

MESTRADO ACADÊMICO EM VIROLOGIA

Dissertações – 2024



Trabalho de Conclusão

Título: AVALIAÇÃO DO VÍRUS DA HEPATITE A (HAV) EM LEITE E QUEIJO COLONIAL PRODUZIDOS POR PROPRIEDADES LEITEIRAS DA REGIÃO DO VALE DO PARANHANA, RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Autor: JESSICA LUISA LAUX

Abreviatura: LAUX, J. L.

Tipo do Trabalho: DISSERTAÇÃO

Data da Defesa: 23/02/2024

Resumo: A segurança dos alimentos está inserida dentro do contexto de Saúde Única (One Health), tornando-se cada vez mais relevante o monitoramento da circulação viral em alimentos, frente aos surtos alimentares registrados mundialmente. Os vírus de transmissão entérica, como o vírus da hepatite A (HAV) estão entre os principais patógenos causadores das Doenças de Transmissão Hídrica e Alimentar (DTHA's). Entre os alimentos envolvidos nos surtos alimentares, estão os de origem animal, como os derivados lácteos. A contaminação pode ocorrer de diversas formas, no processo de manipulação, contaminação cruzada de pessoas ou animais, higiene inadequada ou pela falta de boas práticas durante a fabricação. No Brasil, as legislações de alimentos para pesquisa de vírus entéricos em alimentos são inexistentes; frente a isso, pesquisadores se dedicam a desenvolver técnicas que sejam eficazes na detecção desses patógenos em alimentos. O objetivo da pesquisa foi avaliar leite e queijo produzidos em pequenas propriedades rurais do Vale do Paranhana, Rio Grande do Sul, Brasil, para a presença de HAV. Inicialmente, testes de detecção através de diferentes protocolos foram realizados para avaliar a eficácia na recuperação viral, e após avaliação e escolha do método, seguiram-se as análises das amostras de campo utilizando o método de processamento baseado na remoção da gordura com centrifugação, seguido de extração com kit comercial, e de PCR em tempo real (RT-qPCR). Os resultados obtidos foram negativos para HAV em todas as 312 amostras analisadas. Sugerimos que HAV não esteja circulando nas propriedades avaliadas, entretanto, é necessário levar em consideração as dificuldades de detecção de genoma viral nas amostras, devido às características, como alto teor de gordura, açúcares e proteínas, que podem inibir a detecção viral. Diante disso, torna-se necessário que pesquisas continuem sendo realizadas em alimentos e que a circulação de HAV seja continuamente investigada, levando em consideração que casos de hepatite A são registrados no estado todos os anos.

Palavras-Chave: segurança dos alimentos; vírus entéricos; alimentos de origem animal; HAV

Abstract: Food safety is inserted within the context of One Health, making the monitoring of viral circulation in food increasingly relevant in the face of foodborne outbreaks registered worldwide. Enteric transmission viruses, such as hepatitis A virus (HAV), are among the main pathogens causing Waterborne and Foodborne Diseases. Among the foods involved in foodborne outbreaks are those of animal origin, such as dairy products. Contamination can occur in various ways, during handling processes, cross-contamination from people or animals, inadequate hygiene, or due to the lack of good practices during manufacturing. In Brasil, food regulations for the research of enteric viruses in food are nonexistent; therefore, researchers are dedicated to developing techniques that are effective in detecting these pathogens in food. The objective of the research was to evaluate milk and cheese produced on small rural properties in Vale do Paranhana, Rio Grande do Sul, Brasil, for the presence of HAV. Initially, detection tests through different protocols were performed to evaluate the efficacy in viral recovery, and after evaluation and selection of the method, field sample analyses followed using the processing method based on fat removal with centrifugation, followed by extraction with a commercial kit, and real-time PCR (RT-qPCR). The results obtained were negative for HAV in all 312 samples analyzed. We suggest that HAV is not circulating in the evaluated properties; however, it is necessary to take into consideration the difficulties of detecting viral genome in samples, due to characteristics such as high fat content,



sugars, and proteins, which may inhibit viral detection. Therefore, it is necessary for research to continue being carried out in food and for the circulation of HAV to be continuously investigated, considering that cases of hepatitis A are registered in the state every year.

