

Resumo da Pós-Graduação da CCD/SES-SP

## Estudo de linhagens genéticas do vírus da raiva específicas aos morcegos *Desmodus rotundus* e *Artibeus lituratus*

Programa de Pós-Graduação em Ciências, Coordenadoria de Controle de Doenças (CCD), Secretaria de Estado da Saúde (SES-SP). São Paulo/SP, Brasil.

**Autor:** Débora Nunes de Souza 

**Orientadora:** Juliana Galera Castilho kawai

### Autor para correspondência

Débora Nunes de Souza

E-mail: [deborarhcp@hotmail.com](mailto:deborarhcp@hotmail.com)

Instituição: Programa de Pós-Graduação em Ciências (CCD/SES-SP)

Endereço: Av. Doutor Arnaldo, nº 351, 1º andar. Sala 126. CEP: 01246-000. São Paulo/SP, Brasil

---

Estudo de linhagens genéticas do vírus da raiva específicas aos morcegos *Desmodus rotundus* e *Artibeus lituratus*

Souza DN, kawai JGC (orientadora)

No estado de São Paulo a linhagem *Desmodus rotundus/Artibeus lituratus* é prevalente em bovinos e equídeos na área rural, transmitida por *D. rotundus*, enquanto na área urbana ela é prevalente em cães e gatos, transmitida principalmente por *A. lituratus*. Estudo baseado nos genes N e G do RABV evidenciou uma possível diferenciação dessa linhagem. Com o objetivo de diferenciar a linhagem *Desmodus rotundus/Artibeus lituratus* utilizando todos os genes, foram empregadas 90 amostras positivas para a raiva, 46 relacionadas epidemiologicamente à *D. rotundus* e 44 à *A. lituratus*, todas do território paulista. Essas amostras foram submetidas à síntese de DNA randômicos dupla fita, NGS, enquanto as sequências foram montadas com software CLCBio e as árvores filogenéticas foram elaboradas por ML utilizando o programa GARLI v.0.96. Os resultados mostraram que os isolados da linhagem *Desmodus rotundus/Artibeus lituratus* foram agrupados em quatro sublinhagens filogenéticas, duas associadas ao *D. rotundus* e duas ao *A. lituratus*. A árvore filogenética com todos os genes concatenados mostra que a sublinhagem *Artibeus 1* foi a primeira a se diferenciar, seguida de *Desmodus 1*. *Desmodus 2* e *Artibeus 2* são sublinhagens irmãs, sendo as últimas a se diferenciarem. Em estudo filogenético do gene N com isolados da América Latina, todas as sublinhagens desse estudo tinham a mesma origem, mas diversos isolados de bovinos e *D. rotundus* do Brasil e de outros países do continente foram observados nas sublinhagens *Artibeus 1* e *2*. Foi possível, portanto, diferenciar a linhagem *Desmodus rotundus/Artibeus lituratus* no estado de São Paulo. No entanto, seria fundamental que essa pesquisa se estendesse aos países latino-americanos.

**PALAVRAS-CHAVE:** raiva, morcegos, biologia molecular, sequenciamento de nova geração.

## HISTÓRICO

Resumo do trabalho apresentado na Defesa de Dissertação de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Ciências da CCD/SES-SP realizada em: 22/10/2021. Publicação no BEPA: 12/07/2022

### Área de concentração

Pesquisas Laboratoriais em Saúde Pública



---


Estudo de linhagens genéticas do vírus da raiva específicas aos morcegos *Desmodus rotundus* e *Artibeus lituratus*

Souza DN, kawai JGC (orientadora)

Abstract from the Graduate Program in Sciences at CCD-SES/SP

## Study of rabies virus genetic strains specific to bats *Desmodus rotundus* and *Artibeus lituratus*

Graduate Program in Sciences, Disease Control Coordination (DCC). State Health Department (SHD-SP). Sao Paulo/SP, Brazil.

**Autor:** Débora Nunes de Souza 

**Mentor:** Juliana Galera Castilho kawai

### Mailing

Débora Nunes de Souza

E-mail: [deborarhcp@hotmail.com](mailto:deborarhcp@hotmail.com)

Institution: Programa de Pós-Graduação em Ciências (CCD/SES-SP)

Address: Av. Doutor Arnaldo, nº 351, 1º andar. Sala 126. CEP: 01246-000. Sao Paulo/SP, Brazil

---

Study of rabies virus genetic strains specific to bats *Desmodus rotundus* and *Artibeus lituratus*

Souza DN, kawai JGC (mentor)

In São Paulo State, the *Desmodus rotundus*/*Artibeus lituratus* strain prevails in bovine and equine cattles in rural areas, being transmitted by *D. rotundus*; while in urban areas it prevails in dogs and cats, transmitted mainly by *A. lituratus*. A RABV N and G gene-based study has shown a possible differentiation of that strain. In order to differentiate the *Desmodus rotundus*/*Artibeus lituratus* strain using all genes, we have studied 90 rabies-positive samples, 46 samples epidemiologically related to *D. rotundus*, and 44 to *A. lituratus*, all from São Paulo State. Those samples were submitted to double-stranded random DNA NGS synthesis, while the sequences were assembled using the CLCBio application, and phylogenetic trees were prepared by ML using the GARLI v.0.96 program. Results have shown that isolates of *Desmodus rotundus*/*Artibeus lituratus* strain were grouped into four phylogenetic substrains, two of them associated to *D. rotundus*, and two to *A. lituratus*. The phylogenetic tree containing all concatenated genes shows that the *Artibeus* 1 substrain was the first one to be differentiated, followed by *Desmodus* 1. *Desmodus* 2 and *Artibeus* 2 are sister substrains, and the last ones to be differentiated. In a phylogenetic N gene study using isolates from Latin America, all substrains in this study had the same origin, but we have seen many bovine and *D. rotundus* isolates coming from Brazil and other Latin American countries in the *Artibeus* 1 and 2 substrains. Thus, we were able to differentiate the *Desmodus rotundus*/*Artibeus lituratus* strain in São Paulo State. However, it would be essential to expand this research to Latin American countries.

**KEY WORDS:** rabies, bats, molecular biology, next-generation sequencing.

## HISTORIC

Abstract from the dissertation submitted for Doctoral Defense within the Graduate Program in Sciences at CCD-SES/SP, defended on: 10/22/2021. Published on BEPA on: 07/12/2022

### Area of concentration

Laboratory Research in Public Health



Study of rabies virus genetic strains specific to bats *Desmodus rotundus* and *Artibeus lituratus*

Souza DN, kawai JGC (mentor)