



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MONTES CLAROS

Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas



Raquel Andrade Rodrigues

**Malária em aves silvestres e distribuição de culicídeos em uma área de
Floresta Tropical Seca, Minas Gerais, Brasil**

Montes Claros

2015



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MONTES CLAROS

Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas



Raquel Andrade Rodrigues

**Malária em aves silvestres e distribuição de culicídeos em uma área de
Floresta Tropical Seca, Minas Gerais, Brasil**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Ciências Biológicas da Universidade Estadual de Montes Claros, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Ciências Biológicas.

Prof. Dr. Magno Augusto Zazá Borges – Orientador – UNIMONTES

Dedico à minha família pelo amor incondicional e pela
confiança que sempre depositaram em mim,
Muito obrigada!

"Deus nos concede, a cada dia, uma página de vida nova no livro do tempo.

Aquilo que colocarmos nela, corre por nossa conta."

Chico Xavier

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, que é meu Pai e meu Guia em todos os momentos. Graças a Ele encontrei forças para superar as dificuldades que me foram impostas ao longo do caminho e com as quais pude crescer espiritualmente.

Agradeço à Universidade Estadual de Montes Claros e ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas pela oportunidade e apoio na realização do Mestrado. Ao IEF pelo suporte nas coletas no Parque Estadual da Mata Seca. À CAPES pela concessão de bolsa e a FAPEMIG e CNPq pelo auxílio financeiro sem os quais esse trabalho não poderia ser realizado.

Agradeço aos meus pais, Eustáquio e Rose, que me deram todo o apoio necessário a minha continuidade nos estudos, além de todo o amor e dedicação com que sempre estiveram presentes na minha vida. Aos meus irmãos Betha, Rafa e Nana, pela amizade e companheirismo sempre. Aos meus sobrinhos Carol, Júlia, Maria Clara, Ana Liz e João Antônio e aos meus cunhados Tonin e Rosana pelos momentos de alegria, principalmente nas reuniões em família!

Agradeço ao Fred, pelo amor e dedicação e por ser meu porto seguro nos momentos mais difíceis. Obrigada pela compreensão em frente à minha ausência para as viagens, e por sempre me apoiar a seguir em frente, ainda que isso me deixe distante de você!

Ao meu orientador Magno Borges, “Magoo”, pela orientação e pela dedicação com que me auxiliou ao longo de todos esses anos. Você será sempre um grande mestre, um exemplo de pesquisador, professor e amigo.

Aos companheiros da Equipe Fly, a melhor equipe de todos os tempos, aquela que nunca esquece nada no campo! Hehe. Em especial, agradeço ao Brown, pelas correções e discussões a respeito da dissertação; ao Cléo, pela ajuda nos momentos de dúvida com as identificações e ao Guilherme, por ajudar com as coletas em campo. Aos demais colegas do LECB, Tamires, Aline, Karol, Gleici e Débora, pelos momentos de aprendizado e descontração durante o período de quase “confinamento”. À galera da ornitologia, agradeço pela ajuda com as coletas e por me apresentarem ao “mundo da ornitologia”, que eu desconhecia. Ao Hugo e ao Ricardo, pela grande ajuda com as terríveis análises estatísticas.

Ao professor Lemuel, pela parceria com este estudo e por contribuir grandemente com este trabalho, no campo e nas discussões dos resultados. Agradeço à professora Érika e ao Chiquinho, do Laboratório de Malária da UFMG, por aceitarem a parceria neste estudo e nos ajudarem com todas as análises moleculares.

Agradeço, ainda, aos meus amigos, pela lealdade e companheirismo em todos os momentos em que precisei de apoio e carinho; e aos colegas do mestrado, que

compartilharam comigo essa fase difícil e de grandes desafios. Levarei todos vocês sempre em minha memória com muito carinho.

Obrigada à professora Érika e ao professor Lemuel, por aceitarem o convite para participar dessa banca.

A todos vocês, muito obrigada!

SUMÁRIO

1. RESUMO.....	8
2. INTRODUÇÃO	9
3. OBJETIVOS	13
4. HIPÓTESES	14
5. MATERIAL E MÉTODOS	15
5.1. ÁREA DE ESTUDO.....	15
5.2. COLETA DE DADOS	16
5.2.1. <i>Captura de aves</i>	<i>17</i>
5.2.2. <i>Análise de sangue das aves</i>	<i>18</i>
5.2.3. <i>Extração de DNA a partir do sangue total de aves.....</i>	<i>18</i>
5.2.4. <i>Detecção molecular de hemosporídeos em aves e mosquitos</i>	<i>19</i>
5.2.5. <i>Amostragem de Culicídeos</i>	<i>20</i>
5.3. ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	22
6. RESULTADOS	23
6.1. ANÁLISE DE SIMILARIDADE	31
7. DISCUSSÃO	33
8. CONCLUSÕES.....	38
9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	39
10. ANEXOS	45

1. RESUMO

A malária aviária é uma doença infecciosa comumente transmitida por mosquitos da família Culicidae e acomete aves de diversas espécies, podendo desempenhar um papel importante como fator limitante na distribuição e abundância de aves florestais nativas. Os objetivos desse estudo foram: Verificar a presença de hemosporídeos causadores de malária nas aves do Parque Estadual da Mata Seca – PEMS; os mosquitos potencialmente transmissores; e relacionar isso aos fatores ecológicos como regeneração florestal e sazonalidade. Para isso, foram testadas as seguintes hipóteses: 1) a prevalência de malária em aves varia em função do período do ano; 2) a sazonalidade e a regeneração florestal influenciam na riqueza, abundância e composição da comunidade de aves e mosquitos; e 3) a regeneração florestal e a sazonalidade influenciam na prevalência de malária em aves. Realizou-se coleta dos mosquitos através de coleta ativa e armadilha de Shannon e coleta e análise molecular do sangue das aves capturadas com rede de neblina, em três diferentes estágios sucessionais do PEMS no início e fim das estações seca e chuvosa entre os anos 2013 e 2014. O estágio de sucessão influenciou na prevalência de malária nas aves, com maior prevalência encontrada no estágio inicial. Apesar da explosão na riqueza e abundância de mosquitos verificada no início do período chuvoso, este fator não influenciou na prevalência de malária. Acredita-se que os mosquitos com maior abundância nesse período não sejam os vetores da malária. A riqueza e abundância de mosquitos foram maiores no estágio inicial no período chuvoso. A riqueza de aves não variou ao longo do ano e nem entre os estágios. Porém, a abundância de aves foi maior no estágio inicial no final do período seco. A maior prevalência de malária ocorreu no estágio inicial, o que coincidiu com a maior riqueza e abundância de mosquitos neste local ao longo de todo o ano. Embora os presentes resultados devam ser interpretados com cautela, sugere-se que os mosquitos da tribo *Mansoniini* sejam os responsáveis pela vetorização da malária em aves na área de estudo, devido a sua constante abundância ao longo do ano e a proximidade do estágio inicial à Lagoa da Prata, onde esses mosquitos encontram condições para sua reprodução durante todo o ano.

Palavras-chave: Hemosporídeos, *Plasmodium*, *Haemoproteus*, mosquitos, vetores.

2. INTRODUÇÃO

Atualmente, as doenças infecciosas com potencial zoonótico dominam as pesquisas e investigações em patógenos (Rhyan & Spraker, 2010), enquanto o impacto potencial de doenças infecciosas em populações silvestres é negligenciado em sua maior parte (Thompson, 2010). Doenças de vida silvestre são então estudadas quando elas concomitantemente afetam os humanos ou animais de interesse econômico, como é o caso da doença de Lyme (Burgdorfer *et al.*, 1982) e do Vírus do Oeste do Nilo (Campbell *et al.*, 2002). O estudo de doenças de caráter médico-veterinário permite um maior entendimento dos efeitos do parasito na população de hospedeiros e na dinâmica das populações parasitadas, podendo exercer um importante papel para a conservação das espécies animais afetadas por essas doenças.

A diversidade e aparente aumento nas doenças silvestres tem gerado a preocupação de que os patógenos devem representar uma ameaça substancial à biodiversidade (Smith *et al.*, 2009). Apesar das doenças infecciosas não serem consideradas como principais causas de extinção de espécies, pois representam apenas 3,7% de todas as extinções até hoje, há casos em que os patógenos apresentam maior probabilidade de causar uma extinção (de Castro & Bolker, 2005). O impacto da malária na avifauna havaiana (Van Riper III *et al.*, 1986) é provavelmente um dos casos mais conhecidos da ameaça de doenças a populações silvestres, onde a introdução de um novo *Plasmodium* spp. e seu mosquito vetor levou aves da família Drepanidinae à extinção (Atkinson *et al.*, 2000). Diante desses fatos, encara-se hoje o grande desafio de melhor compreender a diversidade de parasitos encontrados na vida silvestre e seu papel ecológico em ecossistemas naturais (Thompson, 2010). O estudo da malária de aves tem recebido maior atenção nos últimos anos, sendo considerado importante como

modelo de estudos da malária humana, além dos aspectos ecológicos e da conservação das aves silvestres (Hamilton & Zuk, 1982).

A malária aviária é uma doença infecciosa comumente transmitida por mosquitos da família Culicidae e acomete aves de diversas famílias, gêneros e espécies (Valkiūnas, 2005). Esta doença é causada por protozoários do gênero *Plasmodium*, que compartilham características morfológicas e de desenvolvimento com outros parasitos hemosporídeos fortemente correlacionados, pertencentes aos gêneros *Haemoproteus* e *Leucocytozoon* (Lapointe *et al.*, 2012). Desta forma, apesar do termo "parasito da malária" ser sugerido para ser utilizado em espécies com restrita reprodução assexuada no sangue de vertebrados (*Plasmodium*) (Valkiūnas, 2005), ainda hoje não há um consenso sobre quais são os gêneros de protozoários envolvidos no desenvolvimento de malária aviária. Neste trabalho, focaremos nos parasitos dos gêneros *Plasmodium* e *Haemoproteus*. O gênero *Plasmodium* encontra-se agrupado em 14 subgêneros, sendo sete subgêneros que ocorrem em répteis (Telford, 1984), três subgêneros em mamíferos e quatro subgêneros em aves (Garnham, 1960). O gênero *Haemoproteus* é dividido em dois subgêneros, *Haemoproteus* e *Parahaemoproteus*. O subgênero *Haemoproteus* engloba os parasitos que infectam aves da ordem dos Columbiformes e o subgênero *Parahaemoproteus* infecta as aves pertencentes às demais ordens (Valkiūnas, 2005).

Os mosquitos hematófagos são os vetores dos parasitos do gênero *Plasmodium*. Estes insetos, pertencentes à família Culicidae, integram um grupo de artrópodes da ordem Diptera que habitam ambientes de água doce em seus estágios iniciais de desenvolvimento (Rueda, 2008). Representam os principais insetos vetores de doenças, sendo capazes de transmitir diversas filarioses e arboviroses (WHO, 2014) pelas fêmeas dos mosquitos durante o repasto sanguíneo (Consoli & Oliveira, 1994), como acontece com a malária ao homem e aos animais (Forattini, 2002).

Os parasitos do gênero *Haemoproteus* são transmitidos por várias espécies de dípteros das famílias Hippoboscidae e Ceratopogonidae (Atkinson, 1991). As moscas hippoboscídeas caracterizam-se por terem desenvolvimento larval no interior do corpo da fêmea até o terceiro ínstar larval, quando esta é depositada e empupa quase imediatamente (Baker, 1967). Quando se tornam adultos, ambos os sexos dos Hippoboscidae se alimentam de sangue (Lehane, 2005; Baker, 1967). Os

ceratopogonídeos são insetos pequenos, com 1 a 4mm de comprimento, e possuem picada extremamente dolorosa (Lehane, 2005). Somente as fêmeas realizam hematofagia e sua postura é feita em áreas úmidas e ricas em matéria orgânica, como áreas de mangue, ocos de árvore e bromélias (Mellor *et al.*, 2000).

A transmissão do *Plasmodium* ocorre quando o vetor alimenta-se em uma ave infectada e ingere as suas formas sexuadas denominadas gametócitos. No vetor, os gametócitos dão origem aos gametas que após a fecundação originam os oocinetos e posteriormente os oocistos. Estes sofrerão um processo de esporogonia dando origem aos esporozoítos que seguem em direção às suas glândulas salivares. O hospedeiro vertebrado, ao ser picado pelo mosquito contaminado, é infectado com os esporozoítos, que penetram nas células endoteliais dos capilares de diversos órgãos originando merozoítos que penetram nas hemácias ou em novas células endoteliais. Paralelamente à merogonia eritrocítica e exo-eritrocítica ocorre a formação dos gametócitos que serão ingeridos pelo vetor e reiniciarão o ciclo (Valkiūnas, 2005).

