

AVALIAÇÃO DE POSSÍVEIS SÍTIOS POLIMÓRFICOS NO GENÔMA DO VÍRUS DA MIONECROSE INFECCIOSA

Pedro Anderson de Paiva Dos Santos, Jhonatas Teixeira Viana, Rodrigo Maggioni, Rafael dos Santos Rocha

A carcinicultura tem enfrentado muitos entraves nas últimas décadas. Dentre estes, as patologias virais têm se destacado por sua rápida capacidade de disseminação em ambientes de cultivo. O IMNV (vírus da mionecrose infecciosa) é um vírus que atinge camarões cultivados de todo o mundo, causando perdas econômicas devido às altas taxas de morbidades e mortalidades. Acredita-se que mais de uma variante desse vírus esteja presente em cultivos. Dessa forma, o objetivo dessa pesquisa foi avaliar a presença de possíveis sítios polimórficos no vírus da mionecrose infecciosa a fim de se investigar a presença, ou não, de mais de uma (1) variante viral. Para isso, foi realizada uma busca na base de dados pública genômica GenBank, na qual foram consideradas as informações de entrada "Infectious myonecrosis virus complete genome", da qual resultaram-se 8 sequências genômicas: KR815474.1, KJ636783.2, KJ636782.2, KF836757.1, EF061744.1, NC_007915.3, AY570982.3, KJ556923.1. Após alinhamento local, verificou-se a presença, ao longo do genoma, de 198 sítios polimórficos, dos quais 148 estavam inseridos na ORF-1 e 50 na ORF-2. A fim de se determinar uma região polimórfica para fins de diagnóstico, foram consideradas duas regiões: a primeira compreendida entre os nucleotídeos 1939 nt e 2236 nt (ORF-1) e a outra entre os nucleotídeos 6036 nt e 6343 nt (ORF-2). Na primeira sequência, foi possível se observar 7 sítios polimórficos, enquanto na segunda, 6 sítios polimórficos. A partir de cada região, foram propostos desenhos de primers, que estiveram dentro das condições esperadas de prospecção. Espera-se, com esses resultados, a obtenção de sequências-modelo para a avaliação do polimorfismo do IMNV no tocante à variabilidade viral e potencial de virulência.

Palavras-chave: Aquicultura. Carcinicultura. Patologia. Virologia.