

Lara Mees^{1,2}, Paulo Michel Roehle^{1,3}

¹ Laboratório de Virologia – Instituto de Ciências Básicas da Saúde - Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Porto Alegre, RS – Brasil

² Biomedicina – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

³ Fepagro Saúde Animal - Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor – Eldorado do Sul, RS - Brasil

Email: lara.mees@ufrgs.br

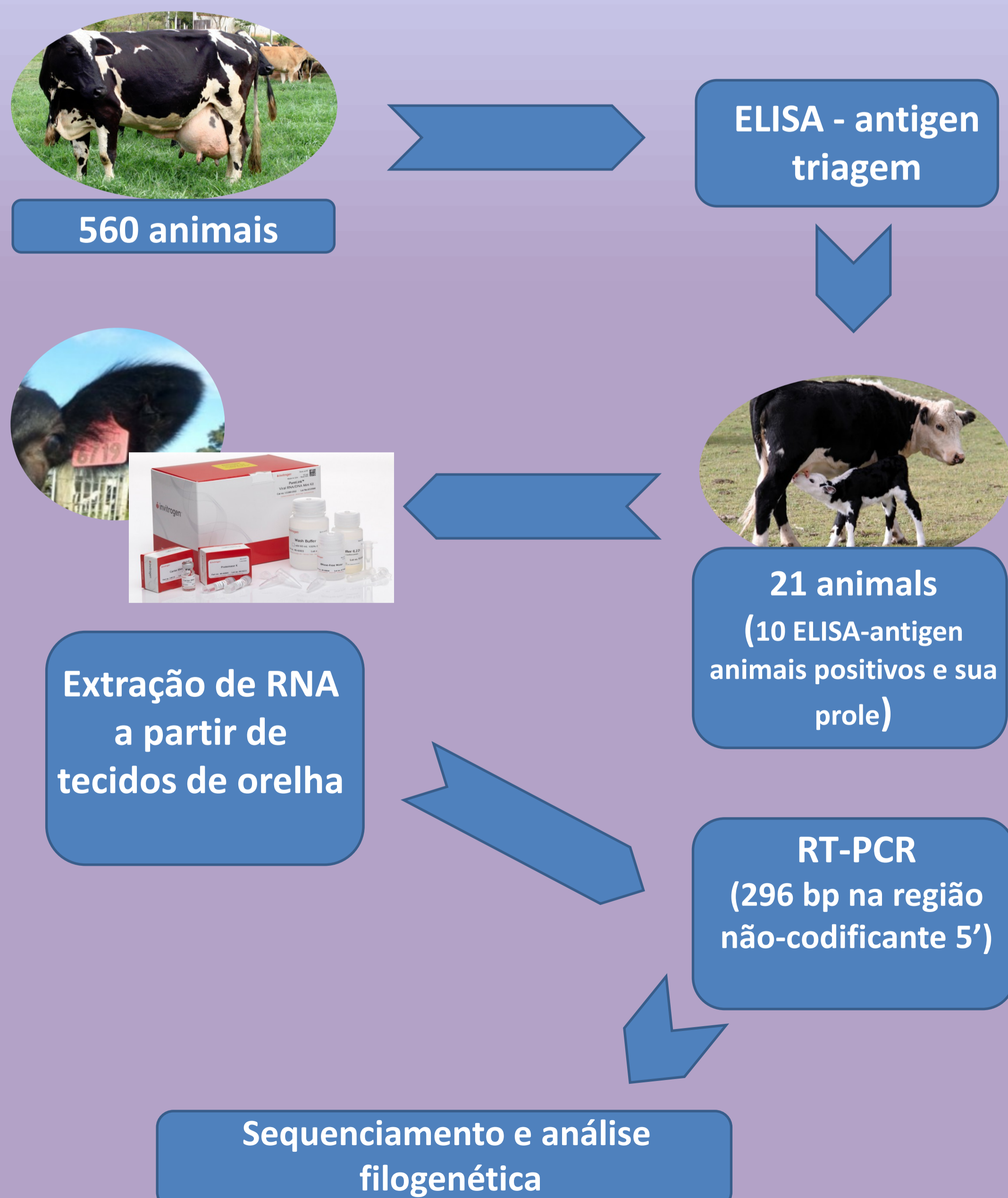
INTRODUÇÃO

Diarreia Viral Bovina (BVDV) é um membro do gênero Pestivirus dentro da família Flaviviridae. O vírus pode ser transmitido horizontalmente para embriões e fetos, o que pode resultar em reabsorção fetal, aborto, hipoplasia cerebelar, teratogenicidade ou nascimento de animais persistentemente infectados (PI). Infecções persistentes desempenham um papel fundamental na perpetuação do vírus, uma vez que os bezerros podem espalhar o vírus em secreções e excreções e serem os principais disseminadores da infecção. Conseqüentemente, a identificação de animais PI é um dos principais objetivos na tentativa de controlar a infecção pelo BVDV em bovinos infectados endemicamente.

OBJETIVOS

O objetivo deste estudo foi verificar se os animais PI por BVDV, positivos para ELISA-antigen, foram em portadores de BVDV verdade, com a ajuda da reação de transcrição reversa em cadeia da polimerase (RT-PCR) e sequenciamento de nucleotídeos.

