

DETECÇÃO DE PESTIVÍRUS EM RUMINANTES DO NORDESTE BRASILEIRO

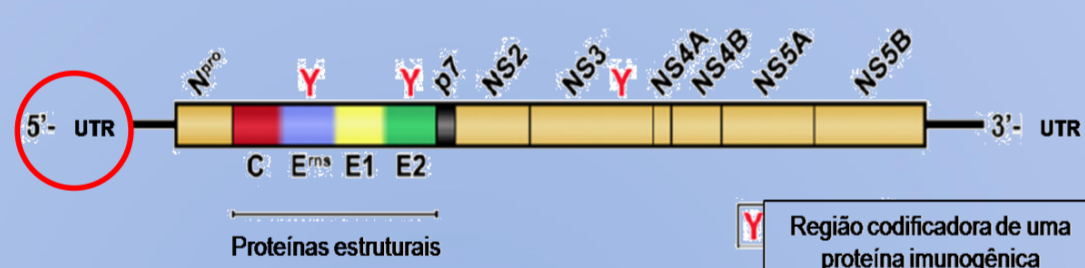


BAUMBACH, LETÍCIA F. & CANAL, CLÁUDIO W.
Laboratório de Virologia, Faculdade de Veterinária, UFRGS
leticiabaumbach@yahoo.com.br

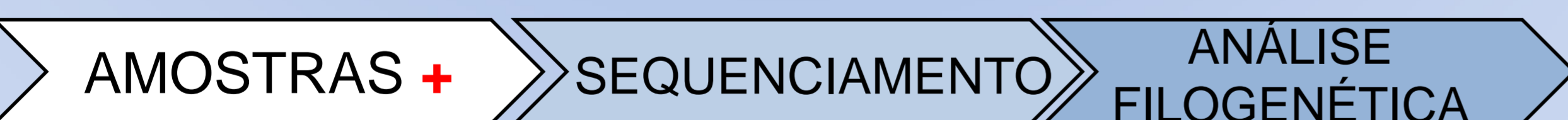
INTRODUÇÃO

- ✓ O gênero Pestivirus pertence à família *Flaviviridae* e possui grande diversidade genética e antigênica.
- ✓ O Brasil possui o maior rebanho comercial de bovinos do mundo, esse tem sofrido há décadas um grande impacto econômico e na saúde animal devido a infecção por pestivírus [1, 2].
- ✓ Existe uma carência de informações sobre a diversidade genética dos pestivírus que circulam em diferentes regiões brasileiras, especialmente no Nordeste.
- ✓ O objetivo desse estudo foi conhecer a frequência e a diversidade genética de pestivírus detectados em ruminantes do nordeste brasileiro.

