

Variabilidade genética do gene da VP3 do girovírus aviário tipo 2

Fernando Finoketti¹, Helton Fernandes dos Santos^{1,2}, Fabrício Souza Campos¹, Paulo Michel Roehe^{1,2}, Ana Cláudia Franco¹.

fernando_finoketti@yahoo.com.br

1 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas e da Saúde, Laboratório de Virologia, Rua Sarmento Leite, 500. Porto Alegre/RS. CEP: 90050-170.

2 – Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor, Instituto de Ciências Básicas e da Saúde, Laboratório de Micologia, Estrada Municipal do Conde, 6000. Eldorado do Sul/RS. CEP: 92990-000.

Resumo

O vírus da anemia infecciosa das galinhas (CAV) e o girovírus aviário tipo 2 (AGV-2) são ambos membros da família *Circoviridae*, gênero *Gyrovirus*. Uma das proteínas codificadas pelo CAV, a Apoptina (ou VP3), induz, *in vitro*, apoptose seletiva em células tumorais. *In vivo* a infecção pelo CAV tem como característica a atrofia tímica, causada por extensa lise de timócitos. A VP3 do AGV-2 apresenta 32,2% de identidade com a Apoptina e não se conhece ainda se há relação entre variação gênica da VP3 em AGV-2 e gravidade da doença clínica. Assim, o objetivo desse estudo foi sequenciar variantes de VP3 do AGV-2 em diferentes espécies de aves e correlacionar o padrão molecular da VP3 com o estado de saúde dos animais. O DNA do bulbo das penas de 9 animais saudáveis e 6 animais com perda de peso e anemia foi extraído e submetido à reação em cadeia da polimerase (PCR). Todo o gene da VP3 foi amplificado e sequenciado (produto de 523pb) e foi realizado o alinhamento das sequências de nucleotídeos e de aminoácidos das diferentes amostras. A análise filogenética dos genes da VP3 resultou na formação de 3 *clusters*, nomeados N1, SM e T conforme classificação prévia. A diferença de aminoácidos entre esses grupos variou entre 8,9 e 12,0%. Amostras similares ao grupo N1 foram originadas de aves doentes, enquanto que as similares ao grupo T foram originadas de animais saudáveis. Adicionalmente, das amostras analisadas, apenas duas não se agruparam com nenhum dos três *clusters*. Esse estudo mostrou a existência da variação genética no gene da VP3 do AGV-2 de diferentes amostras de aves saudáveis e doentes. Para confirmar a correlação existente entre o genótipo da VP3 e o estado de clínico das aves mais amostras serão analisadas.

Palavras-chave: AGV-2; apoptina; variabilidade genética; VP3.

Projeto financiado: CAPES; CNPq; FINEP.