O ciclo biológico do *Haemoproteus*, por sua vez, se inicia quando os esporozoítos presentes na glândula salivar do inseto vetor são inoculados no hospedeiro. Em seguida, ocorre a merogonia exo-eritrocítica no endotélio vascular de diferentes tecidos como pulmões, rins, fígado, baço e musculatura esquelética. Após duas gerações de merogonia exo-eritrocítica, os merozoítos desenvolvidos penetram em eritrócitos dando origem aos gametócitos. A merogonia não ocorre nas células sanguíneas, somente os gametócitos se desenvolvem em eritrócitos, sendo as únicas formas evolutivas visualizadas em esfregaço sanguíneo (Valkiūnas, 2005).

Atualmente, permanecem muitas lacunas a respeito da diversidade de vetores e parasitos da malária aviária, fator essencial para a compreensão do seu ciclo de transmissão (Njabo *et al.*, 2009). Diversos gêneros de mosquitos já foram identificados como sendo implicados na vetorização de diferentes espécies de *Plasmodium* em diferentes partes do mundo: *Culex*, *Aedes*, *Culiseta*, *Anopheles*, *Mansonia*, *Aedeomyia* (Valkiūnas, 2005) e, mais recentemente, descobriram-se linhagens de *Plasmodium* em mosquitos do gênero *Coquillettidia* (Njabo *et al.*, 2009). Contudo, apesar do grande número de gêneros envolvidos, ainda não se sabe ao certo quais as espécies de

mosquitos vetores de malária em aves. Trabalhos de preferência alimentar de mosquitos realizados no Brasil, indicaram a presença de espécies ornitofílicas (Forattini *et al.*, 1987), o que demonstra a necessidade de ampliação do conhecimento a respeito das espécies que vetorizam a malária aviária e dos fatores que influenciam na dinâmica de transmissão dos parasitos.

A capacidade de vetores e hospedeiros de garantir a sobrevivência e reprodução da população do patógeno varia entre espécies e tem influência direta na transmissão dos agentes patogênicos (Schmidt & Ostfeld, 2001). Uma maior abundância de espécies fracamente competentes como reservatório reduz a probabilidade de transmissão do parasito para cada picada de um vetor. Em contrapartida, comunidades que contém muitas espécies de hospedeiros incompetentes poderão aumentar a densidade de vetores, pois fornece a eles maior oportunidade de se alimentarem do que teriam em comunidades pobres em espécies. Assim, uma comunidade de hospedeiros mais diversa pode, simultaneamente, diminuir a prevalência da infecção e aumentar a densidade populacional de vetores (Schmidt & Ostfeld, 2001). Esse modelo é conhecido como “Efeito de diluição” e considera que comunidades caracterizadas pela alta riqueza ou equitabilidade de espécies hospedeiras são suscetíveis a conter uma alta proporção de hospedeiros ineficientes em transmitir um patógeno a um vetor (Ostfeld & Keesing, 2000). Assim, uma maior proporção de hospedeiros alternativos a um vetor irá contribuir com a redução na prevalência dos parasitos transmitidos por este a um hospedeiro competente (Ostfeld & Keesing, 2000).

A presença de parasitos pode afetar a sobrevivência do hospedeiro por aumentar a suscetibilidade de indivíduos infectados à predação e reduzir o *fitness* competitivo de hospedeiros infectados (Scott, 1988; Ebert & Herre, 1996). Se um animal está infectado com um grande número de parasitos de uma mesma espécie e, se esta infecção altera a

sua capacidade de defender um território, por exemplo, a sobrevivência desse indivíduo deve estar comprometida (Scott, 1988). Parasitos que influenciam a sobrevivência, a reprodução e a dispersão de um hospedeiro, devem também ter efeito sobre a estrutura genética da população hospedeira local (Scott, 1988), além de afetar a capacidade competitiva e a habilidade de forrageamento, resultando em uma completa redução do *fitness* do indivíduo parasitado (Maksimowich & Mathis, 2000). Trabalho realizado com canários (*Serinus canaria*), durante seu desenvolvimento pós-natal, verificou-se que os indivíduos parasitados apresentaram menor complexidade de vocalização, além de sofrerem efeitos neurais devido à infecção pelo parasito (Spencer *et al.*, 2005).

Alguns estudos buscam relacionar os parasitos hemossporídeos de aves a diversos fatores ecológicos, como desmatamento (Sehgal, 2010), densidade da população hospedeira (Keymer & Anderson, 1979), clima e localização ds corpos d'água (Gonzalez-Quevedo *et al.*, 2014). Sabe-se que parasitos da malária e seus vetores respondem fortemente às mudanças no seu habitat e que as características dos corpos d'água, incluindo sua vegetação, tem importante papel na determinação de quais espécies de mosquitos irão habitar a área (Patz *et al.*, 2000). Trabalhos realizados em ambiente de Floresta Tropical Seca, onde há uma sazonalidade marcante, com duas estações bem definidas (seca e chuvosa), verificaram que há um forte efeito do período do ano na riqueza, abundância e composição da comunidade de mosquitos nessas áreas (Santos, 2011; Silva, 2012).

3. OBJETIVOS

Os objetivos desse estudo foram verificar a presença de *Plasmodium/Haemoproteus* causadores de malária nas aves do Parque Estadual da Mata Seca – PEMS; os mosquitos potencialmente transmissores; e relacionar isso aos fatores ecológicos como regeneração florestal e sazonalidade.

4. HIPÓTESES

Foram testadas as seguintes hipóteses:

H1. A prevalência de malária em aves varia em função do período do ano.

Predição: A maior disponibilidade de recursos para a reprodução dos mosquitos potencialmente vetores de malária aviária no período chuvoso, aumenta a abundância destes insetos nesse período, o que contribui para uma maior exposição das aves e uma chance mais elevada de serem infectas pelo *Plasmodium/Haemoproteus*.

H2. A sazonalidade e a regeneração florestal influenciam na riqueza, abundância e composição da comunidade de aves e mosquitos.

Predição: A sazonalidade e o estágio sucessional são fatores ambientais que influenciam na disponibilidade de recursos para a reprodução, forrageamento e distribuição das espécies de aves e mosquitos. Desta forma, as comunidades sofrerão mudanças na sua composição influenciadas por esses fatores.

H3. A regeneração florestal e a sazonalidade influenciam na prevalência de malária em aves;

Predição: A dinâmica da transmissão de malária aviária sofrerá influência da mudança de composição da comunidade dos seus hospedeiros vertebrado e invertebrado que, por sua vez, são influenciados pela sazonalidade e estágio de sucessão florestal.

5. MATERIAL E MÉTODOS

5.1. Área de Estudo

O estudo foi conduzido no Parque Estadual da Mata Seca - PEMS, situado no município de Manga, no Vale do Médio São Francisco, entre as coordenadas 14°48'36" – 14°56'59" S e 43°55'12" – 44°04'12" W, e administrado pelo Instituto Estadual de Florestas – IEF de Minas Gerais. A unidade de conservação foi criada no ano 2000 e possui uma área de 15.466,4 hectares. O clima desta região é classificado como tropical semi-árido (Aw na classificação de Köppen), caracterizado pela existência de uma estação seca bem acentuada no inverno. A temperatura média anual no PEMS é de 24,3°C e o índice pluviométrico anual é de 828,8 mm, com precipitações mensais que não ultrapassam 60 mm de abril a setembro (Coelho *et al.*, 2013).

O PEMS está fragmentado em áreas de mata com diferentes estágios de regeneração natural, devido ao seu uso para diferentes atividades ao longo das últimas décadas. Desta forma, as áreas em estágio inicial de regeneração, abandonados desde o ano 2008, apresentam vegetação arbustiva e gramíneas, semelhante a uma pastagem. Os fragmentos em estágio intermediário, com histórico de abandono no ano 2000 após serem utilizados como pastagem, possuem vegetação arbustivo-arbórea de baixo porte com grande número de espécies vegetais espinhosas e muitos cipós e lianas; já os fragmentos em estágio avançado de regeneração não possuem histórico de desmatamento nos últimos 55 anos e apresentam vegetação arbórea de grande porte (Madeira *et al.*, 2009). Para uma descrição mais detalhada da área de estudo, veja Madeira e colaboradores (2009). O parque conta ainda com um conjunto de lagoas situadas na margem esquerda do Rio São Francisco que formam um sistema de pulso de inundação no período de cheia (Figura 1), quando estas se conectam ao rio São

Francisco (Gagliardi, 2008). A maior lagoa presente no PEMS é a Lagoa da Prata, situada a uma distância de aproximadamente dois quilômetros das parcelas em estágio inicial de sucessão (Figura 1).

5.2. Coleta de dados

Em cada período de amostragem, as coletas foram realizadas em três parcelas amostrais dentro de cada um dos estágios sucessionais, classificados como estágios inicial, intermediário e tardio (Figura 1).

Os dados foram amostrados entre os anos 2013 e 2014 no início e final das estações úmida e seca, conforme apresentado na tabela 1.

Tabela 1. Períodos de amostragem de culicídeos e aves no Parque Estadual da Mata Seca - PEMS, no município de Manga, norte de Minas Gerais, Brasil.

Ano	Mês	Observação
2013	Abril	Fim do período úmido
2013	Junho	Início do período seco
2013	Outubro	Fim do período seco
2014	Janeiro	Início do período úmido

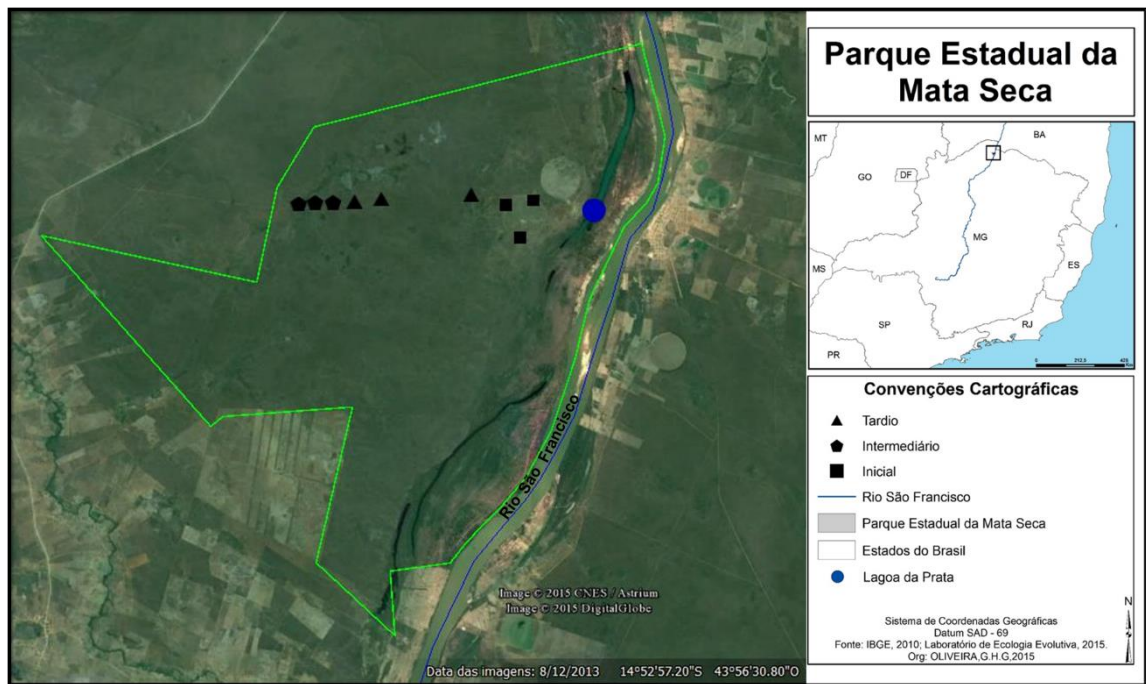


Figura 1: Imagem de satélite do Parque Estadual da Mata Seca - PEMS- Manga/MG, indicando as parcelas amostrais e a localização da Lagoa da Prata e do Rio São Francisco. Nesta imagem podem-se observar as áreas escuras que indicam a posição de lagoas temporárias que se enchem no período das chuvas.

5.2.1. Captura de aves

Para a captura das aves foram montadas 15 redes de neblina (12m de comprimento por 3m de altura, 20mm de malha) por área amostral. As redes foram montadas no período vespertino do dia anterior e mantidas fechadas. Estas foram abertas a partir do nascer do sol e permaneceram assim, sendo vistoriadas em intervalos médios de 30 minutos para a retirada das aves, durante um período de 6 horas, o que somou um total de 18 horas/rede para cada estágio sucessional. Os indivíduos capturados foram levados a um ponto de manipulação, distante das redes, onde foram identificados utilizando guias de identificação em campo do Sick (1997) e Ridley & Tudor (1989, 1994), e posteriormente marcados com anilhas metálicas fornecidas pelo Centro de Pesquisas para Conservação de Aves Silvestres (CEMAVE). Em seguida, os indivíduos foram pesados, tiveram seus dados morfométricos avaliados e seu sangue amostrado para análise de hemoparasitos.

Todas as atividades relacionadas à captura e manipulação das aves foram realizadas em parceria com o Laboratório de Ornitologia da Universidade Estadual de Montes Claros - Unimontes.

