

O genoma do Herpesvírus bovino 1 (BoHV-1) possui aproximadamente 137 kb em extensão enquanto que do Herpesvírus bovino 5 (BoHV-5) possui aproximadamente 138 kb. Ambos se diferenciam quanto aos efeitos sobre o hospedeiro, mas guardam semelhanças quanto aos aspectos biológicos, genéticos e moleculares, não havendo um método sorológico que diferencie as infecções pelos dois vírus nos rebanhos. A reação em cadeia da polimerase (PCR) tem sido utilizada para diferenciar estes agentes, sendo normalmente a PCR seguida de outras metodologias complementares para a diferenciação entre os tipos 1 e 5. O objetivo deste estudo foi analisar o genoma de ambos os vírus e projetar oligonucleotídeos, com potencial para distinguir os tipos virais mencionados, para a técnica de PCR. Primeiramente, foi realizado o alinhamento das sequências completas dos genomas de número de acesso NC_001847 (BoHV-1) e NC_005261 (BoHV-5) no Genbank. As regiões com potencial para diferenciação foram analisadas. Uma região específica (UL-0.5 a UL-0.7) foi selecionada para o desenho dos iniciadores. Após a padronização da técnica de PCR, 10 amostras com perfil conhecido (5 amostras de BoHV-1 e 5 de BoHV-5) foram submetidas a amplificação. Todas as amostras confirmaram o perfil, sendo o tamanho do produto de 1100 pares de base (pb) para BoHV-1 e 1000 pb para BoHV-5. Este estudo encontra-se em andamento e espera-se obter através do sequenciamento destes fragmentos dados que permitam o aprimoramento da técnica e sua utilização no diagnóstico destes vírus a partir de amostras clínicas.