MATERIAIS E MÉTODOS



RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todas as dez amostras de ELISA-antigen positivas foram confirmadas para conter os genomas de BVDV através de RT-PCR. Nenhuma infecção foi detectada em sua prole. O sequenciamento de um fragmento de 296 pb na região não-codificante 5' do genoma viral revelou que todos os genomas eram de BVDV tipo 1, subtipo b (. Fig 1).

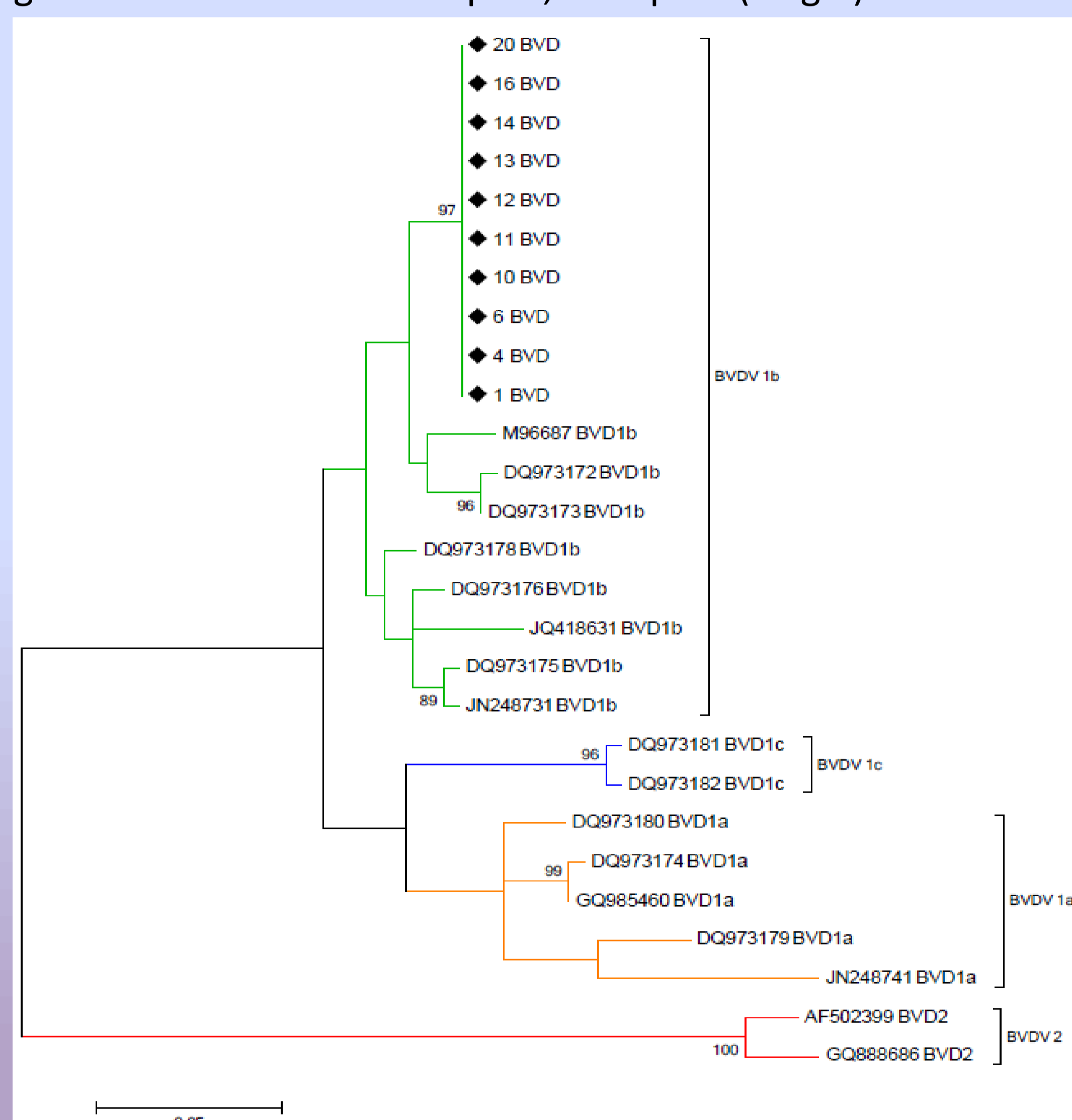


Fig. 1 - Análise filogenética das seqüências nucleotídicas dos segmentos do genoma do BVDV detectadas no presente estudo. A árvore é baseada na seqüência de um fragmento amplificado de 296 pb a partir da região não-codificante 5' do genoma de BVDV. Amostras referenciais incluídas para comparação.

CONCLUSÕES

A RT-PCR confirmou os resultados do teste ELISA-antigen na identificação de animais PI. Além disso, os animais examinados, neste estudo em particular, mostraram-se infectados com o BVDV tipo 1, subtipo b.

SUORTE FINANCEIRO:



REFERÊNCIAS

- ELVANDER, M., et al., 1998. An experimental study of a concurrent primary infection with bovine respiratory syncytial virus (BRSV) and bovine viral diarrhoea virus (BVDV) in calves. *Acta Vet. Scand.*, 1998, 39, 251-264.
- FULTON, R.W., et al. Bovine viral diarrhoea virus (BVDV) 1b: predominant BVDV subtype in calves with respiratory disease. *Can. J. Vet. Res.*, 2002, 66, 181-190.
- FULTON, R.W., et al. Prevalence of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) in persistently infected cattle and BVDV subtypes in affected cattle in beef herds in south central United States. *Can. J. Vet. Res.*, 2009, 73, 283-291.