

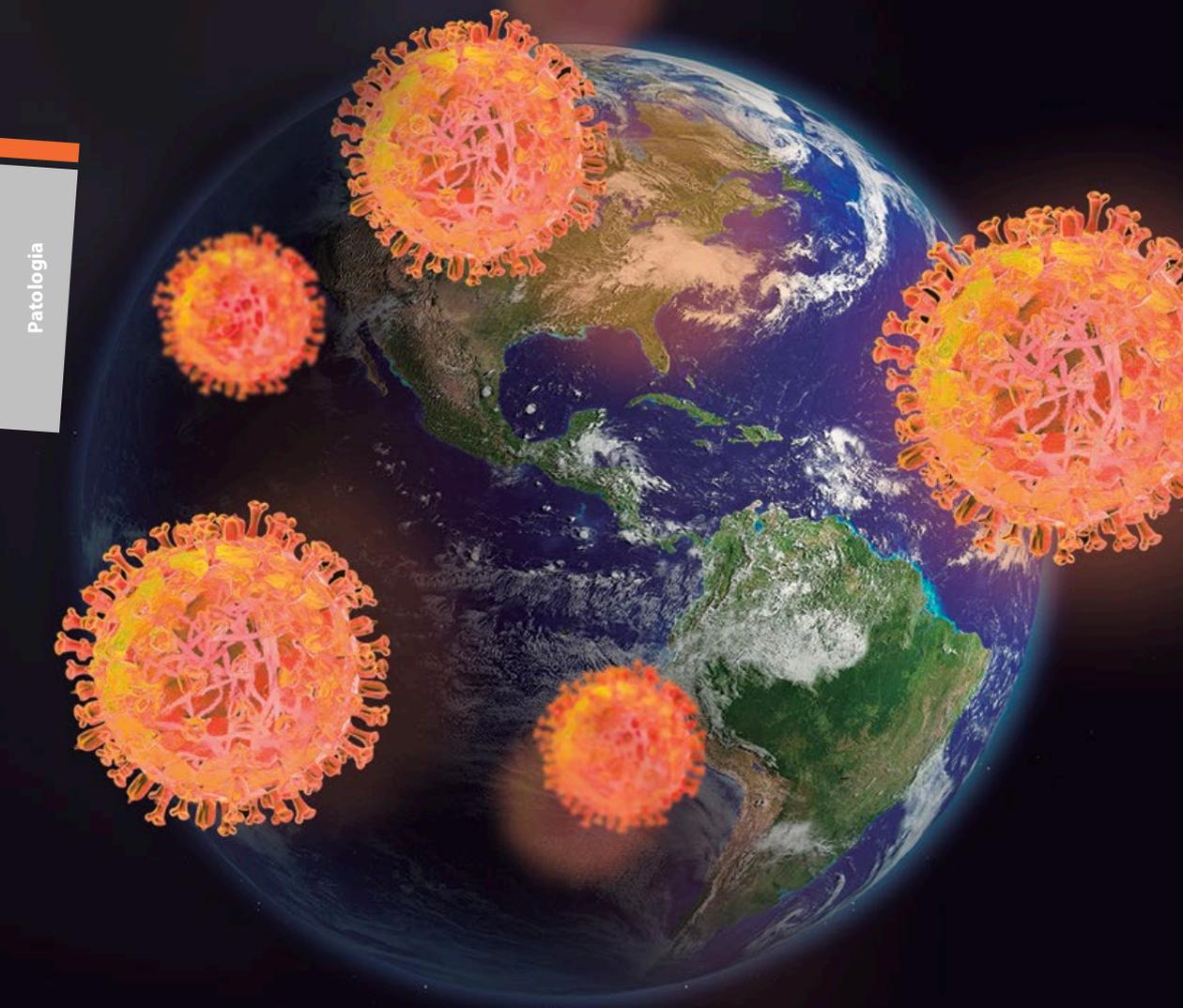
# DOENÇA DE GUMBORO: COMPREENDENDO O ATUAL CENÁRIO BRASILEIRO

*José Emílio de Menezes Dias, mestrando do programa de pós-graduação em Produção e Sanidade Animal - IFC campus Concordia/SC.*

