



## ANÁLISE FILODINÂMICA E DIVERSIDADE MOLECULAR DO VÍRUS DA BRONQUITE INFECCIOSA DAS GALINHAS NO BRASIL

Cleiton Schneider Pereira<sup>1,2</sup>, Aline Padilha de Fraga<sup>2</sup>, Tiago Gräf<sup>2</sup>, Nilo Ikuta<sup>2</sup>, Vagner Ricardo Lunge<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Acadêmico do curso de Medicina Veterinária da ULBRA

<sup>2</sup> Laboratório de Diagnóstico Molecular ULBRA

cleitonspereira@hotmail.com

### INTRODUÇÃO

A bronquite infecciosa das galinhas é uma doença viral aguda altamente contagiosa, amplamente disseminada no Brasil e no mundo e responsável por grandes perdas econômicas. O vírus da bronquite infecciosa das galinhas pertence ao gênero *Gammacoronavirus*, família Coronaviridae. O seu genoma de RNA de fita simples codifica quatro proteínas principais, das quais a subunidade 1 da proteína da espícula é responsável pelo surgimento de grupos antigenicamente distintos. No Brasil, a doença foi relatada nos anos 50 e, ao longo dos anos seguintes, os genótipos Mass, Ark e variantes de campo locais foram reportados. Recentemente um sistema de classificação baseado em linhagens e genótipos foi proposto para guiar estudos epidemiológicos (VALASTRO et al., 2016).

### OBJETIVOS

Este trabalho tem por objetivo aplicar a nova classificação viral e investigar as linhagens quanto ao papel da recombinação para a diversidade genética do vírus em países sul-americanos de importância na produção avícola, além de revisar a diversidade molecular do vírus e determinar o estabelecimento e a história demográfica do vírus no Brasil e na América do Sul.

### MATERIAIS E MÉTODOS

A classificação genotípica das sequências brasileiras do gene S1 disponíveis no GenBank foi realizada através da inserção delas num *dataset* de referência disponibilizado por VALASTRO et al. (2016) e posterior construção de filogenias. A verificação de sequências internacionais pertencentes ao mesmo genótipo foi feita adicionando ao *dataset* de referência sequências do gene S1 do mundo inteiro com informações de local e data de coleta. Os alinhamentos foram feitos com o programa Mafft e inspecionados visualmente no programa AliView. O programa RAXML foi utilizado para remover sequências idênticas e construir árvores de máxima verossimilhança. Análises de recombinação foram feitas com o programa Simplot para todas as sequências pertencentes ao genótipo brasileiro. Árvores de aproximação de vizinhos foram feitas pelo modelo de dois parâmetros de Kimura. Sequências amostrais que mostraram padrões de recombinação foram sujeitas a pesquisa pelo BLAST. O programa TempEst foi utilizado para investigar o sinal temporal das sequências e o programa BEAST/BEAGLE foi utilizado para realizar análises Bayesianas e construir árvores filogenéticas de tempo em escala.

### RESULTADOS

Para a primeira análise realizada com o *dataset* de referência, obteve-se um total de 192 sequências brasileiras do gene S1, onde 143 sequências brasileiras (74,5%) foram classificadas como linhagem GI-11 (cepas de campo brasileiras), 46 (24%) como GI-1 (cepa Mass), 2 (1%) como GI-13 (cepa 793B) e 1 (0,5%) como GI-9 (cepa Ark). A segunda análise realizada a partir de sequências do mundo inteiro resultou em 101 sequências pertencentes à linhagem GI-11, onde 84 eram brasileiras, 10 eram argentinas e 7 eram uruguaias, porém destas, 6 sequências argentinas se agruparam apenas basalmente e 4 sequências brasileiras apresentaram um padrão distinto das demais (Figura 1). Análises de recombinação realizadas para estas sequências argentinas e brasileiras evidenciaram uma similaridade com a linhagem GI-11, mas nenhuma semelhança a outra linhagem já descrita (Figura 1). Pesquisas através do BLAST dos possíveis fragmentos recombinantes não obtiveram resultados de possíveis origens para essas recombinações. O resultado das análises Bayesianas e de dinâmica da população viral das sequências não-recombinantes pertencentes à linhagem GI-11 podem ser observados na Figura 2.