5.2.2. Análise de sangue das aves

Para a obtenção de sangue das aves capturadas utilizou-se ponteira estéril descartável para a punção da veia metatarsiana medial localizada no metatarso esquerdo ou da veia braquial localizada na asa dessas aves. A quantidade de sangue coletado variou de acordo com o peso individual das aves, sendo coletados aproximadamente 0,2-0,5% do seu peso corporal total. O sangue coletado foi acondicionado em frasco contendo álcool etílico P.A. As amostras foram então utilizadas na realização da PCR para detecção de hemoparasitos. Todo o processamento e análise do sangue das aves foram realizados em parceria com a equipe do Laboratório de Malária da UFMG.

Não foi possível a coleta de amostras sanguíneas de todas as aves capturadas, já que algumas espécies não sangraram o suficiente para a coleta do sangue, e outras não resistiram ao procedimento.

5.2.3. Extração de DNA a partir do sangue total de aves

Um volume de 20 μ L de sangue obtido de cada ave foi acondicionado em microtubos contendo 300 μ L de solução de lise celular (Kit Wizard® Genomic DNA Purification, Promega®) para a posterior extração de DNA, que foi realizada seguindo as instruções do fabricante. Após o último descarte do sobrenadante, foram adicionados 20 μ L de solução de lise nuclear e 1,5 μ L de RNase. Após incubação do material a 37 °C por 15 minutos em banho-maria, foram adicionados 100 μ L de solução precipitadora de proteína. As amostras foram homogeneizadas por 30 segundos e centrifugadas a

14000rpm por três minutos. O sobrenadante foi transferido para microtubos contendo 150µL de isopropanol P.A. Os tubos foram invertidos por 30 vezes, até o aparecimento do DNA e serão centrifugados a 1400 rpm por um minuto. Após o descarte do sobrenadante, 150µL de álcool 70% foi adicionado ao tubo, que foi invertido gentilmente por 15 vezes. Posteriormente, o tubo foi centrifugado à 14000 rpm por um minuto, o sobrenadante foi descartado e o excesso retirado em papel toalha descartável. Após a secagem em estufa a 37 °C, o precipitado foi eluído em 35µL de solução de re-hidratação de DNA (10 mM Tris-HCl, pH 7,4; 1 mM EDTA, pH 8,0) e foi estocado sob congelamento.

5.2.4. Detecção molecular de hemosporídeos em aves e mosquitos

As amostras de DNA obtidas foram submetidas à PCR simples visando a amplificação da região altamente conservada do gene mitocondrial SSU, executada de acordo com Fallon e colaboradores (2003a).

Os iniciadores utilizados foram:

343F → 5' - GCTCACGCATCGCTTCT- 3'

496R → 5' - GACCGGTCATTTTCTTTG- 3'

Na reação de amplificação, cada tubo recebeu 2 µl do DNA -molde e 13 µl de tampão de reação contendo 10 mM Tris HCl, pH 8,5, 50 mM KCl; (PHONEUTRIA); 2.0-2.5 mM MgCl₂; 200 µM dNTP; 0.5 U Taq DNA polimerase (PHONEUTRIA); 0.4mM de cada iniciador e água ultra pura estéril.

O programa da amplificação consistiu de 35 ciclos de denaturação a 94°C por 1 minuto, seguida de anelamento a 62°C por 1 minuto e extensão a 72°C por 1 minuto e 10 segundos. A desnaturação inicial ocorreu a 94°C por 2 minutos. E a extensão final a 72°C por 3 min., finalizando com temperatura de 4°C.

Os controles positivos utilizados nas reações de PCR compreenderam de DNA genômico de *Plasmodium gallinaceum* (obtidos de pintinhos infectados experimentalmente e gentilmente cedidos pelo Laboratório de Entomologia Médica do Centro de Pesquisa René Rachou-CPqRR-, Belo Horizonte). Os controles negativos foram amostras de DNA obtidas de pintinhos mantidos livres de infecção (gentilmente cedido pela Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte).

Os produtos das reações foram submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida (PAGE) 6%, não desnaturante, em tampão TBE 1X. Os géis de poliacrilamida fixados em solução de álcool etílico 10% e ácido acético 0,5%, corados em solução de nitrato de prata e os fragmentos de DNA evidenciados quando em solução reveladora de hidróxido de sódio e formaldeído (Sanguinetti et al., 1994).

Os resultados obtidos por PCR serão utilizados no cálculo da prevalência de malária, que será medida através do cálculo:

$$P = \text{Amostras positivas} / \text{Total das amostras}$$

5.2.5. Amostragem de Culicídeos

Foram utilizados dois métodos de coleta dos culicídeos: coleta ativa nos períodos matutino e vespertino e coleta com armadilha de Shannon no período noturno.

A coleta ativa no período vespertino ocorreu durante a montagem das redes de neblina, realizada pela equipe de ornitologia da Unimontes no dia anterior à captura das aves. Coletaram-se ativamente os mosquitos que pousaram nos integrantes da equipe de ornitólogos com o auxílio de um sugador manual e de microtubos. A coleta teve

duração de 20 minutos, sendo realizada simultaneamente por duas pessoas, somando um total relativo de 40 minutos de amostragem por parcela amostral.

No período matutino, os mosquitos foram coletados simultaneamente à captura de aves. A coleta ativa dos mosquitos que pousaram na equipe foi realizada no local de manipulação das aves com o auxílio de um sugador manual e de microtubos. Tal amostragem teve duração de 15 minutos para cada conferência às redes de neblina, (realizadas a cada 30 minutos) durante as 6 horas em que as redes permaneceram abertas. Essa coleta foi realizada por um único coletor, o que somou um total de 180 minutos de coleta por parcela amostral.

A amostragem de mosquitos utilizando armadilha de Shannon ocorreu ao anoitecer com duração de duas horas de coleta para cada uma das nove parcelas amostrais. Para isso, a armadilha, que consiste em uma tenda de tecido branco que simula uma habitação humana no campo, era montada com luz fluorescente branca, que atua como atrativo aos mosquitos. As coletas eram realizadas por dois coletores que se posicionavam no interior da armadilha e realizavam as coletas dos mosquitos que ali adentravam, com o auxílio de um sugador elétrico.

Os espécimes coletados e acondicionados em freezer a -20°C foram transportados ao Laboratório de Ecologia e Controle Biológico de Insetos da Unimontes e identificados na menor unidade taxonômica possível utilizando as chaves de identificação de Consoli & Oliveira (1994) e Forattini (2002). Gêneros e subgêneros foram abreviados de acordo com Reinert (1975) e Weaver (2005). Houve um esforço em se identificar todos os indivíduos em nível de espécie, o que só não foi possível nos casos em que estes estavam com estruturas muito danificadas, devido a fatores diversos, dificultando o processo de identificação.

5.3. Análise Estatística

Foram construídos modelos lineares generalizados (GLMs) para verificar se houve efeito do período do ano (seca e chuvosa), do estágio sucessional da vegetação e da riqueza de aves na prevalência de malária em aves [glm (Prevalência de Malária~(Estagio + Coleta + Riqueza de aves + Riqueza de mosquitos + Abundância de mosquitos)^2, family=binomial)]. Testou-se ainda se o estágio sucessional e o período do ano explicaram a riqueza e abundância de mosquitos [glm (Riqueza~Estágio*Período, family=poisson)] e [glm.nb (Abundância~Estágio*Período)]; o mesmo processo foi realizado para verificar se a riqueza e abundância de aves foi influenciada pelo estágio sucessional e período do ano: [glm.nb (Riqueza~Estágio*Período)] e [glm.nb (Abundância~Estágio*Período)].

Para a análise de prevalência de malária, excluímos os dados referentes às espécies da família Columbidae, já que estas são, em sua maioria, muito parasitadas pelos Hippoboscidae, que vetorizam parasitos causadores de malária não plasmodiais. Considerando que este trabalho foi focado nos hemoparasitos transmitidos pelos mosquitos, optou-se por excluir essa família de aves das análises. Para identificar as espécies que apresentaram uma maior prevalência de malária, adotou-se um corte de um mínimo de cinco indivíduos analisados para malária para que a espécie entrasse na análise.

A significância das variáveis foi testada através da análise de *deviance* utilizando o teste de significância mais adequado. Todos os GLMs foram submetidos à análise residual para avaliar a adequação da distribuição dos erros (Crawley, 2007). Foram realizadas análises de contraste para avaliar quais estágios e estações se diferenciaram significativamente. Para estas análises foi utilizado o software R (R Core Team, 2014).

O efeito do estágio sucessional e do período do ano na composição da comunidade de culicídeos e de aves foi testado por escalonamento multidimensional não métrico (NMDS). Em seguida, para testar se houve diferença significativa entre as matrizes de dissimilaridade formada pela NMDS, realizamos o teste não paramétrico one-way ANOSIM, que ordena os valores de dissimilaridade. As análises foram realizadas utilizando o software R (R Core Team, 2014).

6. RESULTADOS

Durante o período de amostragem capturou-se um total de 591 aves, distribuídas em 80 espécies e 27 famílias, sendo um total de 284 aves no período úmido e 307 no período seco (Tabela 1). No estágio inicial foram capturadas aves de 18 famílias, no intermediário foram 20 famílias de aves e no estágio tardio capturaram-se aves de 18 diferentes famílias. O início do período chuvoso (IC) apresentou aves de 21 diferentes famílias, enquanto no final do período chuvoso (FC) foram 18 famílias. No início da seca (IS) as aves capturadas foram englobadas em 15 famílias e no final da seca (FS) foram 21 famílias de aves.

A família mais abundante foi Thraupidae ($p < 0,01$), com 243 indivíduos capturados (Figura 2). As espécies mais abundantes foram *Volatinia jacarina*, com 112 indivíduos e *Lanio pileatus*, com 108 indivíduos capturados. O Anexo 2 apresenta resultados mais detalhados sobre as aves capturadas em cada período do ano.

Tabela 1: Abundância total de aves nos diferentes estágios sucessionais e períodos do ano. IC: início da chuvosa; FC: final da chuvosa; IS: início da seca; FS: final da seca.

	IC	FC	IS	FS	Total
Inicial	100	42	37	149	328
Intermediário	20	35	20	36	111
Tardio	39	48	34	31	152
Total	159	125	91	216	

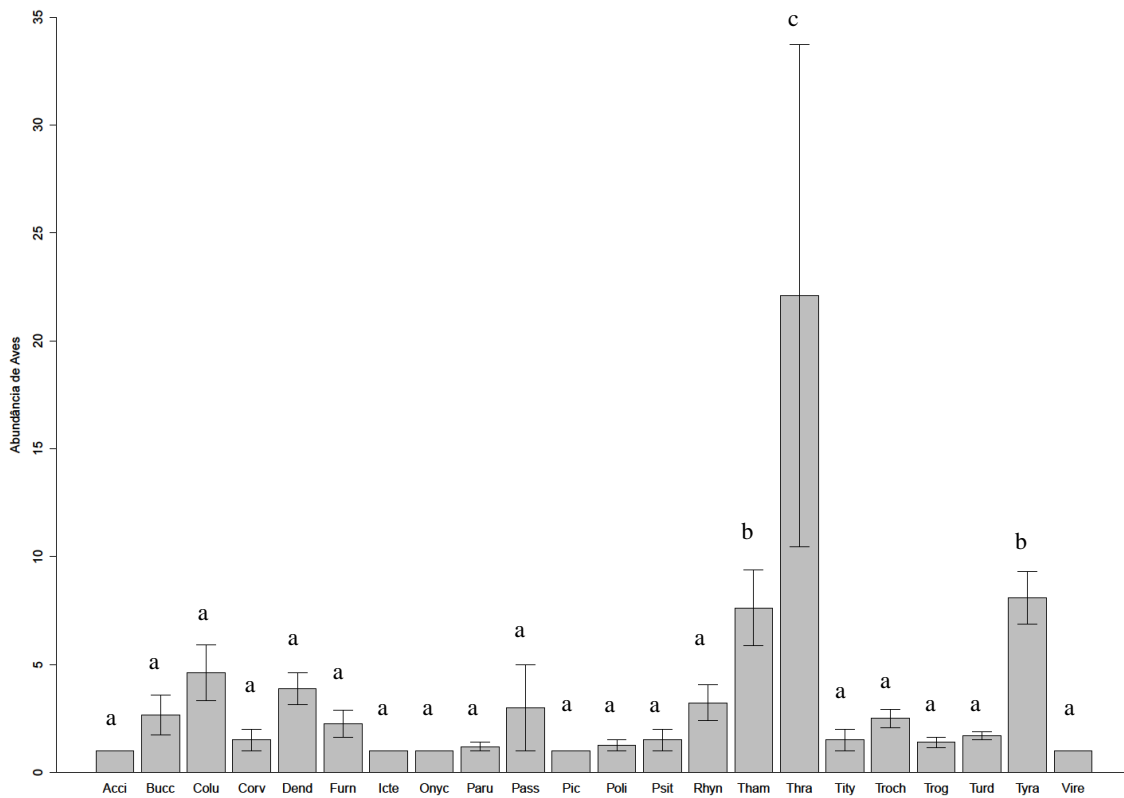


Figura 2: Abundância por famílias das aves capturadas no PEMS. As letras diferentes representam diferença significativa entre as barras. Acci=Accipitridae; Bucc=Bucconidae; Colu=Columbidae; Corv=Corvidae; Dend=Dendrocolaptidae; Furn=Furnariidae; Icte=Icteridae; Onyc=Onychorhynchidae; Paru=Parulidae; Pass=Passerellidae; Pic=Picidae; Poli=Polioptilidae; Psit=Psittacidae; Rhyn=Rhynchocyclidae; Tham=Thamnophilidae; Thra=Thraupidae; Tity=Tityridae; Troch=Trochilidae; Trog=Troglodytidae; Turd=Turdidae; Tyra=Tyrannidae; Vire=Vireonidae.

