

## ***XVIII SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFJF***

### **Grande área:**

Ciências Biológicas

### **Projeto:**

MONTAGEM, ANOTAÇÃO E ANÁLISE DO GENOMA DE UMA AMOSTRA BRASILEIRA DE VACCINIA VIRUS

### **Autores:**

CAMILA MARQUES DE CARVALHO (II PROGRAMA DE APOIO À INSTALAÇÃO DE DOUTORES)

FELIPE LOPES ASSIS

JAQUELINE MARIA SIQUEIRA FERREIRA

ERNA GEESSIEN KROON

GILIANE DE SOUZA TRINDADE

JÔNATAS ABRAHÃO SANTOS

BETANIA PAIVA DRUMOND (ORIENTADOR)

### **Resumo:**

SEQUENCIAMENTO E ANÁLISE DE GENES RELACIONADOS À VIRULÊNCIA DE UMA AMOSTRA BRASILEIRA DE VACCINIA VÍRUS, VÍRUS PELOTAS 1

O Vaccinia virus (VACV) tem sido reconhecido como agente de uma zoonose emergente nas últimas décadas, no Brasil. Sabe-se que, pelo menos, duas populações diferentes VACV circulam no Brasil (VACV-BR1 e VACV-BR2), apresentando diferentes propriedades genéticas e biológicas. VACV-BR1 contém as amostras Araçatuba, Cantagalo, Pelotas2, GuaraniP2 e Serro e VACV-BR2 contém as amostras Belo Horizonte (VBH), BeAn58058 (BAV), GuaraniP1 (GP1) e Pelotas1 (P1V). A fim de melhor caracterizar e compreender a relação filogenética de P1V (isolado a partir de cavalo) alguns genes de virulência foram sequenciados e analisados: gene A53R (receptor do fator de necrose tumoral), B16R (receptor IL1 beta), C3L (proteína de ligação complemento) e K3L (inibidor da proteína quinase dependente de RNA). Estas sequências de P1V foram comparadas a sequências de outros VACV brasileiros, como GP1 e Serro (isolados a partir de vaca e humano, respectivamente) e outros Orthopoxvirus. Análises filogenéticas demonstraram que P1V agrupou-se entre as amostras VACV e que a amostra Serro apresentou uma relação mais próxima com Horsepox vírus, o que está de acordo com estudos anteriores. A sequência de K3L em P1V foi idêntica às sequências de GP1, BAV e VBH pertencentes ao grupo VACV-BR2. Por outro lado, em A53R, B16R, C3L foram observadas diferenças de nucleotídeos e aminoácidos, diferindo P1V de outros VACVs brasileiros. Nenhuma das sequências de P1V, GP1 ou Serro apresentou códon de terminação prematuro para o gene A53R, ao contrário da sequência B16R de Serro. Este estudo reforça a variabilidade genética observada em VACV brasileiros, o que poderia ser refletido em suas propriedades biológicas. De fato, algumas amostras

pertencentes ao grupo VACV-BR1 (como Serro) já foram demonstradas ser menos virulentas em modelo murins do que as amostras pertencente ao grupo VACV-BR2 (incluindo P1V). O polimorfismo genético em relação ao gene B16R pode ser responsável também por essas diferentes propriedades biológicas observadas entre as populações de vírus, o que deve ser futuramente testado por experimentos biológicos.

Suporte Financeiro: PROPESQ/UFJF, UFJF, FAPEMIG, CNPq, CAPES.