



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Identificação dos genótipos do vírus da bronquite infecciosa em órgãos de diferentes sistemas fisiológicos das aves
Autor	ISADORA LEWANDOWSKI NAVARINI
Orientador	VAGNER RICARDO LUNGE
Instituição	Universidade Luterana do Brasil

A bronquite infecciosa (BI) é uma doença viral aguda e altamente contagiosa que provoca grandes perdas econômicas à indústria avícola brasileira. Esta doença é causada por um coronavírus (vírus da bronquite infecciosa - VBI) que possui genoma de RNA fita simples, envelopado, com a presença de espículas glicoproteicas clivadas em duas porções: S1 e S2. A porção S1 apresenta uma grande diversidade genética (e em muitos casos também antigênica), permitindo a classificação em vários genótipos que possuem distribuição variada nas regiões de produção avícola do mundo. Estudos realizados no Brasil demonstram a ocorrência de dois genótipos principais: Massachusetts (Mass) e “variantes brasileiras de campo” (grupo de genótipos bastante similar denominado BR, podendo ser subdividido em BR-I e BR-II). Estes genótipos de VBI podem infectar diferentes células do organismo das aves, sendo que alguns apresentam tropismo por determinado órgão e/ou sistema específico (principalmente dos trato respiratório, reprodutivo, urinário, digestório). Este trabalho teve como objetivo identificar os genótipos de VBI presentes em lotes de produção avícola (matrizes e frangos de corte) com BI no Brasil, além de avaliar os genótipos mais prevalentes nos órgãos dos diferentes sistemas fisiológicos. A partir de 79 lotes (34 de matrizes e 45 de frangos de corte) positivos para o VBI, foram coletadas amostras de órgãos de três diferentes sistemas (digestório, respiratório e urogenital). O RNA foi extraído com *kit* comercial, conforme protocolo do fornecedor (Simbios Biotecnologia, Cachoeirinha, RS), e após foi realizada a amplificação de uma porção do gene S1 pela técnica de transcrição reversa seguida de dupla amplificação pela reação em cadeia da polimerase (*RT-nestedPCR*). Os produtos amplificados foram sequenciados e os genótipos identificados. Os resultados mostraram a ocorrência dos dois genótipos principais, sendo 23 (29,1%) Mass e 56 (70,9%) BR (52, 65,8%, BR-I; 4, 5,1%, BR-II). Em 61 amostras o genótipo do VBI foi detectado em órgãos de determinado sistema possibilitando a comparação da frequência dos genótipos nos diferentes sistemas fisiológicos. Ambos os genótipos (Mass e BR) foram encontrados em todos os sistemas fisiológicos, entretanto Mass foi significativamente mais encontrado no sistema respiratório (11 amostras - 84,6%) do que nos demais (uma amostra, 7,7%, no digestório; uma amostra, 7,7%, no urogenital). O genótipo BR foi encontrado principalmente em amostras dos sistemas digestório (17 amostras, 35,4%) e respiratório (19 amostras, 39,6%), e em menor frequência em amostras do trato urogenital (12 amostras, 25%). Este trabalho mostra a disseminação dos genótipos Mass e BR nos lotes de produção avícola do Brasil. Além disso, demonstra que estes genótipos podem ser encontrados nos três sistemas fisiológicos preferenciais de replicação do VBI (respiratório, digestório e urogenital), sendo que o genótipo Mass foi mais encontrado no sistema respiratório (cepas vacinais vivas normalmente persistem no trato respiratório).