



CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DO VÍRUS DA DOENÇA INFECCIOSA DA BURSA (IBDV) DE OCORRÊNCIA NO BRASIL

Olinto Douglas de Oliveira Bialoso^{1,2}, Aline Padilha de Fraga¹, Sílvia De Carli^{1,2}, Vagner Ricardo Lunge¹

¹ Laboratório de Diagnóstico Molecular - ULBRA - Canoas

² Medicina Veterinária - ULBRA - Canoas

INTRODUÇÃO

O vírus da doença infecciosa da bursa (IBDV, *Infectious bursal disease virus*) é o agente etiológico da doença de Gumboro. Pertence à família *Birnaviridae*, que compreende os vírus com um genoma de dupla fita de RNA, bi-segmentados [1]. O IBDV é classificado nos sorotipos 1 e 2, somente os membros do sorotipo 1 causam a doença de Gumboro. O IBDV pode, ainda, ser subdividido quanto às variações genéticas: cepas clássicas (cvIBDV), muito virulentas (vvIBDV) e variantes antigênicas (avIBDV) [2, 3]. Ambos os genótipos são de distribuição mundial, no entanto, as variantes antigênicas podem ser restritas a determinados locais. O conhecimento das cepas de ocorrência no campo é de extrema importância para a compreensão da interação do IBDV com as aves infectadas e o seu efetivo controle.

OBJETIVO

O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização genético-molecular das variantes antigênicas brasileiras do IBDV, através da análise filogenética do gene *vp2* e identificação de marcadores moleculares específicos dessas variantes de IBDV.

MATERIAIS E MÉTODOS

Alinhamento com sequências de referência e

Desenho dos primers

Coleta de amostras de lotes com sintomatologia compatível com infecção por IBDV

Extração de RNA e Amplificação do gene *vp2* por RT-PCR

Sequenciamento do gene *vp2*

Análise Filogenética e de aminoácidos

RESULTADOS E DISCUSSÕES

A análise filogenética demonstra a ocorrência de todos os 3 genótipos de IBDV no país (Fig. 1). Além disso, as variantes antigênicas brasileiras são divididas em dois grupos (G15 e G16) [4]. As amostras sequenciadas (SB-5417 e Isolado G15), obtidas nesse estudo, foram agrupadas com o G15. Além disso, a amostra SB-5417 apresenta mais de 94% de similaridade com amostras de IBDV isoladas na década de 1990 (G48 e G11 [4] e Prezotto-BR), demonstrando a ocorrência deste genótipo ao longo das últimas décadas nos plantéis brasileiros.

Amostras brasileiras G16 são agrupadas em conjunto com amostras da Argentina e Uruguai, apresentando similaridade de 93,5%.

Referências bibliográficas

- BERNARDINO, A., LEFFER, E. Doença infecciosa da bolsa de fabricio. IN: JÚNIOR, A. B., et al. Doenças das aves. 2ª Ed. Campinas: Facta, 2009: 651-73.
- JACKWOOD, D. J., et al. Immunogenicity and antigenicity of infectious bursal disease virus serotypes I and II in chickens. *Avian Diseases*. 1985; 1184-94: 29(4).
- MÜLLER, H., et al. The genome of infectious bursal disease virus consists of two segments of double-stranded RNA. *Journal of Virology*. 1979; 584-9: 31(3).
- IKUTA, et al. Molecular characterization of Brazilian infectious bursal disease virus. *Avian Diseases*. 2001; 297-306:45.
- HERNÁNDEZ, M., TOMÁS, G., MARANDINO, A., IRAOLA, G., MAYA, L., MATTION, N., HERNÁNDEZ, D., VILLEGAS, P., BANDA, A., PANZERA, Y. & PÉREZ, R. (2015): Genetic characterization of South American infectious bursal disease virus reveals the existence of a distinct worldwide-spread genetic lineage, *Avian Pathology*.