Keywords: Food safety; enteric viruses; animal derived foods; HAV

Páginas: 85

Orientador: MARCIA REGINA LOIKO

Acesso ao documento: <https://pergamum.feevale.br/acervo/286894>



Trabalho de Conclusão

Título: DETECÇÃO MOLECULAR DO VÍRUS DA HEPATITE B DOS GATOS DOMÉSTICOS NA REGIÃO DO VALE DO RIO DOS SINOS – RS

Autor: ALAISE TESSMANN

Abreviatura: TESSMANN, A.

Tipo do Trabalho: DISSERTAÇÃO

Data da Defesa: 02/04/2024

Resumo: O hepadnavírus felino (Domestic cat hepatitis B virus, DCHBV) encontrado em gatos domésticos, é um novo membro da família Hepadnaviridae, detectado em gatos domésticos pela primeira vez em 2018 na Austrália, mas ainda pouco investigado no Brasil. O DCHBV é um vírus de DNA parcialmente duplo pertencente ao gênero Orthohepadnavirus, relacionado geneticamente ao vírus da hepatite B (HBV), um importantíssimo patógeno humano. O HBV aumenta o risco de doenças hepáticas e pode causar cirrose e carcinoma hepatocelular. Em gatos domésticos o potencial patogênico do DCHBV no desenvolvimento de doenças hepáticas clínicas ou subclínicas ainda precisa ser melhor esclarecido, mas alguns estudos têm relatado associação de sua presença com aumento da taxa de hepatopatias em gatos. Especula-se que a transmissão de DCHBV ocorra através do contato com sangue e de outros fluidos corporais, semelhante à transmissão de HBV nos seres humanos. Considerando os poucos estudos realizados sobre DCHBV e a ausência da detecção do vírus no Brasil até o momento, o estudo tem como objetivo avaliar a presença do DCHBV em amostras de soro de gatos atendidos no Hospital Veterinário da Universidade Feevale. As 60 amostras analisadas neste trabalho foram retiradas do banco de amostras de sangue do Laboratório de Patologia Clínica Veterinária do Hospital Veterinário da Feevale. Estas amostras passaram por sequenciamento de alto desempenho no formato de pool, onde se pôde detectar a presença de DCHBV. A partir desses dados, o vírus foi investigado individualmente nas amostras através de PCR convencional, onde se observou 1,67% (1/60) de amostras positivas. Através de sequenciamento e análise filogenética das sequências, a amostra apresentou 98,63% de identidade com DCHBV circulante no Japão e foi classificada no genótipo B. O genótipo A do DCHBV é o mais reportado no mundo, com o genótipo B tendo sido anteriormente reportado somente uma vez no Japão. O presente estudo confirma pela primeira vez a presença do DCHBV no Brasil. Os dados gerados no presente estudo irão reforçar as informações acerca das infecções pelo DCHBV em gatos e confirmam sua presença no Brasil.

Palavras-Chave: DCHBV; hepatite B; hepatopatia felina, hepadnavírus

Abstract: The Domestic cat hepatitis B virus, DCHBV is a new member of the Hepadnaviridae family, detected in domestic cats for the firstly in 2018 in Australia, but down investigated in Brazil. DCHBV is a partially double-stranded DNA virus belonging to the Orthohepadnavirus genus, which is genetically related to the hepatitis B virus (HBV), a very important human pathogen. HBV increases the risk of liver disease and can cause cirrhosis and hepatocellular carcinoma. In domestic cats, the pathogenic potential of DCHBV in the development of clinical or subclinical liver diseases still needs to be further clarified, but some studies have reported an association between its presence and an increased rate of liver disease in cats. It is speculated that DCHBV transmission occurs through contact with blood and other bodily fluids, like HBV transmission in humans. Considering the few studies carried out on DCHBV and the lack of detection of the virus in Brazil to date, the study aims to evaluate the presence of DCHBV in serum samples from cats treated at the Feevale University Veterinary Hospital. The 60 samples analyzed in this work were taken from the blood sample bank of the Veterinary Clinical Pathology Laboratory of the Feevale Veterinary Hospital. These samples underwent high throughput sequencing in pool format, where the presence of DCHBV can be detected. From these



data, the virus was investigated individually in the samples using conventional PCR, where 1.67% (1/60) of positive samples were observed. Through sequencing and phylogenetic analysis of sequences, the sample showed 98.63% identity with DCHBV circulating in Japan and was classified as genotype B. DCHBV genotype A is the most reported in the world, with genotype B having previously been reported only once in Japan. The present study confirms for the first time the presence of DCHBV in Brazil. The data generated in the present study will reinforce information about DCHBV infections in cats and confirm its presence in Brazil

Keywords: DCHBV; Hepatitis B; feline hepatopathy, hepadnavirus.

