pequenos mamíferos

A prospecção de ortopoxvírus, hantavírus, coronavírus e flavivírus foi realizada pelas equipes dos Laboratórios de Vírus da UFMG e UFJF. Foram utilizados soro e órgãos dos pequenos mamíferos coletados nos municípios de Rio Pomba e Serro, que foram armazenados a -70° C, para extração de DNA e RNA. O DNA da amostra foi extraído com a utilização do PureLink™ Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen™), de acordo com as instruções do fabricante. Para a extração do RNA total foi utilizado o QIAamp® Viral RNA Mini Kit (QIAGEN, USA), de acordo com instruções do fabricante. A quantificação do DNA e RNA foram avaliadas através da utilização do espectrofotômetro NanoDrop® (Thermo Scientific).

Para a detecção dos vírus de RNA foi realizada a síntese de uma cadeia complementar de DNA (cDNA) com oligonucleotídeos aleatórios. A reação de transcrição reversa foi realizada utilizando-se a enzima SuperScript II (Invitrogen), seguindo as instruções do fabricante. Os cDNAs obtidos foram diluídos na proporção 1:5 e utilizados no PCR em tempo real (qPCR).

Foi realizada a qPCR para prospecção de ortopoxvírus, hantavírus, coronavírus e flavivírus. Para ortopoxvírus a amostra Western Reserve (WR) de *Vaccinia virus* foi utilizada para extração do DNA usado como controle positivo para ensaios de qPCR. Para controle positivo das reações de qPCR de coronavírus, flavivírus e hantavírus foram sintetizados fragmentos de DNA. Os iniciadores utilizados nos ensaios de qPCR são descritos na tabela 1. Os iniciadores desenhados, as condições das qPCRs, assim como os DNA sintéticos foram estabelecidos pelo pesquisador colaborador, Pedro A. Alves (Alves, 2015). Como controle interno da reação de qPCR, foram utilizados iniciadores que amplificam a região do gene codificador para a beta actina de *Mus musculus* (Tabela 1).

Tabela 1. Iniciadores utilizados em ensaios de PCR em tempo real. Descrição para sequências, alvos, tamanho da sequência amplificada e temperatura de desnaturação.

	Iniciadores	Sequência (5'-3')	Vírus Alvo	Tamanho esperado do produto	Tm esperado do produto
Coronavirus	HCoV F	CCT GTA ATG GCC ATA AGA TTG AAG	HKU1	78pb	70°C
	HCoV R	CTG TAC GAT AAA CAT TAG AGT ATA AGC G			
Flavivirus	Flavi-1 F	CAA CAT GAT GGG GAA AAG AGA GAA GAA G	YFV, DENV-2, WNV, JEV	113 pb	78°C
	Flavi-1 R	GCT CCA AGC CAC ATG TAC CAT ATG			
	Flavi-2 F	ATG ATG GGG AAG CGT GAG AA	DENV1, 3 E 4 SLEV,	109pb	78°C
	Flavi-2 R	GCT CCC AAC CAC ATG TAC CA			
Hantavirus	HAN F	CCA GAT GAC GTT AAC AAG AGC ACA TTA C	Segmento S	164pb	81,05°C
	HAN R	CAA GCC CTG TTG GAT CAA CTG GT			
Ortopoxvirus	PA F	CGC TAC AAC AGA TAT TCC AGC TAT CAG	Gene C11R de OPVs	80pb	
	PA R	AGC GTG GAT ACA GTC ACC GTG TAA	Gene A56R de OPVs		
	HA F	AAC CAC CGA TGA TGC GGA T	158pb (VACV grupo 2) ou 140pb (VACV grupo 1)		
	HA R	TGC CAC GGC CGA CAA TAT AA			
Controle interno	β -actina F	AAA TCG TGC GTG ACA TCA AAG A		64pb	76°C
	β -actina R	GCC ATC TCC TGC TCG AAG TC			

A mistura de reação com o par de iniciadores era composta por 5,0 μ l de SYBR® Green PCR Master Mix (Applied Biosystems), 0,8 μ l de cada iniciador (800 nM) para coronavírus e hantavírus, 0,2 μ M de cada iniciador (0,2 μ l) para ortopoxvírus e para flavivírus 0,6 μ l de cada iniciador (600 nM), 1,0 μ l do DNA sintético diluído (1ng/ μ l) e água ultra pura (q.s.p. 10 μ l). Os testes das amostras foram realizados posteriormente a repetição da curva padrão. As amostras foram testadas em duplicata e cada placa continha o controle negativo (água de injeção) e o controle positivo, em duplicata.

Todas as reações de qPCR foram feitas no termociclador StepOnePlus™ Real-Time PCR System (Applied Biosystems) com o seguinte ciclo: desnaturação inicial a 95°C, por 10 minutos, seguida de 40 ciclos com desnaturação a 95°C, por 15 segundos e pareamento e extensão, a 60°C, por 1 minuto. A curva de dissociação foi realizada após os 40 ciclos da PCR. Para isso, a temperatura, que partiu de 60°C, aumentava gradativamente, até que chegasse a 99°C. Todos os dados gerados foram registrados pelo *software* e analisados ao término da reação pelo StepOnmne Software v2.3 (Applied Biosystems).

Foram consideradas positivas as amostras que apresentaram produto amplificado em ambas as duplicatas, com temperatura de dissociação (T_m – *melting temperature*) semelhante ou igual à T_m esperada.

As amostras positivas e algumas amostras indeterminadas foram selecionadas para amplificação por PCR convencional com outros iniciadores. O produto das reações foi analisado por eletroforese em gel de poliacrilamida 8% corado com nitrato de prata (Rezende, 2015; Amaral, 2015; Miranda, 2016; Pengo, 2016; dados não publicados).

O sequenciamento dos produtos purificados foi realizado por uma empresa terceirizada pelo método de Sanger em plataforma ABI3130 (Life Technologies). Em seguida, as sequências foram lidas e analisadas em programas específicos.

As amostras que foram testadas para ortopoxvírus e hantavírus, além dos ensaios moleculares foram realizados ELISA para ambos e PRNT para ortopoxvírus. O protocolo de ELISA para pequenos roedores detecta anticorpos anti-OPV do tipo IgG e foi padronizado por Borges (2013). Foram utilizadas placas de 96 poços de fundo reto do tipo Nunc maxisorp (Apogent, USA). As placas continham dois controles negativos em duplicata (soro de Balb/c não infectado), um controle positivo em duplicata (Balb/c infectado com os vírus GP1 ou GP1/GP2), dois poços brancos (sem soro), as amostras foram testadas em duplicata e a proteína A/G (Pierce, USA) foi utilizada como conjugado. As placas foram sensibilizadas com partículas totais do vírus VACV-WR diluídas em tampão carbonato (0,01M e pH 9,6) a uma quantidade final de 10^5 p.f.u. por poço. Em luz UV por 15 minutos as partículas virais foram inativadas e as placas foram incubadas a 4 °C por volta de 16 horas. Em seguida os poços foram lavados 3 vezes em tampão PBS-Tween 0,5%. Para o bloqueio cada poço recebeu 100 µl de solução de bloqueio (leite desnatado 5% em PBS-Tween) e as placas foram incubadas por duas horas a 37 °C. Após 3 lavagens em PBS-Tween foram adicionados os soros diluídos 100 vezes em solução de leite em pó diluído em PBS-Tween a 0,5%. Após incubação por 1 hora a 37 °C as placas foram lavadas 3 vezes, receberam o conjugado diluído 10000 vezes em solução de leite em PBS-Tween a 0,5% e foram novamente incubadas outra vez a 37 °C por 1 hora. Após 5 lavagens, as

placas foram reveladas com o substrato 3,3',5,5'-Tetramethylbenzidine (TMB) (SigmaAldrich, EUA) de acordo com as instruções do fabricante e a reação foi interrompida pela adição de ácido sulfúrico 1M. Foi realizada a leitura da placa a 450 nm no equipamento Multiskan Spectrum (Thermo Scientific). As amostras foram analisadas com relação à variação entre as réplicas e quando esta foi maior que 20% a amostra foi testada novamente.

Nos testes de ELISA para a detecção de anticorpos IgG e IgM anti-*Hantavirus* foi utilizada a proteína recombinante N (rN) do vírus Araraquara. Para o teste, microplacas de poliestireno de fundo chato (CORNING, USA) foram sensibilizadas com rN purificados, na concentração de 4µg/ml, diluídos em solução tampão carbonato-bicarbonato (0,1M; pH 9,6) 100 µL por poço. Como controle negativo foi utilizado extrato bruto de *Escherichia coli* não induzida, purificada, em solução tampão carbonato-bicarbonato (0,1M; pH 9,6). As microplacas foram incubadas a 4°C por 24 horas em câmara úmida para sensibilização. Depois as placas foram lavadas três vezes com PBS pH 7,4; acrescido de Tween 20 a 0,05 % (PBST). Para o bloqueio cada poço recebeu 150 µl de solução bloqueadora (leite em pó desnatado a 10% em PBST), seguida de incubação das microplacas a 37 °C por 2 horas. As placas foram lavadas novamente com PBST por 4 vezes. Posteriormente, foram adicionados às microplacas 50 µL dos soros teste, na diluição padrão (1:100). O diluente dos soros e conjugado foi o mesmo utilizado no bloqueio das microplacas. Como controle positivo foram utilizados MIAFs vírus-específicos ao rN do teste, na diluição de 1:100. Em seguida, as microplacas foram incubadas em câmara úmida por uma hora a 37 °C. Após esse período, as microplacas foram novamente lavadas com PBST 4 vezes. Em seguida, foram adicionados 50µl de imunoglobulina anti-IgG humano conjugada à peroxidase (SIGMA, USA) na diluição 1:2000. Nos poços correspondentes aos controles positivos, contendo MIAF, foi utilizada imunoglobulina caprina anti-IgG de camundongo conjugada à peroxidase (SIGMA, USA) na diluição 1:2000. Após incubação em câmara úmida por 1 hora a 37 °C e 4 lavagens com PBST, foram adicionados 100µl da solução reveladora TMB, seguindo-se de uma incubação por 20 minutos à temperatura ambiente. A reação foi interrompida pela adição de 40µL de ácido sulfúrico 2M. A leitura foi realizada em espectrofotômetro de placa no comprimento de onda de 405nm.