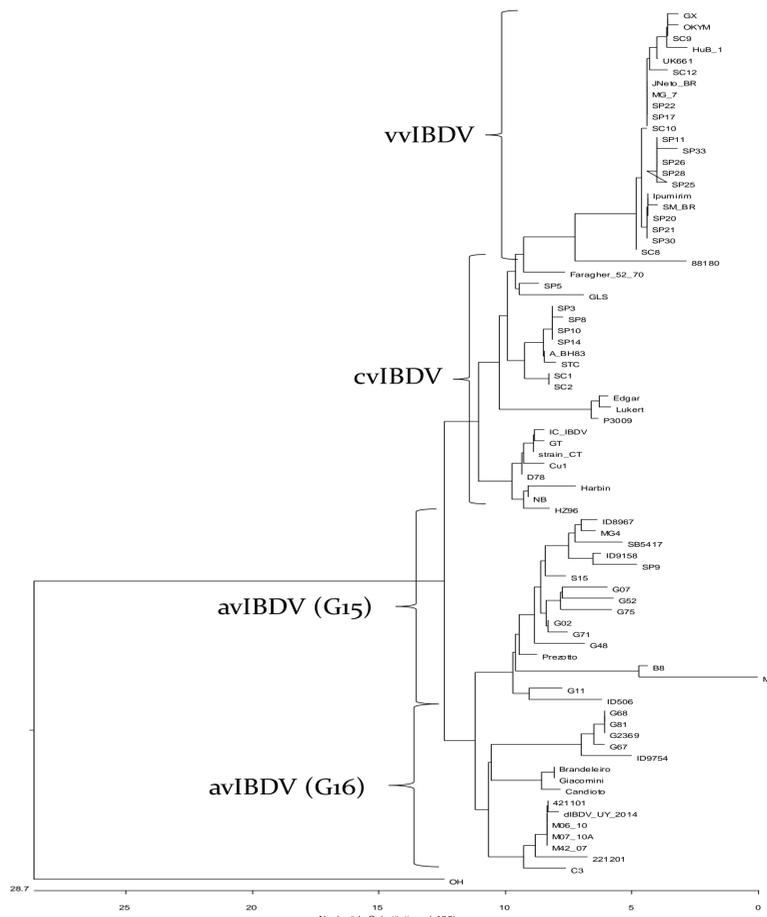


Figura 1. Análise Filogenética das amostras de IBDV brasileiras e sequências de referências, baseada na análise parcial do gene *vp2*, utilizando para alinhamento o método ClustalW e para filogenia o método UPGMA.

Tabela 1. Diferença de aminoácidos entre sequências dos grupos 15 e 16 de avIBDV.

Grupo	Amostra	Região Vp2 Posição												
		242	245	253	256	270	272	279	284	289	290	294	296	299
avIBDV (G15)	SB5417	V	E	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	N
	G48	V	E	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	N
	G11	V	E	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	N
	Prezotto	V	E	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	N
	421101	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	S
avIBDV (G16)	diBDV_UY	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	S
	M42_07	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	S
	221201	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	N
	C3	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	I	L	F	S
	G68	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	V	L	F	N
G81	V	G	Q	V	T	T	N	A	P	V	L	F	N	

A análise de aminoácidos evidencia algumas assinaturas moleculares, concordando com Hernandez et al. (2015), em que demonstra na posição 272T de todas as variantes antigênicas G15 e G16, diferentemente do encontrado em cepas clássicas e muito virulentas do vírus (272I). O mesmo ocorre na posição 296F. Em nosso estudo foi possível constatar uma posição característica de cada grupo antigênico, sendo encontrado no grupo G15 245E, bem como nos outros genótipos de IBDV, e 245G nas amostras pertencentes ao G16 (Tabela 1).

CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS

Amostras de IBDV do Brasil demonstram uma alta similaridade entre as amostras sequenciadas e cepas que estão em circulação na Argentina e Uruguai, tendo em vista que estes países são os principais parceiros econômicos brasileiros, deve-se ter um controle sobre os plantéis avícolas para assim controlar a disseminação dessas cepas encontradas.

Esse trabalho continua em andamento para aumentar o número de amostras sequenciadas, avaliando toda a região do gene *vp2*, para uma completa caracterização das amostras de IBDV recentes.