



IDENTIFICAÇÃO DE PARVOVÍRUS EM MORCEGOS *Artibeus lituratus*

Marina Beretta Duarte¹, Paulo Michel Roehe²

1 Autora, graduanda em Biomedicina, UFCSPA - marinabd@ufcspa.edu.br
2 Orientador, LABVIR/ UFRGS - proehe@gmail.com

INTRODUÇÃO

Os animais silvestres podem atuar como reservatórios de vírus potencialmente patogênicos, inclusive para humanos. Dentre estes, os morcegos se destacam como reservatórios de patógenos zoonóticos emergentes. Atualmente, o sequenciamento de alta performance vem sendo amplamente utilizado com o objetivo de identificar novos agentes infecciosos, o que tem viabilizado a identificação de diversos vírus previamente desconhecidos através de análises metagenômicas. Dentre outros achados, no presente estudo foi possível identificar parte do genoma de um parvovírus, até então não reportado em morcegos da espécie *Artibeus lituratus*.

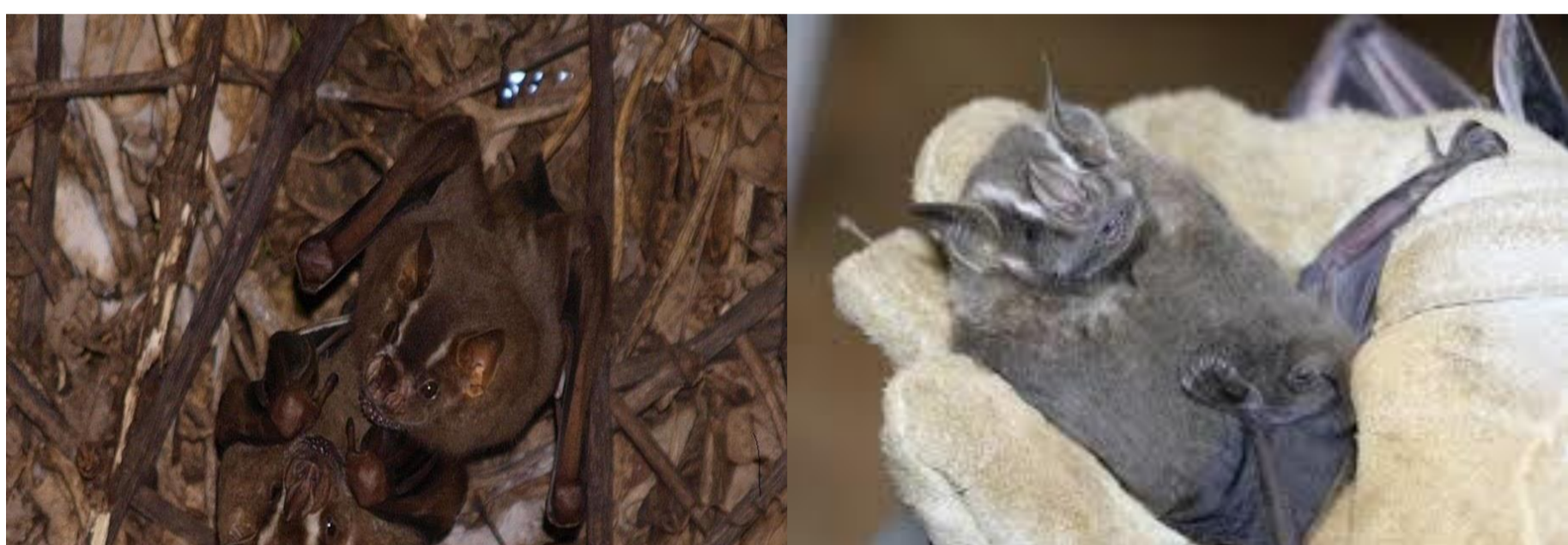
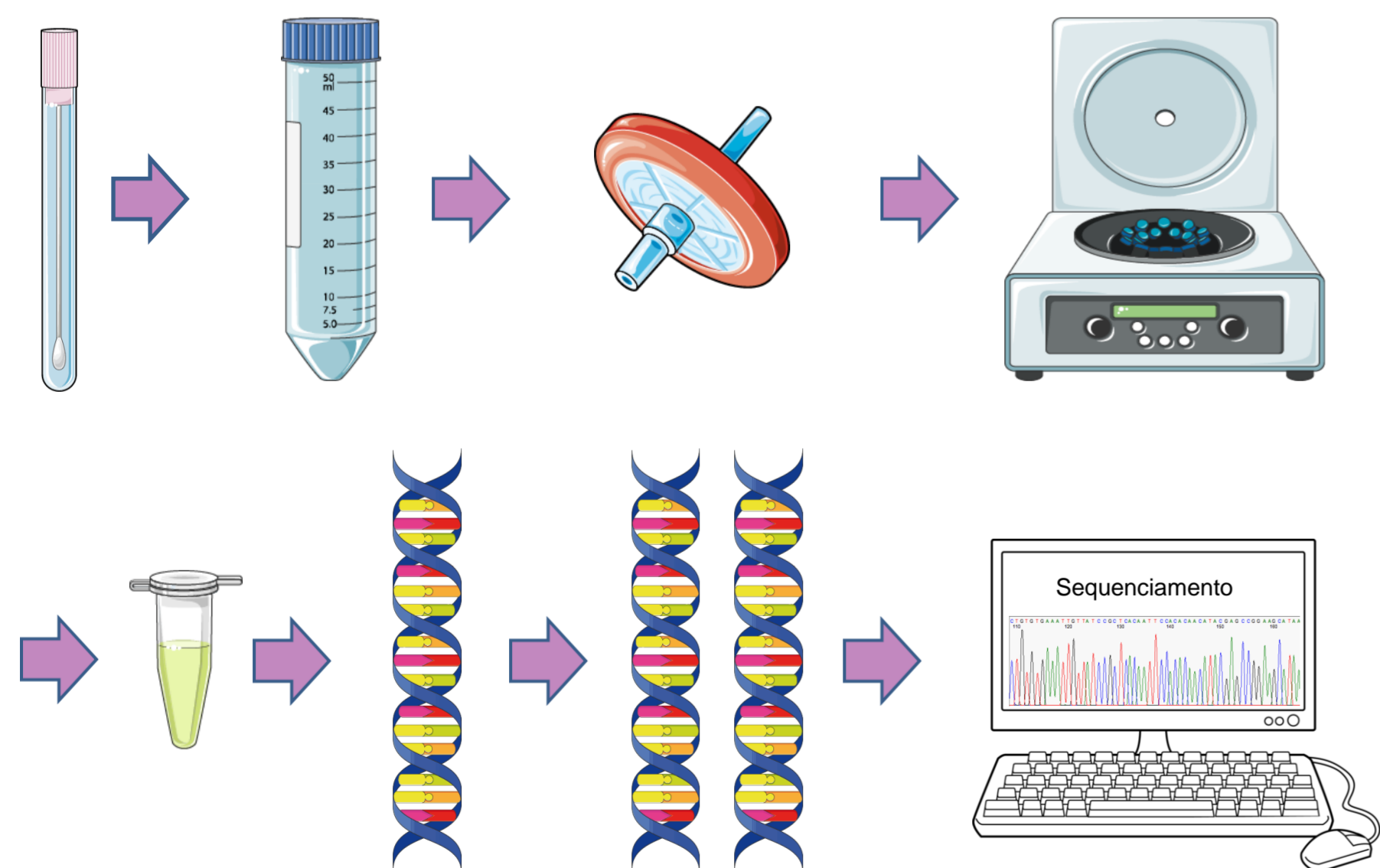


Figura 1: Imagens de *Artibeus lituratus*.

