

SALÃO DE  
INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
**XXIX SIC**  
  
**UFRGS**  
PROPESQ



múltipla   
**UNIVERSIDADE**  
inovadora  inspiradora

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2017
<b>Local</b>	Campus do Vale
<b>Título</b>	IDENTIFICAÇÃO DE PAPILOMAVIRUS EM AMOSTRAS DE SUABE ANAL DE MORCEGOS ARTIBEUS LITURATUS
<b>Autor</b>	GABRIELA LUCHTENBERG RIOS SANTOS
<b>Orientador</b>	ANA CLAUDIA FRANCO

# IDENTIFICAÇÃO DE PAPILOMAVIRUS EM AMOSTRAS DE SUABE ANAL DE MORCEGOS *ARTIBEUS LITURATUS*

Gabriela Rios<sup>1</sup> Ana Cláudia Franco<sup>1</sup>

Universidade Federal do Rio Grande do Sul<sup>1</sup>

Os morcegos pertencem a ordem Chiroptera, são os únicos mamíferos capazes de voar e só perdem para os roedores em diversidade de espécies de vertebrados. Devido a seus variados hábitos alimentares, desempenham um papel fundamental no ecossistema, atuando como polinizadores, dispersores de sementes e consumidores de insetos de importância em saúde. Por outro lado, muitos deles podem ser reservatórios de patógenos potencialmente zoonóticos, podendo desempenhar um papel fundamental na disseminação de viroses emergentes. O presente trabalho tem como objetivo analisar a presença de vírus em amostras de suabe anal de morcegos do gênero *Artibeus* coletados no perímetro periurbano da cidade de Maringá, Paraná. Tal análise faz-se importante para a melhor compreensão da interação entre vírus e hospedeiro e entre morcegos infectados com outros animais. Os suabes foram coletados e ressuspendidos em PBS. Após, cerca de 25 mL foram filtrados em membrana de 0,45µM e ultracentrifugados em 25% de gradiente de sacarose. O *pellet* viral foi dissolvido em tampão contendo EDTA e tratado durante 1h a 37°C com RNase e DNase para que apenas vírus protegidos por seus capsídeos resistissem. Após, procedeu-se a extração de DNA com fenol segundo instruções do fabricante e precipitação com etanol. O DNA extraído foi submetido à amplificação randômica com a enzima phi29. Após foram construídas as bibliotecas genômicas para sequenciamento de alta performance na plataforma Illumina MiSeq. Até a presente análise foram identificadas sequências de DNA de papilomavirus nas amostras processadas. O fragmento de 183 aminoácidos foi submetido ao alinhamento pela ferramenta Blast o qual obteve uma identidade de 68,9% com papiloma recentemente descrito em morcegos da espécie *Rhinolophus ferrumequinum*. O trabalho corrobora para identificação destes vírus em morcegos e descreve pela primeira vez a presença nesta espécie. Essas sequências estão sendo analisadas em detalhe para que se possam realizar outras análises moleculares e filogenéticas dos vírus encontrados.

Palavras-chave: papilomavírus, artibeus, sequenciamento de alta performance, zoonoses.