

EFEITO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS NA DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL ATUAL E FUTURA DE *MOLOSSUS MOLOSSUS* (CHIROPTERA: MOLOSSIDAE): RESERVATÓRIO DE ORTHOHANTAVIRUS

**FERNANDO DA SILVA MOREIRA¹; GRATCHELA DUTRA RODRIGUES²;
DIULIANI FONSECA MORALES³; RODRIGO FERREIRA KRÜGER⁴**

¹ Programa de microbiologia e parasitologia, Universidade Federal de Pelotas, 96160-000, Capão do Leão-RS, Brasil – e-mail- fernando.ppgmparufpel@gmail.com

² Programa de biodiversidade animal, Universidade Federal de Pelotas, 96160-000, Capão do Leão-RS, Brasil - e-mail- gratirodrigues.GDR@gmail.com

³ Programa de microbiologia e parasitologia, Universidade Federal de Pelotas, 96160-000, Capão do Leão-RS, Brasil – e-mail- diulimoralesfonseca@gmail.com

⁴ Laboratório de ecologia de parasitos e vetores LEPaV, Universidade Federal de Pelotas, 96160-000, Capão do Leão-RS, Brasil - e-mail- rfkruger@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

As doenças infecciosas emergentes (DIE) em seres humanos têm origem zoonótica, ou seja, são transmitidas de animais para pessoas. Dentre essas doenças, uma parcela significativa é proveniente de hospedeiros selvagens, como os morcegos (ALLEN et al. 2017). Vírus encontrados em morcegos têm potencial de se tornarem DIE (CALISHER et al. 2006), destacando-se o Orthohantavirus (= hantavírus) (Bunyavirales, Hantaviridae). A manutenção e transmissão desses vírus cruzou barreiras de espécies para infectar mamíferos selvagens e domésticos e também humanos (MORATELLI; CALISHER, 2015; BROOK; DOBSON, 2015). Nos últimos anos, alguns estudos sugerem coletivamente que os morcegos estariam agindo como reservatórios naturais de hantavírus e que poderiam estar associados à doença humana. (DE OLIVEIRA et al. 2014).

Na região neotropical, trabalhos recentes relataram soropositividade para vários casos de infecção por Orthohantavirus em diferentes espécies de morcegos (DE ARAÚJO et al. 2012; SABINO-SANTOS, et al. 2015; 2018; 2020; BUENO et al. 2022). Dentre essas espécies soropositivas está *Molossus molossus* (Pallas, 1766), amplamente distribuída nas Américas Central, do Sul e Caribe, ocorrendo em habitats variados, desde florestas tropicais até áreas urbanizadas. Outros agentes patológicos virais já foram descritos com associações a *M. molossus* na região neotropical, destacam-se os gêneros Alphacoronavírus, Rotavírus, Lyssavírus. e Chaphamaparvovírus (LIMA et al. 2013; ASANO et al. 2016; DE OLIVEIRA; BONVICINO, 2020).

Esse estudo constitui a primeira avaliação sobre os possíveis efeitos das mudanças climáticas globais para a potencial distribuição geográfica de *M. molossus*, considerada por diversos autores, como uma das principais espécies de morcegos reservatórios da região neotropical, por abrigar/hospedar diferentes agentes patológicos causadores ou potenciais causadores de zoonoses (BUENO et al. 2022; RAMOS et al. 2023; CASTELO-BRANCO et al. 2023).

Os modelos de nicho ecológico (MNE) possibilitam obter informações sobre a potencial distribuição geográfica dos organismos de interesse em diferentes cenários temporais, abrangendo o presente, o passado e o futuro. Por isso, conhecer a distribuição geográfica atual e futura de *M. molossus* em diferentes áreas da região neotropical pode ser um importante passo do ponto de vista epidemiológico para compreender o comportamento da espécie, frente às mudanças climáticas em ambientes naturais e modificados pela ação humana.

O presente estudo teve como objetivo determinar através de um cenário climático atual e dois diferentes caminhos socioeconômicos compartilhados

(SSP2-4.5 e SSP5-8.5) projetados para o futuro (2070) quais os efeitos das mudanças climáticas sobre a potencial distribuição geográfica de *Molossus molossus* (Pallas, 1766) na região Neotropical.