O ponto de corte foi definido como a média dos controles negativos mais 3 vezes o desvio padrão dos mesmos.

Para as amostras testadas para ortopoxvírus, além do ELISA, foi realizado o ensaio sorológico PRNT. O ensaio de soroneutralização por redução de placa detecta anticorpos neutralizantes que são protetores (OIE 2008). Foi utilizado o protocolo adaptado a partir do proposto por Newman (2003). O teste foi realizado em duplicata, após a desnaturação do

complemento a 56°C por 30 minutos em banho maria, os soros foram diluídos 20 vezes em MEM sem adição de soro fetal bovino. O mesmo volume de MEM contendo 30 a 300 p.f.u. de VACV-WR foi adicionado e a mistura foi incubada a 37°C por 16 horas em atmosfera de 5% de CO₂. O mesmo protocolo foi adotado, para o controle de vírus com substituição dos soros testes por soro fetal bovino. As soluções foram inoculadas em placas de 6 poços contendo células BSC-40 com 90 a 100% de confluência. A placa continha um poço de controle de vírus e outro de células. Para a adsorção viral as placas foram mantidas a 37°C em atmosfera de 5% de CO₂, sob agitação em intervalos de 10 minutos. Depois de 1 hora, foram adicionados 2 mL de MEM com 2% de SFB a cada poço e as placas incubadas por 48 horas a 37°C em atmosfera de 5% de CO₂. As células foram fixadas com solução de formalina 10% (formaldeído 37%) por 30 minutos e então coradas com cristal violeta 1%. As placas de lise foram contadas visualmente e o número de placas gerados em cada amostra foi determinado como a média dos poços da duplicata. A positividade foi definida com redução de 50% ou mais do número de placas observados em cada amostra com relação ao controle de vírus.

Análise de infecção de pequenos mamíferos por vírus zoonóticos

A prevalência total de infecção para ortopoxvírus, hantavírus, coronavírus e flavivírus foi avaliada dividindo-se o número de pequenos mamíferos infectados pelo número total de pequenos mamíferos analisados para cada ambiente. Também foi calculado a prevalência por espécie, dividindo o número de infectados daquela espécie, pelo número de indivíduos testados desta mesma espécie.

Para identificar se o ambiente (mata, pasto e peridomicílio), riqueza de espécies e abundância (variáveis explicativas) influenciam a prevalência de infecção (variável dependente), foram construídos modelos lineares generalizados (GLM) no Programa R 3.2.0 (R Core Team, 2015), com distribuição binomial.

Análise de Redes de Interação

A teoria de redes complexas vem sendo usada para estudo com doenças infecciosas. As conexões entre os indivíduos que permitem que uma doença se propague, naturalmente define uma rede, e essa rede nos fornece uma compreensão sobre a dinâmica epidemiológica. O entendimento da estrutura da rede de transmissão nos permite melhorar as previsões sobre a distribuição das infecções (Danon *et al.*, 2010). Na rede de interações cada espécie é representada por um vértice e a ligação entre dois vértices representa a interação entre duas espécies diferentes, possibilitando analisar a interdependência entre elas (Newman, 2003).

Com os dados obtidos foram construídas matrizes adjacentes com “hospedeiro” (H) como linhas e “vírus” (V) como colunas e elaborados grafos para cada município (Rio Pomba e Serro) usando o software Pajek 4.07 (Batagelj e Mrvar, 1998). Para o cálculo do tamanho da rede foram somados os números de hospedeiros e vírus. Assim o tamanho da rede é o número de vértices.

A conectância (C), proporção das conexões possíveis que de fato são observadas na rede, é definida como a razão entre o número de interações observadas e o número de interações possíveis, dado pelo produto do número de hospedeiros e vírus da rede (Dormann *et al.*, 2007). Portanto, essa métrica nos diz o quanto vírus e hospedeiros estão interagindo.

As centralidades são métricas referentes à importância relativa de cada vértice para a estrutura da rede, baseando se no número e o padrão de conexões do vértice (Estrada, 2007). A centralidade por grau avalia a importância de um vértice analisando a quantidade de vértices a que ele é ligado, isto é, quanto mais vértices ligados, maior a importância para rede, portanto, maior o valor atribuído para este vértice pela centralidade (Ronqui, 2014). Logo, essa medida nos diz qual a relevância de um vírus ou hospedeiro para a circulação da doença.

A centralidade por intermédio quantifica a participação de um vértice no caminho mais curto entre quaisquer pares de vértices da rede. Essa medida pode ser utilizada para avaliar a importância tanto de vértices quanto de ligações da rede (Ronqui, 2014). O valor numérico da centralidade por intermédio, para um dado vértice i , corresponde ao somatório das razões entre a quantidade de caminhos mais curtos entre um vértice s e um vértice t que passam i e a quantidade total de caminho mais curtos existentes entre s e t (Newman, 2010), expresso por:

$$C_c(i) = \sum_{st} \frac{n_{st}^i}{g_{st}}$$

Os cálculos das métricas de centralidade e conectância foram realizados utilizando o programa Pajek 4.07 (Batagelj e Mrvar, 1998) e o Programa R 3.2.0 (R Core Team, 2015).

Para investigar a existência de módulos na rede hospedeiro-vírus foi utilizado um método otimizado, baseado no arrefecimento simulado (Guimerà e Nunes Amaral, 2005) e calculado um índice de modularidade (M) com base no algoritmo modificado por Barber para redes bipartidas (Barber 2007). Para estimar a significância de M, a medida das redes reais foi comparada com 1000 matrizes aleatorizadas a partir da matriz real, usando os modelos nulos Erdős e Rényi (Erdős e Rényi, 1959) que gera redes de mesmo tamanho e conectância, mas com arestas distribuídas aleatoriamente entre os vértices e o “modelo nulo 2” de Bascompte *et al.* (2003) que considera a heterogeneidade na distribuição das arestas entre os vértices observada na rede original, mantendo assim parte da estrutura da rede sem aleatorizá-la

totalmente. Os valores de M gerados variam de 0 a 1, sendo que com valor 1 a rede é formada por subgrupos separados. Essas análises foram realizadas no programa Modular (Marquitti *et al.*, 2013). Essa medida nos mostra se os vírus e hospedeiros estão formando grupos dentro da rede, esses grupos podem ocorrer, por exemplo, devido as características filogenéticas.

RESULTADOS

As amostras de todos os pequenos mamíferos capturados em Rio Pomba foram testadas para ortopoxvírus e hantavírus. Das 163 amostras testadas para ortopoxvírus 44 (26,99%) foram positivas, 41 para roedores de cinco espécies: *Calomys tener*, *Akodon cf. mystax*, *A. cursor*, *Necomys lasiurus*, *Guerlignetus ingrani* e três marsupiais de duas espécies: *Caluromys philander* e *Didelphis aurita*. Somente uma amostra de *Calomys tener* capturado no pasto foi positiva para hantavírus em Rio Pomba.

Ainda em Rio Pomba, foram testadas para coronavírus amostras de 137 indivíduos, sendo que 12 (8,75%) roedores foram positivos, pertencentes as seguintes espécies: *C. tener*, *Juliomys pictipes*, *A. cf. mystax*, *A. cursor* e *Oligoryzomys nigripes*.

Das 134 amostras testadas para flavivírus, cinco (3,73%) foram positivas. Foram quatro amostras positivas de *C. tener* e uma de *N. lasiurus*, todos os indivíduos positivos de ambas as espécies foram capturados no pasto.

No Serro, para todos os animais capturados foram feitos testes para prospecção de ortopoxvírus e hantavírus. Das 45 amostras testadas, 15 (33,33%) foram positivas para ortopoxvírus. Dentre essas 14 eram provenientes de roedores, capturados nos três ambientes, das seguintes espécies: *Trinomys setosus*, *A. cursor*, *C. expulsos*, *Nectomys squamipes*, incluindo as espécies exóticas *Mus musculus* e *Rattus rattus*. Uma das amostras positivas era do marsupial *C. philander* capturado na mata. Apenas uma amostra (2,22%) que pertencia a um *O. nigripes* capturado no peridomicílio foi positiva para hantavírus. As amostras do Serro não foram testadas para coronavírus e flavivírus (Tabela 2). A prevalência total por ambientes nos dois municípios está representada na tabela 3.

