

O vírus da artrite encefalite caprina (CAEV) e o vírus Maedi Visna dos ovinos (MVV) são retrovírus denominados de lentivírus de pequenos ruminantes (SRLV), os quais estão relacionados biológica, fenotípica e antígenicamente. Estes vírus integram seu material genético ao do hospedeiro, dando origem a um genoma proviral. O objetivo do projeto é otimizar o diagnóstico de SRLV por PCR, avaliando diferentes métodos de extração de DNA, a fim de definir qual o mais eficiente para os diferentes tipos de amostras (sangue e leite); comparando a eficiência de amplificação de diferentes regiões do genoma proviral (*env* e *gag*) comuns a MVV e CAEV, através de *heminested* PCR e, verificando qual o tipo de amostra (sangue ou leite) é o mais indicado para uso no diagnóstico em questão. A fim de avaliar a variabilidade das seqüências amplificadas por PCR, utilizaram-se amostras que apresentaram resultado positivo para o gene *gag* (três de origem ovina e três de origem caprina) para que fossem caracterizadas através de clonagem e sequenciamento. Os resultados parciais não demonstraram maior eficiência de detecção quanto à utilização de *primers* para *gag* ou *env*. Quanto à caracterização por sequenciamento do DNA viral a partir dos fragmentos de PCR *gag* positiva, verificou-se que a maioria das seqüências obtidas apresentou similaridade com seqüências de SRLVs quando submetidas ao BLAST. O alinhamento das seqüências está sendo realizado com o objetivo de avaliar a variabilidade das mesmas e estabelecer possíveis diferenças relacionadas ao tipo de amostra.