

**GENOMA COMPLETO DE UMA ESTIRPE PATOGÊNICA DO VÍRUS DA DOENÇA DE
NEWCASTLE ISOLADA NO BRASIL NA DÉCADA DE 70**

*(COMPLETE GENOME OF A PATHOGENIC NEWCASTLE DISEASE VIRUS STRAIN ISOLATED
IN BRAZIL IN 1970'S)*

**C. C. FERNANDES^{1*}, A. M. VARANI², K. R. SILVA¹, F. F. SANTOS¹, M.F.S. MONTASSIER¹,
H. J. MONTASSIER¹**

A Doença de Newcastle (DN) é uma das doenças mais importantes das aves, afetando negativamente a produção avícola mundial. O agente etiológico é o vírus da doença de Newcastle (VDN), um paramixovírus aviário do tipo 1 (APMV-1), pertencente ao gênero *Avulavirus*, da família *Paramyxoviridae*. Na década de 70 foram registrados no Brasil focos de forma mais severa da DN e dos quais foi isolado a estirpe APMV-1/Chicken/Brazil/SJM/75 do VDN, que foi caracterizada posteriormente como altamente patogênica para embriões de galinha e para pintinhos e galinhas adultas, mas não patogênicas para outras espécies de aves. Nesse estudo, foi feito o sequenciamento completo do genoma dessa estirpe, seguido da análise filogenética. Os resultados revelaram que o genoma da estirpe APMV-1/Chicken/Brazil/SJM/75 está constituído por 15.174 nucleotídeos, consistindo de seis genes na ordem 3'-N-P-M-F-HN-L-5'. O local provável de clivagem da proteína de fusão (F) apresenta a sequência de aminoácidos correspondente às das sequências de aminoácidos da proteína F de estirpes virulentas do VDN e essa proteína juntamente com a HN apresentaram diferenças marcantes comparadas a essas mesmas proteínas das estirpes vacinais do VDN. O genoma completo da APMV-1/Chicken/Brazil/SJM/75 apresentou grandes diferenças genômicas e nas sequências deduzidas de aminoácidos de suas principais proteínas estruturais, que distinguem claramente este vírus das outras estirpes clássicas do VDN, classificando-o no genótipo V, no qual estão agrupadas estirpes virulentas do VDN isoladas na década de 70 nos Estados Unidos e mais recentemente nesse mesmo país, no Canadá e México. Os dados obtidos a partir desse estudo devem contribuir consideravelmente para se entender melhor a evolução genômica de VDN no Brasil e no continente Americano, já que estirpes com essas características genotípicas e fenotípicas não foram mais isoladas após 1975 no Brasil, enquanto que estirpes virulentas do genótipo V do VDN têm sido isoladas na América do Norte.

¹ Laboratório de Imunologia e Virologia, prédio da Microbiologia, Departamento de Patologia Veterinária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil

² Departamento de Tecnologia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil
camila.fernandes@fcav.unesp.br