Os Modelos Lineares Generalizados (GLMs) para testar a relação entre prevalência de infecção e as variáveis explicativas foram realizados apenas para ortopoxvírus e coronavírus em Rio Pomba e ortopoxvírus no Serro, os demais não foram modelados devido ao baixo número amostral. Não encontramos influência significativa de nenhuma variável avaliada sobre a prevalência dos vírus (Tabela 4).

Tabela 2. Espécies e número de indivíduos positivos pelo número de animais testados para distintos vírus, em três tipos de ambientes dos municípios de Rio Pomba e Serro/MG. Entre parênteses o valor da prevalência em (%). (-) Não foram testados.

Rio Pomba					
Ambiente	Espécies	Ortopoxvírus	Hantavírus	Coronavírus	Flavivírus
Mata	<i>Caluromys philander</i>	1/1 (100)	0/1	0/1	0/1
Mata	<i>Didelphis aurita</i>	2/6 (33.3)	0/6	0/3	0/3
Mata	<i>Akodon cursor</i>	4/6 (66.7)	0/6	1/6 (16.7)	0/6
Mata	<i>Guerlinguetus ingrami</i>	1/1 (100)	0/1	0/1	0/1
Mata	<i>Juliomys pictipes</i>	0/2	0/2	1/2 (50)	0/2
Mata	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	0/2	0/2	1/2 (50)	0/2
Pasto	<i>Akodon cf. mystax</i>	7/28 (25)	0/28	3/23 (13)	0/23
Pasto	<i>Akodon cursor</i>	4/14 (28.6)	0/14	1/10 (10)	0/9
Pasto	<i>Calomys tener</i>	15/72 (20.8)	1/72 (1.4)	4/63 (6.3)	4/61 (6.6)
Pasto	<i>Necomys lasiurus</i>	10/14 (71.4)	0/14	0/13	1/12 (8.3)
Peridomicílio	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	0/3	0/3	1/2 (50)	0/3
Serro					
Ambiente	Espécies	Ortopoxvírus	Hantavírus	Coronavírus	Flavivírus
Mata	<i>Caluromys philander</i>	1/1 (100)	0/1	-	-
Mata	<i>Akodon cursor</i>	1/1 (100)	0/1	-	-
Mata	<i>Trinomys setosus</i>	7/9 (77.7)	0/9	-	-
Pasto	<i>Calomys expulsus</i>	1/2 (50)	0/2	-	-
Pasto	<i>Necomys squamipes</i>	1/1 (100)	0/1	-	-
Peridomicílio	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	0/3	1/3 (33.3)	-	-
Peridomicílio	<i>Mus musculus</i>	2/3 (66.6)	0/3	-	-
Peridomicílio	<i>Rattus rattus</i>	2/3 (66.6)	0/3	-	-

Tabela 3. Número total de indivíduos positivos por indivíduos testados nos diferentes ambientes em Rio Pomba e Serro/MG.

Rio Pomba				
Ambiente	Ortopoxvírus	Hantavírus	Coronavírus	Flavivírus
Mata	8/26 (30.79)	0	3/22 (13.63)	0
Pasto	36/132 (27.27)	1/132 (0.75)	8/112 (7.14)	5/110 (4.54)
Peridomicílio	0	0	1/3 (33.33)	0
Serro				
Ambiente	Ortopoxvírus	Hantavírus	Coronavírus	Flavivírus
Mata	9/22 (40.90)	0	-	-
Pasto	2/9 (22.22)	0	-	-
Peridomicílio	4/14 (28.57)	1/14 (7.14)	-	-

Tabela 4. Valores de p resultantes dos modelos lineares generalizados.

Modelo	Rio Pomba		Serro
	Ortopoxvírus	Coronavírus	Ortopoxvírus
prevalência ~ ambiente	$p = 0.18$	$p = 0.28$	$p = 0.76$
prevalência ~ abundância	$p = 0.27$	$p = 0.23$	$p = 0.79$
prevalência ~ riqueza	$p = 0.28$	$p = 0.35$	$p = 0.76$

A rede de interação hospedeiro-vírus de Rio Pomba teve um tamanho igual a 15 e 18 interações foram observadas. Nove espécies de pequenos mamíferos estavam infectadas, sendo que quatro espécies foram infectadas por dois ou mais vírus. O vírus com mais interações na rede foi o ortopoxvírus (grau= 8) e a espécie de pequeno mamífero que teve mais interações foi *C. tener* (grau= 4), interagindo com todos vírus. A conectância de Rio Pomba, medida de densidade das interações na rede, foi de 0,409. A modularidade da rede foi baixa 0,34 e não foi significativa ($p > 0.05$) (Tabela 5).

Tabela 5. Métricas da rede de interação hospedeiro-vírus de Rio Pomba e Serro/MG. Modularidade da rede (M).

Redes	Hospedeiros	Vírus	Tamanho	Conectância	No Modulos	M	p(M)
Rio Pomba	9	4	15	0,409	3	0.34259	$p > 0.05$
Serro	8	2	10	0,50	2	0.21875	$p > 0.05$

A partir dos dados de centralidade por grau da rede de Rio Pomba podemos observar que ortopoxvírus tem valor igual 1, portanto é o vértice mais central na rede. Seguido por coronavírus (0.87) e *C. tener* (0.5). Para a centralidade por intermédio, assim como na outra métrica de centralidade, ortopoxvírus teve o maior valor (0,54), seguido por coronavírus (0,45) e *C. tener* (0,29) (Tabela 6).

Tabela 6. Valores das métricas de centralidade da rede de Rio Pomba/MG.

Rio Pomba			
	Ambiente	Centralidade por grau	Centralidade por intermédio
<i>Akodon cursor</i>	Mata	0.250	0.052
<i>Caluromys philander</i>	Mata	0.125	0.000
<i>Didelphis aurita</i>	Mata	0.125	0.000
<i>Guerlinguetus ingrami</i>	Mata	0.125	0.000
<i>Juliomys pictipes</i>	Mata	0.125	0.000
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Mata	0.125	0.000
<i>Calomys tener</i>	Pasto	0.500	0.292
<i>Akodon cf. mystax</i>	Pasto	0.250	0.052
<i>Akodon cursor</i>	Pasto	0.250	0.052
<i>Necromys lasiurus</i>	Pasto	0.250	0.032
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Peridomicílio	0.125	0.000
<i>Ortopoxvírus</i>		1.000	0.546
<i>Coronavírus</i>		0.875	0.456
<i>Flavivírus</i>		0.250	0.019
<i>Hantavírus</i>		0.125	0.000

O tamanho da rede do Serro foi igual a 10 e ocorreram 8 interações. Assim como em Rio Pomba, ortopoxvírus foi o que mais teve interações, interagindo com sete espécies de pequenos mamíferos. Apenas *O. nigripes* interagiu com hantavírus. Nenhuma espécie de pequenos mamíferos foi infectada por mais de um vírus. A conectância da rede foi de 0,50. A rede não apresentou modularidade significativa ($p > 0.05$) com valor baixo de 0,21 (Tabela 5).

As métricas de centralidade da rede do Serro tiveram o ortopoxvírus como vértice com os maiores valores. Os demais não diferiram nos valores (Tabela 7).

Tabela 7. Valores das métricas de centralidade da rede do Serro/MG.

Serro			
	Ambiente	Centralidade por grau	Centralidade por intermédio
<i>Trinomys setosus</i>	Mata	0.142	0.000
<i>Caluromys philander</i>	Mata	0.142	0.000
<i>Akodon cursor</i>	Mata	0.142	0.000
<i>Calomys expulsus</i>	Pasto	0.142	0.000
<i>Nectomys squamipes</i>	Pasto	0.142	0.000
<i>Mus musculus</i>	Peridomicílio	0.142	0.000
<i>Rattus rattus</i>	Peridomicílio	0.142	0.000
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Peridomicílio	0.142	0.000
<i>Ortopoxvírus</i>		1.000	0.583
<i>Hantavírus</i>		0.142	0.000

Em Rio Pomba, *O. nigripes* e *A. cursor* foram as únicas espécies nas quais indivíduos infectados foram capturados em mais de um ambiente. Indivíduos de *O. nigripes* infectados com coronavírus foram capturados na mata e no peridomicílio. Já os indivíduos de *A. cursor*, quatro foram capturados na mata e quatro no pasto infectados por ortopoxvírus e por coronavírus um indivíduo de cada ambiente (Figura 2).