Neste mesmo período de amostragem foi coletado um total de 26.471 mosquitos, dos quais 21.446 (81%) foram identificados em nível de espécie, se distribuindo em 40 espécies conhecidas e seis tribos. Os demais 5.025 (19%) foram identificados somente em nível de gênero ou subgênero, devido à dificuldade de identificação em razão dos espécimes estarem danificados. Coletaram-se 1.499 indivíduos através de coleta ativa e 24.972 através da armadilha de Shannon, sendo 25.846 coletados no período chuvoso e 625 coletados no período seco (Tabela 2).

A tribo Aedini foi a mais abundante, com 13.509 mosquitos coletados e a tribo Mansoniini foi a segunda mais abundante, com 12.009 espécimes coletados ($p < 0,001$) (Figura 3). No início do período chuvoso houve um maior predomínio dos mosquitos da tribo Aedini em todos os estágios de sucessão, enquanto no final do período chuvoso e em todo o período da seca a maior abundância foi das espécies de Mansoniini. As espécies mais abundantes foram *Aedes scapularis*, com 9.401 indivíduos coletados e *Mansonia titillans*, com 5.138 indivíduos. No Anexo 1, encontram-se mais detalhes sobre as amostragens de mosquitos realizadas.

Tabela 2: Abundância total de mosquitos coletados nos diferentes estágios sucessionais e períodos do ano. IC: início da chuvosa; FC: final da chuvosa; IS: início da seca; FS: final da seca.

	IC	FC	IS	FS	Total
Inicial	7.621	5.477	501	56	13.655
Intermediário	4.569	235	16	1	4.821
Tardio	7.684	260	72	1	8.017
Total	19.874	5.972	589	58	

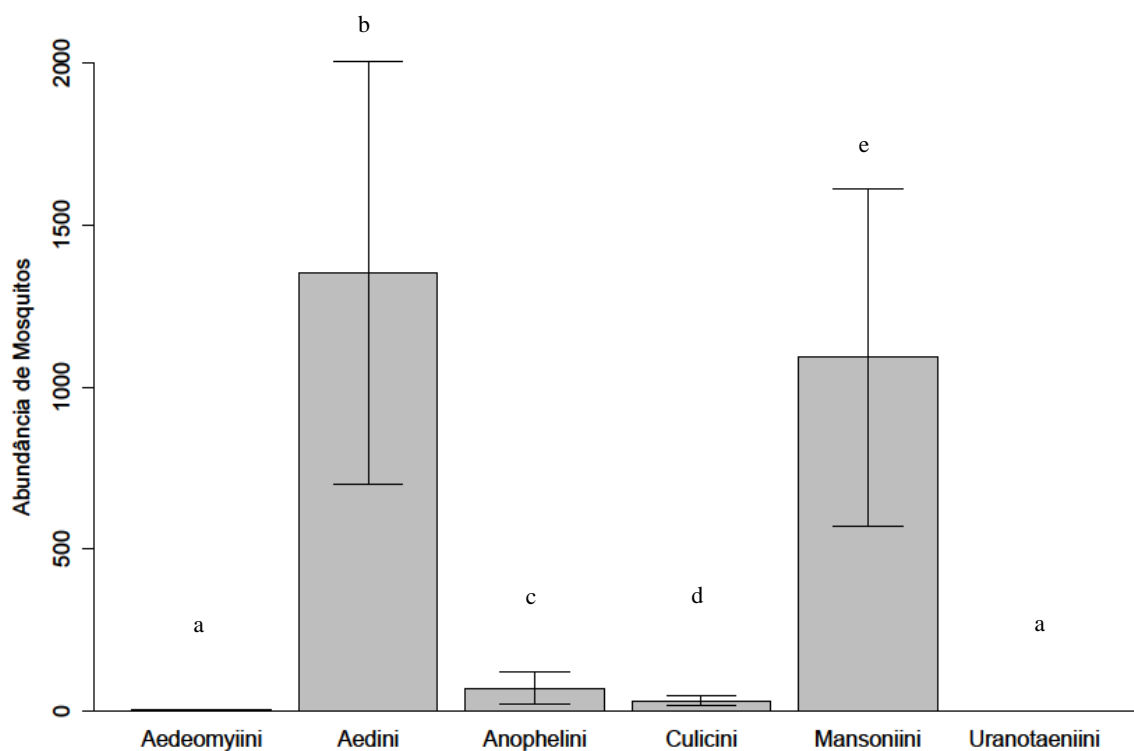


Figura 3: Abundância por tribos de mosquitos coletados no PEMS. As letras diferentes representam diferença significativa entre as barras.

Foram analisadas amostras de sangue de 331 aves, sendo encontrada uma prevalência de 39% para a infecção por *Plasmodium/Haemoproteus*. A prevalência de malária foi explicada apenas pelo estágio sucessional ($p < 0.01$). Verificou-se que todos os estágios de sucessão se diferenciaram entre si, sendo o estágio inicial aquele que apresentou a maior prevalência de malária e o tardio, que apresentou um menor número de aves positivas para a infecção (Figura 4).

Dentre as espécies de aves capturadas, aquela que apresentou uma maior prevalência de malária foi *Sakesphorus cristatus*, com 100% ($n=5$), seguido por *Lanio pileatus*, com 60% ($n=70$), *Ammodramus humeralis*, com 57% ($n=7$) e *Volatinia jacarina* e *Thamnophilus pelzelni*, ambos com 54% ($n=28$). Os dados de prevalência de malária nas espécies de aves mais abundantes estão representados na Tabela 3.

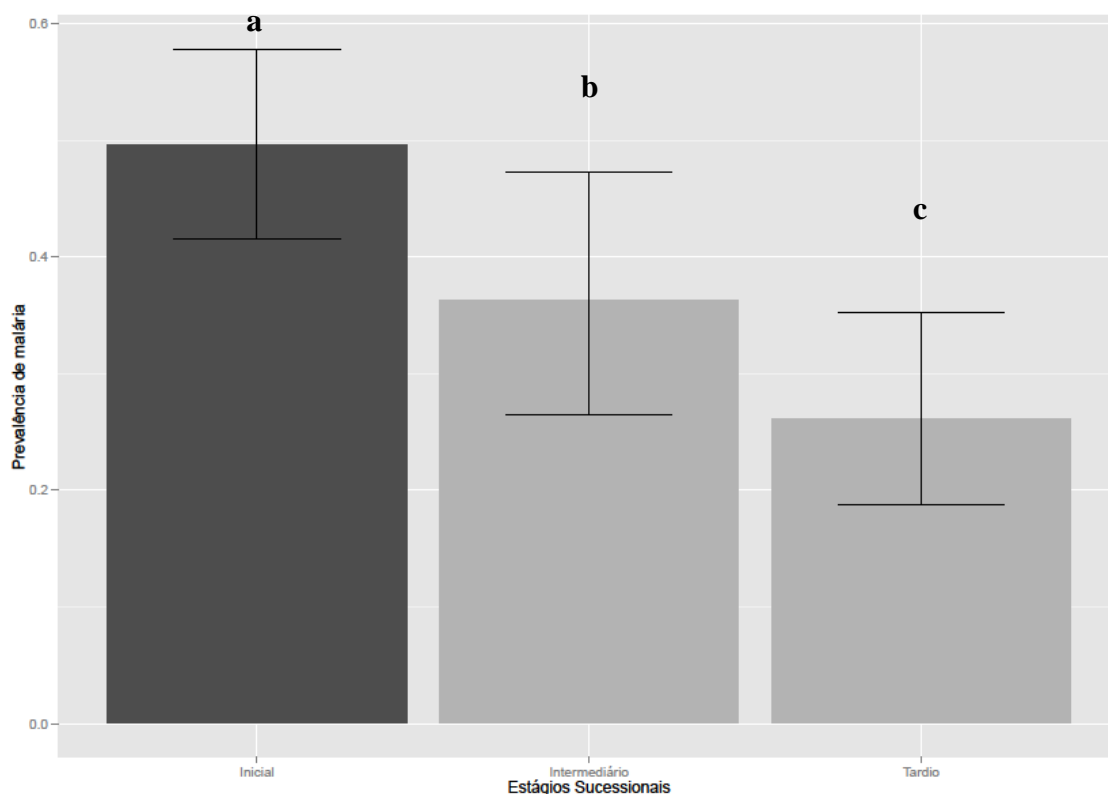


Figura 4. Prevalência de malária em aves silvestres do PEMS nos diferentes estágios de sucessão da vegetação. As espécies da família Columbidae foram excluídas dessa análise (mais informações no texto). Letras diferentes representam diferença significativa ($p < 0,05$) entre os estágios.

Tabela 3. Prevalência de *Plasmodium/Haemoproteus* nas espécies de aves coletadas no PEMS (respeitando um corte de, no mínimo, cinco indivíduos analisados para malária por espécie), Manga, MG. N=negativo para malária, P=positivo para malária, SR=sem resultado, Prevalência=Positivos/Total.

Família	Espécie	N	P	SR	Total	Prevalência
Família Bucconidae	<i>Nystalus maculatus</i>	9	2	0	11	18%
Família Dendrocolaptidae	<i>Sittasomus griseicapillus</i>	11	5	0	16	31%
Família Parulidae	<i>Basileuterus flaveolus</i>	3	2	0	5	40%
Família Passerellidae	<i>Ammodramus humeralis</i>	3	4	0	7	57%
Família Rhynchocyclidae	<i>Tolmomyias flaviventris</i>	10	2	0	12	17%
Família Thamnophilidae	<i>Formicivora melanogaster</i>	7	5	0	12	42%
	<i>Sakesphorus cristatus</i>	0	5	0	5	100%
	<i>Thamnophilus pelzelni</i>	12	15	1	28	54%
Família Thraupidae	<i>Lanio pileatus</i>	27	42	1	70	60%
	<i>Volatinia jacarina</i>	13	15	0	28	54%
Família Troglodytidae	<i>Troglodytes musculus</i>	6	1	0	7	14%
Família Turdidae	<i>Turdus amaurochalinus</i>	7	1	0	8	13%
Família Tyrannidae	<i>Cnemotriccus fuscatus</i>	4	2	1	7	29%

<i>Lathrotriccus euleri</i>	6	1	0	7	14%
<i>Myiarchus tyrannulus</i>	9	2	0	11	18%
<i>Myiodinastes maculatus</i>	5	4	0	9	44%
<i>Myiopagis viridicata</i>	15	3	0	18	17%
Total Geral	147	111	3	258	43%

A riqueza de aves não foi explicada pelo período do ano e estágio sucessional ($p > 0,05$). Todavia, a abundância de aves foi influenciada pelo período do ano ($p = 0,03$), estágio sucessional ($p < 0,01$) e pela interação desses dois fatores ($p < 0,01$). O estágio inicial se diferenciou dos demais estágios de sucessão, enquanto intermediário e tardio não tiveram diferença entre si. Com relação aos períodos do ano, apenas o final da seca se diferenciou dos demais períodos, que não tiveram diferença entre si (Figura 5). A abundância média de aves para os quatro períodos do ano foi maior no inicial, com 82 aves capturadas, contra 38 no estágio tardio e 28 aves em média no estágio intermediário. Para os períodos do ano, os resultados indicaram que, para os três estágios, o final do período seco apresentou uma maior abundância, com média de 72 indivíduos coletados, enquanto os demais períodos do ano não apresentaram diferença significativa entre si, com médias de 53 aves no início do período chuvoso, 41 no final da chuvosa e 30 indivíduos em média no início da seca.

