



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Detecção de polimorfismos no gene APOBEC3 de felinos domésticos e sua correlação com hipermutações no gene Env do Vírus da Imunodeficiência Felina
Autor	CRISTINA SANTOS DA COSTA
Orientador	ANA CLAUDIA FRANCO

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

Aluna: Cristina Santos da Costa¹

Orientadora: Ana Claudia Franco¹

¹Instituto de Ciências Básicas da Saúde, ICBS – UFRGS

O Vírus da imunodeficiência felina, FIV, é um lentivírus da família *Retroviridae*. A infecção por FIV atinge aproximadamente 12% nos felinos domésticos a nível mundial. A Síndrome da Imunodeficiência Adquirida Felina (FAIDS) desenvolvida pelos animais infectados é muito semelhante aos quadros de imunossupressão encontrados na AIDS humana, e seu genoma compartilha várias características com o genoma do vírus HIV. Características biológicas comuns entre os dois lentivírus também fazem com que o FIV seja um modelo adequado para estudos de patogenia do HIV. Por exemplo, células de primatas e de felinos expressam, de forma constitutiva, fatores de restrição que podem ter seus níveis aumentados por indução de interferon tipo I; essas proteínas agem como uma primeira linha de defesa do hospedeiro contra infecções virais. Um exemplo é a *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 síntese de proteínas truncadas e na endogenização do vírus. Em contrapartida, lentivírus codificam o fator de infectividade viral (Vif), proteína que antagoniza a ação da A3 induzindo a sua degradação. Em virtude disso, o presente estudo tem por objetivo identificar polimorfismos no gene que codifica uma das isoformas de A3 (A3Z3) e identificar hipermutações (G/A) no gene *Env* do FIV, e correlacionar tais eventos com resistência ou suscetibilidade ao vírus em animais naturalmente infectados. Para a realização do experimento, 10 amostras de sangue de felinos domésticos, sabidamente positivas para FIV, foram submetidas à amplificação por PCR da região variável V3 do gene *Env* do provírus e do éxon IV de A3Z3 do DNA felino. Após a visualização dos dez amplicons por eletroforese em gel de agarose, os produtos de PCR foram enviados para sequenciamento e o resultado foi analisado pelos *softwares* *Genious* e *Hypermut*. Dentre as sequências de A3Z3 analisadas, oito apresentaram polimorfismos, das quais, duas pertencem ao haplótipo V- que foi relacionado, em estudo anterior, ao fenótipo de resistência à ação da Vif. Ao analisar a frequência de hipermutações relacionadas à troca de G/A nos genes *Env* amplificados, todas as amostras apresentaram, em maior ou menor grau, trocas de nucleotídeos, mas não houve diferença suficiente para correlacionar com o tipo de polimorfismo de A3 analisado. Para tanto, mais amostras estão sendo processadas e outras regiões de *Env* e A3 serão analisadas e correlacionadas. Tendo em mãos esses resultados, será possível verificar se a A3Z3 é capaz de gerar mutações importantes e, por consequência, uma maior ou menor suscetibilidade à infecção viral.

