

CARACTERIZAÇÃO DE POSSÍVEIS SÍTIOS POLIMÓRFICOS NO VÍRUS DA MIONECROSE INFECCIOSA (IMNV), PATÓGENO DO CAMARÃO PENAEUS VANNAMEI

XVII Encontro Brasileiro de Patologistas de Organismos Aquáticos, 1ª edição, de 04/10/2023 a 06/10/2023
ISBN dos Anais: 978-65-5465-040-3

SANTOS; Pedro Anderson de Paiva dos¹, VIANA; Jhonatas Teixeira², MAGGIONI; Rodrigo³, ROCHA; Rafael dos Santos⁴

RESUMO

Doenças de origem viral tem sido um dos grandes entraves na carcinicultura mundial. Dentre os principais patógenos, o vírus da mionecrose infecciosa (IMNV) tem sido considerado causador de perdas econômicas consideráveis na produção de camarão, tanto no Brasil, país de origem da doença, como na Indonésia. Acredita-se que nesses dois países atuem variantes diferentes de IMNV, o que talvez justifique diferenças no potencial de virulência e infectividade. Nesse ínterim, uma estratégia para avaliar a variabilidade viral é a determinação de polimorfismos nas sequências. Dessa forma, objetivou-se na pesquisa determinar a presença de sítios polimórficos em sequências completas de IMNV. Para isso, foi realizada a busca no banco público genômico do NCBI (GenBank) de sequências completas do IMNV, utilizando-se o termo “complete genome infectious myonecrosis vírus”. Após a obtenção das sequências, estas foram submetidas a avaliação *in silico* dos primers recomendados pela WOA, tanto para PCR convencional (2 pares-*nested*-PCR), quanto PCR em tempo real (1 par e 1 sonda de hidrólise). Com base nos resultados obtidos foi realizado uma avaliação dos possíveis sítios polimórficos nas sequências analisadas, utilizando o algoritmo de alinhamento Clustal Omega e predição de *primers* para sua avaliação. Como resultados, foram obtidas 9 sequências completas do IMNV, sendo 5 do Brasil e 4 da Indonésia. Na avaliação dos *primers* recomendados para diagnóstico pela WOA, foi possível se verificar que apenas os *primers* do Passo 2 da PCR convencional anelaram nas sequências das 9 amostras. Foram verificados 316 sítios polimórficos considerando-se o perfil nucleotídico, enquanto para o perfil protéico foram 122 sítios. Os *primers* desenhados para a avaliação do polimorfismo se anelaram *in silico* com as 9 sequências, sendo possível se estabelecer 4 padrões polimórficos, sendo dois padrões do Brasil, 1 padrão da Indonésia e 1 padrão com sequências do Brasil e da Indonésia. Conclui-se que os *primers* indicados pela WOA não conseguem se alinhar com todas as sequências completas depositadas no GenBank, sendo somente o 2º passo da PCR convencional capaz de se alinhar com todas as sequências. Sendo recomendado a reformulação dos *primers* utilizado, seja realizando uma degeneração para a possibilidade do alinhamento entre todas as sequências ou criar como mostrado no trabalho um novo par de *primers* que se alinhe com todas as sequências e possibilite estabelecer os padrões, para melhor controle dos resultados.

PALAVRAS-CHAVE: Carcinicultura, IMNV, Patologia, Virologia

¹ Universidade Federal do Rio Grande, pedropaiva.ti@gmail.com
² Universidade Federal do Ceará, jhonatas.viana@ifce.edu.br
³ Universidade Federal do Ceará, maggioni@ufc.br
⁴ Universidade Federal do Ceará, rafaelsanro@ufc.br