

Detecção de polimorfismos no gene APOBEC3 de felinos domésticos e sua correlação com hipermutações no gene *env* do Vírus de Imunodeficiência Felina

COSTA, Cristina Santos¹; FRANCO, Ana Cláudia¹

¹ Laboratório de Virologia, Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde (ICBS), UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil

INTRODUÇÃO

O Vírus da Imunodeficiência Felina, FIV, é um lentivírus da família *Retroviridae* que causa a síndrome da imunodeficiência adquirida nos animais infectados. Como primeira linha de defesa contra a infecção, as células de felinos expressam a enzima *Apolipoprotein B mRNA-editing enzyme catalytic polypeptide-like 3* (APOBEC-3; A3), uma citosina desaminase que gera troca de nucleotídeos (G/A) no DNA proviral. Uma das consequências dessas trocas é a geração de *stop codons*, os quais resultam na tradução de proteínas truncadas.

Em felinos, as proteínas A3Z3 e A3Z3Z2 possuem atividade antiviral; em contrapartida, os lentivírus codificam o Fator de Infectividade Viral (Vif), uma proteína que antagoniza a ação da A3 ao produzir sua degradação proteossomal. Diferentes haplótipos de A3Z3 são correlacionados com a suscetibilidade à infecção devido a níveis de resistência a Vif conferidos.

OBJETIVOS

Identificar hipermutações (G/A) no DNA proviral na região V3 do gene *env* do FIV, e correlacionar tais eventos com o respectivo haplótipo de A3Z3.

METODOLOGIA

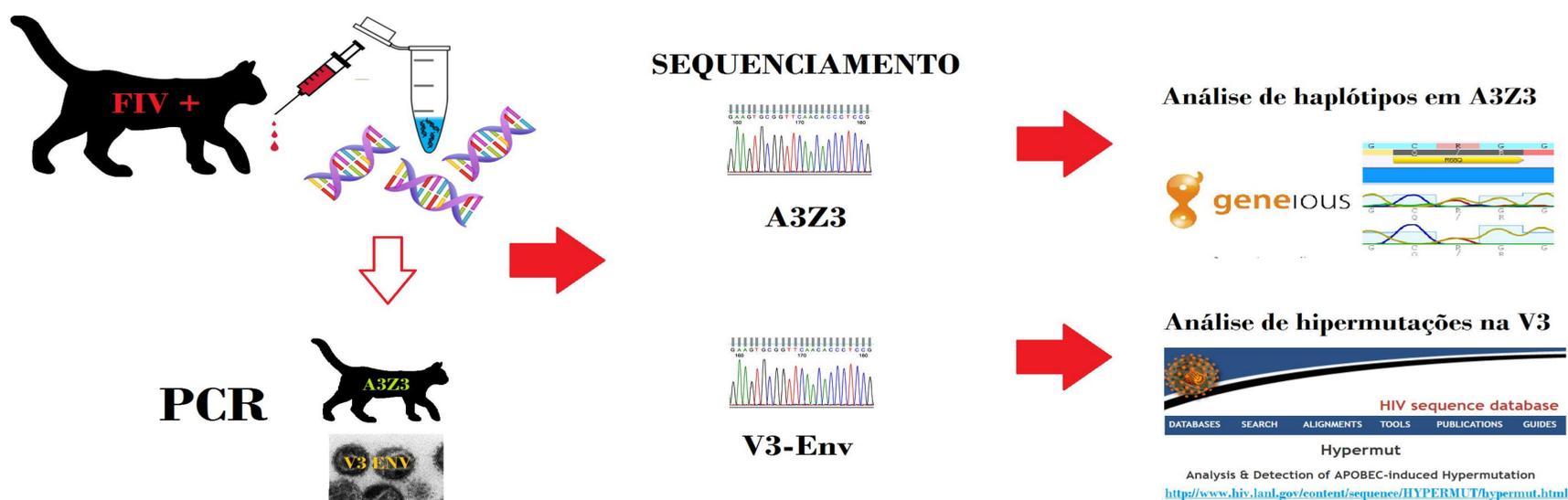


Figura 1: Esquema da metodologia aplicada no presente estudo: DNA de amostras de sangue completo de gatos positivos para FIV foi extraído e amplificado, por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), com alvo no gene A3Z3 de gato doméstico e na região V3 de *env* do provírus. Os produtos foram sequenciados pelo método de Sanger. A análise dos haplótipos de A3Z3 foi realizada no software Geneious®, e a análise das hipermutações na V3 do gene *env* no software Hypermut 2.0.

RESULTADOS E CONCLUSÃO

Até o momento, foi realizada a amplificação e sequenciamento da região do éxon 2 de A3Z3 de 10 felinos. Dentre os animais analisados, foram identificados os haplótipos I, II, III e IV de A3Z3. O gene *env* foi parcialmente amplificado a partir dessas amostras e submetido ao sequenciamento. No momento as sequências de *env* estão sendo analisadas para que seja feita a correlação entre os haplótipos de A3Z3 e as mutações em *env*.

AGRADECIMENTOS

Aos colegas e orientadores do Laboratório de Virologia da UFRGS e ao suporte financeiro:

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- de Castro LF., Junqueira MD., de Medeiros RM., da Silva TR., Costenaro JG., Knak MB., de Matos SE., Campos FS., Roehe PM., Franco AC., Analysis of single-nucleotide polymorphisms in the APOBEC3H gene of domestic cats (*Felis catus*) and their association with the susceptibility to feline immunodeficiency virus and feline leukemia virus infections., *Infection, Genetics and Evolution.*, 2014, 27 (389–394).
- Elder JH., Sundstrom M., de Rozieres S., de Parseval A., Grant CK., Lin Y-C., Molecular Mechanisms of FIV Infection. *Veterinary immunology and immunopathology.* 2008;123(1-2):3- 13.
- Münk C, Beck T, Zielonka J, et al. Functions, structure, and read-through alternative splicing of feline APOBEC3 genes. *Genome Biology.* 2008;9(3):R48.