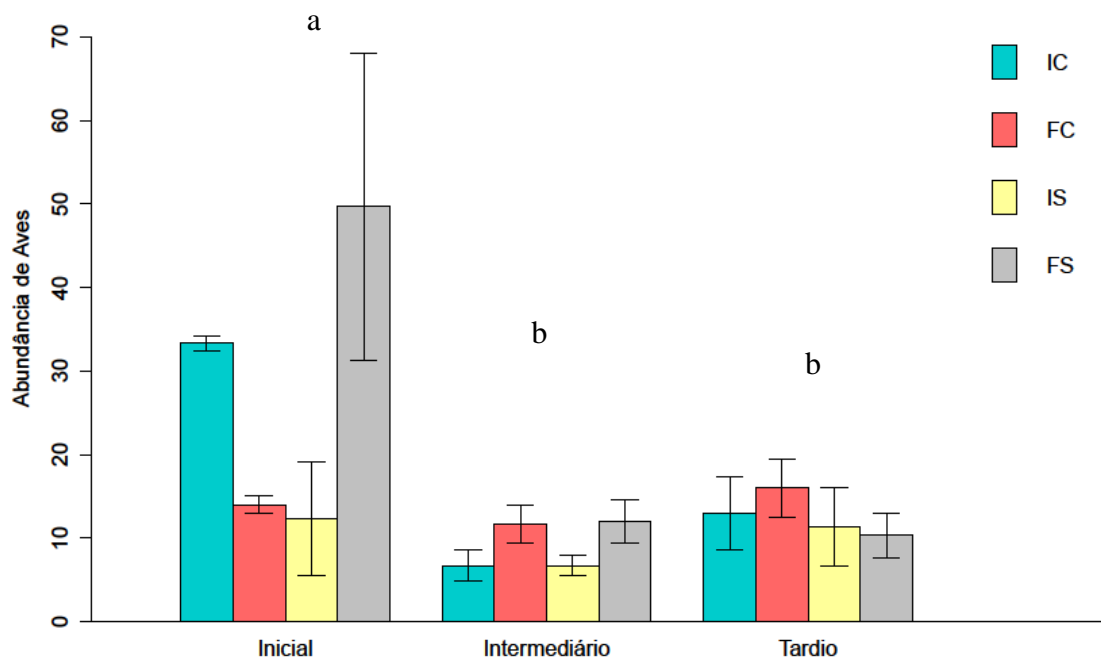


Figura 5. Abundância de aves em função do estágio de sucessão e período do ano. FC=final da chuvosa, FS=final da seca, IC=início da chuvosa, IS=início da seca. As letras diferentes sobre as barras representam diferença significativa entre os estágios sucessionais. Apenas o final da seca apresentou diferença na abundância de aves em relação aos demais períodos do ano.

Observou-se que a riqueza (Figura 6) e abundância (Figura 7) de mosquitos foi afetada por ambos período do ano ($p < 0.01$), estágio de sucessão ($p < 0,01$) e pela interação entre essas duas variáveis ($p < 0.01$), apresentando-se maiores no estágio inicial no início do período chuvoso. A abundância média de culicídeos para todos os períodos do ano foi maior no inicial, tendo sido coletados 3.414 mosquitos, enquanto nos estágios tardio e intermediário, coletou-se uma média de 2.004 e 1.205 indivíduos, respectivamente. Com relação aos resultados encontrados para os períodos do ano, o início do período chuvoso apresentou uma média para todos os estágios de 6.624 indivíduos coletados. Os demais períodos do ano apresentaram médias, para todos os estágios, de 1.990 indivíduos no final do período chuvoso, 196 indivíduos no início do

período seco e 19 indivíduos no final do período seco. Em um mesmo estágio de sucessão, houve variação da riqueza e abundância de mosquitos entre todos os períodos do ano amostrados.

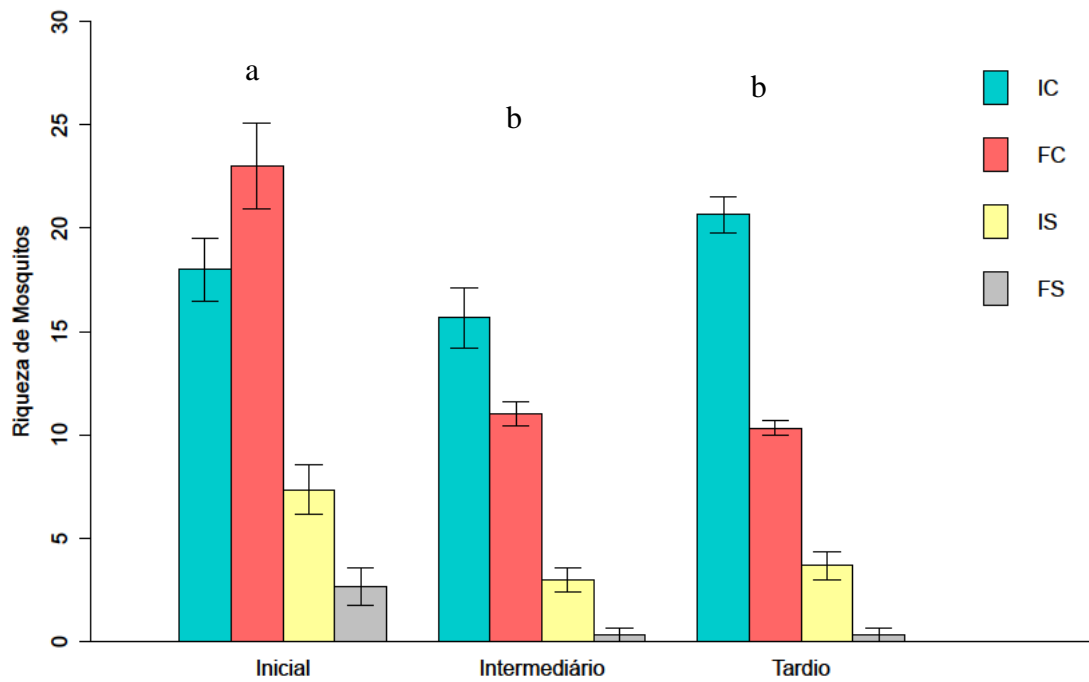


Figura 6. Riqueza de mosquitos em função do estágio de sucessão e período do ano. FC=final da chuvosa, FS=final da seca, IC=início da chuvosa, IS=início da seca. As letras diferentes sobre as barras representam diferença significativa entre os estágios sucessionais. Houve diferença significativa entre todos os períodos do ano amostrados.

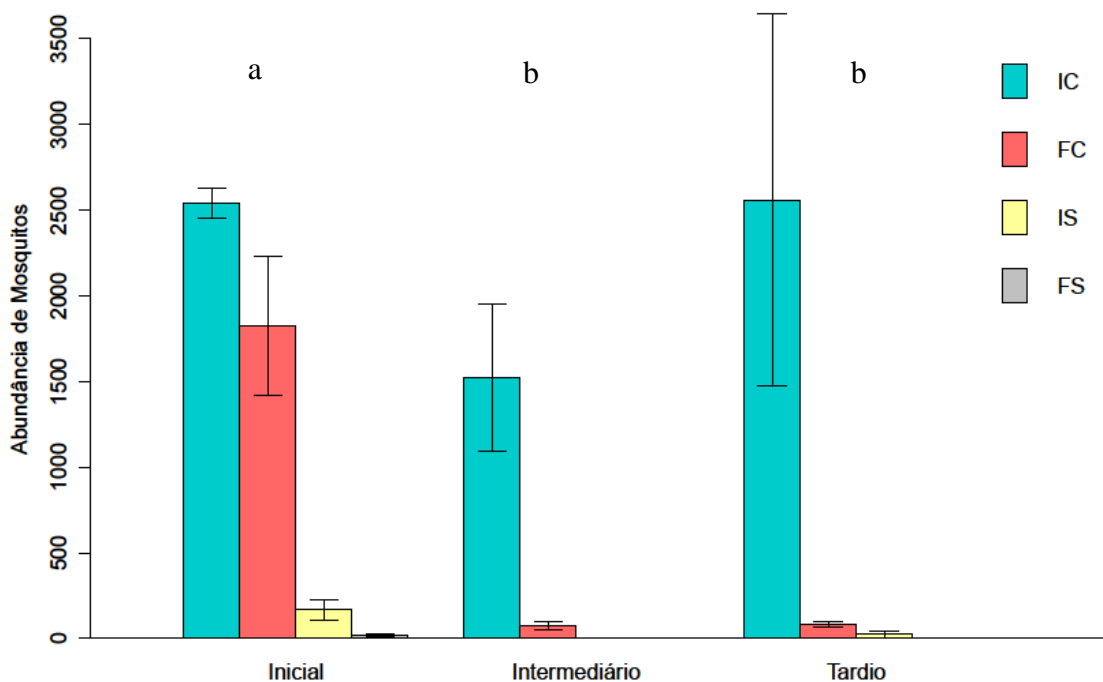


Figura 7. Abundância de mosquitos em função do estágio de sucessão e período do ano. FC=final da chuvosa, FS=final da seca, IC=início da chuvosa, IS=início da seca. As letras diferentes sobre as barras representam diferença significativa entre os estágios sucessionais. Houve diferença significativa entre todos os períodos do ano amostrados.

6.1. Análise de similaridade

Os resultados encontrados para a mudança na riqueza e abundância de mosquitos entre os períodos do ano foram evidenciados pelo escalonamento multidimensional não métrico (NMDS), indicando uma mudança na composição da comunidade de culicídeos entre os períodos seco e úmido (Anosim: $p < 0,01$) (Figura 8). Pode-se observar que a comunidade foi diferente entre o início e fim do período chuvoso, que apresentaram diferente composição na comunidade de mosquitos. Em contrapartida, o início e fim do período seco não se diferenciaram, havendo uma sobreposição nas composições da comunidade de mosquitos entre esses dois períodos. A comunidade de culicídeos, porém, não variou entre os estágios sucessionais (Anosim: $p > 0,05$).

A comunidade de aves apresentou variação em sua composição entre os estágios sucessionais (Anosim: $p=0,02$). Observa-se uma diferenciação clara entre os estágios sucessionais, com as espécies encontradas no estágio inicial formando um grupo que se separa da composição entre os demais estágios de sucessão (Figura 9). Não houve variação na comunidade de aves entre os períodos do ano (Anosim: $p>0,05$) (seco e chuvoso).

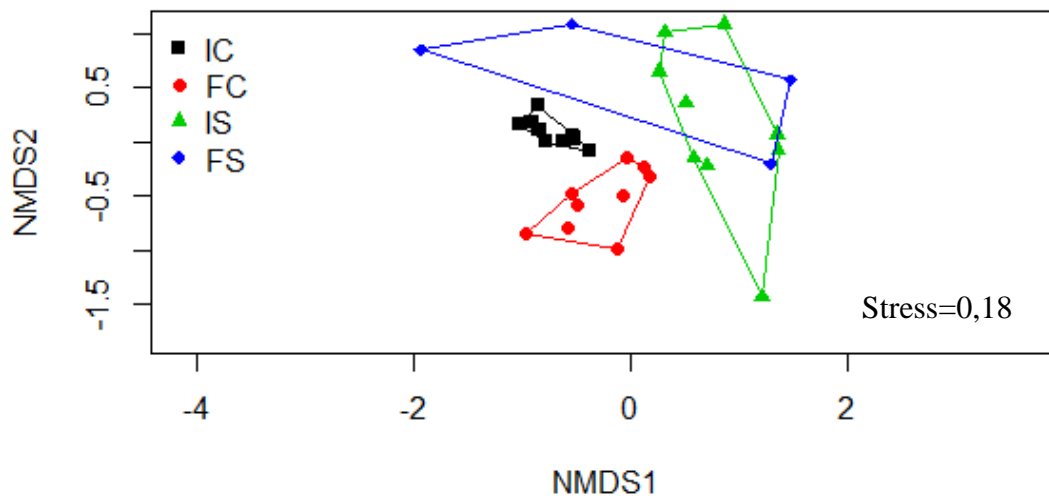


Figura 8. Escalonamento Multidimensional Não-métrico (NMDS) da comunidade de culicídeos do Parque Estadual da Mata Seca nas estações do ano. Anosim: $p<0,01$. FC=final da seca, FS=final da chuvosa, IC=início da chuvosa, IS=início da seca.

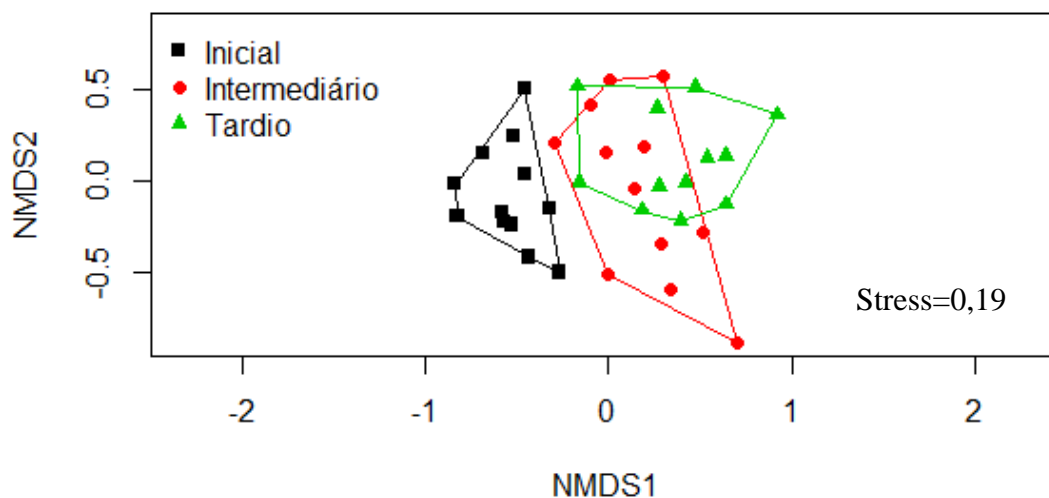


Figura 9. Escalonamento Multidimensional Não-métrico (NMDS) da comunidade de aves do Parque Estadual da Mata Seca nos estágios sucessionais. Anosim: $p=0,02$.

