



Evento	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2020
Local	Virtual
Título	Detecção e caracterização de coronavírus em amostras de morcegos hematófagos (<i>Desmodus rotundus</i>) do Rio Grande do Sul
Autor	BIANCA SCHNECK SIMÃO
Orientador	CLAUDIO WAGECK CANAL

Detecção e caracterização de coronavírus em amostras de morcegos hematófagos
(*Desmodus rotundus*) do Rio Grande do Sul

Bianca Schneck Simão; Cláudio Wageck Canal
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Coronavírus (CoVs) relacionados à morcegos vêm sendo relatados com mais frequência em seres humanos nas últimas décadas, especialmente no último ano. No Rio Grande do Sul, existem 41 espécies de morcegos descritas. Em estudos anteriores, o coronavírus foi encontrado em espécies de diversos hábitos alimentares. Entre os morcegos hematófagos, a espécie *Desmodus rotundus* está presente em maior abundância no estado e mais relacionada à transmissão do vírus da raiva. Os quirópteros possuem grande potencial para serem reservatórios e vetores de uma variedade de agentes. Os genomas de CoVs são de RNA fita simples, sentido negativo, com cerca de 30 kb. Entre os vários genes codificados, se incluem duas grandes poliproteínas, chamadas ORF1ab, que são importantes para a classificação taxonômica, além do gene spike, responsável pelo tropismo celular e que tem alta variabilidade gerando divergências genéticas inerentes. Esses genes dão capacidade para o vírus se ligar e infectar diversos hospedeiros. O projeto tem como objetivo detectar e caracterizar coronavírus em amostras de morcegos hematófagos da espécie *D. rotundus*, coletadas no Rio Grande do Sul. Inicialmente, a partir de 101 amostras de órgãos de morcegos, foram preparados dois *pools*, um contendo encéfalo, fígado, pulmão, rim e coração e outro contendo intestino de todos os animais. Esses *pools* foram processados e sequenciados por alto desempenho utilizando a plataforma MiSeq da Illumina. A análise dos viomas demonstrou a presença de coronavírus nas amostras. Assim, RT-PCR convencional pan-coronavírus tendo como alvo um fragmento da ORF1ab foi realizada para detectar os órgãos positivos, individualmente. Ainda, RT-PCR foi desenvolvida para amplificar um fragmento do gene spike. Como resultados parciais, foram detectados coronavírus de morcegos em duas amostras de intestino. Dessas amostras positivas, os fragmentos parciais da ORF1ab e spike foram sequenciados pelo método de Sanger, para realização de análises filogenéticas para identificar gênero e espécie viral a qual pertencem.