



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Análise do viroma de morcego-vampiro-de-asas-brancas (Diaemus youngi)
<b>Autor</b>	MANOELA INACIA FERREIRA
<b>Orientador</b>	CLAUDIO WAGECK CANAL

Análise do viroma de morcego-vampiro-de-asas-brancas (*Diaemus youngi*)

Manoela Inácia Ferreira<sup>1</sup>, Cláudio Wageck Canal<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduanda da Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

<sup>2</sup>Professor da Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

Morcegos de diversas espécies têm sido descritos como hospedeiros de variados agentes virais, inclusive com potencial zoonótico, como visto na pandemia do novo Coronavírus. Desta forma, é de extrema importância que pesquisas que identifiquem e caracterizem os vírus sejam feitas para conhecer o potencial de transmissão de novos vírus zoonóticos. O morcego *Diaemus youngi*, comumente conhecido como morcego vampiro de asas brancas, é pouco pesquisado. Sendo assim, este estudo teve como objetivo ampliar o conhecimento sobre a diversidade viral associada ao *D. youngi*. A extração do material genético de amostras de órgãos foi realizada com kit comercial seguindo as instruções do fabricante. Após a extração, o material genético foi processado para sequenciamento de alto desempenho MiSeq da plataforma Illumina. Foram identificados diversos vírus de DNA de fita simples e sequências relacionadas aos paramixovírus. Três genomas de vírus circulares completos e dez genomas incompletos foram identificados, sendo um gemikrogvírus (família *Genomoviridae*), um smacovírus (família *Smacoviridae*) e onze novos torqueteno vírus (TTVs) (família *Anelloviridae*). Dentro da família *Anelloviridae*, três sequências eram altamente divergentes, pertencentes ao novo gênero *Rhotorquevirus* aqui proposto, enquanto as sequências restantes pertenciam a cinco novas espécies dentro do gênero *Sigmatorquevirus* previamente descrito, juntamente com TTVs isolados de morcegos brasileiros. Além disso, foram detectadas três sequências de paramixovírus de morcego e uma sequência intimamente relacionada ao circovírus canino. Este estudo fornece uma prévia da diversidade viral associada aos morcegos hematófagos que podem ser infecciosos para esses animais ou associados à sua microbiota ou dieta e pode servir de base para futuras pesquisas.