

**CARACTERIZAÇÃO DO GENE S1 EM *Gammacoronavirus DE Gallus gallus*  
COMO FERRAMENTA FUNDAMENTAL À IMPLEMENTAÇÃO DE  
MEDIDAS PREVENTIVAS.**

CAMILO, Tays Araujo<sup>1</sup>; MOTA-JÚNIOR, Miguel Angelo Leite<sup>2</sup>; VAN DER MEER,  
Carolina Soares<sup>3</sup>; MENDONÇA, Leo Paulis<sup>4</sup>; SANTOS, Huarrisson Azevedos<sup>5</sup>

**RESUMO**

**Introdução:** O vírus da Bronquite infecciosa das galinhas (IBV) apresenta ampla distribuição em países com produções avícolas. No Brasil, apesar da vacinação, muitos estudos descrevem a incidência de estirpes emergentes, que escapam à cobertura vacinal devido a variabilidade gênica, principalmente observada através da caracterização do gene S1. **Objetivo:** Estudar a epidemiologia molecular do IBV em quatro granjas de postura e corte pertencentes a duas regiões do Rio de Janeiro. **Material e métodos:** Um total de 72 aves de corte de 40 à 42 dias foram doadas por produtores avícolas de três granjas de corte na região sul Fluminense, assim como uma granja de aves de postura da região norte fluminense de 16 semanas de idade. As aves apresentavam sinais clínicos compatíveis da doença e foram eutanasiadas por indução anestésica. Por meio da necropsia, fragmentos individuais de traqueia, rim e tonsila cecal foram coletados e armazenados em solução estabilizantes de RNA. As amostras foram extraídas manualmente por protocolo de TRizol, logo após foram submetidas a reação RT-PCR - “Reverse Transcriptase, Polymerase Chain Reaction” e realiza a triagem por PCR em tempo real (RT-qPCR). O cDNA de amostras positivas na triagem foi submetido à Nested-PCR com alvo no gene do 18S. O produto de amostras positivas na última etapa foi sequenciado e analisado quanto sua filogenia. **Resultados:** Os resultados obtidos do sequenciamento foram comparados a cepa Mass como padrão, além de outras sequências depositadas no GenBank, que demonstrou que dentre as sequências deste estudo havia um percentual de identidade variando de 72,41% a 100%. Dentre as amostras de cada granja, houve variabilidade, até mesmo dentro de uma mesma ave. Todas as sequências analisadas foram descritas como genótipo 1, pertencentes as linhagens 1 e 11 **Conclusão:** A identificação e reconhecimento de estirpes de IBV circulantes em regiões de granjas avícolas são fundamentais como ferramentas aliadas à adaptação de protocolos vacinais, e através deste estudo foi possível observar que há variabilidade genética dentro de uma mesma região, granja ou ave, demonstrando o potencial de adaptabilidade e *drift* gênico desta família e a importância da contínua investigação epidemiológica por meio de detecção molecular.

**Palavras-chave:** bronquite infecciosa das galinhas; detecção molecular; epidemiologia; percentual de identidade; sanidade avícola;

<sup>1</sup> Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica. E-mail. taysaraujo.medvet@gmail.com

<sup>2</sup> Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica. E-mail. miguelmotavet@yahoo.com

<sup>3</sup> Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica. E-mail. csvdm@msn.com

<sup>4</sup> Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica. E-mail. leo.paulis91@gmail.com

<sup>5</sup> Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica. E-mail. huarrisson@yahoo.com.br