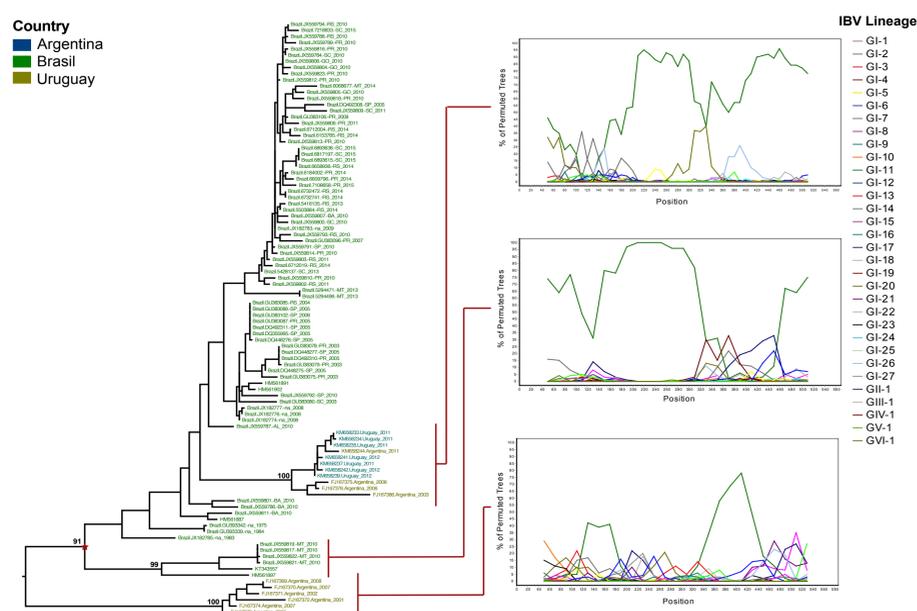


Figura 1. Árvore filogenética da linhagem GI-11 e gráficos das análises de recombinação.

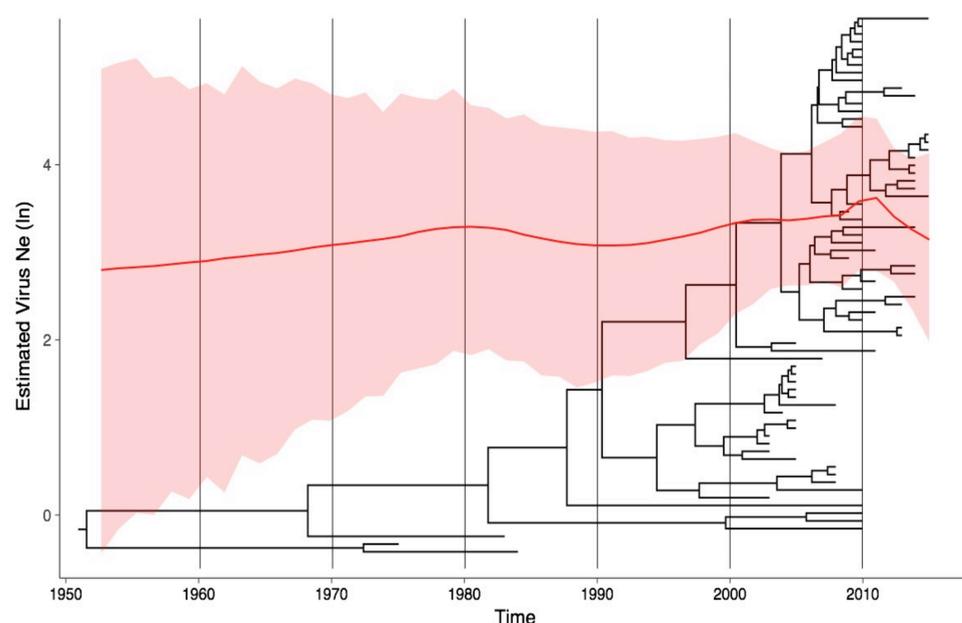


Figura 2. Árvore filogenética de tempo em escala e história da população viral efetiva da linhagem GI-11.

### CONCLUSÃO

A bronquite infecciosa das galinhas é uma doença importante no Brasil por ser endêmica e causar prejuízos econômicos. Os dados desse estudo sugerem a entrada do vírus no país em 1950 e sua permanência até os dias atuais. Esses dados contribuem para um melhor entendimento da epidemiologia do agente e da doença no Brasil.

### REFERÊNCIAS

- CAVANAGH, D. Coronavirus avian infectious bronchitis virus. *Veterinary Research*, v. 38, n. 2, p. 281-291, 2007.  
VALASTRO, V.; HOLMES, E. C.; BRITTON, P.; FUSARO, A.; JACKWOOD, M. W. S1 gene-based phylogeny of infectious bronchitis virus: An attempt to harmonize virus classification. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 39, p. 349-364, 2016.