

RESUMO

SANTANA CLAVIJO, N. F. **Co-evolução de Coronavirus Aviário (AvCoV) e hospedeiros aviários com base na utilização**. 2020. 114 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2021.

O Coronavirus aviário (AvCoV) é o agente causal da bronquite infecciosa das galinhas, uma doença que ocasiona grandes perdas econômicas na indústria avícola, que também pode ter como hospedeiro outras espécies de aves domésticas e selvagens. O AvCoV tem uma distribuição mundial e uma ampla variabilidade genética que resulta em distintas linhagens, levando a doença respiratória, entérica, reprodutiva ou renal. A co-evolução do sistema Coronavirus/ hospedeiro é amplamente conhecida em termos de receptores, transmissão, patogenia, resposta imune, genética de populações e filogenia, mas os estudos baseados na utilização de códons são escassos. Para o presente trabalho, foram obtidas do Genbank 57 sequências de genoma completo do AvCoV de diferentes regiões do mundo que representam os diferentes genótipos e subtipos; os genomas foram divididos por regiões codificantes e genes para serem analisados e utilizadas para gerar indicadores do uso de códons como uso relativo de códons sinônimos, construções filogenéticas, índice de adaptação codônica e o número efetivo de códons. Os resultados obtidos mostraram que, considerando *A. cygnoides*, *A. platyrhynchus* e *F. peregrinus*, linhagens de AvCoV possuem um alto fitness no uso de códons nos mRNAs de renina, proteína da zona pelúcida e surfactante pulmonar respectivamente, além de não terem sido encontrados padrões de segregação na utilização de códons, sendo a força dominante sobre a evolução do AvCoV a seleção natural. O AvCoV apresentou um uso de códons pouco enviesado ($N_c > 45$) e foi evidenciado que, com base no uso de códons, o AvCoV poderia se replicar com sucesso nos diferentes hospedeiros deste estudo.

Palavras-chave: AvCoV, Co-evolução, Uso de códons, Seleção natural.

ABSTRACT

SANTANA CLAVIJO, N. F. **Co-evolution of Avian Coronavirus (AvCoV) and avian hosts based in codon usage**. 2020. 114 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2021.

Avian Coronavirus (AvCoV) is the causative agent of infectious bronchitis in chickens, this disease causes great economic losses in the poultry industry, which can also host other species of domestic and wild birds. AvCoV has a worldwide distribution and a wide genetic variability that results in different strains, leading to respiratory, enteric, renal or reproductive disease. The co-evolution of the coronavirus/host system is widely known in terms of receptors, transmission, pathogenesis, immune response, population genetics and phylogeny, but studies based on the use of codons are few. For the present work, 57 complete Genome sequences from AvCoV from different regions of the world that represent the different genotypes and subtypes were obtained from Genbank; the genomes were divided by coding regions and genes to be analyzed and used to generate codon usage indicators such as relative use of synonymous codons, phylogenetic constructions, codon adaptation index and the effective number of codons. The results obtained showed that, considering *A. cygnoides*, *A. platyrhynchus* and *F. peregrinus*, AvCoV strains have a high fitness in the use of codons in renin mRNAs, pellucid zone protein and pulmonary surfactant, respectively, in addition to not having been found segregation patterns in the use of codons, the dominant force on the evolution of AvCoV being natural selection. AvCoV showed a slightly codon usage bias ($N_c > 45$) and it was shown that, based on the use of codons, AvCoV could successfully replicate in the different hosts of this study.

Keywords: AvCoV, co-evolution, Codon usage, Natural selection.