

Deteção molecular e prevalência de BFDV em Papagaios-Cinzentos (*Psittacus erithacus*) (*in vivo*) em várias regiões de Portugal continental

Gonçalo Portela^{1*}, Mário Nóbrega², Tiago Santos², Ana Terraso³, João Ribeiro Lima¹, Cátia Marques^{1,4,5}, Margarida Alves^{1,6}

¹Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona (FMV-ULHT), Campo Grande 376, 1749-024 Lisboa, Portugal;

²ExoticVets, 2670-389 Infantado, Loures, Portugal;

³Inove Gene, Praceta Horta do Bispo 8B, 7005-259 Évora, Portugal;

⁴CIISA - Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Ajuda, 1300-477, Lisboa, Portugal;

⁵AL4AnimalS - Laboratório Associado para a Ciência Animal e Veterinária.

⁶CBios - Centro de Investigação de Biotecnologias e Tecnologias da Saúde, Universidade Lusófona, Campo Grande 376, 1749-024 Lisboa, Portugal;

*Autor correspondente: goncalo.oliveira.portela@gmail.com

INTRODUÇÃO

O circovírus dos psitacídeos (PsCV) ou vírus da doença do bico e das penas (BFDV) é o agente etiológico da doença do bico e das penas (PBFD). Devido ao comércio internacional de aves a disseminação deste vírus chegou a todos os continentes, afetando tanto aves em cativeiro, como aves selvagens. Atualmente, a BFDV encontra-se descrita em 40 países, constituindo um problema global [1]. A situação das espécies de aves em perigo de extinção é especialmente delicada, uma vez que BFDV representa uma ameaça para a sua sobrevivência [2, 3].

OBJETIVOS

- 1) Estimar a prevalência da infeção por BFDV em *P. erithacus* assintomáticos mantidos em cativeiro em Portugal Continental;
- 2) Caracterizar as condições de manejo, permitindo identificar medidas de prevenção da disseminação deste vírus;
- 3) Contribuir para o conhecimento epidemiológico do vírus em Portugal.

MATERIAIS E MÉTODOS



Figura 1 - Localização geográfica aproximada da origem das aves envolvidas no presente estudo.

RESULTADOS

- A amplificação do gene *12S rDNA* foi bem sucedida em todas as amostras (boa integridade do DNA e ausência de inibidores da DNA polimerase).
- A amplificação de DNA de BFDV por PCR *nested* foi positiva para 8 amostras → **Prevalência de infeção por BFDV de 8% (8/100)**.

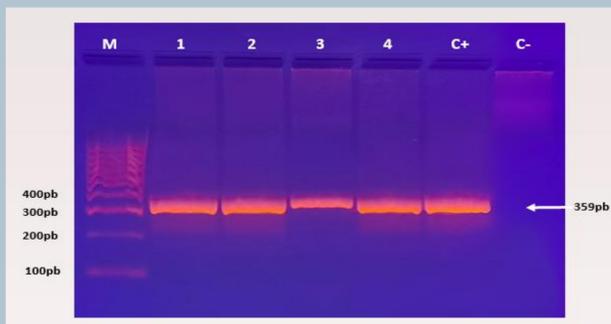


Figura 2 - Resultados da amplificação de BFDV observados após eletroforese em gel de agarose a 2%. M: Marcador de pesos moleculares Hyperladder 100 bp (Bioline). 1 a 4: Produto de PCR de quatro amostras positivas para BFDV. C+: Controlo positivo. C-: Controlo negativo.

- **Aves infetadas** por BFDV pertencentes a seis criadores, correspondendo a **60% das coleções estudadas** (Gráfico 1).
- Coleções com pelo menos uma ave infetada **distribuídas por todo o Portugal Continental** (Concelhos de Arraiolos, Coimbra, Montijo, Tondela e Valpaços).
- Dois criadores com uma prevalência de infeção de 20% e quatro criadores com uma prevalência de infeção de 10%.
- **Aves com resultado de PCR positivo:**
 - 37,5% (3/8) tinham contacto com o solo e fezes,
 - 25% (2/8) estavam alojadas no interior,
 - 12,5% (1/8) tinham contacto com outras espécies de aves.

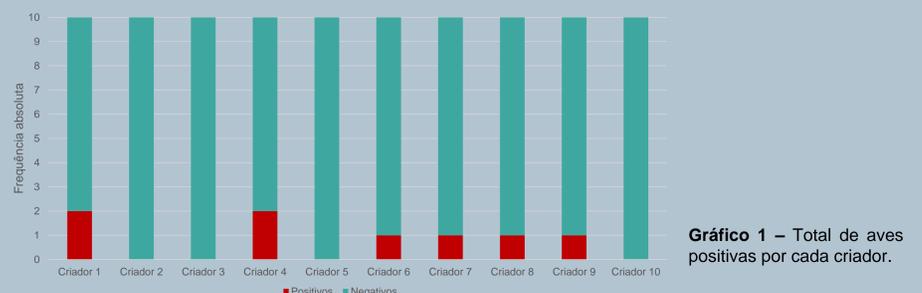


Gráfico 1 - Total de aves positivas por cada criador.

CONCLUSÕES

A prevalência da infeção por BFDV em *P. erithacus* é semelhante ou inferior à relatada na maioria dos estudos efetuados na Europa, encontrando-se abaixo dos valores obtidos na maioria dos estudos realizados noutros países não europeus. A ocorrência da infeção em psitacídeos assintomáticos corrobora dados já publicados e o seu diagnóstico é importante pelo papel que estas aves têm na disseminação de BFDV. O trabalho desenvolvido permitiu aumentar o conhecimento sobre a situação nacional, tanto quanto à prevalência de infeção como quanto às condições de manejo existentes nos criadores estudados e que são favoráveis à manutenção e disseminação do vírus. O presente estudo demonstra a necessidade de sensibilizar os criadores para a importância de rastrear a presença de BFDV nas aves adquiridas, mesmo quando estas não demonstram sinais clínicos. Este rastreio poderá contribuir para uma menor disseminação do vírus, bem como reduzir eventuais perdas animais e económicas.

Referências

- [1] Fogell, D. J., Martin, R. O., & Groombridge, J. J. (2016). Beak and feather disease virus in wild and captive parrots: an analysis of geographic and taxonomic distribution and methodological trends. *Archives of virology*, 161(8), 2059-2074.
- [2] Das, S., Smith, K., Sarker, S., Peters, A., Adriaanse, K., Eden, P., ... & Raidal, S. R. (2020). Repeat spillover of beak and feather disease virus into an endangered parrot highlights the risk associated with endemic pathogen loss in endangered species. *Journal of Wildlife Diseases*, 56(4), 896-906.
- [3] Raidal, S. R., & Peters, A. (2018). Psittacine beak and feather disease: Ecology and implications for conservation. *Emu - Austral Ornithology* 118, 80-93.
- [4] Tomasek, O., Kubicek, O., & Tukac, V. (2008). Comparison of three template preparation methods for routine detection of beak and feather disease virus and avian polyomavirus with single and nested polymerase chain reaction in clinical specimens. *Avian Pathology*, 37(2), 145-149.

Financiamento

Este trabalho foi financiado pela Universidade Lusófona (projecto FMV_Estágios_21-22)