



Infecções virais em *Callinectes danae* (Crustacea, Portunidae): caracterização filogenética e genética de CsRV2 e a descoberta de um novo bunyavírus

Camila Prestes dos Santos Tavares^{1*}, Samuel Paulo Cibulski², Gisela Geraldine Castilho Westphal¹, Mingli Zhao³, Ubiratan de Assis Teixeira da Silva¹, Eric J Schott³ e Antonio Ostrensky¹.

¹Grupo Integrado de Aquicultura e Estudos Ambientais, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brasil. E-mail: *camilapstavares@gmail.com

²Centro de Biotecnologia, Laboratório de Biotecnologia Celular e Molecular, Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, Paraíba, Brasil.

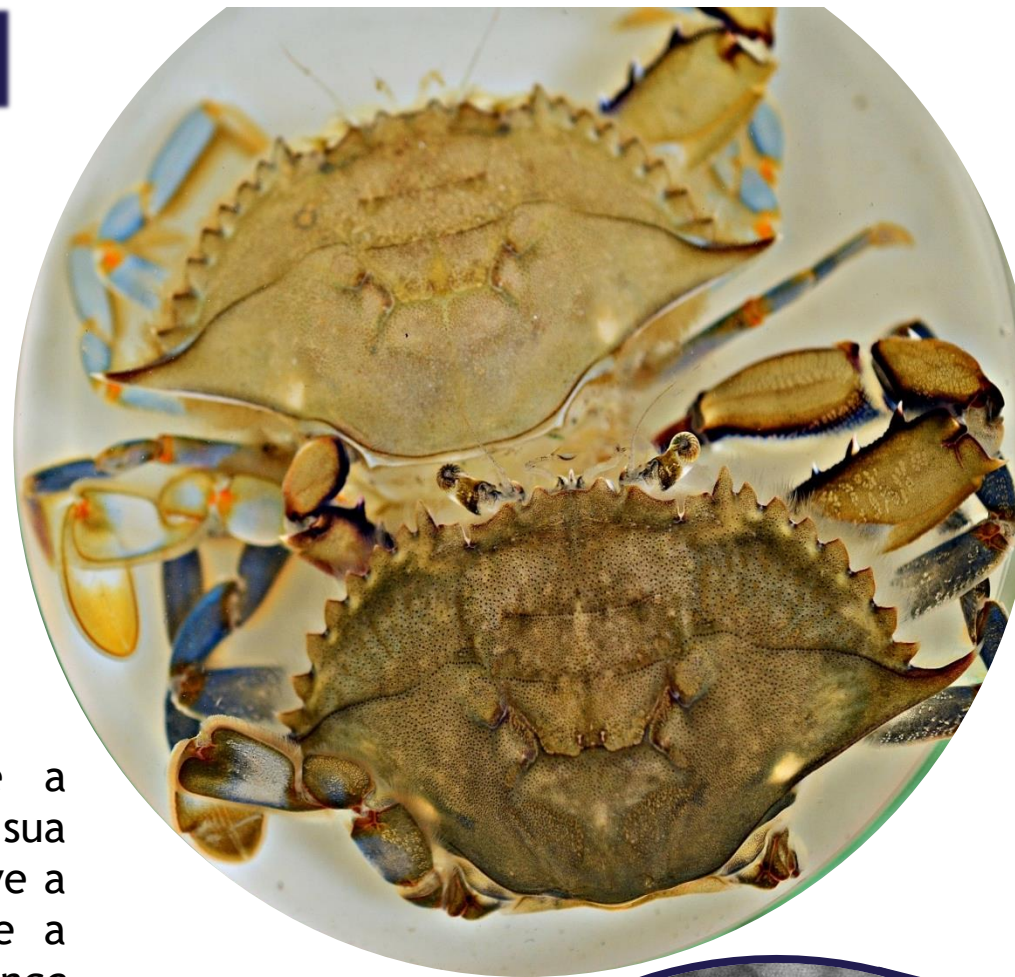
³Institute of Marine and Environmental Technology, University of Maryland Center for Environmental Science, Baltimore, Maryland, USA.

