

ID TRABALHO: 204/2050-0

ÁREA DO TRABALHO: COLEÇÕES DE CULTURA E TAXONOMIA

TÍTULO DO TRABALHO: Genotipagem De Adenovirus Aviário (Aviadenovirus Sp.)

AUTORES: Daiane Voss-Rech, Iara Maria Trevisol, Cátia Silene Klein, Catia Silene Klein

INSTITUIÇÃO: EMBRAPA SUÍNOS E AVES

RESUMO:

A Coleção de Microrganismos de Interesse para Suinocultura e Avicultura (CMISEA), mantida pela Embrapa Suínos e Aves, reúne cepas de vírus e bactérias oriundas de coleções históricas (Coleções de Trabalho) de pesquisas antigas, em andamento ou recém-concluídas, bem como, obtidas de materiais eventualmente recebidos para diagnóstico. No acervo da CMISEA, estão algumas cepas de Aviadenovirus sp. (anteriormente denominados Fowl aviadenovirus - FadV), cuja espécie e sorotipo não foram determinadas. Os adenovírus aviários estão associados a doenças da produção avícola, frequentemente como agentes secundários ou como agentes primários de patologias emergentes. Atualmente, o gênero é dividido em 28 espécies, das quais cinco são importantes para avicultura de corte (anteriormente conhecidos como adenovírus tipo 1). A nomenclatura das espécies foi recentemente atualizada para *A. gallinae* (anteriormente FAdV-D); *A. hepatitis* (anteriormente FAdV-E); *A. hydropericardii* (anteriormente FAdV-C); *A. quatum* (anteriormente FAdV-B) e *A. ventriculi* (anteriormente FAdV-A). Neste trabalho, cinco isolados de Aviadenovirus sp. armazenadas na CMISEA foram caracterizadas ao nível de espécie e sorotipo por sequenciamento genômico parcial. Os isolados foram armazenados em diferentes anos, a partir de diferentes substratos, sendo um de água, três de bursa de Fabrício e dois de fígado de frangos. O isolamento viral (IV) foi realizado em ovos férteis ou cultivo celular, por até 3 passagens, confirmados por PCR em tempo real e armazenados na CMISEA. A extração do DNA foi realizada a partir de 50µL da suspensão viral em um extrator automático (MagMAX Express Processor, KingFisher System), utilizando o kit MagMAX - 96 Viral Isolation Kit, conforme fabricante. Foi realizado a PCR para amplificar um segmento de 959 pb do gene Hexon, conforme previamente descrito. A reação foi purificada utilizando o kit PureLink PCR Purification Kit. A reação de sequenciamento foi realizada utilizando o kit BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit v3.1, e purificada com o kit BidDye XTerminator Purification Kit. Os fragmentos foram sequenciados no sequenciador SeqStudio 24 Flex Genetic Analyzer (Applied Biosystems). O BLAST on-line foi utilizado para analisar a similaridade de cada sequência em relação à outras sequências de Aviadenovirus sp. depositadas no GenBank, a fim de identificar a espécie e o sorotipo mais provável ao qual pertencem. Dos cinco isolados genotipados, quatro apresentaram 100% de homologia (E. value 0.0) com cepas de *A. gallinae* (sorotipo 1) e um dos isolados de fígado, apresentou 99,58% de homologia (E.

value 0.0) com *A. hepatitidis* (sorotipo 8a). A genotipagem possibilitou a identificação das espécies e sorotipos, agregando valor à coleção e proporcionando aos pesquisadores acesso a microrganismos melhor caracterizados.

Palavras-chave: adenovírus, FAdV, sequenciamento, frangos, caracterização.

Agência de fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC).