



## DETECÇÃO MOLECULAR DO VÍRUS DA BRONQUITE INFECCIOSA AVIÁRIA DA LINHAGEM GI-23 PELO MÉTODO DE RT-qPCR

Bruna Alessandra Marconcine Ribas<sup>1</sup>  
Diéssy Kipper<sup>2</sup>  
Nilo Ikuta<sup>2</sup>  
Vagner Ricardo Lunge<sup>3</sup>

O vírus da bronquite infecciosa aviária (IBV, *infectious bronchitis virus*) causa doença grave em galinhas e está disseminado em todo mundo. O IBV é do gênero *Gammacoronavirus*, família *Coronaviridae*, e apresenta ampla diversidade genética/ antigênica, principalmente no gene/glicoproteína da espícula (S). Essa diversidade permite classificar o IBV em 6 tipos filogenéticos (GI até GVI) e várias linhagens. Estudos têm demonstrado a ampla ocorrência de GI, especialmente das linhagens GI-1 e GI-11, no Brasil. No entanto, uma nova linhagem (GI-23, associada a surtos preocupantes na Europa e Ásia) emergiu recentemente e está se disseminando rapidamente em lotes de produção de aves no país. A detecção de IBV e das linhagens específicas tem sido realizada por métodos moleculares, incluindo PCR e sequenciamento. Este estudo objetivou validar um método de RT-qPCR para a detecção específica da linhagem GI-23 de IBV. A metodologia consistiu na obtenção de 66 amostras de aves (traqueias, rins, etc.) positivas para IBV, sendo 21 da linhagem GI-23 (determinada por sequenciamento do gene S). As amostras foram submetidas à extração de RNA e realização de ensaios de RT-qPCR usando três kits de reagentes validados (Newgene IBV genérico, GI-1 e GI-11) e outro em fase de testes (GI-23), conforme instruções do fabricante (Simbios Biotecnologia, Cachoeirinha, Brasil). Os resultados demonstraram que 63 (95,5%) amostras foram positivas e 3 (4,5%) negativas no teste de IBV genérico. O RT-qPCR específico para GI-23 apresentou resultado positivo para 43 das 63 positivas (68,3%), incluindo as 21 com resultado de sequenciamento de GI-23. Entre as demais amostras, duas (3,2%) foram positivas para GI-1, duas (3,2%) para GI-11 (2; 3,2%) e 16 (25,4%) apresentaram resultado negativo nos 3 ensaios (GI-1, GI-11 e GI-23). Esse estudo demonstra a efetiva validação do método de RT-qPCR para detecção específica de GI-23. Os dados de frequência dessa linhagem (68,3%) também alertam para a sua ampla disseminação nos lotes do país. Em conclusão, o método de RT-qPCR de detecção específica de GI-23 pode ser efetivamente utilizado para monitorar a disseminação dessa linhagem nas granjas avícolas do Brasil.

**Palavras-chave:** IBV; avicultura; coronavírus; diagnóstico molecular.

<sup>1</sup> Aluna do curso de Medicina Veterinária, Bolsista PIBITI/CNPq, brunamarconcine18@rede.ulbra.br

<sup>2</sup> Pesquisadores da Simbios Biotecnologia, diessykipper@hotmail.com, ikuta@simbios.com.br

<sup>3</sup> Orientador, Professor do curso de Medicina Veterinária e do PPGBioSaude/ULBRA, lunge@ulbra.br