7. DISCUSSÃO

Neste trabalho o efeito da regeneração natural da vegetação após perturbação foi relacionado à prevalência da malária em aves silvestres. Encontramos uma média de 39% das aves capturadas apresentando positividade para malária, valor semelhante ao de outros trabalhos realizados em região tropical (Belo *et al.*, 2011; Waldenström *et al.*, 2002; Fallon *et al.*, 2003b).

Lacorte e colaboradores (2013), em trabalho realizado no sudeste do Brasil em três diferentes fitofisionomias (Mata Atlântica, Cerrado e FTS) encontraram uma prevalência de 35,3% nas aves silvestres analisadas. Entre as fitofisionomias estudadas estava a FTS do PEMS, onde foi encontrada uma prevalência de malária de 22,5% (Lacorte *et al.*, 2013). O baixo número de amostras (120) analisadas pelo Lacorte *et al.* (2013) e o fato de que seu trabalho não analisou, no PEMS, três das espécies nas quais

observamos maior prevalência de malária, devem explicar a menor prevalência encontrada pelo Lacorte *et al.* (2013) em comparação com os nossos resultados.

L. pileatus e *V. jacarina* estão entre as espécies que apresentaram as maiores prevalências de malária. Estas espécies têm em comum a característica de se alimentarem em áreas abertas, como pastos, e serem granívoras (Sick, 1977; Alderton, 1963). Além disso, possuem uma alta taxa de reprodução, podendo, em algumas regiões, se reproduzirem o ano todo (Sick, 1977). Em trabalhos de captura e recaptura de aves no Parque Estadual da Mata Seca em Manga, MG verificou-se que estas foram as espécies que tiveram menor taxa de recaptura (Leite, comunicação pessoal). Sua grande adaptação a ambientes modificados como pastos (Sick, 1977; Alderton, 1963), nos faz crer que estas espécies possuam uma maior resiliência diante de agentes perturbadores da comunidade. Vertebrados com essas características tendem a investir minimamente em aspectos de imunidade adaptativa, características encontradas em espécies reservatório altamente competentes (Keesing *et al.*, 2010). Diante disso, é possível que *V. jacarina* e *L. pileatus* apresentem características que as torne melhores fontes de gametócitos para os vetores da malária.

O estágio inicial foi onde encontramos a maior prevalência de malária, o que coincidiu com a maior riqueza e abundância de mosquitos neste local. A maior incidência solar e impermeabilização do solo, decorrentes da menor cobertura vegetal, tornam esse local mais propenso à formação de poças d'água, utilizadas na reprodução de várias espécies de mosquitos possíveis vetoras de malária aviária. Patz e colaboradores (2000) afirmam que a derrubada de florestas para o desenvolvimento de atividades humanas, como agricultura e pecuária, pode criar habitats favoráveis aos parasitas e seus vetores. Assim, o desmatamento e suas alterações ecológicas associadas

podem contribuir para maiores abundâncias de mosquitos nessas áreas quando comparadas às florestadas (Vittor *et al.*, 2006; Vittor *et al.*, 2009).

Apesar da explosão no número de mosquitos no início do período chuvoso, não se verificou influência do período do ano na prevalência de malária nas aves. É provável que os mosquitos mais abundantes nesse período do ano não sejam os vetores da malária aviária e, portanto, o aumento em sua abundância não teria influência sobre a vetorização do parasito.

Os culicídeos encontram no período chuvoso as condições ideais à sua reprodução e desenvolvimento, pois há uma maior disponibilidade de sítios de oviposição, em decorrência dos corpos temporários de água formados com as chuvas e que estão relacionados ao aumento no número de mosquitos nesta estação. O PEMS situa-se em uma região com forte sazonalidade, apresentando um período de seca prolongado, em que a importância dos reservatórios temporários está restrita à estação chuvosa, como verificado em alguns trabalhos (Santos, 2011; Silva, 2012).

Desta forma, a sazonalidade tem importante papel na reprodução e crescimento da população de mosquitos na área. Segundo Murphy & Lugo (1986) a sazonalidade de chuvas, na maioria das florestas tropicais, é um fator de grande significância na estrutura e função do ecossistema. Este fator representa uma força ecológica dominante quando os padrões de atividade biológica, como reprodução e crescimento, se tornam sincronizadas à disponibilidade de água ou quando a distribuição de taxa de plantas e animais é moldada pela limitação da umidade durante certos períodos do ano (Murphy & Lugo, 1986).

Esta sazonalidade, aliada às diferentes características na forma e período de reprodução das diferentes tribos de mosquitos explica a variação observada na

composição da comunidade de mosquitos, que apresentou uma clara distinção entre as estações do ano.

O início das chuvas está ligado a um grande aumento na abundância dos mosquitos da espécie *Aedes scapularis*, pertencente à tribo Aedini. Esse grupo apresenta ovos resistentes à dessecação e que passam por um processo de diapausa quando as condições ambientais não são favoráveis ao seu desenvolvimento (Consoli & Oliveira, 1994). Com as primeiras chuvas ocorre a eclosão dos ovos e uma explosão no número de Aedini no ambiente. O *Aedes scapularis* é uma espécie caracterizada por ser bem adaptada ao ambiente modificado pelo homem e se reproduzir em poças d'água temporárias no chão, o que torna o estágio inicial um local com condições atrativas a essa espécie e o início da chuva o período de maior pico na sua população (Dorvillé, 1996). Arnell (1976) afirma que, no mínimo, 15 vírus já foram isolados desta espécie, incluindo o vírus da febre amarela e da encefalite equina Venezuelana, além de ser possível vetor da filariose Bancroftiana. Porém, não há relatos até então sobre o seu possível envolvimento na vetorização de malária em aves.

Os mosquitos da tribo Mansoniini apresentaram maior abundância no final da estação chuvosa e em todo o período da seca. Estes mosquitos se caracterizam por se reproduzirem em criadouros que possuam constante presença de vegetação aquática flutuante, pois suas formas imaturas se fixam nas raízes das plantas aquáticas para obter oxigênio (Consoli & Oliveira, 1994). Essa tribo inclui os mosquitos dos gêneros *Mansonia* e *Coquilletidia*, sendo algumas de suas espécies já descritas como marcadamente ornitofílicas (Chiang *et al.*, 1986; Silva *et al.*, 2012; Alencar *et al.*, 2005; Lorosa *et al.*, 2010; Njabo *et al.*, 2009). Portanto, a maior abundância de aves e a proximidade do estágio inicial da Lagoa da Prata são fatores que contribuem com a presença dos Mansoniini nesta área. Algumas espécies de *Mansonia* e *Coquilletidia* já

foram destacadas pela sua atuação como vetores de malária em aves silvestres (Njabo *et al.*, 2009) que indica uma possível associação da prevalência de malária encontrada no nosso estudo com a constante abundância dos *Mansoniini* nessa área. Embora os presentes resultados devam ser interpretados com cautela, sugere-se que os mosquitos da tribo *Mansoniini*, abundantes na área ao longo de todo o ano, possam ser os responsáveis pela manutenção da malária em aves na área de estudo.

A riqueza de aves não foi afetada pelo período do ano e estágios sucessionais. Porém, a abundância de aves foi maior no final do período seco. Esperava-se que houvesse uma maior quantidade de aves no período chuvoso, quando havia uma maior disponibilidade de recursos alimentares. A maior abundância de aves no auge da estação seca pode ser atribuída ao fato de que uma menor disponibilidade de recursos induz as aves a se movimentarem mais entre manchas para forragear (Charnov, 1976). Assim, se a ave tem muita disponibilidade de recursos, ela precisa voar menos para procurar alimento e a taxa de captura diminui.

O estágio inicial foi também aquele que apresentou a maior abundância de aves, com destaque às famílias *Thraupidae* e *Columbidae*, ao longo de todo o ano. Essas famílias se caracterizam por serem granívoras, em sua grande maioria, e forragearem no chão e em grupos (Sick, 1997). Este comportamento pode facilitar a vetorização de malária entre os indivíduos, já que a concentração de aves aumenta a disponibilidade de voláteis (caimônios) atrativos para os mosquitos. Foi nos indivíduos dessa família que se encontraram as maiores prevalências de malária.

No estágio intermediário, *Tyrannidae* e *Thraupidae* foram as famílias de aves que tiveram maiores abundâncias em todo o ano. No estágio tardio, essa abundância anual foi maior nas famílias *Thamnophilidae*, *Tyrannidae* e *Dendrocolaptidae*. Estas são, em sua maior parte, caracterizadas pela necessidade de árvores de maior porte, pois

forageiam em seus troncos e copas em busca, principalmente, de pequenos artrópodes, dos quais se alimentam (Ridgely & Tudor, 1946). Estas diferentes exigências quanto às características da vegetação foram responsáveis pela variação na composição da comunidade de aves entre estágios. O estágio inicial, por se apresentar mais distinto em sua formação vegetal, com vegetação em sua maioria arbustiva, apresentou uma diferente composição da comunidade de aves em relação aos estágios intermediário e tardio.

8. CONCLUSÕES

Neste estudo verificou-se que a sazonalidade e a regeneração natural são importantes fatores determinando os padrões de distribuição e abundância de mosquitos e aves em uma FTS. Sugere-se que os mosquitos da tribo *Mansoniini* estejam atuando regularmente como vetores da malária em aves ao longo do ano. Observa-se, ainda, que as áreas que apresentaram aves com maior prevalência de malária foram aquelas com menor grau de regeneração após a ação humana, o que nos indica o papel da degradação ambiental na distribuição da malária e, indiretamente, na conservação de aves silvestres.

A transmissão de doenças infecciosas em um ambiente pode estar relacionada à biodiversidade local e ao grau de preservação do ecossistema. Assim, enquanto uma maior diversidade de espécies amplia a transmissão de doenças infecciosas, pois garante um maior número de hospedeiros disponíveis ao patógeno, o ambiente preservado atua como um tampão contra epidemias, pois sua perda aumenta casos de surtos de doenças por promover um desequilíbrio nas relações hospedeiro-vetor (Morand *et al.*, 2014).

Uma linha interessante de futuras investigações seria a identificação dos parasitos presentes nos mosquitos e, com isso, comprovar ou não o papel de vetor das

espécies da tribo Mansoniini e contribuindo para suprir as lacunas no conhecimento das espécies de mosquitos vetores da malária em aves. Isso permitirá compreender todo o ciclo do parasito e entender as estratégias de exploração de hospedeiros utilizadas pelos parasitos nas FTS.

9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALDERTON, C.C. The breeding behavior of the Blue-Black Grassquit. *Condor*, v. 65, p. 154-162, 1963.

ALENCAR, J.; LOROSA, E.S.; SILVA, J.S.; LOPES, C.M. & GUIMARÃES, A.E. Observações Sobre Padrões Alimentares de Mosquitos (Diptera: Culicidae) no Pantanal Mato-Grossense. *Neotropical Entomology*, v.34, n.4, p.681-687, 2005.

ARNELL J.H. Mosquito studies (Diptera, Culicidae) XXXIII A revision of the scapularis group of *Aedes* (Ochlerotatus). *Contributions of the American Entomological Institute*, v.13, 1976. Acesso em: 03 jun. 2013.

ATKINSON, C. T.; DUSEK, R. J.; WOODS, K.L. et al. Pathogenicity of avian malaria in experimentally-infected Hawaii Amakihi. *J. Wildl. Dis.*, v. 36, n. 2, p. 197-204, 2000.

BELO, N.O.; PINHEIRO, R.T.; REIS, E.S.; RICKLEFS, R.E & BRAGA, E.M. Prevalence and lineage diversity of avian hemosporidians from three distinct Cerrado habitats in Brazil. *PLoS ONE*, v.6, n. 3, 2011.

BURGDORFER, W.; BARBOUR, A.G.; HAYES, S.F.; BENACH, J.L.; GRUNWALDT, E. & DAVIS J.P. Lyme disease-a tick-borne spirochetosis? *Science*, v. 216, n.4552, p.1317-1319, 1982.

CAMPBELL, G.L.; MARFIN, A.A.; LANCIOTTI, R.S. & GUBLER, D.J. West Nile Virus. *The Lancet Infectious Diseases*, vol. 2, p. 519-529, 2002.

DE CASTRO, F. & BOLKER, B. Mechanisms of disease induced extinction. *Ecol. Lett.*, v. 8, p. 117-126, 2005.

CHARNOV, E.L. Optimal foraging, the marginal value theorem. *Theoretical Population Biology*, v.9, n.2, p.129-136, 1976.

CHIANG, G.L.; CHEONG, W.H.; SAMAWICKREMA, W.A. & ENG, K.L. Laboratory colonization and life cycle of *Coquillettidia crassipes* in Malaysia. *Journal of the American Mosquito Control Association*, v. 2, n. 4, p.545-547, 1986.