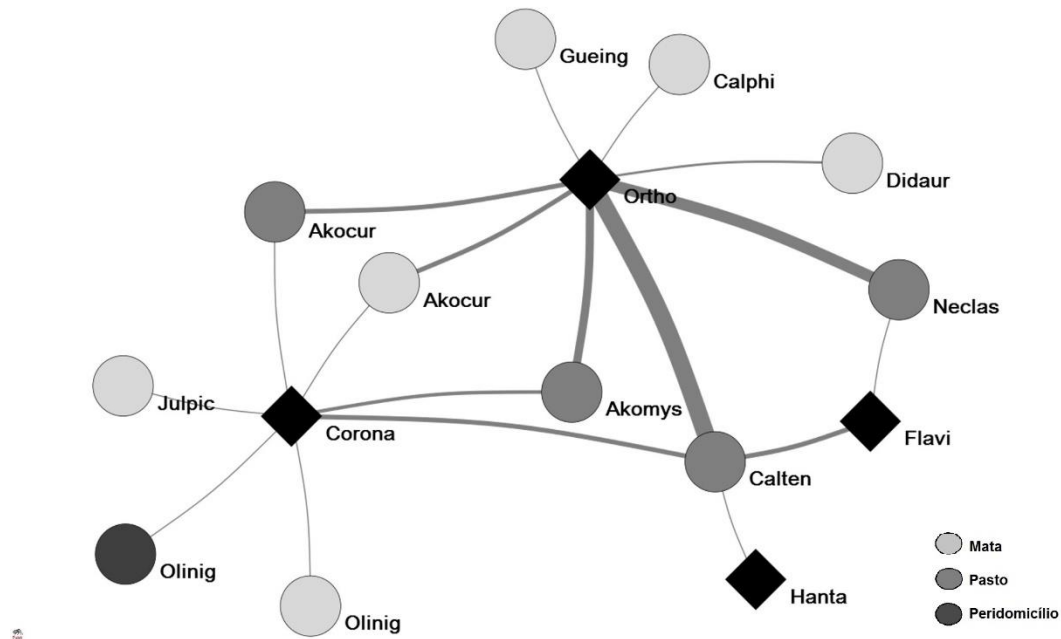


Figura 2. Rede de interação hospedeiro-vírus em Rio Pomba/MG. Círculos são os pequenos mamíferos infectados e quadrados os vírus. A cor do círculo representa o tipo de ambiente onde a espécie foi capturada (mata: cinza claro, pasto: cinza médio e peridomicílio: cinza escuro). Akocur: Akoodon cursor, Akomys: Akodon mystax, Calten: Calomys tener, Calphi: Caluromys philander, Didaur: Didelphis aurita, Gueing: Guerlinguetus ingrami, Neclas: Necromys lasiurus, Julpic: Juliomys pictipes, Olinig: Oligoryzomys nigripes, Corona: coronavírus, Flavi: flavivírus, Hanta: hantavírus, Ortho: ortopoxvírus.

No município do Serro não observamos interações entre hospedeiro e mais de um vírus. Devido aos poucos dados, inclusive porque foram feitos testes apenas para ortopoxvírus e hantavírus, nossa rede foi muito pequena (Figura 3).

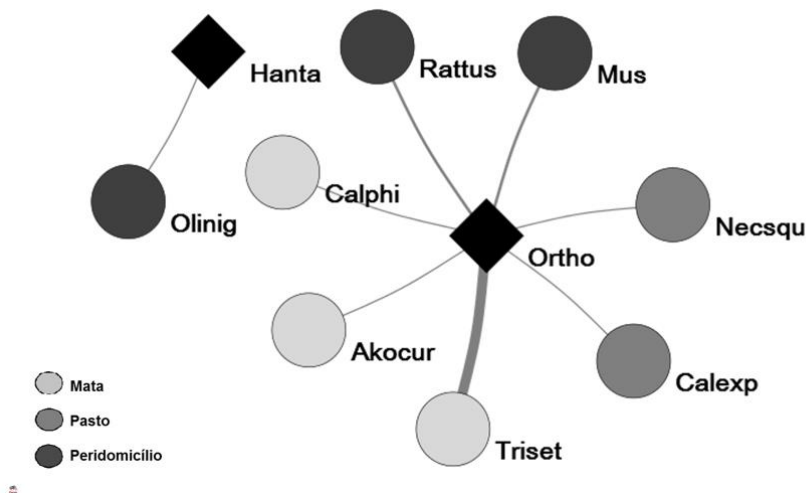


Figura 3. Rede de interação hospedeiro-vírus no Serro/MG. Círculos são os pequenos mamíferos infectados e quadrados os vírus. A cor do círculo representa o tipo de ambiente onde a espécie foi capturada (mata: cinza claro, pasto: cinza médio e peridomicílio: cinza escuro). Akocur: *Akoodon cursor*, Calexp: *Calomys expulsus*, Calphi: *Caluromys philander*, Mus: *Mus musculus*, Necsqu: *Nectomys squamipes*, Olinig: *Oligoryzomys nigripes*, Rattus: *Rattus rattus*, Hanta: hantavírus, Ortho: ortopoxvírus.

DISCUSSÃO

Indivíduos de espécies de pequenos mamíferos capturadas tanto em ambientes silvestres quanto em áreas antropizadas foram positivos para ortopoxvírus, coronavírus, flavivírus e hantavírus, mostrando potencial circulação desses vírus entre mata nativa, pasto e peridomicílio. *Calomys tener*, a espécie mais abundante no pasto (ver Capítulo 1 dessa dissertação), foi a espécie mais central da nossa rede de interação de Rio Pomba, sendo infectado por todos os vírus testados.

Entre os indivíduos capturados dois espécimes foram positivos para o hantavírus Juquitiba-like, sendo um *C. tener* no município de Rio Pomba e um *O. nigripes* no Serro. Uma dessas espécies, *O. nigripes*, é reconhecida como o reservatório primário para vírus Juquitiba (JUQV), com vários casos positivos registrados em outros trabalhos realizados tanto na Mata Atlântica quanto em áreas de transição Mata Atlântica e Cerrado (Suzuki *et al.*, 2004; Pereira *et al.*, 2007; Oliveira *et al.*, 2009; Raboni *et al.*, 2012; Oliveira *et al.*, 2014; Teixeira *et al.*, 2014). Esta espécie de roedor está presente em áreas antropizadas, assim como em áreas bem preservadas, habitando formações florestais e formações vegetais abertas (Oliveira e Bonvicino, 2006), assim como encontrado no nosso estudo.

No Brasil, o JUQV geralmente está associado às seguintes espécies de roedores reservatórios: *O. nigripes*, *A. montensis*, *Oxymycterus judex*, *A. paranaenses* (Guterres *et al.*,

2014). Não existem registros da infecção de *C. tener* por JUQV. No entanto, esta espécie foi reportada sororreativa para hantavírus em Uberlândia/MG (Limongi *et al.* 2013) e infectada pelo *Araraquara virus* (ARAV) em Ribeirão Preto/SP (Figueiredo *et al.*, 2010). Sabendo que no pasto onde foi capturado o *C. tener* positivo para hantavírus haviam espécies reservatório de JUQV, isso pode ser um indicativo de ter ocorrido uma transmissão entre as espécies de roedores.

Em Rio Pomba e no Serro o ortopoxvírus teve a maior prevalência de indivíduos infectados, com respectivamente 27% e 33,3%. Todas as amostras sequenciadas pertenciam ao grupo II de *Vaccinia virus* brasileiros. Embora tenha sido detectado esse grupo de vírus, considerado virulento em modelo murino, nenhum animal apresentou sinal clínico de doença exantemática. No trabalho realizado por Schatzmayr *et al.* (2011) no estado do Rio de Janeiro foram confirmadas infecções por ortopoxvírus em 17,9% dos roedores testados. Entre as espécies positivas estavam *A. cursor* e *N. squamipes*, assim como no nosso trabalho. *M. musculus* capturados próximos à plantação de milho (Abrahão *et al.*, 2009a) e *D. aurita* (Peres *et al.*, 2013) também foram detectados com indícios de circulação de *Vaccinia virus* (VACV), corroborando com os nossos resultados.

Dos 14 espécimes de *N. lasiurus* capturados em Rio Pomba 71,4% foram positivos para ortopoxvírus, todos capturados no pasto. É provável que a abundância não seja a única explicação para a alta prevalência em *N. lasiurus*, visto que a prevalência em *C. tener*, espécie bem mais abundante coletada no mesmo ambiente, é menor. Assim, outros fatores desconhecidos, como a biologia do animal, estejam atuando para essa alta prevalência.

No Serro, dos nove espécimes de *T. setosus* capturados na mata, sete foram positivos para ortopoxvírus (77,7%). Apesar da alta prevalência no nosso trabalho, não foram encontrados outros relatos dessa espécie como hospedeira de ortopoxvírus.

Mesmo que não tenha sido encontrado *O. nigripes* infectado com ortopoxvírus em nenhuma das duas áreas de estudo, em outros trabalhos foram constados *O. nigripes* infectados com ortopoxvírus (Schatmayr *et al.*, 2011; Peres *et al.*, 2013). Portanto, essa espécie pode ser uma transmissora nessas áreas. Além disso, por se tratar de uma espécie generalista e bem adaptada aos locais antropizados, com ocorrência nos três ambientes neste estudo, *O. nigripes* pode atuar como um dispersor da doença, da área de mata para o peridomicílio, aumentando as chances de transmissão para animais domésticos e o homem.

Devemos nos atentar para alta prevalência de animais infectados com VACV no Serro. Uma vez que a base econômica desse município se fundamenta na exploração da pecuária de leite (EMATER, 2012) e o queijo Minas Artesanal “Serro” é produzido tradicionalmente na

região. Além das fezes e saliva de roedores, o leite cru e seus derivados podem ser uma via de transmissão, já que foram encontradas partículas virais viáveis após processamento desses produtos (Oliveira *et al.*, 2010). Rehfeld *et al.* (2015) demonstraram que a contaminação do leite por VACV pode ser uma rota de transmissão viral para ratos BALB/c, em laboratório, apesar de não apresentarem sinais clínicos.