*Eva Laurice Pereira Cunha Hunka, Gerente de produtos e serviços técnicos para América do Sul da Phibro saúde animal.*

*Diogenes Dezen, Prof. Dr. Orientador do programa de pós-graduação em Sanidade animal/ IFC campus Concórdia.*

*Breno Castello Branco Beirão, Professor do departamento de Patologia Básica da UFPR e professor no programa de pós-graduação em Produção e Sanidade animal do IFC campus Concórdia/SC.*

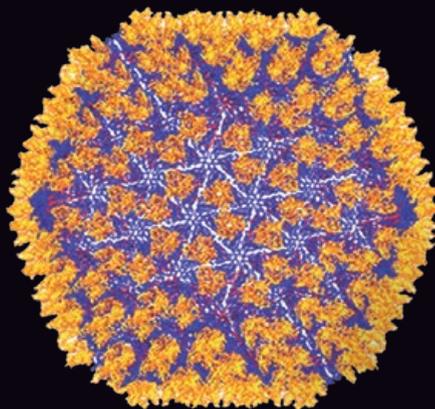


## Introdução

A **doença de Gumboro**, também conhecida como **doença infecciosa da Bursa (IBD)** é uma das enfermidades mais conhecidas da avicultura brasileira e mundial, entretanto, continua presente nos debates envolvendo sanidade avícola. Entender sobre este assunto exige **constante atualização sobre o tema, a evolução do agente causador, bem como seus impactos.**

O agente etiológico é um **vírus da família *Birnaviridae*, gênero *Avibirnavirus***, que possui genoma RNA fita dupla e é não envelopado, o que o torna **mais resistente às condições ambientais e métodos de desinfecção** comumente utilizados na indústria avícola.

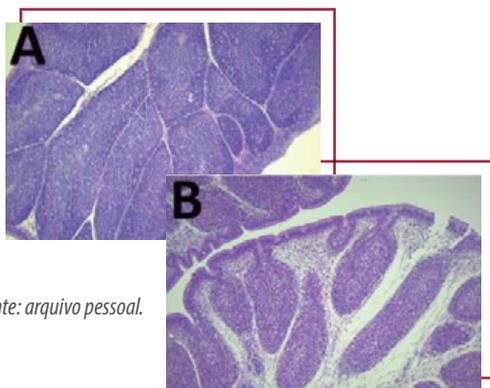
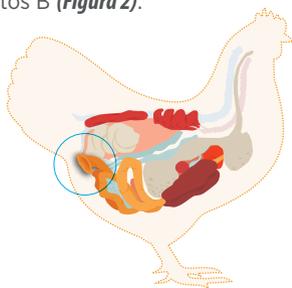
Outra característica importante do vírus de Gumboro (IBDV) é a presença de uma proteína estrutural e imunodominante, responsável por induzir a produção de anticorpos neutralizantes pelo hospedeiro, chamada de **VP2**. Esta proteína possui uma região hipervariável,  **aumentando a variabilidade antigênica deste vírus** e contribuindo para possibilidade de evasão viral frente ao sistema imune (MICHEL e JACKWOOD, 2017).



**Figura 1:** Estrutura do vírus de Gumboro

## Patogenia

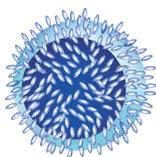
As aves se **infectam pela via oral** e o vírus é transportado pelas células fagocíticas até chegar à **Bursa de Fabricius (BF)** que é o seu **principal órgão de predileção** e, rapidamente, inicia o seu processo de replicação, acarretando na destruição de células linfóides da BF, principalmente os linfócitos B (**Figura 2**).



Fonte: arquivo pessoal.

**Figura 2:** Tecido da Bursa de Fabricius sem (A) e com (B) depleção linfóide

Além disso, há o aumento no **recrutamento de linfócitos T na BF durante e após a replicação viral**, o que pode contribuir para o dano tecidual através dos efeitos citotóxicos e de liberação de citocinas (SHARMA et al., 2000).