COELHO, M.R.; DART, R.O.; VASQUES, G.M.; TEIXEIRA, W.G.; OLIVEIRA, R.P.; BREFIN, M.L.M. & BERBARA, R.L.L. Levantamento pedológico semidetalhado (1:30.000) do Parque Estadual da Mata Seca, município de Manga – MG. *Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento/Embrapa Solos*. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 264p., 2013. Disponível em: <<http://www.cnps.embrapa.br/publicacoes>>, acesso em: 21 dez. 2013.

CONSOLI, R.A.G.B.; OLIVEIRA, R.L. Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil. Rio de Janeiro: Fiocruz. 1994.

CRAWLEY, M.J. *The R book*. 1st ed. John Wiley & Sons Inc. 942 pp., 2007.

DORVILLÉ L.F.M. Mosquitoes as bioindicators of forest degradation in southeastern Brazil, a statistical evaluation of published data in the literature. *Stud. Neotrop. Environ.*, v. 31, p. 68-78, 1996.

EBERT, D. & HERRE, E.A. The Evolution of Parasitic Diseases. *Parasitology Today*. v. 12, n. 3, p. 96-101, 1996.

FALLON, S.M; RICKLEFS, R.E.; SWANSON, B.L. & Bermingham, E. Detecting Avian Malaria: an Improved Polymerase Chain Reaction Diagnostic. *Journal of Parasitology*. v. 89, n. 5, p. 1044-1047, 2003a.

FALLON, S. M.; BERMINGHAM, E. & RICKLEFS, R.E. Island and taxon effects in parasitism revisited: avian malaria in the Lesser Antilles. *Evolution*, v. 57, n. 3, pp. 606–615, 2003b.

FORATTINI, O.P.; GOMES, A.C.; NATAL, D.; KAKITANI, I.; MARUCCI, D. Preferências alimentares de mosquitos Culicidae no Vale do Ribeira, São Paulo, Brasil. *Revista de Saúde Pública*, v. 21, p. 171-87, 1987.

FORATTINI O.P. Culicidologia Médica Vol II. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo. 2002.

GAGLIARDI, L.M. Determinação do Metabolismo Nictimeral dos Sistemas Aquáticos do Norte e Vale do Jequitinhonha de Minas Gerais – Brasil. Dissertação de mestrado. Programa de pós graduação em Ciências Biológicas. Universidade Estadual de Montes Claros. 2008.

GARNHAM, P.C. (Ed.). Malaria parasites and other Haemosporidia. Oxford: Blackwell Scientific Publications. 1.114 pp., 1960.

GONZALEZ-QUEVEDO, C.; DAVIES, R.G. & RICHARDSON, D.S. Predictors of malaria infection in a wild bird population: landscape-level analyses reveal climatic and anthropogenic factors. *Journal of Animal Ecology*, v. 83, p. 1091–1102, 2014.

HAMILTON, W.D. & ZUK, M. Heritable True Fitness and Bright Birds: A Role for Parasites? *Science, New Series*. v. 218, n. 4570, p. 384-387, 1982.

KEYMER, A.E. & ANDERSON, R.M. The dynamics of infection of *Triboliumconfusum* by *Hymenolepisdiminuta*: the influence of infective-stage density and spatial distribution. *Parasitology*, v. 79, p. 195–207, 1979.

KEESING, F.; BELDEN, L.K.; DASZAK, P.; DOBSON, A.; HARVELL, D.C.; HOLT, R.D.; HUDSON, P.; JOLLES, A.; JONES, K.E.; MITCHELL, C.E.; MYERS, S.S.; BOGICH, T. & OSTFELD, R.S. Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature*, v. 468, p. 647-652, 2010.

LAPINTE, D.A.; ATKINSON, C.T. & SAMUEL, M.D. Ecology and conservation biology of avian malaria. *Annals of the New York Academy of Sciences*. v. 1249, p. 211–226, 2012.

LEITE, L.O. Comunicação pessoal.

LOROSA, E.S.; FARIA, M.S.; OLIVEIRA, L.C.M.; ALENCAR, J. & MARCONDES, C.B. Blood meal identification of selected mosquitoes in Rio de Janeiro, Brazil. *Journal of the American Mosquito Control Association*, v. 26, n. 1, p.18-23, 2010.

MADEIRA, B.G.; ESPÍRITO-SANTO, M.M.; NETO, S.D.; NUNES, Y.R.F.; SÁNCHEZ AZOFEIFA, G.A.; FERNANDES, G.W. & QUESADA, M. Changes in tree and liana communities along a successional gradient in a tropical dry forest in south-eastern Brazil. *Plant Ecology*. v. 201, n. 1, p. 291-304, 2009.

MAKSIMOWICH, D.S. & MATHIS, A. Parasitized salamanders are inferior competitors for territories and food resources. *Ethology*. v. 106, p. 319-329, 2000.

MORAND, S.; JITTAPALAPONG, S.; SUPUTTAMONGKOL, Y.; ABDULLAH, M.T.; HUAN, T.B. Infectious Diseases and Their Outbreaks in Asia-Pacific: Biodiversity and Its Regulation Loss Matter. *PLoS ONE*, vol. 9, n. 2, 2014.

MURPHY, P.G. & LUGO, A.E. Ecology of Tropical Dry Forest. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* v.17, p. 67-88, 1986.

NJABO, K.Y.; CORNEL, A.J.; SEHGAL, R.N. M.; LOISEAU, C.; BUERMANN, W.; HARRIGAN, R.J.; POLLINGER, J.; VALKIŪNAS, G. & SMITH, T.B. Coquillettidia (Culicidae, Diptera) mosquitoes are natural vectors of avian malaria in Africa. *Malaria Journal*. v. 8, n. 193, 2009.

OSTFELD, R.S. & KEESING, F. Biodiversity and disease risk the case of lyme disease. *Conservation Biology*. v. 14, n. 3, p. 722-728, 2000.

PATZ, J.A.; GRACZYK, T.K.; GELLERA, N. & VITTOR, A.Y. Effects of environmental change on emerging parasitic diseases. *International Journal for Parasitology*. v. 30, p. 1395-1405, 2000.

R CORE TEAM (2014). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>.

REINERT, J.F. Mosquito generic and subgeneric abbreviations (Diptera: Culicidae). *Mosquito Systematics*. v. 7, p.105-110, 1975.

RHYAN, J.C. & SPRAKER, T.R. Emergence of disease from wildlife reservoirs. *Vet. Pathol.* v. 47, n. 1, p. 34-39, 2010.

RIDGELY, R.S. & TUDOR, G. The birds of South America: The suboscine passerines. 1st Edition. Austin: University of Texas Press, 1946. Volume II.

RUEDA, L.M. Global diversity of mosquitoes (Insecta: Diptera: Culicidae) in freshwater. *Hydrobiologia*. v. 595, p. 477–487, 2008.

SANTOS, C.F. Mosquitos (diptera: culicidae) do Parque Estadual da Mata Seca, MG: sazonalidade e impacto da pecuária bovina. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Estadual de Montes Claros. 2011.

SCHMIDT, K.A. & OSTFELD, R.S. Biodiversity and the Dilution Effect in Disease Ecology. *Ecology*. v. 82, n. 3, p. 609–619, 2001.

SCOTT, M.E. The Impact of Infection and Disease on Animal Populations: Implications for Conservation Biology. *Conservation Biology*. v. 2, n. 1, 1988.

SEHGAL, R.N.M. Deforestation and avian infectious diseases. *The Journal of Experimental Biology*, v. 213, p. 955-960, 2010.

SICK, H. *Ornitologia Brasileira*. 3^a Edição. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997. 912 p.

SILVA, A.C. Influência da Regeneração Natural e da Sazonalidade na Comunidade de Mosquitos (Diptera: Culicidae) em uma Floresta Tropical Seca no Norte de Minas Gerais. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Estadual de Montes Claros. 2013.

SILVA, J.S.; ALENCAR, J.; COSTA, J.M.; SEIXAS-LOROSA, E. & GUIMARÃES, A.E. Feeding patterns of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in six Brazilian environmental preservation areas. *Journal of Vector Ecology*, v. 37, n. 2, 2012.

SMITH, K.F.; ACEVEDO-WHITEHOUSE, K. & Pedersen, A.B. The role of infectious diseases in biological conservation. *Animal Conservation*, v. 12, p. 1–12, 2009.

SPENCER, K.A.; BUCHANAN, K.L.; LEITNER, S.; GOLDSMITH, A.R. & CATCHPOLE, C.K. Parasites affect song complexity and neural development in a songbird. *Proceedings of the Royal Society of London B*. v. 272, p. 2037–2043, 2005.

TELFORD, S.R.Jr. Haemoparasites of reptiles. In: HOFF, G.L.; FRYE, F.L. & JACOBSON, E.R. Diseases of Amphibians and reptiles. Florida: plenum Publishing Corporation. p. 385-517, 1984.

THOMPSON, R.C.A.; LYMBERG, A.J. & SMITH, A. Parasites, emerging disease and wildlife conservation. International Journal for Parasitology, v. 40, p. 1163–1170, 2010.

VALKIŪNAS, G. Avian Malaria Parasites and Other Haemosporidia. CRC Press, Boca Raton, Florida. 2005.

VAN RIPER III, C.; VAN RIPER, S.G.; GOFF, M.L. & LAIRD, M. The epizootiology and ecological significance of malaria in hawaiian land birds. Ecological Monographs, v. 56, n.4, p. 327-344, 1986.

VITTOR, A.Y.; GILMAN, R.H.; TIELSCH, J.; GLASS, G.; SHIELDS, T.; LOZANO, W.S.; PINEDO-CANCINO, V. & PATZ, J.A. The effect of deforestation on the human-biting rate of *Anopheles darlingi*, the primary vector of Falciparum malaria in the Peruvian Amazon. Am. J. Trop. Med. Hyg., v. 74, n. 1, p. 3-11, 2006.

VITTOR, A.Y.; PAN, W.; GILMAN, R.H.; TIELSCH, J.; GLASS, G.; SHIELDS, T.; SANCHEZ-LOZANO, W.; PINEDO, V.V.; SALAS-COBOS, E.; FLORES, S.; PATZ, J.A. Linking deforestation to malaria in the Amazon: characterization of the breeding habitat of the principal malaria vector, *Anopheles darlingi*. Am. J. Trop. Med. Hyg., v. 81, n. 1, p. 5-12, 2009.

WALDENSTRÖM, J.; BENSCH, S.; KIBOI, S.; HASSELQUIST, D. & OTTOSSON, U. Cross-species infection of blood parasites between resident and migratory songbirds in Africa. Molecular Ecology, v. 11, p. 1545–1554, 2002.

WEAVER, S. Journal policy on names of aedine mosquito genera and subgenera. The American journal of tropical medicine and hygiene. v. 73, n. 3, p. 481, 2005.

WHO – World Health Organization. Vector-borne diseases. 2014. Disponível em: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs387/en/> Acesso em: 07-01-2015.

10. ANEXOS

Anexo 1. Espécies de Culicidae amostradas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil.

Espécies de Culicidae	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da Seca (set)				Total Geral
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	
Subfamília Anophelinae																	
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) albitarsis</i> l. s (Lynch Arribalzaga 1878)	2	0	1	3	18	0	0	18	4	0	0	4	0	0	0	0	25
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) argyritarsis</i> (Robineau-Desvoidy 1827)	0	0	0	0	203	0	3	206	63	1	2	66	3	0	0	3	275
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) benarrochi</i> (Gabaldón Cova Garcia & Lopez 194	0	0	0	0	2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) brasiliensis</i> (Chagas 1907)	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) darlingi</i> (Root 1926)	0	0	1	1	7	0	0	7	2	0	0	2	0	0	0	0	10
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) deaneorum</i> (Rosa-Freitas 1989)	0	0	0	0	2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) nuneztovari</i> (Gabaldón 1940)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	2
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) rangeli</i> (Gabaldón Cova Garcia & Lopez 1940)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) rondoni</i> (Neiva & Pinto 1922)	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) triannulatus</i> (Neiva & Pinto 1922)	0	0	0	0	1	0	1	2	2	0	0	2	1	0	0	1	5
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) sp.</i>	0	0	0	0	8	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	8
<i>Anopheles sp.</i>	14	1	33	48	264	0	3	267	58	1	1	60	2	0	0	2	377
<i>Anopheles sp2.</i>	0	0	0	0	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Subfamília Culicinae																	
Tribo Aedeomyiini																	
<i>Aedeomyia (Aedeomyia) squamipennis</i> (Lynch Arribalzaga 1878)	6	0	0	6	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	8
Tribo Aedini																	
<i>Aedes (Stegomyia) albopictus</i> (Skuse 1894)	0	1	6	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7
<i>Aedes (Ochlerotatus) hastatus</i> (Dyar 1922)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Aedes (Ochlerotatus) pennai</i> (Antunes & Lane 1938)	0	4	6	10	2	0	0	2	0	0	1	1	0	0	0	0	13
<i>Aedes (Ochlerotatus) scapularis</i> (Rondani 1848)	2719	3509	2796	9024	264	39	63	366	8	1	1	10	0	1	0	1	9401
<i>Aedes (Ochlerotatus) serratus</i> (Theobald 1901)	0	3	0	3	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	4

Anexo 1. Espécies de Culicidae amostradas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil. (Cont.)

