



Evento	Salão UFRGS 2017: FEIRA DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA DA UFRGS - FINOVA
Ano	2017
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Análise de subtipos recombinantes do Vírus da Imunodeficiência Felina identificados em Porto Alegre, Rio Grande do Sul
Autores	ANDRE LUIS DA SILVA ZANI LUCÍA CANO ORTIZ ANA CLAUDIA FRANCO DENNIS MALETICH JUNQUEIRA
Orientador	PAULO MICHEL ROEHE

RESUMO DO TRABALHO - ALUNO DE INICIAÇÃO TECNOLÓGICA E INOVAÇÃO 2016-2017

TÍTULO DO PROJETO: Análise de subtipos recombinantes do Vírus da Imunodeficiência Felina identificados em Porto Alegre, Rio Grande do Sul

Aluno: André Luís da Silva Zani

Orientador: Prof. Paulo Michel Roehe

A família *Retroviridae* possui diversos vírus de interesse, especialmente dentro do gênero *Lentivirus*, ao qual pertencem, entre outros, o Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV), o Vírus da Imunodeficiência Símia (SIV) e o Vírus da Imunodeficiência Felina (FIV). Este último possui considerável importância veterinária, pois causa a Síndrome da Imunodeficiência Adquirida Felina (FAIDS), semelhante à AIDS. O FIV é distribuído em felinos no mundo todo, infectando não somente gatos domésticos, como também 18 outras espécies de felídeos e 2 de hyaenídeos. Tal qual os demais retrovírus, o FIV possui três genes principais: *env*, *gag* e *pol*, que codificam, respectivamente, as proteínas do envelope viral; as proteínas da matriz, do capsídeo e do nucleocapsídeo; e as proteínas não estruturais responsáveis pela replicação e montagem. Devido a sua semelhança com o HIV, o FIV tem se mostrado um modelo adequado para estudos de patogenia comparativa. Até hoje foram descritos sete subtipos de FIV (A, B, C, D, E, F e U-NZenv), baseado em análises filogenéticas especialmente dos genes *env* e *gag*. Formas recombinantes do vírus foram identificadas baseadas no gene *env* (A/B, B/D, A/C, A/B/C) e no gene *gag* (A/B, A/C). No Brasil, até o presente momento, somente a circulação do subtipo B tem sido reportada. O objetivo deste trabalho é caracterizar vírus recombinantes pela análise dos genes *gag* e *env* de amostras oriundas de gatos domésticos, naturalmente infectados, de Porto Alegre. Para isto, foi realizada a extração de DNA de amostras de sangue de gatos obtidas entre 2012 e 2016. As amostras positivas para o FIV foram identificadas através da amplificação via PCR de uma região do provírus (sequência integrada do genoma do vírus no genoma do hospedeiro). Posteriormente, procedeu-se uma *nested* PCR para a região C4-V5 do gene *env* de 31 amostras positivas. Os amplicons foram sequenciados e realizou-se uma análise filogenética por máxima verossimilhança no software PhyML, juntamente com 47 sequências de cada subtipo, disponíveis no banco de dados Genbank, para efeito de comparação. Verificada a existência de possíveis recombinantes, procedeu-se uma

análise de recombinação no programa Simplot 3.5.1 com base nas sequências do gene *env*. Como resultados parciais, foi encontrado um total de 87% (27/31) de animais infectados com o subtipo B e 13% (4/31) de animais infectados com recombinantes B/F. Foram desenhados primers para a amplificação por PCR dos genes completos *gag* e *env* das 31 amostras, cujos amplicons serão sequenciados. Com estes dados, análises de máxima verossimilhança e de recombinação serão realizadas para os genes completos *gag* e *env*. Isso permitirá a caracterização dos recombinantes B/F, até então nunca descritos.