Nos casos de **infecções tardias**, o tecido da BF que sofreu depleção linfóide, pode ser repovoado pelos linfócitos B (MÜLLER et al., 2003), entretanto, o aumento no número de linfócitos T e sua ação pode **retardar a regeneração linfóide do tecido** (RAUTENSCHLEIN et al., 2002).

Os achados decorrentes da **patogênese do IBDV** incluem:

- ⚠ Anorexia,
- ⚠ Diarreia,
- ⚠ Prostração,
- ⚠ Mortalidade variável,
- ⚠ Desidratação,
- ⚠ Atrofia, Desuniformidade e hemorragia da BF (**Figura 3**) e músculos.

**Figura 3:** Atrofia e desuniformidade de Bursa de Fabricius de aves infectadas pelo vírus de Gumboro



Fonte: arquivo pessoal.



Além disso, a IBD pode levar a **quadros de imunossupressão**, principalmente quando as aves entram em contato com o vírus de forma precoce (2 a 3 semanas de vida), justamente por ser o **momento em que as aves estão maturando o seu sistema imune**.

Esse quadro leva a **queda no desempenho dos lotes e ao aumento na susceptibilidade** a outros patógenos, aumentando, por exemplo, a **condenações de carcaças no abatedouro** (SHARMA *et al.*, 2000), além de comprometer a resposta vacinal para outros agentes (FAN *et al.*, 2020).



## Classificação atual

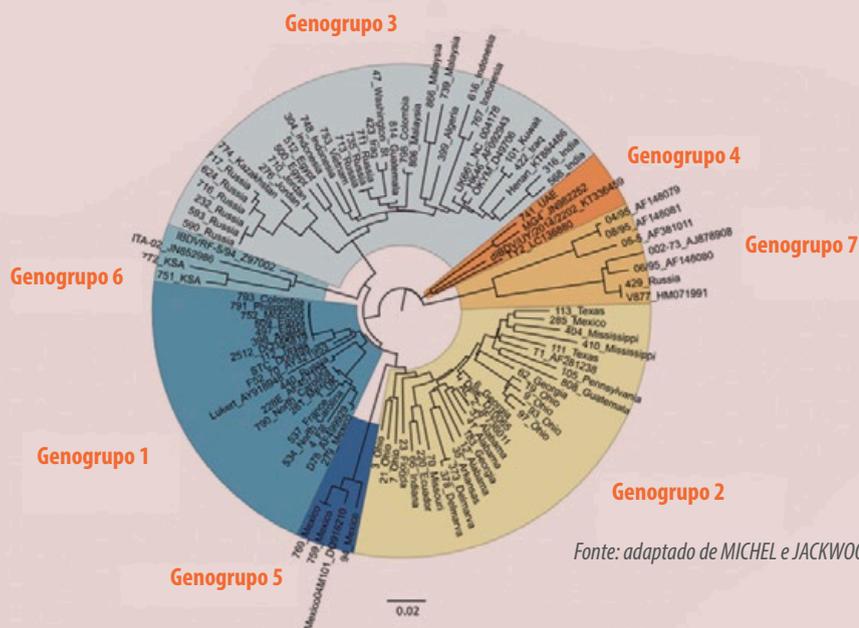
As estirpes virais de Gumboro são classificadas de acordo com sua patogenicidade em três grupos: **subclínicas, clássicas e hipervirulentas** (VAN DEN BERG *et al.*, 2004).

Há também uma caracterização do vírus através de seu fenótipo antigênico, onde são analisadas as sequências de aminoácidos na região hipervariável da proteína VP2. Atualmente essa classificação conta com **7 Genogrupos**:

- Genogrupo 1** (clássicas),
- Genogrupo 2** (variantes),
- Genogrupo 3** (hipervirulentas),
- Genogrupo 4** (linhagem distinta, altamente prevalente na América do Sul),
- Genogrupo 5** (estirpes encontradas no México),
- Genogrupo 6** (estirpes presentes na Arábia Saudita),
- Genogrupo 7** (estirpes presentes na Austrália e na Rússia) (MICHEL e JACKWOOD, 2017) (**Figura 4**).



Figura 4: Classificação das estirpes virais de Gumboro em Genogrupos



Fonte: adaptado de MICHEL e JACKWOOD, 2017.

