

ANÁLISE DO VIROMA DO SORO SANGUÍNEO DE CÃES DO ESTADO DA PARAÍBA



Juliana do Canto Olegário, Cláudio Wageck Canal

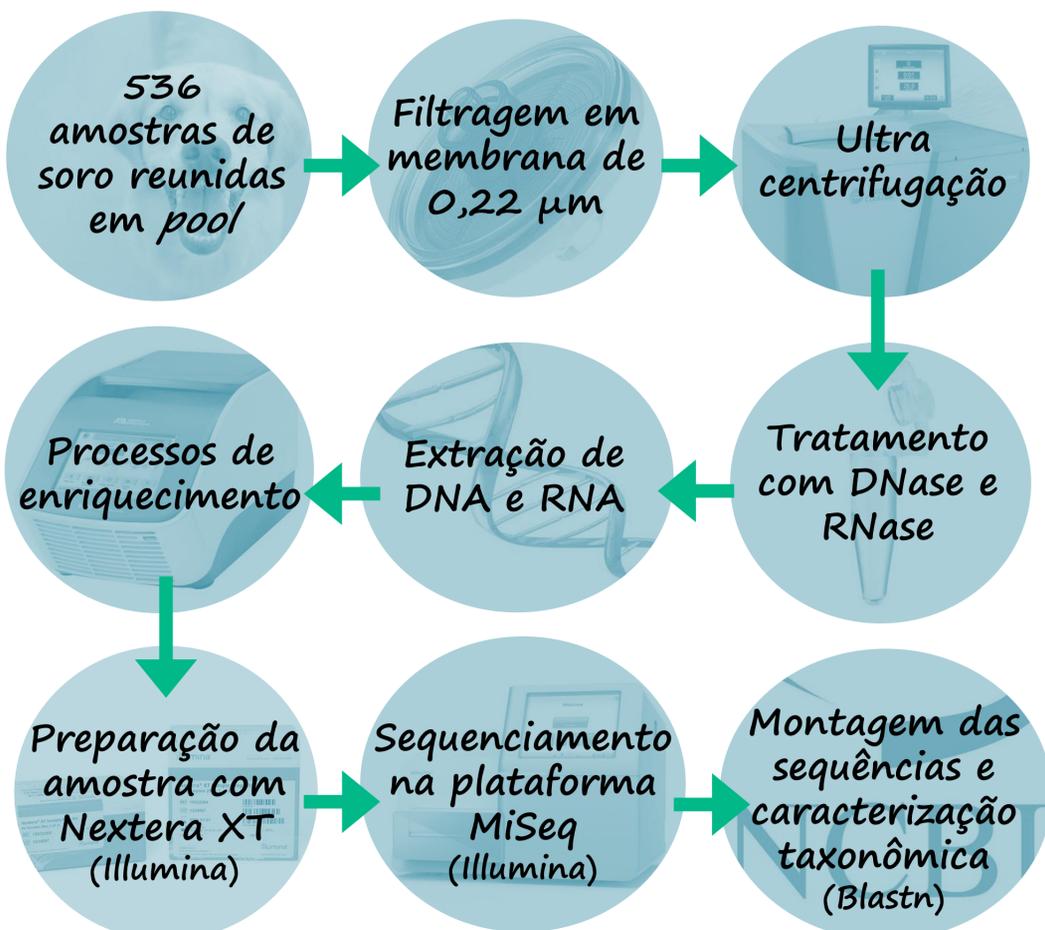
Laboratório de Virologia Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

INTRODUÇÃO

A metagenômica viral consiste na análise do material genético dos vírus presentes em uma amostra e permite a caracterização de agentes tanto conhecidos como desconhecidos. Através do sequenciamento de alto desempenho (NGS), é possível explorar microrganismos de interesse com base na sequência do seu genoma. O soro sanguíneo pode carrear diversos patógenos e sua análise metagenômica pode elucidar a presença de agentes virais já existentes ou novos em uma população. Este trabalho tem como objetivo analisar os vírus circulando no soro de cães de cinco centros urbanos do Estado da Paraíba.

MATERIAIS E MÉTODOS

FIGURA 1: Centros urbanos do Estado da Paraíba.



RESULTADOS

O sequenciamento gerou 1.295.772 *reads* com tamanho médio de 105,6 nucleotídeos. Após a montagem no software CLC, foram obtidos 80.134 *contigs*, dos quais 47 eram de vírus eucarióticos pertencentes a quatro famílias. Da família *Parvoviridae*, foram identificados dois membros, o Parvovírus canino 1 (CPV 1) e o Parvovírus canino 2 (CPV 2), conforme ilustrado na Figura 2.

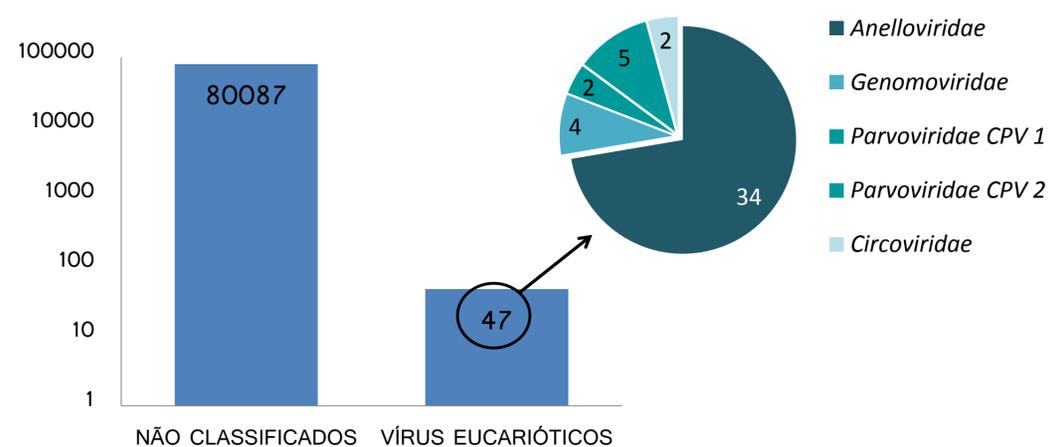


FIGURA 2: Quantidade de *contigs* dos vírus encontrados.

DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

O vírus da família *Anelloviridae* detectado possui identidade de 47% com o Torque Teno canis virus e de 43% com o Nayun Torque virus, tratando-se provavelmente de uma nova espécie. O membro da família *Genomoviridae* possui identidade de 97% com um vírus recentemente descrito em crianças com encefalite³. O *Parvovirus canino 1* é considerado causador de infecções subclínicas em cães² e imaginava-se que não circulava mais no Brasil. O *Parvovirus canino 2* é conhecido por ser um importante agente etiológico de gastroenterite infecciosa em cães jovens¹. Existem relatos na literatura de cães infectados com *circovírus*, porém sua patogenia ainda é incerta. Assim, são necessárias novas pesquisas para melhor caracterização genética dos vírus identificados, bem como do seu papel em doenças em cães domésticos.

REFERÊNCIAS

- PINTO, L. D. et al. Typing of canine parvovirus strains circulating in Brazil between 2008 and 2010. *Virus Research*, v. 165, n. 1, p. 29-33, Apr. 2012.
- SHWARTZ, D. et al. The Canine Minute Virus (Minute Virus of Canines) Is a Distinct Parvovirus That Is Most Similar to Bovine Parvovirus. *Virology*, v. 302, p. 219-223, Jul. 2002.
- ZHOU, C. et al. A novel gemycircularvirus in an unexplained case of child encephalitis. *Virology Journal*, v.12, n. 197, Nov. 2015.