2. METODOLOGIA

A obtenção dos registros de ocorrência para *M. molossus*, ocorreu através de bancos como GBIF - *Global Biodiversity Information Facility*, (www.gbif.org) e *Specieslink* (<http://splink.cria.org.br>). Para a construção dos MNE para a espécie *M. molossus*, foram obtidas primeiramente 19 variáveis bioclimáticas mais a de elevação, ambas com resolução espacial de 10 *arc.* minutos (~ 20 km). Os dados primários das camadas climáticas foram obtidos da fonte CMIP6, a partir da base *Worldclim*, v. 2.1. Para modelar o período atual (1970-2000) e o período futuro 2070 disponível no site (WorldClim) (FICK; HIJMANS, 2017). Na sequência, foi realizado o teste de correlação de Pearson, em que removeu-se as variáveis que apresentaram $|r|$ maior que 0,75 de correlação (HERNANDEZ et al. 2006; ANCILLOTTO et al. 2020). As variáveis selecionadas foram, temperatura média anual (Bio1), a variação média diurna (Bio2), isothermalidade (Bio3), precipitação do trimestre mais quente (Bio18), precipitação anual (Bio12) e a variável ambiental (elevação). Dois caminhos socioeconômicos compartilhados (SSP2-4.5 e SSP5-8.5) foram utilizados. As simulações dos cenários SSP2-4.5 e SSP5-8.5 feitas para a espécie de morcego-de-cauda-livre, foram realizadas por dois modelos de circulação global (MCG's): IPSL-CM6A-LR e MPI-ESM1-2-LR. A escolha dos MGG's se deu através do estudo de Dias e Reboita, (2021).

Os modelos foram desenvolvidos utilizando o algoritmo *MaxEnt* versão 3.4.3 (PHILLIPS et al. 2022). Todos os processos de MNE para *M. molossus* foram realizados no R versão 4.2.2 (R CORE TEAM, 2022) juntamente dos pacotes *tidyverse*, *raster*, *kuenm*, *ellipsenm* e *spThin*, assim como o software QGIS v. 3.18.2 (QGIS DEVELOPMENT TEAM, 2022) utilizado para visualizar os mapas. Para escolher as configurações de parâmetros ideais entre os modelos candidatos, nós utilizamos: a) o teste de significância estatística via operação parcial do receptor (ROC, sigla em inglês) com 500 interações; b) o desempenho do modelo (medido através do erro de omissão aceitável de $E = 0,05$); c) a complexidade do modelo utilizando o critério de informação de Akaike (AIC, sigla em inglês) (WARREN; SEIFERT, 2011). Todas as combinações possíveis dos tipos de características linear (l), quadrática (q), produto (p), limiar (t) e dobradiça (h) foram testadas, assim como diferentes valores multiplicadores de regularização (0.1; 1; 0.1; 2, 6, 1, 8 e 10). Os modelos foram construídos utilizando três conjuntos de combinações das seis variáveis selecionadas. Assim, exploramos um total de 1054 modelos candidatos. Os pontos de ocorrência para a espécie de morcego-de-cauda-livre, foram separados em dois conjuntos, sendo um para treino (70% dos pontos para rodar o modelo) e outro para teste (30% dos pontos para avaliar o modelo). Os parâmetros dos modelos finais foram escolhidos como a mediana de 5 réplicas por *bootstrap* (correspondente ao melhor conjunto de parâmetros do modelo), com formato de saída *logistic*, sendo projetados para condições atuais e futuras (2070) na região Neotropical. Utilizou-se o pacote *kuenm* (COBOS et al. 2019) tanto para avaliar modelos finais quanto para transferir modelos para condições futuras. As áreas que apresentaram condições extrapolativas foram identificadas através da análise de paridade orientada para a mobilidade (MOP) (OWENS et al. 2013), comparando as condições entre as áreas de calibração e transferência ao longo dos 2 GCM's \times 2 SSP's \times 1 período de tempo que compuseram nossos cenários futuros.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 1054 modelos avaliados, dois modelos foram selecionados, apresentando um valor de AICc= 11.356,79 e taxa de omissão de 0.03. Estes modelos incluem três tipos de características: It e Ipt (*linear, product e thresholds*) com uma regularização de parâmetro 1. Com a taxa de omissão conseguimos avaliar a assertividade dos pontos de ocorrências em que, dos 536 pontos de presença *M. molossus*, os modelos falharam em apenas 16 pontos.

Em relação à distribuição no cenário atual para *M. molossus* foi possível verificar que tal espécie tem preferência por regiões mais quentes e litorâneas como ilhas Caribenhas e litoral nordeste do Brasil. Em termos de ocorrência ao sul do Neotrópico, essa espécie apresentou adequabilidade para até o estado do Paraná. Esses achados corroboram com o comportamento de *M. molossus* que possui preferência por valores mais altos de temperatura e umidade, mostrando que ela possui uma restrição a ambientes mais frios (MORAIS et al. 2013). Mesmo possuindo restrições a climas frios, *M. molossus* demonstrou ter um range maior que *Mesophylla macconnelli* que possui distribuição estrita para o norte da América do Sul (SILVA et al. 2023).

De acordo com as previsões obtidas para os modelos do futuro, ano de 2070, é possível identificar que ocorrerão áreas na região da Amazônia que *M. molossus* não ocorrerá mais. Tal comportamento, tanto para o SSP2-4.5 quanto SSP5-8.5, se dará possivelmente devido à diminuição da pluviosidade e consequente menor disponibilidade de água, mas uma vez confirmado que a chuva é que influencia no ciclo reprodutivo de *M. molossus* RACEY, 1982.