As espécies de coronavírus associadas aos roedores são *Murine coronavirus* (De Groot *et al.*, 2011) que inclui o vírus da hepatite murina (MHV) e o coronavírus de rato (RCoV) que causa doenças respiratórias (Miura e Holmes, 2009). Lau *et al.* (2014) detectaram em *R. norvegicus* na China um novo coronavírus, ChRCoV HKU24. Na China, também Wang *et al.* (2015) identificaram mais três coronavírus em roedores; LRNV, LAMV e LRLV. Indivíduos de cinco espécies capturadas em Rio Pomba foram positivas para o coronavírus humano HKU1: *C. tener*, *J. pictipes*, *A. cf. mystax*, *A. cursor* e *O. nigripes*, não há outros relatos da circulação do HCoV-HKU1 em roedores silvestres.

Já foi sugerido que o HCoV-HKU1 representa um agente zoonótico, ainda que não tenha sido detectado em nenhuma amostra de animal silvestre (Yuen *et al.*, 2012; Góes, 2012). Apesar disso, no presente trabalho, as amostras de roedores positivas para coronavírus humanos HCoV-HKU1, são um indício da circulação de coronavírus humanos nestes animais.

Para as amostras de Rio Pomba, foram detectados flavivírus em quatro indivíduos de *C. tener* e um de *N. lasiurus*, confirmando que roedores devem fazer parte da cadeia de manutenção e/ou transmissão de flavivírus nesta região de Minas Gerais. Alguns mamíferos silvestres também já foram descritos como reservatórios de diversos flavivírus (Root, 2013; Levinson *et al.*, 2013; Thoisy *et al.*, 2009; Weaver e Barrett, 2004).

No Brasil, o primeiro relato de sorologia e virologia positivas para o vírus dengue em roedores e marsupiais foi realizado por Ázara (2013). Foram detectados os quatro sorotipos conhecidos de DENV em duas espécies de pequenos mamíferos, *D. albiventris* e *Cerradomys subflavus*. Esses animais podem ser hospedeiros secundários ou acidentais ou ainda que possam atuar como reservatórios permitindo a manutenção do vírus no local, sendo fonte para infecção dos mosquitos e para transmissão interepidêmica da doença (De Thoisy *et al.* 2009).

No nosso estudo apenas *C. tener* e *N. lasiurus* foram detectados com flavivírus. Apesar disso, várias espécies com registros na literatura como positivas para flavivírus foram capturadas na mata e no peridomicílio de Rio Pomba, sendo assim elas podem ser transmissoras.

Um estudo realizado no Reino Unido, mostrou que o risco do roedor (*Microtus agrestis*) se infectar com ortopoxvírus (*Cowpox virus*) era positivamente correlacionado com a densidade do hospedeiro (Burthe *et al.*, 2006). Apesar disso, as prevalências de ortopoxvírus nos dois

municípios e a prevalência de coronavírus em Rio Pomba, não foram relacionadas à abundância de pequenos mamíferos no nosso estudo. A ausência de relação entre a abundância de hospedeiros e a prevalência de infectados, também já ocorreu em alguns trabalhos (Mills *et al.*, 1997; Owen *et al.*, 2010; Oliveira *et al.*, 2014).

As nossas hipóteses de que a prevalência de infecção estaria relacionada a abundância e riqueza de pequenos mamíferos não foram corroboradas, provavelmente, porque como apresentado no capítulo anterior, não houve diferença significativa entre as riquezas da mata e do pasto. E no Serro não houve diferença significativa das abundâncias entre os três ambientes.

Em Rio Pomba, a abundância de pequenos mamíferos foi significativamente maior no pasto que nos outros ambientes, e esse foi o único ambiente no qual foram capturados roedores infectados com os quatro vírus estudados. Além disso, a abundância relativa de *C. tener* no pasto foi de 54,5% e essa foi a única espécie a ter amostras positivas para todos os vírus estudados. Portanto, isso pode ser um indicativo de que maior abundância permite maior contato entre os roedores, favorecendo a transmissão do vírus para roedores suscetíveis.

O tipo de ambiente (mata, pasto ou peridomicílio) não teve relação com a prevalência de infecção, refutando nossa hipótese. Resultados distintos foram encontrados por Oliveira *et al.* (2014) mostrou que a localidade foi uma importante variável para a infecção.

Embora, as modularidades das nossas redes não tenham sido significativas é possível observar, pelos grafos, que coronavírus e ortopoxvírus parecem formar grupos, isto pode estar ligado a especialidade do vírus em infectar determinadas espécies (Bellay *et al.*, 2011).

Nas nossas redes os mais centrais foram o ortopoxvírus e das espécies de pequenos mamíferos foi *C. tener*. Nas duas redes o ortopoxvírus teve mais interações, e também as maiores prevalências de infecção, confirmando assim a importância desse vértice. A centralidade do ortopoxvírus (VACV) nas nossas redes pode ter ocorrido porque o estudo foi realizado em áreas rurais onde haviam criações de bovinos, fatores propícios para disseminação do vírus. Além disso, o Serro é sabidamente foco de transmissão de vaccínia bovina.

Já *C. tener* foi a única espécie infectada por todos vírus e também teve maior abundância relativa, portanto, essa espécie tem um papel importante na manutenção e transmissão de viroses no município de Rio Pomba.

No nosso trabalho, um indivíduo de *A. cursor* da mata e um do pasto e um indivíduo de *O. nigripes* da mata e outro do peridomicílio foram positivos para coronavírus. Os testes apontaram que o vírus detectado é o coronavírus humano HKU1, se tratando de um vírus que acomete humanos e que no nosso trabalho foi detectado em animais em ambientes silvestres, é

possível que o vírus esteja circulando, por meio de roedores, entre o ambiente antrópico e silvestre.

Já os indivíduos positivos para flavivírus foram provenientes apenas do pasto. Levando em consideração o ciclo de transmissão do vírus ocorre por meio de vetores da família Culicidae (Pauvolid-Corrêa *et al.*, 2010b), não podemos descartar a possibilidade de circulação de flavivírus por todos ambientes. Embora, não tenha sido coletado vetores nesse trabalho, animais positivos são um indicativo da presença dos mesmos.

O. nigripes infectado com Juquitiba-like no Serro foi capturado no peridomicílio. Apesar dessa espécie ter sido capturada somente no peridomicílio nesse município, ela pode estar circulando pelos outros ambientes, já que é uma espécie que não apresenta tantas dificuldades em transpor ambientes antropizados e em Rio Pomba foi capturada em todos ambientes. Assim, é possível que *O. nigripes* tenha um papel importante na transmissão de hantavírus já que é considerada reservatório primário para JUQV.

Em Rio Pomba, as amostras positivas para VACV de *D. aurita* pertenciam aos indivíduos que foram capturados na mata, apesar disso essa espécie pode ser uma transmissora de VACV para os outros ambientes, uma vez que *D. aurita* também foi capturado no peridomicílio de Rio Pomba e nos três ambientes no Serro. Em um trabalho realizado na Mata Atlântica foi registrado uma média de área de vida para *D. aurita* de 3,47 ha com média de distância percorrida de 394 metros (Cerboncini *et al.*, 2011). Na área de estudo em Rio Pomba, o peridomicílio se encontrava imerso na matriz de pasto, mesmo que *D. aurita* não tenha sido capturado nesse ambiente é provável que tenha circulado pelo mesmo. Cerboncini *et al.* (2009) observaram um indivíduo de *D. aurita* com área de vida de 9,52 ha, o qual tinha o sítio de dormida em uma “ilha” de vegetação inserida na pastagem e utilizava corredores de vegetação e culturas de milho. Considerando a capacidade de dispersão de *D. aurita*, e sabendo que a distância entre o local de captura dos indivíduos infectados e as construções humanas e plantações eram próximos, esse animal é um potencial transmissor.

Indivíduos de *A. cursor* positivos para VACV foram capturados na mata e no pasto de Rio Pomba. D’Anunção *et al.* (2012) mostrou que camundongos podem se infectar quando expostos a fezes de bovinos infectados com VACV e que roedores podem transmitir através de suas fezes contaminadas VACV para outros roedores (Abrahão *et al.*, 2009a). Assim, pode ser que os roedores presentes no pasto estejam adquirindo o vírus pelas fezes dos bovinos e levando esse vírus para o interior da mata, dando continuidade a um ciclo silvestre da doença, ou reservatórios silvestres da mata que circulam no pasto poderiam infectar os bovinos e consequentemente os humanos. No Serro também pode estar ocorrendo algo parecido a esse

ciclo de transmissão, já que encontramos roedores positivos para VACV nos três ambientes e também há presença de bovinos no pasto.

Saber se existe uma direção predominante da circulação viral é questão fundamental para novos estudos. Contudo, com a metodologia que usamos e a ausência de recapturas entre ambientes, não foi possível indicar a direção.