METODOLOGIA

Suabes anais e orofaríngeas de 69 morcegos da espécie *Artibeus lituratus* foram coletados, eluídos em PBS e armazenados em pools. Aproximadamente 20 mL foram filtrados (0,22µm) e ultracentrifugados sobre um colchão de sacarose 25%. O sedimento obtido foi ressuspenso em tampão TE. O material foi então extraído com clorofórmio e submetido a tratamento com RNase e DNase para eliminar ácidos nucleicos não encapsulados. Após, procedeu-se a extração de DNA com fenol e precipitação com etanol. O DNA extraído foi submetido à amplificação randômica utilizando primers K- random e K. A seguir, foram construídas as bibliotecas genômicas para sequenciamento de alta performance.



RESULTADOS E DISCUSSÃO

Até o presente, foram identificados dois fragmentos genômicos com similaridade de 70,9% à proteína do capsídeo viral e de 79,8% à proteína não estrutural de um parvovírus identificado na espécie *Desmodus rotundus*. Este achado representa o primeiro registro de parvovírus em morcegos da espécie *Artibeus lituratus*. Por meio da análise filogenética também foi possível demonstrar a formação de um cluster contendo *Artibeus lituratus parvovirus* e *Desmodus rotundus parvovirus*. Não obstante, a distância evolutiva entre o cluster formado e as demais sequências indica que essas duas amostras podem formar um novo gênero de parvovírus distinto dos reportados até o momento.

Fragmento	Tamanho (AA)	Proteína	Espécie	Genbank ID	Identidade	e-value
<i>Artibeus lituratus</i> parvovirus NS1	390	Proteína não-estrutural 1	<i>Desmodus rotundus</i> parvovirus	YP_009328889	70.9%	0
<i>Artibeus lituratus</i> parvovirus capsid	340	Proteína do capsídeo	<i>Desmodus rotundus</i> parvovirus	YP_009328890	80.0%	0

Tabela 1. Resultados do Blastx dos fragmentos de parvovírus detectados.

