

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC

UFRGS
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Roedores de importância epidemiológica do gênero <i>Holochilus</i> : <i>H. vulpinus</i> ou <i>H. brasiliensis</i> no Rio Grande do Sul? Uma abordagem taxonômica com base em sequencias de DNA mitocondrial
Autor	BRUNA VALENZUELA GARCIA
Orientador	THALES RENATO OCHOTORENA DE FREITAS

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

Autora: Bruna Valenzuela García

Orientador: Thales Renato Ochotorena de Freitas

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O gênero *Holochilus* (Brandt, 1835) compreende 4 espécies válidas de roedores sigmodontíneos distribuídos na América do Sul, de hábitos herbívoros e semi-aquáticos, com importância epidemiológica (hospedeiro natural do parasita *Schistosoma mansoni*). Nos últimos 40 anos, diversas abordagens utilizando caracteres morfológicos e citogenéticos buscaram elucidar aspectos da conflituosa taxonomia. Recentemente, se investigou as relações filogenéticas inter e intra-específicas, assim como a alfa taxonomia desta linhagem neotropical, utilizando marcadores moleculares, que validaram a distinção genética das espécies *H. vulpinus* e *H. brasiliensis*. Entretanto, algumas questões permaneceram remanescentes para os taxa ocorrentes nas ecorregiões do Chaco e Pampas, do nordeste Argentino e Uruguai, em especial no Estado do Rio Grande do Sul (RS). Historicamente se atribuiu ao RS a espécie *H. brasiliensis* (Desmarest, 1819), cuja localidade tipo é o município de Lagoa Santa, Minas Gerais. Entretanto, *H. vulpinus* (Brants, 1827) habita amplamente a região pampeana e possui como localidade tipo o Rio Uruguai, próximo ao município de Itaqui, no oeste do RS. Nesse contexto, o objetivo deste estudo é distinguir a linhagem de *Holochilus* ocorrente no RS com base em análise filogenética de sequências do gene Citocromo *b* (mtDNA). O DNA genômico foi extraído de amostras de tecido de 13 indivíduos oriundos de 7 localidades na planície costeira do RS utilizando método de CTAB. O fragmento alvo foi amplificado através da reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando os primers MVZ05 e MVZ16. Os produtos de PCR foram purificados através do método enzimático e sequenciados em uma fita utilizando método Sanger. As análises filogenéticas incluíram os 13 indivíduos do RS gerados nesse estudo, 17 sequências de *H. vulpinus* distribuídos na região pampeana, uma sequência de *H. brasiliensis* proveniente de Viçosa, Minas Gerais e sequências das outras duas espécies atualmente reconhecidas (*H. chacarius* e *H. sciureus*) todas disponíveis no GenBank a partir de estudo previamente publicado. A reconstrução filogenética foi feita através da inferência Bayesiana no programa BEAST v1.8.4. A distância genética entre as linhagens nominais foi estimada utilizando o método distancia-p através do programa MEGA v7. Foram obtidas sequências de 670 pb, e 29 sítios variáveis. Os espécimes do RS agruparam no clado pertencente a *H. vulpinus* com alto suporte de ramo (probabilidade posterior = 1), que é reciprocamente monofilético a *H. brasiliensis*. A distância genética entre os espécimes do RS vs *H. vulpinus* foi de 2,8%, e em relação a *H. brasiliensis* foi de 9,3%, indicando divergência em nível intraespecífico e interespecífico, respectivamente, para sigmodontíneos considerando esse marcador. Dessa forma, é sugerido que a espécie de *Holochilus* ocorrente no RS é *H. vulpinus*. A correta identificação taxonômica de espécies é de extrema importância para estudos futuros, em especial visando grupos de importância epidemiológica, e abordagens com enfoque evolutivo e conservacionista.

Apoio: CNPq e FAPERGS