

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DO VÍRUS DA DOENÇA INFECCIOSA DA BURSA DE FABRICÍUS COM ALVO NO FRAGMENTO DO GENE *VP1* EM FRANGOS DE CORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

MOTA-JÚNIOR, Miguel Angelo Leite¹; VAN DER MEER, Carolina Soares²;
ARAÚJO, Thamires Rezende³; CAMILO, Tays Araújo⁴; SANTOS, Huarrisson
Azevedo⁵

RESUMO

Introdução: A Doença Infecciosa da Bursa de Fabricius é uma enfermidade aguda e contagiosa que leva a imunossupressão em aves jovens. O vírus da Doença Infecciosa da Bursa (vDIB) apresenta o material genético de natureza RNA e expressa 5 moléculas proteicas. Dentre estas, a proteína *vp1*, responsável pela replicação do material genético do vírus na fase de infecção da doença. **Objetivo:** O objetivo deste estudo foi realizar a detecção e caracterização molecular do vírus da doença infecciosa utilizando como alvo o gene *vp1*, em frangos de corte, do Estado do Rio de Janeiro. **Material e métodos:** As coletas de aves foram realizadas em quatro granjas, onde foram obtidas 65 aves que apresentavam sinais clínicos compatíveis com a doença. Foram realizadas necropsias das aves com coleta de Bursa como órgão alvo. Os fragmentos dos órgãos foram extraídos através do método de Trizol, com realização da reação de transcrição reversa para síntese de cDNA. A detecção molecular do vírus foi realizada através da PCR, previamente padronizada. Os produtos de PCR foram submetidos ao sequenciamento e análise filogenética. **Resultados:** Das 65 amostras que foram submetidas às análises moleculares, três amostras 4,6% (n = 3/65), foram consideradas positivas na reação da PCR. Os resultados obtidos através do sequenciamento foram comparados com 29 sequências do gene *vp1* depositadas no GenBank, que demonstrou um percentual de identidade variando de 99% a 100% entre as sequências selecionadas. Na análise filogenética, as três amostras agruparam-se em um único cluster junto com outras 18 sequências do gene *vp1* oriundas dos Estados Unidos, China, Croácia, Índia, Israel e Tawian depositadas no GenBank. **Conclusão:** O presente estudo foi importante na compreensão da variabilidade do gene *vp1* em amostras do vDIB isolados de aves naturalmente infectadas. Sendo imprescindível o aprofundamento no estudo molecular do vDIB, que posteriormente favorece em aplicações de medidas eficazes de controle, manejo e biossegurança no setor avícola.

Palavras-chave: Imunossupressão; RNA; RT-PCR; Sequenciamento

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, Rio de Janeiro. miguelmotavet@yahoo.com

² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, Rio de Janeiro. csvdm@msn.com

³ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, Rio de Janeiro. tamirezendearaujo@gmail.com

⁴ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, Rio de Janeiro. taysaraujo.medvet@gmail.com

⁵ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, Rio de Janeiro. huarrisson@yahoo.com.br