



CARACTERIZAÇÃO DO GENOGRUPO III DO GENE F EM CEPAS BRASILEIRAS DO VÍRUS RESPIRATÓRIO SINCICIAL BOVINO

Pereira, F. L.¹; Possatti, F.¹; Suphoronski, S. A.¹; Massi, R. P.¹; Dall Agnol, A. M.¹; Freire, L.G.D.¹; Alfieri, A.F.¹; Alfieri, A. A.^{1*}

¹ Laboratório de Virologia Animal, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Paraná, Brasil.

*e-mail: alfieri@uel.br

Saúde Única

Palavras-chave: bezerros, BRSV, Complexo de Doença Respiratória de Bovinos.

Introdução

O Complexo de Doença Respiratória de Bovinos (CDRB) é uma das principais causas de perdas econômicas na pecuária. A infecção caracteriza-se por uma síndrome multifatorial e multietiológica. Além de fatores de risco relativos ao manejo e ambiente também estão envolvidos vírus e bactérias (GERSHWIN et al., 2015). Dentre as causas virais, o vírus respiratório sincicial bovino (BRSV) é considerado o principal agente etiológico do CDRB, caracterizado por causar bronquiolite e pneumonia intersticial tanto em bezerros quanto em animais adultos confinados (SACCO et al., 2014). O vírus se dissemina no rebanho por meio de secreções respiratórias e aerossóis e pode ser transmitido por contato direto entre os animais ou indiretamente, por fômites (LARSEN, 2000). O BRSV (família *Paramyxoviridae*, subfamília *Pneumovirinae*, gênero *Pneumovirus*) é um vírus envelopado, pleomórfico, com genoma RNA fita simples, não segmentado e de polaridade negativa que codifica 11 proteínas, dentre elas as proteínas de adesão (G) e de fusão (F) presentes no envelope viral e que são os principais alvos do sistema imune do hospedeiro. A proteína F também é responsável pela indução da síntese de anticorpos neutralizantes e pela formação de sincícios, sendo fundamental para infectividade e patogenicidade do vírus. Cinco genogrupos do gene F (I-V) foram descritos até o momento em cepas de BRSV (VALARCHER; TAYLOR, 2007). O objetivo deste estudo foi determinar o genogrupo do gene F de cepas de BRSV identificadas em infecções respiratórias singulares em rebanhos bovinos do estado do Paraná.

Material e métodos

As amostras biológicas (*swabs* nasais, $n=5$) fazem parte de uma coleção do Laboratório de Virologia Animal da UEL, foram coletadas de 2014 a 2016 e são



provenientes de quatro rebanhos sem histórico de vacinação para BRSV, sendo uma unidade produtora de bezerras leiteiras, localizada na região oeste e três confinamentos de bovinos de corte localizados nas regiões norte e centro-oeste do estado do Paraná. As amostras foram previamente avaliadas para a presença de BRSV e outros patógenos do CDRB como *Mannheimia haemolytica*, *Pasteurella multocida*, *Histophilus somni*, *Mycoplasma bovis*, vírus da diarreia viral bovina (BVDV), herpesvírus bovino 1 (BoHV-1), coronavírus bovino (BCoV) e vírus da parainfluenza bovina 3 (PI3). Apenas as amostras em que foi detectada infecção singular por BRSV foram incluídas neste estudo para caracterização molecular. Desta forma, cinco amostras foram submetidas à técnica de *Nested-RT-PCR* para amplificação de um fragmento de 833 pb do gene F de BRSV de acordo com Valarcher e colaboradores (2000). Os *amplicons* obtidos foram purificados, quantificados, sequenciados e as sequências de nucleotídeos (nt) analisadas filogeneticamente em comparação com outras sequências de BRSV disponíveis no GenBank. A árvore foi construída através do MEGA 7.0 utilizando o método Maximum-Likelihood e modelo Tamura Nei com fragmento de 710 pb. A matriz de identidade de nt foi obtida por meio do programa BioEdit.

