

RESUMO (POSTER) - FILOGENIA E EVOLUÇÃO

GENOTIPAGEM DE CEPAS DE MORBILIVÍRUS FELINO POR MEIO DE SEQUENCIAMENTO SANGER EM GATOS OBSTRUÍDOS EM LONDRINA

Vinicius Rodrigues Bon (vinicius_bon@hotmail.com)

Gabriela Donini Cesário (gabriela.donini@uel.br)

Michele Lunardi (michelelunardi@gmail.com)

Amauri Alcindo Alfieri (alfieri@uel.br)

Alice Fernandes Alfieri (aalfieri@uel.br)

Os morbilivírus são envelopados, com diâmetro entre 130-380 nm, genoma constituído de RNA, fita simples e polaridade negativa. O gênero Morbillivirus contém sete espécies virais: vírus do sarampo, vírus da cinomose canina, vírus da peste dos pequenos ruminantes, vírus da peste bovina, morbilivírus dos golfinhos, vírus da cinomose das focas e morbilivírus felino (FeMV). Desde a sua primeira detecção, em 2012, o FeMV tem sido associado a doenças do trato urinário de gatos, principalmente em casos de nefrite túbulo-intersticial. Este estudo teve por objetivo detectar a excreção do RNA do FeMV e avaliar a diversidade genética das cepas identificadas em amostras de urina de gatos com Doença no Trato Urinário Inferior (DTUIF). Um total de 30 amostras de urina foram selecionadas, provenientes de gatos obstruídos, atendidos no

Hospital Veterinário da Universidade Estadual de Londrina. A técnica de transcrição reversa seguida de Semi-Nested PCR foi realizada utilizando par de primers para a amplificação de um fragmento parcial do gene L (584pb), que codifica a DNA polimerase do FeMV. Os amplicons obtidos foram sequenciados pelo método de Sanger. A reação de sequenciamento direto dos fragmentos de DNA foi realizada com o kit BigDye Terminator v.3.1 Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems) em sequenciador 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). A análise da qualidade da leitura dos cromatogramas foi realizada pelo software Phred. Escores de qualidade de base = 20 foram consideradas adequadas, enquanto as sequências consensuais foram geradas com o software CAP3. As identidades das sequências geradas foram verificadas pela comparação com as sequências depositadas no GenBank, por meio do programa BLASTn. Os alinhamentos múltiplos de sequências de nucleotídeos foram realizados utilizando o ClustalW no software Mega v10.2. A análise filogenética foi realizada utilizando o método Maximum Likelihood, com o modelo de Le Gascuel (G+I), no software Mega v10.2. Das 30 amostras de urina, o RNA viral foi detectado em 16,66% (5/30). A análise do BLASTn confirmou a detecção do FeMV na urina nos cinco gatos obstruídos. A identidade observada entre as cinco cepas do estudo variou de 98,9-99,7% (nucleotídeos) e de 97,3-99,3% (aminoácidos). As sequências obtidas das amostras HV913/24, HV2092/24, HV394/23, HV3389/23 e CLINO13033, apresentaram maior similaridade com a cepa UEL/OUT331 (99,36-99,79% de identidade; número de acesso no GenBank: MT550865), proveniente da urina de um gato com DTUIF, da cidade de Londrina, Paraná, Brasil. A reconstrução filogenética, baseada em sequências de aminoácidos parciais do gene L do FeMV e de outros representantes classificados na família Paramyxoviridae, mostrou que as cepas HV913/24, HV2092/24, , HV3389/23 e CLINO13033 agruparam conjuntamente com a cepa FeMV BR 130 (número de acesso: MT811956), enquanto a cepa 394/23 agrupou com cepas de FeMV de origem asiática, americana e europeia, pertencentes ao genótipo 1.A etiologia viral na DTUIF atualmente ainda é desconhecida, diversos vírus já foram propostos como possíveis agentes causadores da DTUIF em gatos. Este estudo confirmou a excreção do FeMV em gatos domésticos sintomáticos de Londrina, assim

como permitiu a genotipagem das cepas circulantes na região, as quais foram classificadas com pertencentes ao genótipo 1.

Palavras-chave: morbilivírus felino; obstrução; femv-1; gatos.