

ANÁLISE FILOGENÉTICA DE ISOLADOS DO VÍRUS DA BRONQUITE INFECCIOSA AVIÁRIA (VBI) NO BRASIL COM BASE NA SEQUÊNCIA 3'-TERMINAL DO GENE DA NUCLEOPROTEÍNA

(PHYLOGENETIC ANALYSIS OF ISOLATES OF AVIAN INFECTIOUS BRONCHITIS VIRUS (IBV) IN BRAZIL BASED ON THE 3'-TERMINAL SEQUENCE OF THE NUCLEOPROTEIN GENE)

M. F. S. MONTASSIER¹, M. M. BORZI², R. M. SANTOS³, K. R. SILVA³, F. F. SANTOS³, H. J. MONTASSIER⁴

A bronquite infecciosa é causada pelo VBI, que é classificado no gênero *Gammacoronavirus* da Família *Coronaviridae*. Essa enfermidade está distribuída mundialmente e destaca-se como um dos mais importantes problemas sanitários para o plantel avícola industrial. Recentemente tem sido identificado no Brasil um número elevado de variantes do VBI, diferindo na análise filogenética com base no gene S1 de estirpes Americanas, Europeias, Asiáticas e Australianas. No entanto, pouco tem sido investigado com relação a outros genes codificadores de proteínas importantes como a nucleoproteína (N), que é fator chave nos processos de replicação e montagem de novas partículas virais, e contém epítomos importantes para interação com as células T e B. O objetivo do presente estudo foi determinar as seqüências 3'-terminal do gene da proteína N de isolados do VBI no Brasil e compará-las com as de estirpes do VBI de outras regiões do mundo. Para tanto, foram submetidos à análise molecular, 15 isolados do VBI obtidos durante o período de 1988 a 2000, de surtos à campo da Bronquite Infecciosa (BI), em aves de corte ou de postura das regiões Sul e Sudeste do Brasil. A análise filogenética de seqüências parciais do gene N resultou na segregação dos 15 isolados brasileiros do VBI em cinco grupos diferentes, sendo que três desses grupos são relacionados a estirpes do genótipos Massachusetts, enquanto que os outros dois grupos são associados aos genótipos Connecticut ou Variante Brasileira. Esses grupos genotípicos coincidiram na sua maior parte com os que foram previamente determinados pela análise filogenética com base no gene S1. Concluindo, a análise filogenética do gene N é capaz de diferenciar estirpes brasileiras do VBI e avaliar a sua evolução, especialmente nos casos em que a amplificação do gene S1 é mais difícil por causa da sua variabilidade entre estirpes muito diferentes do VBI.

¹Pesquisadora do Laboratório de Imunologia Viral do Depto. de Patologia Veterinária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Jaboticabal, SP, Brasil. ²Pós-graduando do curso de Microbiologia Agrícola, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP- Jaboticabal. ³Pós-graduandos do curso de Medicina Veterinária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias -UNESP- Jaboticabal. ⁴Laboratório de Imunologia Viral do Depto. de Patologia Veterinária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: heliojm@fcav.unesp.br