A destruição e conseqüente fragmentação do habitat permitiu que esses animais silvestres explorassem outras áreas além do seu habitat natural, como ambientes rurais e locais habitados pelo homem, aumentando as chances de disseminação de zoonoses. Por isso compreender melhor a respeito dos hábitos e distribuição geográfica dos principais reservatórios se torna essencial para a compreensão da dinâmica de transmissão.

REFERÊNCIAS

ABRAHÃO, J. S.; GUEDES, M. I. M.; TRINDADE, G. S.; FONSECA, F. G.; CAMPOS, B. F. M.; LOBATO, Z. I. P.; SILVA-FERNANDES, A. T.; RODRIGUES, G. O. L.; LIMA, L. S.; FERREIRA, P. C. P.; BONJARDIM, C. A.; KROON, E. G. 2009a. One More Piece in the VACV Ecological Puzzle: Could Peridomestic Rodents Be the Link between Wildlife and Bovine Vaccinia Outbreaks in Brazil? **Plos One**. 4 (10): 1-7.

ALVES, P. A. 2015. Desenvolvimento de plataformas de qPCR para diagnóstico de doenças vesiculares de bovinos e detecção de vírus em pequenos mamíferos. **Tese de Doutorado**. Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, BH. 272p.

AMARAL, C. D. 2015. Ecoepidemiologia de *hantavirus* em dois hotspots do estado de Minas Gerais. **Dissertação de Mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Microbiologia do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG. 102p.

ANDRADE, L. P. 2014. Análise de redes planctônicas utilizando multigrafos *fuzzy*. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil, COPPE, da Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ. 119p.

ÁZARA, T. M. F. 2013. Detecção de dengue vírus em *Aedes albopictus* Skuse e pequenos mamíferos de fragmento florestal urbano. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Parasitologia do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG. 124p.

BARBER, M. J. 2007. Modularity and community detection in bipartite networks. *Physical Review E*. 76 (6): 066102 1-9.

BASCOMPTE, J.; JORDANO, P.; MELIÁN, C. J.; OLESEN, J. M. 2003. The nested assembly of plant-animal mutualistic networks. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**. 100(16): 9383-9387.

BATAGELJ, V.; MRVAR, A. 1998. Pajek - Program for Large Network Analysis. **Connections**. 21: 47-57.

- BELLAY, S.; LIMA JR, D. P.; TAKEMOTO, R. M.; LUQUE, J. L. 2011. A host-endoparasite network of Neotropical marine fish: are there organizational patterns? **Parasitology**. 138: 1945-1952.
- BURTHER, S.; TELFER, S.; LAMBIN, X.; BENNETT, M.; CARSLAKE, D.; SMITH, A.; BEGON, M. 2006. Cowpox virus infection in natural field vole *Microtus agrestis* populations: delayed density dependence and individual risk. **Journal of Animal Ecology**. 75: 1416-1425.
- CERBONCINI, R. A. S.; PASSAMANI, M.; BRAGA, T. V. 2009. Área de vida de *Didelphis aurita* (Wied – Neuwied, 1826) pelos métodos de radiotelemetria e de carretéis de rastreamento. In: **Anais do IX Congresso de Ecologia do Brasil**, São Lourenço, MG. 3p.
- CERBONCINI, R. A. S.; PASSAMANI, M.; BRAGA, T. V. 2011. Use of space by the black-eared opossum *Didelphis aurita* in a rural área in southeasterne Brazil. **Mammalia**. 75: 287-290.
- D'ANUNCIACÃO, L.; GUEDES, M. I. M.; OLIVEIRA, T. L.; REHFELD, I.; BONJARDIM, C. A.; FERREIRA, P. P.; TRINDADE, G. DE S.; LOBATO, Z. P.; KROON, E. G.; ABRAHÃO, J. S. 2012. Filling One More Gap: Experimental Evidence of Horizontal Transmission of Vaccinia Virus Between Bovines and Rodents. **Vector-borne and zoonotic diseases**. 12(1): 61-64.
- DANON, L.; FORD, A. P.; HOUSE, T.; JEWELL, C. P.; KEELING, M. J.; ROBERTS, G. O.; ROSS, J. V.; VERNON, M. C. 2011. Networks and the epidemiology of infectious disease. **Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases**. 1-28.
- DE GROOT, R. J. et al. 2011. Family *Coronaviridae*. In: KING, A. M. Q.; LEFKOWITZ, E.; ADAMS, M. J.; CARSTENS, E. B. (eds.) *Virus Taxonomy: Ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. **Oxford, UK: Elsevier**, p. 806-828.
- DE THOISY, B.; LACOSTE, V.; GERMAIN, A.; JORDAN, J. M.; COLÓN, C.; MAUFFREY, JF.; DELAVAL, M.; CATZEFLIS, F.; KAZANJI, M.; MATHEUS, S.; DUSSART, P.; MORVAN, J.; SETIÉN, A. A.; DEPARIS, X.; VERGNE, A. LA. 2009. Dengue infection in neotropical forest mammals. **Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)**. 9(2): 157-70.
- DORMANN, C.F.; FRUND, J.; BLÜTHGEN, N.; GRUBER, B. 2009. Indices, graphs and null models: analyzing bipartite ecological networks. **The Open Ecology Journal**. 2: 7-24.

- EMATER. Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado de Minas Gerais. 2012. Documento de caracterização da região do Serro/MG como produtora de queijo Minas artesanal. Disponível em:
<http://www.emater.mg.gov.br/doc/intranet/upload/queijo_historico/dossi%C3%AA%20do%20serro%20def2.pdf>. Acesso em: set. 2015.
- ERDÖS, P.; RÉNYI, A. 1959. On random graphs. **Publicationes Mathematicae**. 6: 290-297.
- ESTRADA, E. 2007. Characterization of Topological Keystone Species. Local, Global and “Meso-Scale” Centralities in Food Webs. **Ecological Complexity**. 4: 48-57.
- FIGUEIREDO, L. T. 2000. The Brazilian flaviviruses. **Microbes and infection / Institut Pasteur**. 2(13): 1643-1649.
- FIGUEIREDO, L. T. M. 2007. Emergente arboviruses in Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**. 40(2): 224-229.
- FIGUEIREDO, M. L. G. DE.; GOMES, A. DE C.; AMARILLA, A. A.; LEANDRO, A. DE S.; ORRICO, A. DE S.; ARAUJO, R. F. DE.; CASTRO, J. DO S. M.; DURIGON, E. L.; AQUINO, V. H.; FIGUEIREDO, L. T. M. 2010. Mosquitoes infected with dengue viruses in Brazil. **Virology journal**. 7(152).
- FORD, C. E.; HAMERTON, J. L. 1956. A colchicines hypotonic citrate squash sequence for mammalian chromosomes. **Stain Technology**. 31(6): 247-251.
- GÓES, L. G. B. 2012. Caracterização molecular de coronavírus humano-HCoV, circulantes no município de São Paulo, São Paulo, Brasil. **Tese de Doutorado**. Universidade de São Paulo, São Paulo, SP. 134p.
- GONZÁLEZ, A. M. M.; DALSGAARD, B.; OLESEN, J. M. 2010. Centrality measures and the importance of generalist species in pollination networks. **Ecological Complexity**. 7: 36-43.
- GUEDES, H. A. S.; SILVA, D. D. DA; ELESBON, A. A. A.; RIBEIRO, C. B. M.; MATOS, A. T. DE; SOARES, J. H. P. 2012. Aplicação da análise estatística multivariada no estudo da qualidade da água do Rio Pombo, MG. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. 16(5): 558-563.

GUIMERA, R.; NUNES AMARAL, L. A. 2005. Functional cartography of complex metabolic networks. **Nature**. 433: 895-900.

GUTERRES, A.; OLIVEIRA, R. C. DE; FERNANDES, J.; STRECHT, L.; CASADO, F.; OLIVEIRA, F. C. G. DE; D'ANDREA, P. S.; BONVICINO, C. R.; SCHRAGO, C. G.; LEMOS, E. R. S. DE. 2014. Characterization of Juquitiba Virus in *Oligoryzomys fornesi* from Brazilian Cerrado. **Viruses**. 6: 1473-1482.

IBGE. 2015. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Cidades@**. Informações sobre os municípios brasileiros. Disponível em:

<<http://www.cidades.ibge.gov.br/painel/painel.php?lang=&codmun=316710&search=minas-gerais|serro|infograficos:-dados-gerais-do-municipio>>. Acesso em: out. 2015.

JOSHI, V.; MOURYA, D. T.; SHARMA, R. C. 2002. Persistence of dengue-3 virus through transovarial transmission passage in successive generations of *Aedes aegypti* mosquitoes. **The American journal of tropical medicine and hygiene**. 67(2): 158-61.

KARESH, W. B.; DOBSON, A.; LLOYD-SMITH, J. O.; DIXON, M. A.; BENNETT, M.; ALDRICH, S.; HARRINGTON, T.; FORMENTY, P.; LOH, E. H.; MACHALABA, C. C.; THOMAS, M. J.; HEYMANN, D. L. 2012. Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories. **Lancet**. 380 (9857): 1936-1945.

LAPORTA, G. Z.; RIBEIRO, M. C.; RAMOS, D. G.; SALLUM, M. A. M. 2012. Spatial distribution of arboviral mosquito vectors (Diptera , Culicidae) in Vale do Ribeira in the South-eastern Brazilian Atlantic Forest. **Caderno de Saúde Pública**. 28(2): 229-238.