## Epidemiologia no Brasil e América do Sul

Estudos envolvendo amostras do IBDV encontrados na América do Sul revelaram a **existência de estirpes virais do Genogrupo 4** em lotes de aves comerciais, **sugerindo a circulação de estirpes virais com linhagem distinta na região** (HERNÁNDEZ *et al.*, 2015; DE FRAGA, 2019; TOMÁS *et al.*, 2019).



No Brasil, também há indícios de prevalência de vírus de campo mesmo em lotes vacinados. Dentre as principais estirpes encontradas, estão as **hipervirulentas e as variantes** (MUNIZ *et al.*, 2018). Estirpes virais do Genogrupo 4 também se mostram com alta prevalência mesmo em lotes vacinados no país (DE FRAGA, 2019; DIAS *et al.*, 2021).

Dependendo da técnica molecular utilizada e literatura consultada, pode-se **realizar a classificação dos grupos moleculares de forma diferente do que é proposto atualmente**, por exemplo, no Brasil, a técnica molecular mais utilizada para genotipagem do IBDV é a **RFLP**. Esta técnica é realizada a partir de **um fragmento do material genético com alto grau de especificidade** e é baseada no padrão de digestão enzimática de cada grupo molecular.

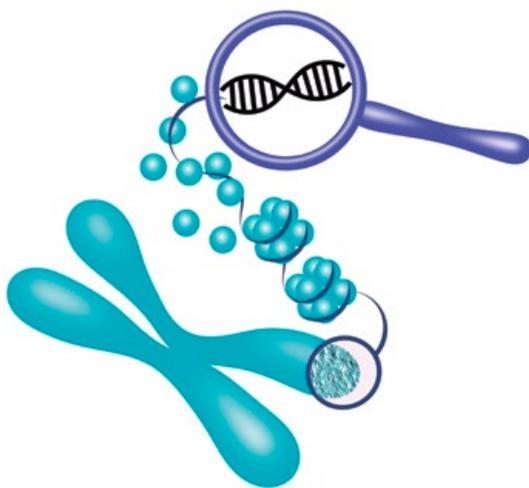
No país, a partir da técnica padronizada mais utilizada de RFLP, as estirpes do Genogrupo 4 são classificadas como **pertencentes aos grupos moleculares 15 e 16**, e quando comparadas ao banco de dados das estirpes virais do Genogrupo 4, apresentam **alto grau de similaridade genética**.



Estudos conduzidos por um grupo de pesquisadores do Uruguai tiveram como objetivo **avaliar o perfil de antigenicidade, patogenicidade e efeitos imunossupressores** de um isolado Uruguaio do IBDV pertencente ao Genogrupo 4.

Dentre os principais achados, podemos destacar que **as aves infectadas pela estirpe viral do Genogrupo 4 não demonstraram sinais clínicos, entretanto, a atrofia da BF observada foi similar às aves infectadas por uma estirpe hipervirulenta**.

Para confirmar os efeitos imunossupressores da estirpe viral do Genogrupo 4, as **aves infectadas foram vacinadas contra o vírus da doença de Newcastle** e posteriormente desafiadas com uma estirpe virulenta do vírus de Newcastle. As aves infectadas pela estirpe viral do Genogrupo 4 tiveram **títulos de anticorpos 85% mais baixos para a doença de Newcastle do que o grupo controle** e, conseqüentemente, tiveram **mortalidade elevada (70%)**.



**Os efeitos subclínicos e imunossupressores parecem ser uma característica comum entre as estirpes virais de Gumboro variantes e do Genogrupo 4**  
*(TOMÁS et al., 2019).*



## Implicações das variantes antigênicas

Os efeitos negativos ligados ao IBDV, principalmente às formas subclínicas, estão ligados ao seu potencial imunossupressor, o que pode **acarretar perda de desempenho e surgimento de doenças oportunistas**.

A destruição dos **linfócitos B** (responsáveis pela produção de anticorpos), principalmente quando acontece por um agente “selvagem” de forma precoce (por volta da segunda semana de vida) **acarreta diminuição da resposta imune para outros agentes** como o vírus de Newcastle, Bronquite Infecciosa, dentre outros (SHARMA *et al.*, 2000).



