



Vigilância em aves selvagens migratórias e residentes da circulação de Paramyxovirus e Orthomyxovirus (influenza A) no litoral norte do Estado do Rio de Janeiro e litoral do Estado do Espírito Santo.

Julia Alvarenga Carvalho Peçanha, Cláudia Maria Costa de Almeida, Carlos Eurico Pires Ferreira Travassos

Aves selvagens são reservatórios e vetores para agentes de grande importância veterinária e de saúde pública. Em destaque as famílias *Orthomyxoviridae* e *Paramyxoviridae*, que contêm o vírus Influenza A, altamente patogênico, e Avian Avulavirus. Portanto, o monitoramento desses animais é crucial na compreensão da ecologia e prevenção de patógenos zoonóticos e transfronteiriços emergentes. Assim, o objetivo do trabalho é analisar a circulação de Orthomyxovirus e Paramyxovirus em aves selvagens migratórias e residentes por isolamento e identificação com provas sorológicas e molecular RT-PCR. Para tal, serão coletados espécimes clínicos de aves costeiras migratórias e residentes das famílias Charadriidae, Scolopacidae, Fragatidae Anatidae e Sphenicidae recuperadas na costa dos estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo. A captura contará com redes ornitológicas (mist-nets) e armadilhas próprias para Anseriformes (curral trap). As aves capturadas serão anilhadas seguindo especificações do CEMAVE/IBAMA. As amostras de fezes e swabs cloacais serão estocadas a -85°C em meio de transporte de vírus e, no laboratório, diluídas com PBS pH 7,2 para centrifugação. Seu sobrenadante será fracionado em duas partes, uma para inoculação em ovos embrionados e outra para extração e detecção por RT-PCR de RNA viral. A inoculação será de 0,2mL via cavidade alantoide de ovos embrionados SPF 9 dias incubados. Após inoculação, os ovos irão para estufa a 35°C por 72 horas. O líquido alantóico coletado será fracionado e analisado com testes de hemaglutinação (HA), inibição da hemaglutinação (HI) e por RT-PCR. Essas provas serão realizadas de acordo com a metodologia preconizada pela OIE (OFFICE INTERNACIONAL DES ÉPIZZOTIES). Todas as extrações serão realizadas com kit QIAmp® Viral RNA Mini Kit (QIAGEN) obedecendo às recomendações do fabricante. A detecção de vírus influenza A em líquidos alantóicos HA positivos será realizada pela metodologia de Ellis e Zambon (2001). Para Paramyxovirus, seguiremos a metodologia descrita por Tong et al., 2008. Os segmentos genômicos amplificados serão enviados para empresa MacroGen Inc (Seul, Coreia do Sul). As sequências nucleotídicas obtidas serão editadas e analisadas através do programa BLAST [www.ncbi.nlm.gov/BLAST] para confirmação do vírus sequenciado e identificação das sequências mais próximas que serão alinhadas com sequências correspondentes obtidas do *GenBank*, utilizando o algoritmo MegaAlign do pacote do software Lasergene v.7.0 [DNASTAR Inc., Madison, WI, EUA]. O levantamento epidemiológico de infecções por esses agentes certamente contribuirá de forma significativa sobre a ecologia e epidemiologia desses vírus em nosso litoral.

*Instituição do Programa de IC: UENF
Fomento da bolsa: CNPq, FAPERJ*