Volume: U

Páginas: 35

Idioma: PORTUGUES

Biblioteca Depositada: Paulo Sérgio Gusmão

Orientador: MATHEUS NUNES WEBER

Acesso ao documento: <https://pergamum.feevale.br/acervo/286832>



Trabalho de Conclusão

Título: ESTUDO CLÍNICO, PATOLÓGICO E FILOGENÉTICO DE HERPESVÍRUS (FeHV-1) E CALICIVÍRUS FELINO (FCV) DETECTADOS EM GATOS COM GENGIVOESTOMATITE NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL.

Autor: LARA KLEY ORSO

Abreviatura: ORSO, L. K.

Tipo do Trabalho: DISSERTAÇÃO

Data da Defesa: 28/03/2024

Resumo: A gengivoestomatite crônica felina (GEC) é uma síndrome clínica, na qual ocorre a inflamação da mucosa oral dos felinos, frequentemente havendo a presença de ulcerações orais, bilaterais, podendo haver a proliferação da gengiva e da mucosa oral. A prevalência na rotina do médico veterinário chega a 12%, sendo a segunda patologia relacionada à cavidade oral mais encontrada na rotina do odontologista. Apesar das diversas pesquisas realizadas, constantemente, para melhor compreensão da doença, sua etiopatogenia ainda não é bem definida e, consequentemente, seu tratamento e cura, por vezes, são considerados difíceis. Alguns vírus parecem estar associados ao desenvolvimento da gengivoestomatite, como o herpesvírus felino tipo 1 (FeHV-1) e o calicivírus felino (FCV). O presente trabalho tem como objetivo realizar um estudo clínico, patológico e filogenético dos vírus FeHV-1 e FCV em pacientes felinos atendidos em clínicas e hospitais veterinários de 10 cidades do Rio Grande do Sul, apresentando lesões na cavidade oral. Foram realizadas coletas de swabs orais da região da orofaringe e de amostras de gengiva, que apresentavam lesões, para exame histopatológico.

Foram coletadas amostras de 60 felinos e, destes, 46 permaneceram no estudo, classificados nos grupos 1 e 2. Felinos do grupo 1 apresentavam doença periodontal e gengivite crônica e recorrente; animais do grupo 2 apresentavam gengivite crônica com lesões na região de fauces.

Foram realizadas análises moleculares, seguidas de detecção viral por cadeia de polimerase (PCR e RT-PCR) dos swabs orais coletados, cujos produtos amplificados foram purificados. Foram realizadas análises histopatológicas dos fragmentos orais coletados. Dos 46 animais que permaneceram no estudo, observou-se que 11 apresentaram resultados de PCR e RT-PCR positivos para pelo menos um dos vírus (FCV e FeHV-1). Desses, 5 foram positivos somente para FCV (10.9%), 4 foram positivos apenas para FeHV-1 (8.7%) e 2 testaram positivo para ambos os vírus (4.3%). Dos 11 felinos positivos para FeHV-1 e FCV, 2 eram positivos para FeHV-1 e FeLV concomitantemente e 3 eram positivos para FCV e FeLV. Nesse universo, 8 apresentaram resultado compatível com GEC no exame histopatológico, o que equivale a 72,7%. Foi realizado o sequenciamento de Sanger e a construção de uma árvore filogenética com as 4 amostras brasileiras de FCV obtidas neste estudo. Observou-se um maior número de animais positivos para FCV e FeHV-1 com GEC, em comparação aos animais que não tiveram resultado histopatológico compatível com a doença. Dessa forma, o presente estudo auxiliará a compreender a etiopatogenia da GEC, além de caracterizar os vírus relacionados à patogênese dessas lesões mais prevalentes na região.