LAU, S. K. P.; WOO, P. C. Y.; LI, K. S. M.; TSANG, A. K. L.; FAN, R. Y. Y.; LUK, H. K. H.; CAI, JP.; CHAN, KH.; ZHENG, BJ.; WANG, M.; YUEN, KY. 2015. Discovery of a novel coronavirus, China *Rattus* coronavirus HKU24, from Norway rats supports murine origin of *Betacoronavirus* 1 with implications on the ancestor of *Betacoronavirus* lineage A. **Journal of virology**. 89(6): 3076-3092.

LEE, H. W.; LEE, P. W.; JOHNSON, K. M. Isolation of the etiologic agent of Korean hemorrhagic fever. 1978. **Journal of Infectious Diseases**. 137: 298-308.

LEE, P. W.; GAJDUSEK, D. C.; GIBBS, C. J.; XU, Z. Y. 1980. Aetiological relation between Korean haemorrhagic fever with renal syndrome in People's Republic of China. **Lancet**. 1: 819-820.

LEVINSON, J.; BOGICH, T. L.; OLIVAL, K. J.; EPSTEIN, J. H.; JOHNSON, C. K.; KARESH, W.; DASZAK, P. 2013. Targeting surveillance for zoonotic virus discovery. **Emerging infectious diseases**. 19(5): 743-7.

LIMONGI, J. E.; MOREIRA, F. G.; PERES.; SUZUKI, A.; FERREIRA, I. B.; SOUZA, R. P.; PINTO, R. M. C.; PEREIRA, L. E. 2013. Serological survey of hantavirus in rodents in Uberlândia, Minas Gerais , Brazil. **Rev. Inst. Med. Trop. São Paulo**. 55(3): 155-158.

LIMONGI, J. E.; OLIVEIRA, R. C.; GUTERRES, A.; NETO, S. F. C.; FERNANDES, J.; VICENTE, L. H. B.; COELHO, M. G.; RAMOS, V. N.; FERREIRA, M. S.; BONVICINO, C. R.; D'ANDREA, P. S.; LEMOS, E. R. S. 2015. Hantavirus pulmonary syndrome and rodent reservoirs in the savanna-like biome of Brazil's southeastern region. **Epidemiology and Infection**. 1-10.

MACKENZIE, J. S.; JEGGO, M. 2013. Reservoirs and vectors of emerging viruses. **Current opinion in virology**. 3(2): 170-179.

MARQUITTI, F. M. D.; GUIMARAES, P. R.; PIRES, M. M.; BITTENCOURT, L. F. 2013. MODULAR: software for the autonomous computation of modularity in large network sets. p. 1-10.

MASTERS, P. S.; PERLMAN, S. 2013. *Coronaviridae*. In: KNIPE, D. M.; HOWLEY, P. M. (eds). **Fields Virology 6^a ed.** Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins. 825-858.

MASTERS, P. S.; PERLMAN, S. 2013. *Coronaviridae*. In: KNIPE, D. M., HOWLEY, P. M. (eds). **Fields Virology 6^a ed.** Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins. 28: 825-858.

MILLS, J. N. 2006. Biodiversity loss and emerging infectious disease: An example from the rodent-borne hemorrhagic fevers. **Emerging Infectious Diseases**. 7: 9-17.

MILLS, J. N.; KSIAZEK, T. G.; ELLIS, B. A.; ROLLIN, P. E.; NICHOL, S. T.; YATES, T. L.; GANNON, W. L.; LEVY, C. E.; ENGELTHALER, D. M.; DAVIS, T.; TANDA, D. T.; FRAMPTON, J. W.; NICHOLS, C. R.; PETERS, C. J.; CHILDS, J. E. 1997. Patterns of association with host and habitat: antibody reactive with Sin Nombre virus in small mammals in the major biotic communities of the southwestern United States. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. 56: 273-284.

- MIRANDA, J. B. 2016. Avaliação da circulação de *Orthopoxvirus* em pequenos mamíferos de áreas urbanas, silvestres e rurais de Minas Gerais, Brasil. **Dissertação de Mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Microbiologia do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG. 125p.
- MIURA, T. A.; HOLMES, K. V. 2009. Host-pathogen interactions during coronavirus infection of primary alveolar epithelial cells. **Journal of Leukocyte Biology**. 86: 1-7.
- NEWMAN, M. E. J. 2003. The structure and function of complex networks. **Society for Industrial and Applied Mathematics Review**. 45: 167-256.
- NEWMAN, M. E. J. 2010. Networks: An Introduction. **Oxford University Press**. New York, USA.
- OLIVEIRA, J. A.; BONVICINO, C. R. 2006. Ordem Rodentia. In: REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. (eds). Mamíferos do Brasil. **Londrina**. p. 347-406.
- OLIVEIRA, R. C. DE; GUTERRES, A.; FERNANDES, J.; D'ANDREA, P. S.; BONVICINO, C. R.; LEMOS, E. R. S. DE. 2014. Hantavirus Reservoirs: Current Status with an Emphasis on Data from Brazil. **Viruses**. 6: 1929-1973.
- OLIVEIRA, R. C.; GENTILE, R.; GUTERRES, A.; FERNANDES, J.; TEXEIRA, B. R.; VAZ, V.; VALDEZ, F. P.; VICENTE, L. H. B.; COSTA-NETO, S. F. DA.; BONVICINO, C.; D' ANDREA, P. S.; LEMOS, E. R. S. 2014. Ecological study of hantavirus infection in wild rodents in an endemic area in Brazil. **Acta Tropica**. 131: 1-10.
- OLIVEIRA, R.C.; TEIXEIRA, B. R.; MELLO, F. C. A.; PEREIRA, A. P.; DUARTE, A. S.; BONALDO, M. C.; BONVICINO, C. R.; D'ANDREA, P. S.; LEMOS, E. R. S. 2009. Genetic characterization of a Juquitiba-like viral lineage in *Oligoryzomys nigripes* in Rio de Janeiro, RJ, Brazil. **Acta Tropica**. 112: 212-218.
- OLIVEIRA, T. M. L. DE.; REHEFELD, J. M. F. S.; ABRHÃO, J. S.; CAMPOS, R. K.; SANTOS, A. K. R. DOS.; CERQUEIRA, M. M. O. P.; KROON, E. G.; LOBATO, Z. I. P. 2010. Vaccinia Virus Is Not Inactivated After Thermal Treatmentan Cheese Production Using Experimentaly Contaminated Milk. **Foodborne Pathogens and Disease**. 7(12): 1491-1496.

OWEN, R. D.; GOODIN, D. G.; KOCH, D. E.; CHU, Y. K.; JONSSON, C. B. 2010. Spatiotemporal variation in *Akodon montensis* (Cricetidae: Sigmodontinae) and hantaviral seroprevalence in a subtropical forest ecosystem. **Journal of Mammalogy**. 91(2): 467-481.

PAJEK 64 3.15 - Pajek - Program for Large Network Analysis. Disponível em: <<http://pajek.imfm.si/>>. Acesso em: set. 2014.

PAUVOLID-CORRÊA, A.; CAMPOS, Z.; JULIANO, R.; VELEZ, J.; NOGUEIRA, R. M. R.; KOMAR, N. 2014. Serological evidence of widespread circulation of West Nile virus and other flaviviruses in equines of the Pantanal, Brazil. **Plos Neglected Tropical Diseases**. 8(2): 2706.

PENGO, L. S. 2016. Prospecção de vírus zoonóticos emergentes em pequenos mamíferos silvestres, no estado de Minas Gerais, Brasil. **Dissertação de Mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, MG. 86p.

PEREIRA, L. E. 2006. Estudo ecoepidemiológico de hantavírus em roedores das regiões da Mata Atlântica e Cerrado do Brasil. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Ciências da Coordenadoria de Controle de Doenças da Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo, São Paulo, SP. 165p.

PEREIRA, L. E.; SUZUKI, A.; BISORDI, I.; SOUZA, R. P. DE; SOUZA, L. T. M. DE; OSHIRO, F. M.; CERRONI, M. DE P.; NETO, R. S. DE A.; PINHO, J. R. R. 2007. Longitudinal study of the prevalence of Juquitiba and Araraquara vírus in rodents provenient of the regions of Cerrado and Atlantic Rainforest In Brazil. **Boletim Epidemiológico Paulista**. 4(42): 1-12.

PERES, M.G.; BACCHIEGA, T. S.; APPOLINARIO, C. M.; VICENTE, A. F.; ALLENDORF, S. D.; ANTUNES, J. M. A. P.; MOREIRA, S. A.; LEGATTI, E.; FONSECA, C. R.; PITUCO, E. M.; OKUDA, L. H.; PANTOJA, J. C. DE F.; FERREIRA, F.; MEGID, J. 2013. Serological study of vaccinia virus reservoirs in areas with and without official reports of outbreaks in cattle and humans in São Paulo, Brazil. **Archives of Virology**. 158(12): 2433-2442.

PMGIRS. Plano Municipal de Gestão Integrada de Resíduos Sólidos Rio Pomba. 2014.