4. CONCLUSÕES

Com este trabalho conseguimos realizar a primeira projeção de *M. molossus* para o Neotrópico e confirmar que as alterações climáticas, ocasionadas devido ao aumento de gases de efeito estufa, são capazes de interferir na área de distribuição de *M. molossus*. Nesse sentido, em se tratando desse morcego como reservatório de Orthohantavirus teremos uma diminuição no range de distribuição.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLEN, T. et al. Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases. **Nature communications**, v. 8, n. 1, p. 1124, 2017.
- ANCILLOTTO, L. et al. An African bat in Europe, *Plecotus gaisleri*: Biogeographic and ecological insights from molecular taxonomy and Species Distribution Models. **Ecology and Evolution**, v. 10, n. 12, p. 5785-5800, 2020.
- ASANO, K. M. et al. Group A rotavirus in Brazilian bats: description of novel T15 and H15 genotypes. **Archives of Virology**, v. 161, p. 3225-3230, 2016.
- BROOK, C. E.; DOBSON, A. P. Bats as 'special' reservoirs for emerging zoonotic pathogens. **Trends in microbiology**, v. 23, n. 3, p. 172-180, 2015.
- BUENO, L. M. et al. Serological evidence of hantavirus infection in neotropical bats in an urban area of São Paulo State, Brazil. **Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 117, n. 4, p. 297-300, 2023.
- CALISHER, C. H. et al. Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. **Clinical microbiology reviews**, v. 19, n. 3, p. 531-545, 2006.
- CHAIYES, A. et al. Mapping risk of Nipah virus transmission from bats to humans in Thailand. **EcoHealth**, v. 19, n. 2, p. 175-189, 2022.
- DE OLIVEIRA, R. C. et al. Rio Mamoré virus and hantavirus pulmonary syndrome, Brazil. **Emerging Infectious Diseases**, v. 20, n. 9, p. 1568, 2014.

- DE OLIVEIRA, M. B.; BONVICINO, C. Incidence of viruses in Neotropical bats. **Acta Chiropterologica**, v. 22, n. 2, p. 461-489, 2020.
- DE ARAUJO, J. et al. Detection of hantavirus in bats from remaining rain forest in São Paulo, Brazil. **BMC research notes**, v. 5, p. 1-5, 2012.
- DIAS, C. G.; REBOITA, M. S. Assessment of CMIP6 simulations over tropical South America. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 14, n. 3, p. 1282-1295, 2021.
- FICK, S. E.; HIJMANS, R. J. WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. **International journal of climatology**, v. 37, n. 12, p. 4302-4315, 2017.
- GUISAN, A.; THUILLER, W. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. **Ecology letters**, v. 8, n. 9, p. 993-1009, 2005.
- HERNANDEZ, P. A. et al. The effect of sample size and species characteristics on performance of different species distribution modeling methods. **Ecography**, v. 29, n. 5, p. 773-785, 2006.
- LIMA, F. E. de S. et al. Detection of Alphacoronavirus in velvety free-tailed bats (*Molossus molossus*) and Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) from urban area of Southern Brazil. **Virus Genes**, v. 47, p. 164-167, 2013.
- MORAIS, D. B. et al. Organization and seasonal quantification of the intertubular compartment in the bat *Molossus molossus* (Pallas, 1776) testis. **Microscopy Research and Technique**, v. 76, n. 1, p. 94-101, 2013.
- MORATELLI, R.; CALISHER, C. H. Bats and zoonotic viruses: can we confidently link bats with emerging deadly viruses? **Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, p. 1-22, 2015.
- OWENS, H. L. et al. Constraints on interpretation of ecological niche models by limited environmental ranges on calibration areas. **Ecological modelling**, v. 263, p. 10-18, 2013.
- PHILLIPS S.J., DUDÍK M., SCHAPIRE R.E. **Maxent software for modeling species niches and distributions (Version 3.4.3)**. 2022. Available: http://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/maxent/ [acc August 2, 2022].
- RACEY, P. A. Ecology of bat reproduction. In: KUNZ, T. H. (ed.) **Ecology of bats**. New York: Plenum Press, p. 57-104, 1982.
- RAMOS, E. do S. F. et al. Novel Chaphamaparvovirus in Insectivorous *Molossus molossus* Bats, from the Brazilian Amazon Region. **Viruses**, v. 15, n. 3, p. 606, 2023.
- SABINO-SANTOS JR, G. et al. Evidence of hantavirus infection among bats in Brazil. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 93, n. 2, p. 404, 2015.
- SABINO-SANTOS JR, G. et al. Natural infection of Neotropical bats with hantavirus in Brazil. **Scientific reports**, v. 8, n. 1, p. 9018, 2018.
- SABINO-SANTOS, G., FERREIRA, F. F., DA SILVA, D. J. F., MACHADO, D. M., SABINO-SANTOS JR, G. et al. Hantavirus antibodies among phyllostomid bats from the arc of deforestation in Southern Amazonia, Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 67, n. 3, p. 1045-1051, 2020.
- SILVA, F. P. et al. Pleistocene distribution of MacConnell's Bat (Phyllostomidae) suggests intermittent connections between Amazonia and Atlantic Forest. **Therya**, v. 14, n. 1, p. 55-62, 2023.