Palavras-Chave: GEC;PCR;felino;FCV;FeHV-1

Abstract: A gengivoestomatite crônica felina (GEC) é uma síndrome clínica, na qual ocorre a inflamação da mucosa oral dos felinos, frequentemente havendo a presença de ulcerações orais, bilaterais, podendo haver a proliferação da gengiva e da mucosa oral. A prevalência na rotina do médico veterinário chega a 12%, sendo a segunda patologia relacionada à cavidade oral mais encontrada na rotina do odontologista. Apesar das diversas pesquisas realizadas, constantemente, para melhor compreensão da doença, sua etiopatogenia ainda não é bem definida e, consequentemente, seu tratamento e cura, por vezes, são considerados difíceis. Alguns vírus parecem estar



associados ao desenvolvimento da gengivoestomatite, como o herpesvírus felino tipo 1 (FeHV-1) e o calicivírus felino (FCV). O presente trabalho tem como objetivo realizar um estudo clínico, patológico e filogenético dos vírus FeHV-1 e FCV em pacientes felinos atendidos em clínicas e hospitais veterinários de 10 cidades do Rio Grande do Sul, apresentando lesões na cavidade oral. Foram realizadas coletas de swabs orais da região da orofaringe e de amostras de gengiva, que apresentavam lesões, para exame histopatológico. Foram coletadas amostras de 60 felinos e, destes, 46 permaneceram no estudo, classificados nos grupos 1 e 2. Felinos do grupo 1 apresentavam doença periodontal e gengivite crônica e recorrente; animais do grupo 2 apresentavam gengivite crônica com lesões na região de fauces. Foram realizadas análises moleculares, seguidas de detecção viral por cadeia de polimerase (PCR e RT-PCR) dos swabs orais coletados, cujos produtos amplificados foram purificados. Foram realizadas análises histopatológicas dos fragmentos orais coletados. Dos 46 animais que permaneceram no estudo, observou-se que 11 apresentaram resultados de PCR e RT-PCR positivos para pelo menos um dos vírus (FCV e FeHV-1). Desses, 5 foram positivos somente para FCV (10.9%), 4 foram positivos apenas para FeHV-1 (8.7%) e 2 testaram positivo para ambos os vírus (4.3%). Dos 11 felinos positivos para FeHV-1 e FCV, 2 eram positivos para FeHV-1 e FeLV concomitantemente e 3 eram positivos para FCV e FeLV. Nesse universo, 8 apresentaram resultado compatível com GEC no exame histopatológico, o que equivale a 72,7%. Foi realizado o sequenciamento de Sanger e a construção de uma árvore filogenética com as 4 amostras brasileiras de FCV obtidas neste estudo. Observou-se um maior número de animais positivos para FCV e FeHV-1 com GEC, em comparação aos animais que não tiveram resultado histopatológico compatível com a doença. Dessa forma, o presente estudo auxiliará a compreender a etiopatogenia da GEC, além de caracterizar os vírus relacionados à patogênese dessas lesões mais prevalentes na região

Keywords: GEC;PCR;felino;FCV;FeHV-1

Páginas: 34

Orientador: PAULA RODRIGUES DE ALMEIDA

Acesso ao documento: <https://pergamum.feevale.br/acervo/287611>



Trabalho de Conclusão

Título: PESQUISA DE AGENTES ASSOCIADOS À DOENÇA INFECCIOSA RESPIRATÓRIA CANINA EM CÃES NA REGIÃO DO VALE DO RIO DOS SINOS, RIO GRANDE DO SUL

Autor: JULIANA SUMIENSKI **Abreviatura:**

SUMIENSKI, J.

Tipo do Trabalho: DISSERTAÇÃO

Data da Defesa: 30/07/2024

Resumo: A Doença Infecciosa Respiratória Canina (Canine Infectious Respiratory Disease, CIRD), popularmente conhecida como “Tosse dos Canis”, ou “Traqueobronquite Infecciosa Canina”, é uma síndrome aguda, multifatorial, altamente contagiosa, de distribuição mundial, que tem como característica a associação entre diferentes patógenos, tanto virais quanto bacterianos.

