

DETECÇÃO E ANÁLISE GENOTÍPICA DE REOVÍRUS AVIÁRIOS ASSOCIADOS COM TENOSSINOVITE EM AVES DE PRODUÇÃO COMERCIAL NO BRASIL

Michelle Vanset¹, Silvia De Carli³, Fernanda Kieling Moreira²,
Vagner Ricardo Lunge^{4,5}, Nilo Ikuta^{4,5}

1 Aluna do Curso de Medicina Veterinária – ULBRA/Canoas; 2 Laboratório de Diagnóstico Molecular – ULBRA; 3 PPG em Ciências Veterinárias – UFRGS; 4 Professor do PPGBioSaúde; 5 Orientador

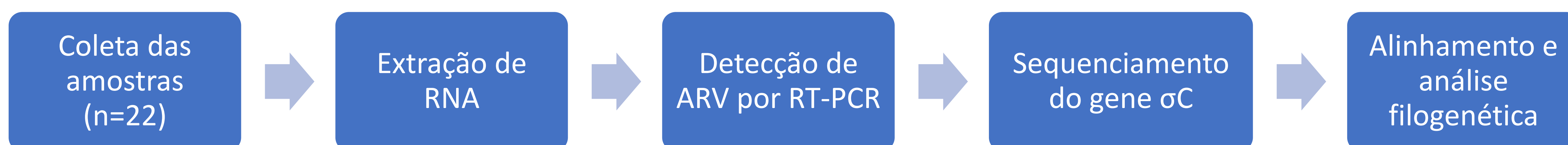
INTRODUÇÃO

O reovírus aviário (ARV, *avian reovirus*) pertence ao gênero *Orthoreovirus* da família *Reoviridae* e está associado a duas importantes manifestações clínicas nas aves: artrite viral e a síndrome de má absorção. Ambos cenários causam grandes perdas econômicas para o setor avícola, decorrentes de condenação de carcaças nos abatedouros e conversão alimentar, respectivamente. Os ARVs são vírus de RNA com um capsídeo icosaédrico não envelopado contendo 10 segmentos de genoma de cadeia dupla, divididos em três classes de tamanho com base na sua mobilidade característica durante a eletroforese em gel. O tamanho total do genoma é de aproximadamente 23.500 pares de bases e o capsídeo externo é constituído por três proteínas mais variáveis (μ B, σ B e σ C). A proteína sigma C (σ C) tem 326 aminoácidos e é a mais variável no reovírus.

OBJETIVOS

O presente estudo tem como objetivo realizar a detecção e a análise genotípica de ARVs circulantes no Brasil.

METODOLOGIA



RESULTADOS E DISCUSSÃO

As amostras positivas na RT-PCR foram submetidas ao sequenciamento de σ C. Essas amostras mostraram uma similaridade de 32 a 100% entre si e agruparam-se em genótipos distintos (I, II, III e V). As amostras do genótipo I agruparam-se próximas à isolados da França e distantes das cepas vacinais. No genótipo II, as amostras agruparam-se em um ramo específico da árvore filogenética, próximo a cepas dos Estados Unidos, Canadá e Israel. Uma amostra agrupou-se próxima a isolados dos Estados Unidos, no genótipo III e as amostras pertencentes ao genótipo V ficaram próximas a cepas da Austrália. Não foi observada correlação entre genótipos e lesões.

CONCLUSÃO

A análise realizada no estudo, somada aos dados de sequências já existentes sugerem que os genomas de ARVs possuem elevada frequência de mutações e rearranjos, resultando em diversos genótipos bastante heterogêneos. Outros estudos, como sequenciamento, caracterização completa do genoma e determinação do mecanismo de patogenicidade são necessários para obter melhores informações sobre as cepas circulantes de ARV, a fim de desenvolver estratégias eficientes de proteção da doença.

Tabela 1. Classificação dos ARVs nos genótipos de acordo com as sequências de aminoácidos da proteína σ C.

Genótipos	n	%
I	11	50,0
II	6	27,3
III	1	4,5
V	4	18,2
Total	22	100

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFIERI, A. A.; ALFIERI, A. F.; MATOS, A. C. D.; LORENZETTI, E.; LOBATO, Z. I. P. Reoviridae. In: FLORES, E. F. **Virologia Veterinária**. Santa Maria: Editora da Universidade Federal de Santa Maria, 2017. cap. 32.
- AYALEW, L. E.; GUPTA, A.; FRICKE, J.; et al. **Phenotypic, genotypic and antigenic characterization of emerging avian reoviruses isolated from clinical cases of arthritis in broilers in Saskatchewan, Canada**. Scientific Reports, v. 7, n. 1, p. 3565, 2017.
- LU, H.; TANG, Y.; DUNN, P. A.; et al. **Isolation and molecular characterization of newly emerging avian reovirus variants and novel strains in Pennsylvania, USA, 2011-2014**. Scientific reports, v. 5, n. April, p. 14727, 2015.