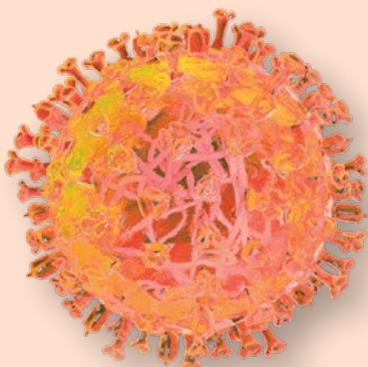
É válido lembrar que para o controle dos vírus respiratórios, é muito importante **a resposta via imunidade de mucosas**, principalmente via IgA, que depende dos linfócitos B para sua produção. Além disso, infecções por vírus “selvagem” de Gumboro, na maioria das vezes, **não permite a recuperação da população de linfócitos B na BF**, como ocorre com o uso de vacinas vivas.

Estudos realizados por pesquisadores do Canadá, onde há prevalência de estirpes do IBDV do Genogrupo 4, concluíram que **as estirpes variantes e do Genogrupo 4 foram responsáveis por perdas de 3.9 mil toneladas de carne de frango em um ano** (10% da produção anual), decorrente de **maior mortalidade, pior conversão alimentar e consequentemente menor produção de carne** (ZACHAR, *et al.*, 2016).



## Métodos de controle e possíveis falhas

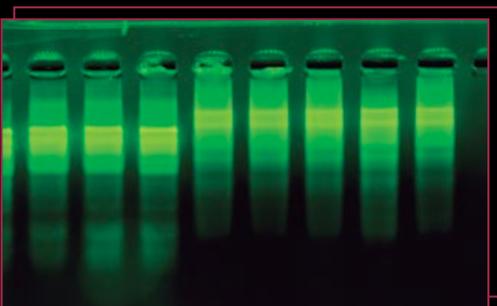
Por se tratar de um vírus muito resistente e de difícil eliminação no ambiente pelas medidas de biosseguridade usuais, **a vacinação é a principal medida de controle contra o IBDV**. Começando pela imunização das matrizes com o foco na **transmissão de imunidade passiva** e, posteriormente, a vacinação dos próprios pintinhos para induzir a resposta **imune ativa** (MICHEL e JACKWOOD, 2017).



A correta imunização das matrizes e monitoria dos títulos de anticorpos dos pintos de 1 dia, se mostram peças determinantes no controle do IBDV. Em estudo realizado em 2021 no Brasil, foi **encontrada alta prevalência de estirpes do Genogrupo 4 em aves jovens (18 a 26 dias) vacinadas com as principais tecnologias de vacinas para incubatório** (vetorizada e de complexo imune).

Este resultado pode ser decorrente de baixos títulos de anticorpos das matrizes ou uma característica da própria estirpe viral do Genogrupo 4 de colonização precoce da BF, conseguindo realizar a replicação antes da vacina de complexo imune e que consiga se evadir da resposta imune induzida pela vacina vetorizada (DIAS, et al., 2021).

Uma das ferramentas mais importantes para a monitoria de lotes vacinados contra a IBD é a **biologia molecular**. Através de técnicas como a de **RT-PCR** associado à técnica de **RFLP**, é possível dizer **quais as estirpes virais presentes na integração** e se os resultados estão de acordo com o programa vacinal utilizado. Além disso, ferramentas como a **histopatologia** e a **sorologia** são importantes para complementar os achados da biologia molecular.



Sobre a prevalência e o potencial de causar prejuízo na indústria avícola que as estirpes virais do Genogrupo 4 de Gumboro possuem, já existem relatos na literatura. Entretanto, ainda existem algumas perguntas sem respostas.

Dentro deste grupo, quais são os isolados mais prevalentes do Brasil?

Existem diferentes níveis de patogenicidade entre as estirpes virais do mesmo grupo? Qual o impacto dessas estirpes virais na indústria avícola Brasileira?



Doença de Gumboro: compreendendo o atual cenário Brasileiro

DESCÁRGALO EN PDF



Referências bibliográficas sob consulta junto aos autores