Os vírus tradicionalmente relacionados à CIRD, são o vírus da cinomose (Morbillivirus canis, CDV), o parainfluenza vírus canino 5 (Orthorubulavirus mammalis, PIV5) e o mastadenovírus canino (Canine mastadenovirus A, CAdV-2). Mais recentemente, agentes virais como o herpesvírus canino tipo 1 (Varicellovirus canidalpha 1, CaHV-1), os subtipos H1N1, H3N2 e H3N8 do influenzavírus A (Alphainfluenzavirus influenzae, CIV), o coronavírus respiratório canino (Betacoronavirus 1, CRCoV) e o pneumovírus canino (Canine orthopneumovirus, CPnV), vêm sendo detectados em países da Europa, Ásia e América do Norte, enquanto no Brasil, poucas são as pesquisas relacionadas a esses agentes etiológicos, sendo os três últimos nunca detectados no país. Com isso, o presente trabalho teve como objetivo pesquisar a presença dos agentes citados acima através de técnicas de diagnóstico molecular (PCR e RT-PCR) de amostras de suabe nasal de cães abrigados em três Canis Municipais, uma Organização Não Governamental - ONG, e um Hospital Veterinário, localizados na Região do Vale do Rio dos Sinos. Um total de 156 amostras foram submetidas a RT-PCR e PCR, resultando em 4 amostras positivas para o CDV, e 1 para o CaHV-1. Todos os animais positivos apresentavam sinais clínicos como perda de peso, dificuldade respiratória e diarreia. Estes animais não possuíam o protocolo vacinal conhecido. Após passarem por purificação e sequenciamento, as amostras positivas para o CDV foram analisadas filogeneticamente, indicando que duas delas pertencem ao genótipo Europe/ South America-1, e as outras duas ao America-1/ Asia-3. A amostra positiva para o CaHV-1 ainda passará por sequenciamento e análise filogenética. Os resultados fornecem dados que contribuem com o conhecimento acerca dos agentes etiológicos e suas linhagens circulantes na região.

Palavras-Chave: Não tem

Abstract: Canine Infectious Respiratory Disease (CIRD), popularly known as “Canine Cough”, or “Canine Infectious Tracheobronchitis”, is an acute, multifactorial, highly contagious syndrome, distributed worldwide, characterized by the association between different pathogens, both viral and bacterial. The viruses traditionally related to CIRD are the distemper virus (Morbillivirus canis, CDV), canine parainfluenza virus 5 (Orthorubulavirus mammalis, PIV5) and canine mastadenovirus (Canine mastadenovirus A, CAdV-2). More recently, viral agents such as canine herpesvirus type 1 (Varicellovirus canidalpha 1, CaHV1), the H1N1, H3N2 and H3N8 subtypes of influenzavirus A (Alphainfluenzavirus influenzae, CIV), canine respiratory coronavirus (Betacoronavirus 1, CRCoV) and canine pneumovirus (Canine orthopneumovirus, CPnV), has been detected in countries of Europe, Asia and North America, while in Brazil, there are few researches related to these etiological agents, with the last three never detected in the country. Therefore, the present work aimed to research the presence of the agents mentioned above through molecular diagnostic techniques (PCR and RT-PCR) of nasal swab samples from dogs sheltered in three Municipal Kennels, a NonGovernmental



Organization - NGO, and a Veterinary Hospital, located in Vale do Rio dos Sinos region. A total of 156 samples were subjected to RT-PCR and PCR for each of the pathogens studied, resulting in 4 samples positive for CDV, and 1 for CaHV-1. The dogs that tested positive showed clinical signs such as weight loss, respiratory distress and diarrhea. These animals did not have a known vaccination protocol. After undergoing purification and sequencing, the samples positive for CDV were analyzed phylogenetically, indicating that two of them belong to the Europe / South America-1 genotype, and the other two to America-1/ Asia-3. The sample positive for CaHV-1 will still undergo sequencing and phylogenetic analysis. The results provide data that contribute to knowledge about the etiological agents and their lineages circulating in the region

Keywords: Não tem

Páginas: 46

Orientador: MARIANA SOARES DA SILVA

Acesso ao documento: <https://pergamum.feevale.br/acervo/287858>

