

Herpesvírus em cetáceos da costa brasileira: primeiro relato em toninhas (*Pontoporia blainvillei*)

Helena Exposto Novoselecki;

Carlos Sacristán Yagüe; Pedro Navas Suárez

José Luiz Catão-Dias

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia/Universidade de São Paulo

helenanovoselecki@usp.br

Objetivos

Os objetivos do presente trabalho foram: (1) detectar por meio de técnicas moleculares a ocorrência de herpesvírus em toninhas (*Pontoporia blainvillei*) da costa brasileira; (2) caracterizar os herpesvírus detectados e estabelecer as suas relações filogenéticas com outros membros da família *Herpesviridae*; e (3) avaliar histopatologicamente os tecidos dos casos positivos.

Métodos e Procedimentos

Foram analisadas 93 amostras de 27 toninhas colhidas entre 2013 e 2020 na costa brasileira. O DNA total das amostras congeladas foi extraído por meio de um kit comercial de colunas. Em seguida, o gene da DNA polimerase de herpesvírus foi parcialmente amplificado segundo o protocolo de VanDevanter *et al.* (1996). Os amplicons positivos foram então purificados e enviados para sequenciamento. O algoritmo BLAST foi aplicado para comparar as sequências obtidas com aquelas armazenadas nos bancos de dados internacionais (DDBJ/ENA/NCBI). Ainda, tecidos de animais positivos foram submetidos a análise histopatológica.

Resultados

Dentre 93 amostras analisadas, 14 foram positivas, correspondendo a 8 dos animais avaliados. A sequência obtida foi idêntica em todos os animais e apresentou maiores porcentagens de identidade de nucleotídeos e aminoácidos (70,1% e 70,9%, respectivamente) com uma sequência de gammaherpesvírus

previamente identificada em baleia-minke-anã (*Balaenoptera acutorostrata*) encalhada no mar Mediterrâneo (Melero *et al.*, 2015). Um dos animais apresentava corpúsculos de inclusão intranucleares anfifílicos em macrófago de linfonodo similares aos relatados em outros herpesvírus (Figura 1).

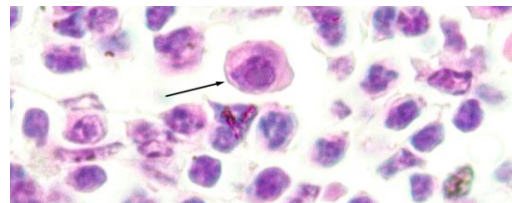


Figura 1: Corpúsculo de inclusão intranuclear em um macrófago de linfonodo de um dos animais positivos.

Conclusões

Nesse trabalho identificamos uma nova espécie de herpesvírus em toninhas, o primeiro da família de cetáceos Pontoporiidae. A mesma sequência foi encontrada em amostras de animais necropsiados entre 2013 e 2020, indicando endemidade desse herpesvírus na população, sendo as toninhas os hospedeiros naturais desse novo agente.

Referências Bibliográficas

- VanDevanter D.R., Warren P., *et al.* 1996. Detection and analysis of diverse herpesviral species by consensus primer PCR. J Clin Microbiol. v. 34(7), p. 1666-1671.
- Melero, M., Crespo-Picazo, J.L., *et al.* 2015. First molecular determination of herpesvirus from two mysticete species stranded in the Mediterranean Sea. BMC Vet. Res. v. 11, n. 283

Herpesvirus in cetaceans of the brazilian coast: the first report in franciscana dolphins (*Pontoporia blainvillei*)

Helena Exposto Novoselecki

Carlos Sacristán Yagüe; Pedro Enrique Navas Suárez

José Luiz Catão-Dias

School of Veterinary Medicine and Animal Science/University of São Paulo

helenanovoselecki@usp.br

Objectives

The goals of the current study were (1) detect, by molecular techniques, the occurrence of herpesvirus in franciscanas (*Pontoporia blainvillei*); (2) characterize the detected herpesvirus and establish their phylogenetic relations with other members of the family *Herpesviridae*; (3) and evaluate histologically the available tissues from the positive cases.

Materials and Methods

Overall, 93 samples from 27 franciscanas collected in the brazilian coast between 2013 and 2020 were analysed. Total DNA from frozen samples were extracted by a commercial column kit. Then, the DNA polymerase gene was amplified by VanDevanter *et al* (1996) protocol. The positive amplicons were purified and sent to sequencing. The BLAST algorithm was applied to compare the obtained sequences with the ones kept in the international data banks (DDBJ/ENA/NCBI). The available tissues from the positive cases were histopathologically evaluated.

Results

Of 93 samples analyzed, 14 tested positive, representing 8 out of the animals analysed. The obtained herpesvirus sequence was identical in all the samples and presented bigger percentages of nucleotides and amino acids identities (70.1% and 70.9% respectively) with a gammaherpesvirus sequence previously identified in a minke whale (*Balaenoptera acutorostrata*) (Melero *et al.*, 2015). The presence of amphiphilic inclusion bodies

consistent with herpesvirus was observed in a lymph node macrophage of one of the animals (Figure 1).

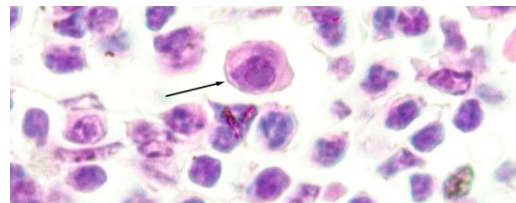


Figure 1: An intracellular inclusion body in a lymph node macrophage of one of the positive animals

Conclusions

Through this work we identified a new species of herpesvirus, the first of the family Pontoporiidae. The same sequence was obtained in animals necropsied between 2013 and 2020, indicating endemicity of this herpesvirus in the population, with franciscanas being the natural hosts of this new agent.

References

- VanDevanter D.R., Warren P., *et al.* 1996. Detection and analysis of diverse herpesviral species by consensus primer PCR. J Clin Microbiol. v. 34(7), p. 1666-1671.
- Melero, M., Crespo-Picazo, J.L., *et al.* 2015. First molecular determination of herpesvirus from two mysticete species stranded in the Mediterranean Sea. BMC Vet. Res. v. 11, n. 283.