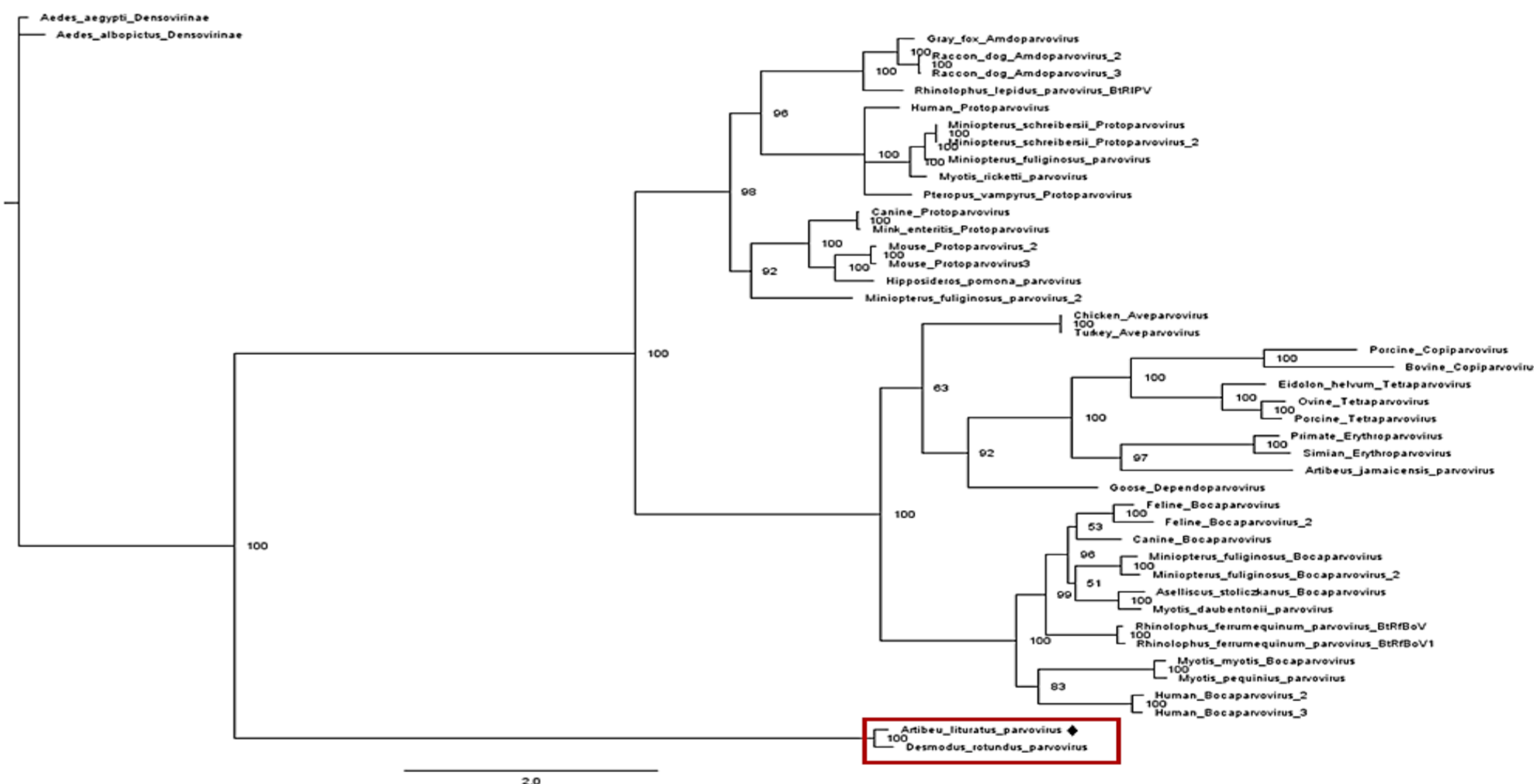


Figura 2: Árvore filogenética baseada no fragmento do gene da proteína do capsídeo de Parvovirus. Destacado em vermelho o cluster formado pelo *A. lituratus parvovirus* e *D. rotundus parvovirus*.