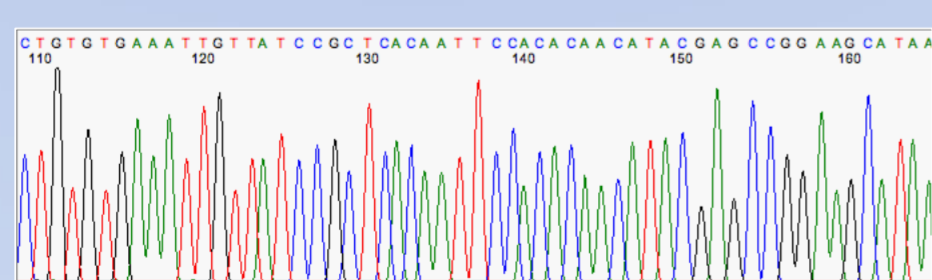
MATERIAL E MÉTODOS



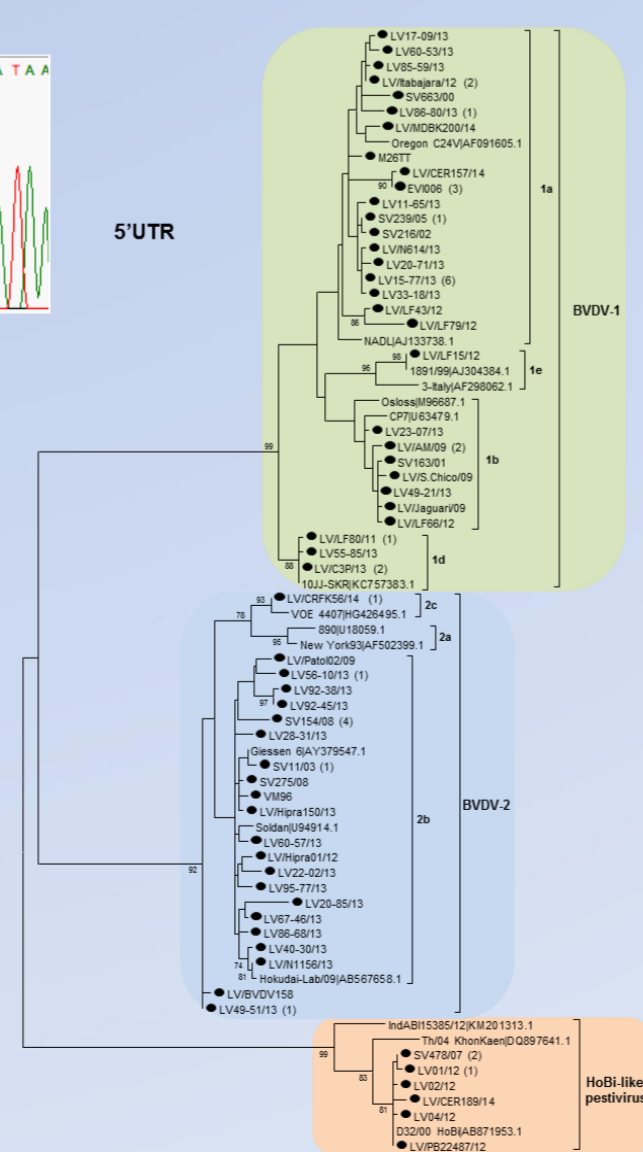
- 19.499 amostras de soro bovino.
 - Estados: MA, RN e PB.
 - Divididos em 451 *pools* de até 45 soros cada.
- ↓
- Detecção de um fragmento de 118 pb da região 5'UTR do genoma dos pestivírus [2].
- ↓
- Amostras individuais analisadas por RT-PCR (citada anteriormente).



- RT-PCR 5'UTR: detecção fragmento de 288 pb [3]
- RT-PCR Npro: Detecção fragmento de 494 pb [4]



BLAST



RESULTADOS

- ✓ 25 amostras positivas (0,13%).
- ✓ 14 isolados (56%) apresentaram homologia com o HoBi-like pestivírus (BVDV-3), conforme imagem abaixo (BLASTn).

	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident
Bovine viral diarrhea virus 3 RNA, complete genome, strain: D32/00 'HoBi'	279	279	89%	1e-71	87%
Bovine viral diarrhea virus 3 isolate LV/PB22487/12 5' UTR	274	274	89%	6e-70	87%
Bovine viral diarrhea virus 3 isolate SV478/07 5' UTR	274	274	89%	6e-70	87%
Bovine viral diarrhea virus 3 isolate Italy-68/13cp, complete genome	274	274	89%	6e-70	87%

DISCUSSÃO & CONCLUSÃO

- ✓ Os pestivírus estão presentes nos rebanhos do nordeste brasileiro em uma frequência baixa de infecções ativas.
- ✓ O HoBi-like pestivírus representa, no mínimo, metade das detecções.
- ✓ O presente trabalho permanece em andamento, pois os HoBi-like pestivírus detectados precisam ser melhor caracterizados geneticamente.
- ✓ Os demais isolados de pestivírus necessitam ser sequenciados, analisados filogeneticamente e classificados.

REFERÊNCIAS

- [1] SILVEIRA, S. et al. Genetic diversity of Brazilian bovine pestiviruses detected between 1995 and 2014. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2015.
- [2] WEBER, M. N. et al. High frequency of bovine viral diarrhea virus type 2 in Southern Brazil. *Virus Research*, 2014.
- [3] DEREGT, D. et al. A multiplex DNA suspension microarray for simultaneous detection and differentiation of classical swine fever virus and other pestiviruses. *Journal of Virological Methods*, 2006.
- [4] LIU, L. et al. Virus recovery and full-length sequence analysis of atypical bovine pestivirus Th/04_KhonKaen. *Veterinary Microbiology*, 2009.

Apoio:

