



PRIMEIRO RELATO DA DETECÇÃO DE RNA DE KOBUVÍRUS EM CARNÍVOROS SILVESTRES NO ESTADO DO PARANÁ, BRASIL.

Fernanda L.P. Lavorente¹, Andressa R. N. Matos, Juliane Ribeiro, Elis Lorenzetti, Gabriel M. Guedes, Nathalia S. Guimarães, Amauri A. Alfieri, Alice F. Alfieri.

¹ Mestranda em Ciência Animal, Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina.
E-mail: fernanda.louise@hotmial.com

O gênero *Kobuvirus* (KoV), pertencente à família *Picornaviridae*, apresenta capsídeo icosaédrico desprovido de envelope lipoproteico, e genoma RNA fita simples linear de polaridade positiva com tamanho de 8.2 a 8.3 Kb. KoV já foi isolado em diferentes espécies de animais e a sua variabilidade genética permite classificá-lo em diferentes espécies denominadas *Aichivirus* (A – F). A transmissão ocorre pela via fecal-oral e sua patogenicidade ainda não foi bem esclarecida. Em carnívoros silvestres o conhecimento de infecções por KoV é limitado. Estudos recentes indicam a possibilidade de transmissão interespecie, inclusive com potencial zoonótico, favorecido pelo estreito contato entre diferentes espécies animais. Este estudo teve como objetivo avaliar a circulação de KoV em carnívoros silvestres encontrados na região Sul do Brasil. Amostras de fezes ($n=8$) foram colhidas de quatro diferentes espécies de animais: cachorro-do-mato (*Cerdocyon thous*) ($n=3$); gato-maracajá (*Leopardus wiedii*) ($n=1$); gato-do-mato-pequeno (*Leopardus tigrinus*) ($n=2$); e onça-parda (*Puma concolor*) ($n=2$), atropelados em vias públicas e encontrados mortos que foram recolhidos na Mesorregião Norte Central do Estado do Paraná. As amostras foram submetidas à técnica de RT-PCR para amplificação de um fragmento com 216 pb do gene da polimerase de KoV. A especificidade da reação foi determinada por sequenciamento dos nucleotídeos (nt) dos amplicons e realização de análises filogenéticas comparativas com outras sequências de KoV disponíveis em bancos públicos de dados (GenBank). A árvore filogenética foi construída utilizando o método Maximum-Likelihood e modelo Tamura Nei. A matriz de identidade foi obtida por meio do programa BioEdit. Duas das oito amostras analisadas foram positivas para KoV sendo uma proveniente de um canídeo (*Cerdocyon thous*) e a outra de um felídeo (*Puma concolor*). As sequências descritas neste estudo mostraram 96,7% de identidade de nt entre si e 93,5 a 95,3% com sequências de cepas de KoV descritas em raposas vermelhas (*Vulpes vulpes*). Em comparação com as sequências de cepas de KoV identificadas em cães e em felinos domésticos as sequências de nt descritas neste estudo mostraram 92,3 a 94,4% e 81,1 a 82% de identidade, respectivamente. KoV é frequentemente relatado em carnívoros domésticos, tais como furão (*Mustela putoriusfuro*), gato doméstico (*Felis catus*) e cão doméstico (*Canis lupus familiaris*). Em carnívoros silvestres, KoV foi identificado em amostras de fezes de raposas-vermelhas (*Vulpes vulpes*), chacal-dourado (*Canis aureus*), chacal-listrado (*Canis adustus*) e hienamalhada (*Crocuta crocuta*). Portanto, este é o primeiro relato da identificação de RNA de KoV em amostras de fezes provenientes de cachorro-do-mato e de onça-parda. Devido a alta identidade filogenética, as cepas de KoV encontradas neste estudo podem ser classificadas como *Aichivirus A* e são estreitamente relacionadas com *Canine kobuvirus* (CaKV). Em conclusão, este estudo fornece a primeira evidência da circulação de KoV em carnívoros silvestres no Brasil, além de realçar a possibilidade de transmissão interespecie do agente. Estudos complementares estão sendo realizados com o objetivo de obter a caracterização molecular e filogenética com relação ao gene da proteína VP1 do capsídeo viral das cepas identificadas neste estudo, com a perspectiva da posterior avaliação da importância epidemiológica e clínica da infecção por KoV em carnívoros silvestres.

Palavras-chave: carnívoros silvestres, fezes, RNA polimerase.

Fonte de Financiamento: bolsa CNPq.