INTRODUÇÃO

Os siris são importantes recursos pesqueiros em diversos países e reconhecidos pelo seu potencial para a aquicultura. Uma das formas mais lucrativas de comercialização é a sua venda como siri-mole.

Recentemente, um novo reovírus de dsRNA, o *Callinectes sapidus* Reovirus 2 (CsRV2), foi detectado em uma alta prevalência (78%) em *Callinectes danae* capturados e mantidos em um sistema experimental de produção de siri-mole no Paraná, Brasil.

No entanto, ainda pouco se sabe sobre a morfologia, inclusão viral de CsRV2 e os efeitos da sua infecção no hospedeiro. O presente estudo descreve a sequência do genoma e a filogenia de CsRV2 e a descoberta de um novo bunyavírus em *C. danae* coletados e mantidos em cativeiro no Paraná, Brasil.

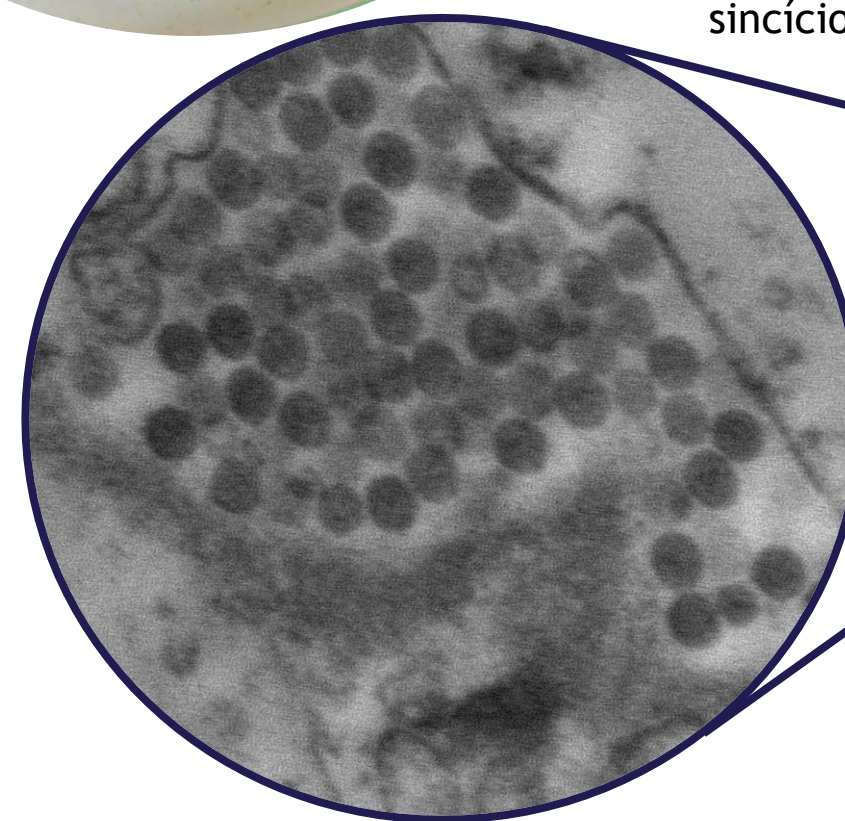
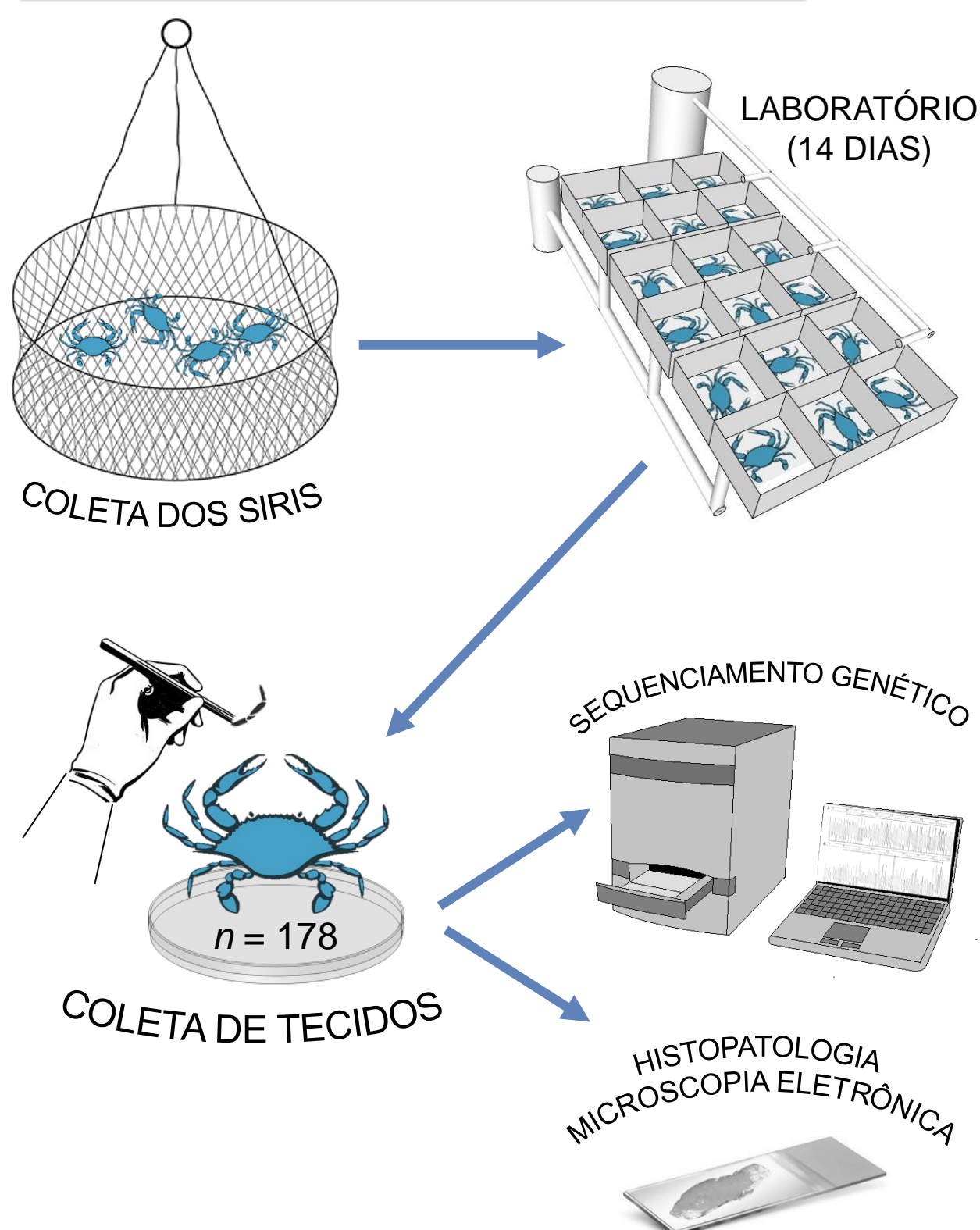


