



XXXIV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES,
XVI MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA e
I MOSTRA DE EXTENSÃO: CONEXÕES ENTRE
UNIVERSIDADE E COMUNIDADE.



ANÁLISE MOLECULAR E METAGENÔMICA DE PAPILOMAVÍRUS ASSOCIADOS AO SARCOIDE EQUINO

Maria Eduarda Lucca Weber (PROBIC-FAPERGS), Rafael Sartori Flores, Kétlin Milena Zardin, Maitê Braido, Nicole Amoêdo Luvison, Mariana Soares da Silva, Leandro do Monte Ribas, Leticia Dossin Regianini, André Felipe Streck (Orientador(a))

O sarcóide é uma das principais neoplasias dermatológicas dos equinos, caracterizada por comportamento biológico infiltrativo e elevada taxa de recidiva. Embora sua etiologia não esteja completamente elucidada, há forte associação com os papilomavírus (PVs), especialmente BPV1 e BPV2. Entretanto, a diversidade de PVs associada ao sarcóide equino ainda é pouco conhecida, principalmente quanto à presença de tipos virais além de BPV1 e BPV2 nas diferentes formas clínicas da doença. Os PVs apresentam genoma de DNA circular com elevada variabilidade genética, podendo influenciar sua patogenicidade e interação com o hospedeiro. O sarcóide pode manifestar-se nas formas plano/oculto, fibroblástica, mista, verrucosa, nodular e maligna. O estudo teve como objetivo investigar, por metagenômica, a diversidade genética dos PVs associados às diferentes manifestações clínicas do sarcóide equino, visando caracterizar os vírus envolvidos na patogênese dessas lesões. Foram analisadas 55 amostras de sarcóide provenientes de 21 equinos. As amostras foram agrupadas em 8 *pools* de acordo com a classificação clínica das lesões (fibroblástico, misto, verrucoso e nodular) e submetidas à PCR utilizando os *primers* FAP59/FAP64 para detecção de PVs. Posteriormente, os *pools* foram submetidos ao enriquecimento pela técnica do círculo rolante (RCA) e sequenciados na plataforma Illumina MiSeq. Os *reads* obtidos foram processados para remoção das sequências do hospedeiro e filtrados quanto à qualidade utilizando o FastQC. As sequências remanescentes foram analisadas na plataforma CZ ID e posteriormente mapeadas contra o banco de dados do NCBI para identificação viral. Os *contigs* de PVs foram montados em Geneious 2026.0.2. As análises permitiram a recuperação de 4 genomas completos de papilomavírus, correspondente aos tipos BPV2, BPV1, EcPV8 e EcPV5, além da identificação de 22 sequências parciais de L1 pertencentes a diferentes PVs. Adicionalmente, 50% das amostras do *pool* misto classificado como PCR-negativas apresentaram sequências virais detectáveis por metagenômica, evidenciando limitações dos *primers* utilizados rotineiramente. Os resultados revelam uma ampla diversidade genética de PVs associados ao sarcóide equino, incluindo tipos virais além daqueles tradicionalmente relacionados à doença. Esses achados ampliam o conhecimento sobre a epidemiologia molecular e a patogênese do sarcóide, reforçando a importância da metagenômica na investigação da diversidade viral associada à doença.

Palavras-chave: Papillomaviridae, neoplasia, genoma

Apoio: UCS, FAPERGS