Resultados e Discussão

O sequenciamento genético confirmou que os *amplicons* avaliados pertenciam ao gene F do BRSV. As cepas BRSVUEL-2 e -3, identificadas em animais adultos de uma mesma propriedade, apresentaram 100% de identidade nt entre si. Quando comparadas com as amostras BRSVUEL-1, -6 e -8 a identidade variou entre 97,7% e 99,8%. De acordo com a classificação proposta por Valarcher et al. (2000) as cinco cepas brasileiras de BRSV foram classificadas no genogrupo III, pois agruparam no mesmo *cluster* da cepa vacinal Lehmkuhl 375 (Figura 1). Valarcher et al. (2000) demonstraram que os genogrupos de BRSV estão distribuídos de acordo com a localização geográfica. Os genogrupos II, IV e V foram detectados apenas na Europa e o genogrupo III somente nos Estados Unidos. Os resultados deste estudo demonstram a circulação do genogrupo III em rebanhos bovinos brasileiros possibilitando afirmar que, pelo menos até o momento, este genogrupo foi identificado e caracterizado apenas em cepas de BRSV circulantes em rebanhos bovinos do continente Americano.

Conclusões

Este foi o primeiro estudo realizado no Brasil que avaliou os genogrupos do gene F de cepas de BRSV. Os resultados obtidos sugerem que a vacinação dos rebanhos estudados utilizando a cepa vacinal Lehmkuhl 375 poderia permitir o controle da infecção nestes rebanhos. Adicionalmente, estes resultados acrescentam novas informações sobre as características moleculares de cepas brasileiras de BRSV e



evidenciam a importância da vigilância epidemiológica para a adoção de medidas imunoproláticas adequadas e eficazes no controle da infecção, bem como na profilaxia da CDRB em rebanhos bovinos de corte e leiteiros no Brasil.

Suporte financeiro

CAPES, CNPq, Fundação Araucária.

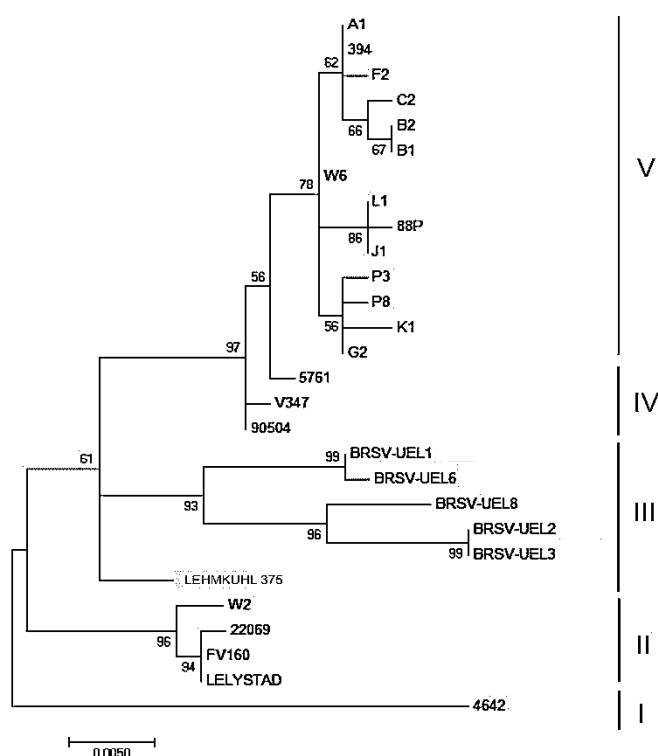


Figura 1 – Árvore filogenética do gene F de cepas de BRSV construída com método Maximum-Likelihood e modelo Tamura Nei analisando 710 pb, mostrando que as cinco cepas brasileiras estão agrupadas no genogrupo III.

Referências

GERSHWIN, L.J.; VAN EENENNAAM, A.L.; ANDERSON, M.L.; MCELIGOT, H.A.; SHAO, M.X.; TOAFF-ROSENSTEIN, R.; TAYLOR, J.F.; NEIBERGS, H.L.; WOMACK, J. Single Pathogen Challenge with Agents of the Bovine Respiratory Disease Complex. *PLoS One*, v. 10, n. 11, p. e0142479, 2015.

LARSEN, L.E. Bovine respiratory syncytial virus (BRSV): a review. *Acta Veterinaria Scandinavica*, v. 41, n. 1, p. 1-24, 2000.



SACCO, R.E.; MCGILL, J.L.; PILLATZKI, A.E.; PALMER, M.V.; ACKERMANN, M.R. Respiratory syncytial virus infection in cattle. **Veterinary Pathology**, v. 51, n. 2, p. 427-436, 2014.

VALARCHER, J.F.; SCHELCHER, F.; BOURHY, H. Evolution of Bovine Respiratory Syncytial Virus. **Journal of Virology**, v. 74, n. 22, p. 10714–10728, 2000.

VALARCHER, J.F.; TAYLOR, G. Bovine respiratory syncytial virus infection. **Veterinary Research**, v. 38, n. 2, p. 153-180, 2007.