RESULTADOS E DISCUSSÃO

A sequência do genoma do CsRV2 consiste em 12 segmentos (20.909 nts.) de dsRNA que codificam 13 proteínas. A RNA polimerase dependente de RNA apresenta semelhança com *Eriocheir sinensis* reovirus 905, mostrando que CsRV2 pertence ao gênero *Cardoreovirus*, família *Reoviridae*.

A análise por microscopia eletrônica de transmissão revelou a presença de partículas de CsRV2 com simetria icosaédrica no citoplasma dos hemócitos das brânquias e nas células do músculo, medindo $59,0 \pm 8,5$ nm de diâmetro (Figura 2A). Também foram observadas alterações histopatológicas relacionadas aos efeitos citopáticos do vírus, como inclusão intracitoplasmática, sincício, pleomorfismo e neoplasia.

METODOLOGIA



Um genoma de RNA de fita simples, tripartido (11.430 nts.) semelhante à bunyavírus também foi descoberto e nominado como *Callinectes danae* Portunibunyavirus 1 (CdPBV1). A análise filogenética mostrou que CdPBV1 é um novo representante da família *Cruliviridae*. As partículas ($126,3 \pm 45,4$ nm de diâmetro) foram identificadas principalmente nas células do hepatopâncreas (Figura 2B).

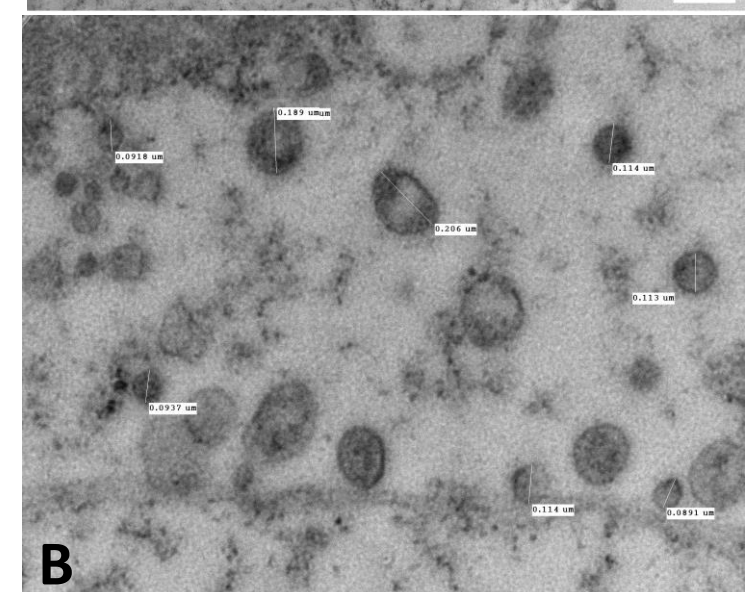
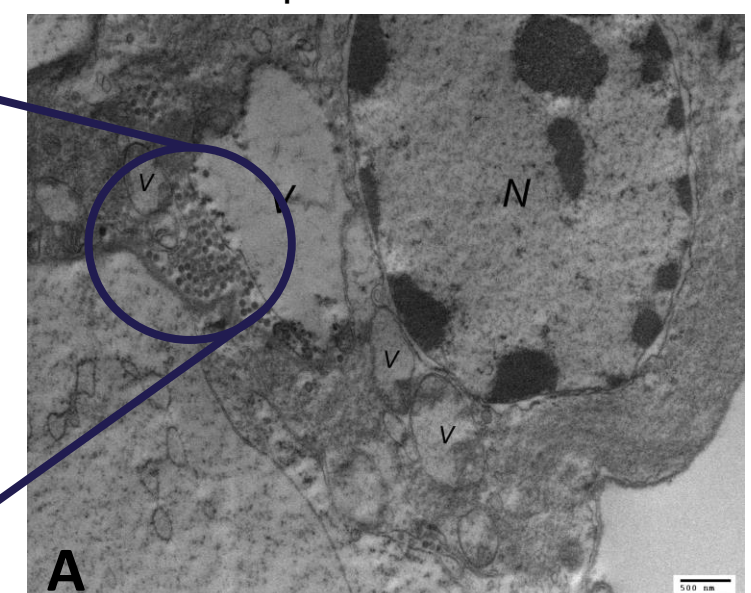


Figura 2. Microfotografias eletrônicas em *Callinectes danae*. A) CsRV2 (A) e CdPBV1 (B). V: Vesícula; N: Núcleo do hemócito.

CONCLUSÕES

- CsRV2 é um reovírus pertencente ao gênero *Cardoreovirus*;
- O bunyavírus CdPBV1 descoberto aqui, pertence a família *Cruliviridae*;
- CsRV2 e CdPBV1 coinfectam *C. danae* e causam alterações histopatológicas que podem estar associadas a mortalidade do hospedeiro;
- As descobertas aqui apresentam uma luz de alerta para os potenciais impactos destes novos vírus na indústria de siri-mole no sul do Brasil.

Figura 1. Fluxograma esquemático das etapas do experimento em laboratório.



Institute of
Marine and
Environmental
Technology

