

SALÃO DE  
INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
**XXIX SIC**  
UFRGS  
PROPESQ



múltipla   
**UNIVERSIDADE**  
inovadora  inspiradora

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2017
<b>Local</b>	Campus do Vale
<b>Título</b>	BVDV no estado do Rio Grande do Sul
<b>Autor</b>	NATHALIA DE ALMEIDA VIANA
<b>Orientador</b>	CLAUDIO WAGECK CANAL

## **Detecção do BVDV em bovinos do estado do Rio Grande do Sul**

Nathalia de Almeida Viana e Cláudio Wageck Canal

Laboratório de Virologia, Faculdade de Veterinária, UFRGS

O vírus da diarréia viral bovina (BVDV) pertence ao gênero *Pestivirus* e à família *Flaviviridae*. Existem duas espécies denominadas BVDV-1 e BVDV-2, sendo que eles apresentam distribuição mundial. A maior parte das infecções em animais imunocompetentes é assintomática. Todavia, sinais respiratórios, reprodutivos e digestivos podem ser observados, sendo que o BVDV é um dos principais patógenos de bovinos responsável por perdas significativas na produção, reprodução e economia da pecuária de corte e leite. O objetivo deste trabalho foi verificar a presença do BVDV em bovinos provenientes de diversas regiões do Estado do Rio Grande do Sul, através de amostras encaminhadas para diagnóstico, e identificar a espécie e subgenótipos dos vírus presentes neste Estado. Foram analisadas 358 amostras de soro e órgãos linfóides oriundas do Setor de Patologia Veterinária ou encaminhadas por veterinários. O RNA total das amostras foi obtido usando o kit TRIzol® LS e o cDNA foi sintetizado utilizando as enzimas GoScript™ Reverse Transcriptase e Recombinant RNasin® Ribonuclease Inhibitor. Foi realizado um protocolo de PCR para a detecção de um fragmento de 258 pares de bases do genoma viral utilizando os primers 324 e 326 descritos na literatura. Os produtos de amplificação foram visualizados em gel de agarose a 2% corados com Gel Red e visualizados sob luz ultravioleta. Das 358 amostras, 3 foram positivas nesta PCR, e os amplicons foram purificados com o kit PureLink™ Quick PCR Purification e encaminhados para sequenciamento Sanger com a máquina IlluminaMISEq. Como resultado, 3 amostras foram positivas para BVDV-2 e nenhuma amostras foi positiva para BVDV-1. Outras amostras estão sendo analisadas no desenvolvimento deste projeto.