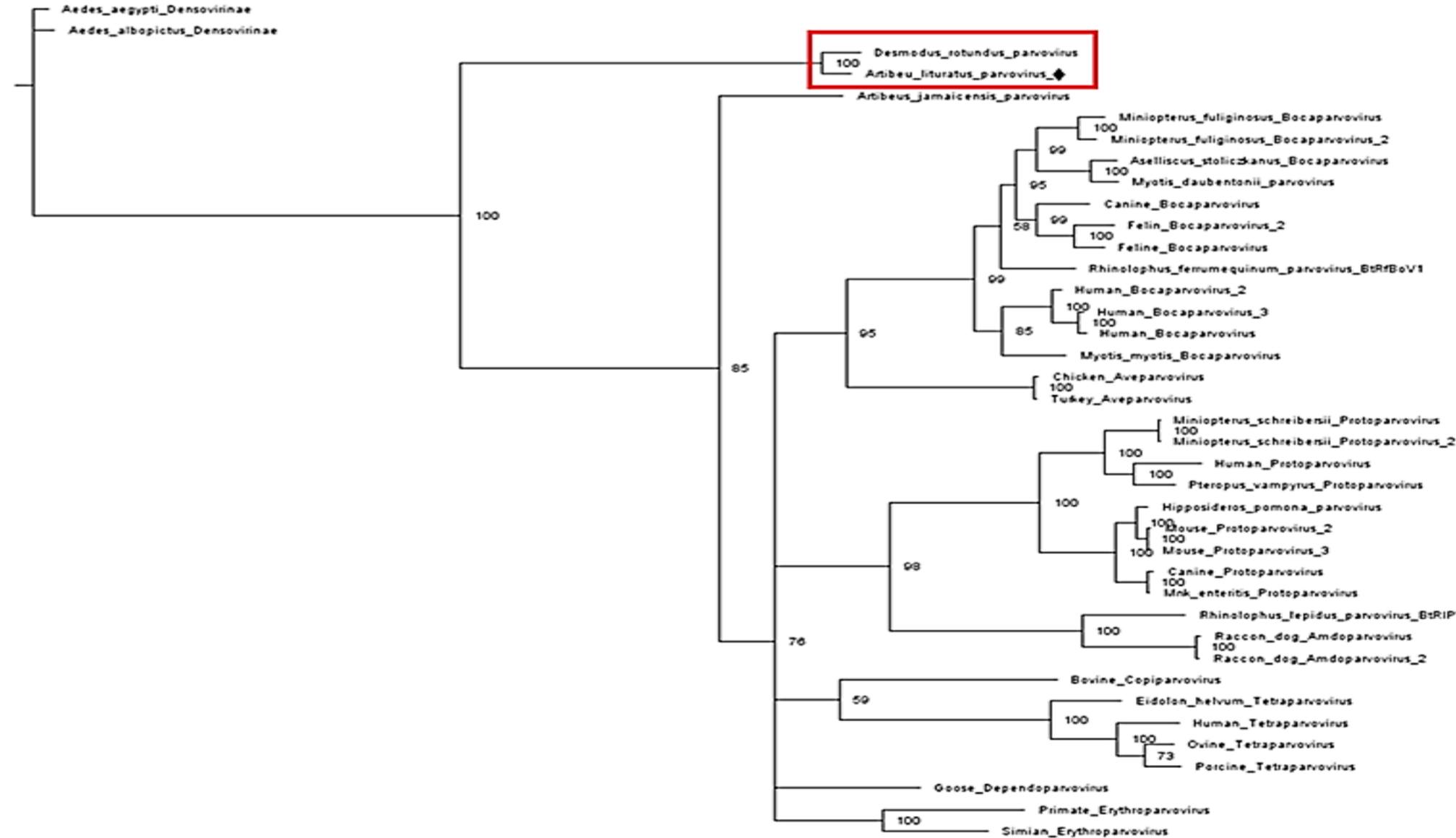


Figura 3: Árvore filogenética baseada no fragmento do gene da proteína não-estrutural 1 de Parvovirus. Destacado em vermelho o cluster formado pelo *A. lituratus parvovirus* e *D. rotundus parvovirus*.

Referências

- Allocati N, Petrucci AG, Di Giovanni P, Masulli M, Di Ilio C, De Laurenzi V. 2016. Bat-man disease transmission: zoonotic pathogens from wildlife reservoirs to human populations. Cell Death Discov 2, 16048; doi:10.1007/5584_2016_131.
- Serra-Cobo J, López-Roig M. 2016. Bats and emerging infections: an ecological and virological puzzle. Adv Exp Med Biol doi:10.1007/5584_2016_131.
- Moratelli R, Calisher CH. 2015. Bats and zoonotic viruses: can we confidently link bats with emerging deadly viruses? Mem Inst Oswaldo Cruz 110(1):1-22. doi:10.1590/s1678-4505.2014029140.
- Canuti M, Eis-Huebinger AM, Deijs M, Drexler JF, et al. (2011) Two novel parvoviruses in frugivorous New and Old World bats. PLoS ONE 6(12): e29140. doi:10.1371/journal.pone.0029140.
- Ge X, Li Y, Yang X, Zhang H, Zhou P, Zhang Y, Shia Z. 2012. Metagenomic analysis of viruses from bat fecal samples reveals many novel 32 viruses in insectivorous bats in China. J Virol doi:10.1128/JVI.06671-11.
- Wu Z, Ren X, Yang L, Hu Y, Yang J, He G, Zhang J, Dong J, Sun L, Du J, Liu L, Xue Y, Wang J, Yang F, Zhang S, Jin Q. 2012. Virome analysis for identification of novel mammalian viruses in bat species from Chinese provinces. J Virol 86(20):10999-1012.
- He B, Li Z, Yang F, Zheng J, Feng Y, Guo H, Li Y, Wang Y, Su N, Zhang F, Fan Q, Tu C. 2013. Virome profiling of bats from Myanmar by metagenomic analysis of tissue samples reveals more novel mammalian viruses. PLoS One 22;8(4):e61950 doi: 10.1371/journal.pone.0061950.

Agradecimentos