Espécies de Culicidae	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da Seca (set)				Total Geral
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	
<i>Aedes</i> sp.	397	472	176	1045	17	0	0	17	0	0	0	0	0	0	0	0	1062
<i>Aedes (Ochlerotatus) stigmaticus</i> (Edwards 1922)	103	76	100	279	5	10	1	16	0	0	0	0	0	0	0	0	295
<i>Haemagogus (Haemagogus) janthinomys</i> (Dyar 1921)	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Haemagogus (Conopostegus) leucoceleaenus</i> (Dyar & Shannon 1924)	0	0	11	11	0	0	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	14
<i>Haemagogus (Haemagogus) spegazzini</i> (Brethes, 1912)	9	33	24	66	11	17	19	47	0	0	0	0	0	0	0	0	113
<i>Haemagogus</i> sp.	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Psorophora (Janthinosoma) albigena</i> (Peryassu 1908)	0	0	0	0	0	5	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	5
<i>Psorophora (Janthinosoma) albipes</i> (Theobald 1907)	3	12	7	22	0	12	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	34
<i>Psorophora (Psorophora) ciliata</i> (Fabricius 1794)	17	2	10	29	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	31
<i>Psorophora (Grabhamia) cingulata</i> (Fabricius 1805)	0	3	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Psorophora (Janthinosoma) discrucians</i> (Walker 1856)	619	160	744	1523	6	0	1	7	0	0	0	0	0	0	0	0	1530
<i>Psorophora (Janthinosoma) ferox</i> (Von Humboldt 1819)	16	9	12	37	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	38
<i>Psorophora (Janthinosoma)</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Psorophora</i> sp.	301	149	501	951	2	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	954
Tribo Mansoniini																	
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) arribalzagae</i> (Theobald, 1903)	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) hermanoi</i> (Lane & Coutinho 1940)	1674	21	1288	2983	580	6	6	592	0	0	0	0	0	0	0	0	3575
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) nigricans</i> (Coquillett 1904)	51	0	43	94	52	0	2	54	1	0	0	1	0	0	0	0	149
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) shannoni</i> (Lane & Antunes, 1937)	0	0	0	0	1	0	4	5	0	0	0	0	0	0	0	0	5
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) venezuelensis</i> (Theobald 1912)	21	1	9	31	43	1	2	46	0	0	0	0	0	0	0	0	77
<i>Coquillettidia</i> sp.	889	6	1188	2083	280	1	0	281	0	0	0	0	0	0	0	0	2364
<i>Mansonia (Mansonia) humeralis</i> (Dyar & Knab 1916)	87	2	170	259	44	1	0	45	10	0	0	10	0	0	0	0	314
<i>Mansonia (Mansonia) indubitans</i> (Dyar & Shannon 1925)	0	0	1	1	56	11	9	76	0	0	0	0	0	0	0	0	77
<i>Mansonia (Mansonia) pseudotitillans</i> (Theobald 1901)	7	3	1	11	196	35	31	262	6	0	1	7	0	0	0	0	280
<i>Mansonia (Mansonia) titillans</i> (Walker 1848)	635	57	437	1129	3375	81	106	3562	345	9	43	397	49	0	1	50	5138
<i>Mansonia</i> sp.	2	0	0	2	25	0	0	25	0	2	0	2	0	0	0	0	29

Anexo 1. Espécies de Culicidae amostradas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil. (Cont.)

Espécies de Culicidae	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da Seca (set)				Total Geral	
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total		
Tribo Culicini																		
<i>Culex (Culex) habilitator</i> (Dyar & Knab 1906)	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Culex (Aedinus)</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Culex (Culex)</i> sp.	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Culex (Melanoconion)</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Culex</i> sp.	49	43	112	204	0	13	2	15	1	0	0	1	0	0	0	0	0	220
Tribo Uranotaeniini																		
<i>Uranotaenia (Uranotaenia) geometrica</i> (Theobald 1901)	0	2	1	3	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	4
<i>Uranotaenia (Uranotaenia) pulcherrima</i> (Lynch Arribalzaga 1891)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0	0	2
<i>Uranotaenia</i> sp.	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Total Geral	7621	4569	7684	19874	5477	235	260	5972	501	16	50	567	56	1	1	58	26471	

Anexo 2. Espécies de aves capturadas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil.

Espécies de Aves	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da seca (set)				Total Geral	
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total		
Família Accipitridae																		
<i>Rupornis magnirostris</i> (Gmelin 1788)	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Família Bucconidae																		
<i>Nystalus maculatus</i> (Gmelin 1788)	5	0	0	5	0	1	0	1	2	1	0	3	4	2	1	7	16	
Família Columbidae																		
<i>Columbina minuta</i> (Linnaeus 1766)	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	3	
<i>Columbina picui</i> (Temminck 1813)	3	0	0	3	2	0	0	2	4	0	0	4	1	0	0	1	10	
<i>Columbina squammata</i> (Lesson 1831)	6	3	0	9	1	0	0	1	0	0	0	0	2	0	1	3	13	
<i>Columbina talpacoti</i> (Temminck 1811)	1	0	0	1	1	0	0	1	3	0	0	3	0	0	0	0	5	
<i>Columbina</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
<i>Leptotila verreauxi</i> (Bonaparte 1855)	0	0	0	0	1	1	0	2	1	1	0	2	0	0	1	1	5	
Família Corvidae																		
<i>Cyanocorax cyanopogon</i> (Wied 1821)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2	0	2	3	
Família Dendrocolaptidae																		
<i>Dendrocolaptes platyrostris</i> (Spix 1825)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	2	
<i>Lepidocolaptes angustirostris</i> (Vieillot 1818)	1	0	0	1	0	3	0	3	0	0	0	0	0	1	0	1	5	
<i>Lepidocolaptes wagleri</i> (Spix 1824)	0	1	0	1	0	0	2	2	0	0	2	2	0	0	1	1	6	
<i>Sittasomus griseicapillus</i> (Vieillot 1818)	0	1	4	5	0	3	5	8	0	0	2	2	0	2	0	2	17	
<i>Xiphocolaptes falcirostris</i> (Spix 1824)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
Família Furnariidae																		
<i>Furnarius leucopus</i> (Swainson 1838)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3	3	
<i>Synallaxis albescens</i> (Temminck 1823)	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	
<i>Synallaxis frontalis</i> (Pelzeln 1859)	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
<i>Synallaxis scutata</i> (Sclater 1859)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	3	

Anexo 2. Espécies de aves capturadas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil. (Cont.)

Espécies de Aves	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da seca (set)				Total Geral
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	
Família Icteridae																	
<i>Icterus jamacaii</i> (Gmelin 1788)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
Família Onychorhynchidae																	
<i>Myiobius barbatus</i> (Gmelin 1789)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1
Família Parulidae																	
<i>Basileuterus flaveolus</i> (Baird 1865)	0	0	1	1	0	1	1	2	0	0	0	0	0	1	1	2	5
<i>Parula pitaiayumi</i> (Vieillot 1817)	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Família Passerellidae																	
<i>Ammodramus humeralis</i> (Bosc 1792)	7	0	0	7	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	9
Família Picidae																	
<i>Colaptes melanochloros</i> (Gmelin 1788)	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Picumnus pygmaeus</i> (Lichtenstein 1823)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	2
Família Psittacidae																	
<i>Aratinga cactorum</i> (Kuhl 1820)	2	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Família Polioptilidae																	
<i>Polioptila dumicola</i> (Vieillot 1817)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	2
<i>Polioptila plumbea</i> (Gmelin 1788)	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	3
Família Rhynchocyclidae																	
<i>Hemitriccus margaritaceiventer</i> (d'Orbigny & Lafresnaye 1837)	0	0	0	0	0	2	0	2	0	1	1	2	0	0	1	1	5
<i>Leptopogon amaurocephalus</i> (Tschudi 1846)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Todirostrum cinereum</i> (Linnaeus 1766)	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	3
<i>Tolmomyias flaviventris</i> (Wied 1831)	0	0	3	3	0	1	2	3	0	0	2	2	1	0	4	5	13
<i>Tolmomyias sulphurescens</i> (Spix 1825)	0	0	3	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	3	3	7

Anexo 2. Espécies de aves capturadas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil. (Cont.)

Espécies de Aves	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da seca (set)				Total Geral
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	
Família Thamnophilidae																	
<i>Formicivora grisea</i> (Boddaert 1783)	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1
<i>Formicivora melanogaster</i> (Pelzeln 1868)	0	0	1	1	0	2	2	4	0	2	6	8	0	2	0	2	15
<i>Herpsilochmus sellowi</i> (Whitney & Pacheco 2000)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
<i>Sakesphorus cristatus</i> (Wied 1831)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2	1	3	5
<i>Thamnophilus capistratus</i> (Lesson 1840)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	2
<i>Thamnophilus pelzelni</i> (Hellmayr 1924)	0	0	6	6	0	1	11	12	0	3	3	6	1	8	4	13	37
Família Thraupidae																	
<i>Conirostrum speciosum</i> (Temminck 1824)	0	0	1	1	0	2	2	4	1	1	0	2	1	0	1	2	9
<i>Lanio pileatus</i> (Wied 1821)	21	2	3	26	10	0	2	12	15	3	3	21	45	3	1	49	108
<i>Paroaria dominicana</i> (Linnaeus 1758)	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	2	2	0	4	6
<i>Sporophila nigricollis</i> (Vieillot 1823)	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	3
<i>Sporophila</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	4	4
<i>Thlypopsis sordida</i> (d'Orbigny & Lafresnaye 1837)	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Volatinia jacarina</i> (Linnaeus 1766)	38	0	0	38	5	0	0	5	0	1	0	1	68	0	0	68	112
Família Tityridae																	
<i>Pachyramphus polychopterus</i> (Vieillot 1818)	0	0	1	1	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Família Troglodytidae																	
<i>Troglodytes musculus</i> (Naumann 1823)	0	0	1	1	0	0	2	2	2	0	1	3	0	0	1	1	7
Família Turdidae																	
<i>Turdus albicollis</i> (Vieillot 1818)	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	2
<i>Turdus amaurochalinus</i> (Cabanis 1850)	0	2	2	4	2	2	0	4	0	0	0	0	1	0	0	1	9
<i>Turdus leucomelas</i> (Vieillot 1818)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1

Anexo 2. Espécies de aves capturadas nas estações seca e chuvosa no período entre abril de 2013 e janeiro de 2014 no Parque Estadual da Mata Seca (PEMS), no município de Manga, no norte do estado de Minas Gerais, Brasil. (Cont.)

Espécies de Aves	Início da Chuvosa (jan)				Final da Chuvosa (abr)				Início da Seca (jun)				Final da seca (set)				Total Geral	
	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total	INI	INT	TAR	Total		
Família Tyrannidae																		
<i>Camptostoma obsoletum</i> (Temminck 1824)	3	0	0	3	1	1	0	2	1	0	0	1	1	0	1	2		8
<i>Casiornis fuscus</i> (Sclater & Salvin 1873)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
<i>Cnemotriccus fuscatus</i> (Wied 1831)	0	0	0	0	0	1	2	3	0	2	2	4	0	1	0	1		8
<i>Elaenia albiceps</i> (D'Orbigny & Lafresnaye 1837)	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
<i>Elaenia</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
<i>Euscarthmus meloryphus</i> (Wied 1831)	0	0	0	0	2	0	0	2	0	0	0	0	3	0	0	3		5
<i>Knipolegus franciscanus</i> (Sneath 1928)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1		1
<i>Lathrotriccus euleri</i> (Cabanis 1868)	0	0	0	0	0	2	2	4	0	1	0	1	0	0	1	1		6
<i>Myiarchus swainsoni</i> (Cabanis & Heine 1859)	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		2
<i>Myiarchus tyrannulus</i> (Statius Muller 1776)	0	0	0	0	0	2	0	2	2	0	1	3	4	2	2	8		13
<i>Myiodynastes maculatus</i> (Statius Muller 1776)	5	1	3	9	2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	1	1		12
<i>Myiopagis viridicata</i> (Vieillot 1817)	0	4	3	7	1	2	11	14	0	0	0	0	0	0	0	0		21
<i>Myiophobus fasciatus</i> (Statius Muller 1776)	1	0	0	1	1	0	0	1	2	0	0	2	0	0	0	0		4
<i>Myiozetetes cayanensis</i> (Linnaeus 1766)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1		1
<i>Myiozetetes similis</i> (Spix 1825)	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0		1
<i>Phaeomyias murina</i> (Spix 1825)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1		1
<i>Phyllomyias reiseri</i> (Hellmayr 1905)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
<i>Tyrannus melancholicus</i> (Vieillot 1819)	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1		2
Família Vireonidae																		
<i>Cyclarhis gujanensis</i> (Gmelin 1789)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1		2
Total Geral	100	16	37	153	39	34	46	119	36	17	30	83	149	36	31	216		571