



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Detecção e caracterização de paramixovírus em morcegos hematófagos (<i>Desmodus rotundus</i>) do Rio Grande do Sul
Autor	JULIANA DO CANTO OLEGÁRIO
Orientador	CLAUDIO WAGECK CANAL

Deteção e caracterização de paramixovírus em morcegos hematófagos (*Desmodus rotundus*) do Rio Grande do Sul

Juliana do Canto Olegário e Cláudio Wageck Canal

Laboratório de Virologia Veterinária, Faculdade de Veterinária, UFRGS

O papel dos morcegos na transmissão de agentes virais é de extrema relevância em saúde pública, visto que certas espécies servem como reservatórios naturais para diversos vírus, como o vírus da raiva, o coronavírus causador da síndrome respiratória aguda grave (SARS) e os vírus Hendra e Nipah. Os dois últimos fazem parte da família *Paramyxoviridae*, cujos integrantes são envelopados, com genoma de RNA fita simples de sentido negativo e de tamanho aproximado de 15 kb. Os vírus dessa família causam doenças importantes em humanos e animais, como sarampo, caxumba, cinomose canina, peste bovina e doença de Newcastle, além de existirem relatos de detecções esporádicas de outros membros da família em uma grande variedade de morcegos de espécies frugívoras e insetívoras. No Brasil, o morcego-vampiro (*Desmodus rotundus*) apresenta um alto potencial para a transmissão de doenças interespecíficas devido à sua abundância, seu hábito alimentar hematófago e seu comportamento social, mas a diversidade de patógenos que ele pode carrear ainda não é bem esclarecida. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi detectar e caracterizar paramixovírus em morcegos hematófagos (*Desmodus rotundus*). Foram realizadas necropsias e coletas de órgãos de 18 morcegos nos municípios de Maquiné, São Sebastião do Caí e Estância Velha, no Rio Grande do Sul, entre os anos de 2017 e 2019. Inicialmente, um *pool* de vísceras (encéfalo, coração, rim, fígado e pulmão) e um *pool* de intestinos de cada colônia foram preparados e submetidos ao sequenciamento de alto desempenho (HTS) e analisados para a presença de vírus de interesse. Em dois *pools*, foram detectados cinco contigs virais que, quando comparados a um banco de dados, possuíram maior identidade com sequências de paramixovírus de morcegos, um provável novo gênero ainda não caracterizado pertencente à família *Paramyxoviridae*. A partir desse resultado, *pools* de órgãos de cada indivíduo foram submetidos a extração de RNA e a RT-PCR utilizando iniciadores pan-paramixovírus para amplificação de um fragmento do gene L. Amostras de seis animais foram positivas e o produto de PCR de uma delas foi purificado e enviado para sequenciamento Sanger. A sequência resultante foi analisada e obteve identidade de nucleotídeos de 72% com uma sequência de paramixovírus de morcegos já descrita. Diversos paramixovírus tem sido descritos em morcegos, sendo que muitos ainda permanecem sem classificação ou dados sobre seu potencial patogênico. O presente trabalho está em andamento e tem como perspectiva a identificação dos órgãos infectados e a amplificação de outros genes para caracterização e análise filogenética mais completa dessas novas espécies.