Disponível em: < <http://ceivap.org.br/saneamento/mg/rio-pomba-produto7.pdf> > Acesso em: out. 2015.

PREFEITURA DE RIO POMBA. Dados demográficos. **Portal de Rio Pomba**. 2016.

Disponível em: <<http://www.riopomba.mg.gov.br/dados-demograficos.php>>. Acesso em: abr. 2016.

R CORE TEAM. 2015. **R: A language and environment for statistical computing. R**

Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: < <https://www.r-project.org/> >. Acesso em: jun. 2015.

RABONI, S. M.; DELFRARO, A.; BORBA, L. DE; TEIXEIRA, B. R.; STELLA, V.; ARAUJO, M. R. DE; CARSTENSEN, S.; RUBIO, G.; MARON, A.; LEMOS, E. R. S.;

D'ANDREA, P. S.; SANTOS, C. N. D. DOS. 2012. Hantavirus Infection Prevalence in Wild Rodents and Human Anti-Hantavirus Serological Profiles from Different Geographic Areas of South Brazil. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. 87(2): 371-378.

RAMIREZ, B. U.; RETAMAL, L.; VERGARA, C. 2003. Ciliary neurotrophic factor (CNTF) affects the excitable and contractile properties of innervated skeletal muscles. **Biological Research**. 36(3-4): 303-312.

REZENDE, I. M. 2015. Prospecção de flavivírus em culicídeos e pequenos mamíferos, em Minas Gerais, Brasil. **Dissertação de Mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, MG. 97p.

ROOT, J. 2013. West Nile virus associations in wild mammals: a synthesis.

10. **Archives of Virology**. 1589(4): 735-52.

ROSSI, R. V., BIANCONI, G. V., PEDRO, W. A. 2006. Ordem Didelphimorphia. In: REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. (eds). Mamíferos do Brasil.

Londrina. 27-66.

ROUNQUI, J. R. F. 2014. Medidas de centralidade em redes complexas: correlações, efetividade e caracterização de sistemas. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Física do Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP. 123p.

SCHATZMAYR, H.G.; COSTA, R. V. C.; GONÇALVES, M. C. R.; D'ANDREA, P. S.; BARTH, O. M. 2011. Human and animal infections by vaccinia-like viruses in the state of Rio de Janeiro: A novel expanding zoonosis. **Vaccine**. 29: 65-69.

SENAC. Serviço Nacional de Aprendizagem Comercial. 2015. Informações sobre municípios mineiros. Disponível em:
<http://descubraminas.com.br/Turismo/DestinoPagina.aspx?cod_destino=19&cod_pgi=2034>
Acesso em: nov. 2015.

SHCHELKUNOV, S. N. 2013. An Increasing Danger of Zoonotic Orthopoxvirus Infections. **Plos Pathogens**. 9(12): 1-4.

SUZUKI, A.; BISORDI, I.; LEVIS, S.; GARCIA, J.; PEREIRA, L. E.; SOUZA, R. P.; SUGAHARA, T. K. N.; PINI, N.; ENRIA, D.; SOUZA, L. T. M. 2004. Identifying Rodent Hantavirus Reservoirs, Brazil. **Emerging Infectious Diseases**. 10(12): 2127-2134.

TEIXEIRA, B. R. 2013. Estudo Longitudinal da infecção por hantavírus em roedores silvestres no estado do Paraná. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Biologia Parasitária do Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ. 139p.

TEIXEIRA, B. R.; LOUREIRO, N.; STRECHT, L.; GENTILE, R.; OLIVEIRA, R. C.; GUTERRES, A.; FERNANDES, J.; MATTOS, L. H. B. V.; RABONI, S. M.; RUBIO, G.; BONVICINO, C. R.; SANTOS, C. N. D. DOS; LEMOS, E. R. S.; D'ANDREA, P. S. 2014. Population Ecology of Hantavirus Rodent Hosts in Southern Brazil. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. 91(2): 249-257.

TRINDADE, G. S.; FONSECA, F. G. DA; MARQUES, J. T.; NOGUEIRA, M. L.; MENDES, L. C. N.; BORGES, A. S.; FERREIRA, P. C. P.; KROON, E. G. 2003. Araçatuba virus, a vaccinia-like virus associated with infections in humans and cattle. **Emerging Infectious Diseases**. 9(2): 155-160.

WANG, W.; LINC, X.D.; GUO, W.P.; ZHOU, R.H.; WANG, D.M.; WANG, C.Q.; GEA, S.; MEI, S.H.; LIA, M.H.; SHIA, M.; HOLMESA, E. C.; ZHANG, Y.Z. 2015. Discovery, diversity and evolution of novel coronaviruses sampled from rodents in China. **Virology**. 474: 19-27.

WASSERMAN, S.; FAUST, K. 1994. Social Network Analysis: methods and applications. **Cambridge University Press**. Cambridge, UK.

WEAVER, S. C.; BARRETT, A. D. T. 2004. Transmission cycles, host range, evolution and emergence of arboviral disease. **Nature reviews Microbiology**. 2(10): 789-801.

YUEN, K. Y.; LAU, S. K.; WOO, P. C. 2012. Wild animal surveillance for coronavirus HKU1 and potential variants of other coronaviruses. **Hong Kong medical Journal Xianggang yi xue zazhi/Hong Kong Academy of Medicine**. 18: 25-26.

ANEXO

Lista de espécimes tombados na Coleção de Mamíferos da UFMG

UFMG	ESPÉCIE	SEXO	MUNICÍPIO
4593	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
4594	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
4595	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
4596	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
4597	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
4598	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
4599	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
4600	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
6001	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
6002	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
6003	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
6004	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
6005	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
6006	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
6007	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
6008	<i>Akodon cf. mystax</i>	Fêmea	Rio Pomba
6009	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
6010	<i>Akodon cf. mystax</i>	Macho	Rio Pomba
6087	<i>Trinomys setosus</i>	Macho	Serro
6088	<i>Trinomys setosus</i>	Fêmea	Serro
6089	<i>Calomys tener</i>	Macho	Serro
6090	<i>Necomys lasiurus</i>	Macho	Rio Pomba
6092	<i>Monodelphis americana</i>	Macho	Rio Pomba
6093	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6094	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6095	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Macho	Rio Pomba
6096	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Macho	Rio Pomba
6097	<i>Necomys lasiurus</i>	Fêmea	Rio Pomba
6098	<i>Calomys expulsos</i>	Macho	Serro
6099	<i>Mus musculus</i>	Macho	Serro
6100	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Fêmea	Serro
6101	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Macho	Serro
6102	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Serro
6103	<i>Nectomys squamipes</i>	Macho	Serro
6104	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6105	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Rio Pomba
6106	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Fêmea	Rio Pomba
6107	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Macho	Rio Pomba
6108	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6109	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Rio Pomba

6110	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Macho	Rio Pomba
6111	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6112	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6113	<i>Trinomys setosus</i>	Macho	Serro
6114	<i>Mus musculus</i>	Macho	Serro
6115	<i>Trinomys setosus</i>	Macho	Serro
6116	<i>Rattus rattus</i>	Macho	Serro
6117	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6118	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Rio Pomba
6119	<i>Nectomys squamipes</i>	Macho	Rio Pomba
6120	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6121	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Rio Pomba
6122	<i>Rattus rattus</i>	Macho	Serro
6123	<i>Trinomys setosus</i>	Macho	Serro
6124	<i>Akodon cursor</i>	Fêmea	Rio Pomba
6125	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6126	<i>Necomys lasiurus</i>	Macho	Rio Pomba
6127	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6128	<i>Calomys tener</i>		Rio Pomba
6129	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6130	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6131	<i>Necomys lasiurus</i>	Fêmea	Rio Pomba
6132	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6133	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6134	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6135	<i>Akodon cursor</i>	Fêmea	Rio Pomba
6136	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6137	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6138	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6139	<i>Calomys tener</i>		Rio Pomba
6140	<i>Akodon cursor</i>	Fêmea	Rio Pomba
6141	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6142	<i>Caluromys philander</i>	Macho	Rio Pomba
6143	<i>Trinomys setosus</i>	Fêmea	Serro
6144	<i>Rattus rattus</i>	Macho	Serro
6145	<i>Caluromys philander</i>	Macho	Serro
6146	<i>Cerradomys sbflavus</i>	Macho	Serro
6147	<i>Mus musculus</i>	Macho	Serro
6148	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Rio Pomba
6149	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6150	<i>Guerlinguetus ingrami</i>	Fêmea	Rio Pomba
6151	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6152	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6153	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Rio Pomba
6154	<i>Juliomys pictipes</i>	Fêmea	Rio Pomba
6155	<i>Oligoryzomys nigripes</i>	Fêmea	Rio Pomba

6156	<i>Calomys tener</i>	Fêmea	Rio Pomba
6157	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6158	<i>Calomys tener</i>	Macho	Rio Pomba
6159	<i>Necomys lasiurus</i>	Fêmea	Rio Pomba
6160	<i>Oxymycterus dasytrichus</i>	Macho	Rio Pomba
6161	<i>Juliomys pictipes</i>	Fêmea	Rio Pomba
6162	<i>Gracilinanus microtarsus</i>	Macho	Rio Pomba
6163	<i>Akodon cursor</i>	Macho	Serro
