

Detecção e caracterização filogenética de pestivírus atípicos de bovinos

Tuani Rosa da Silva¹, Ana Cristina Sbaraini Mósená¹, Matheus Nunes Weber¹, Renata da Fontoura Budaszewski¹, Luciane Dubina Pinto¹, Carine Kunzler de Souza¹, Franklin Riet-Correa², Laura Lopes de Almeida³, David Driemeier³, Cláudio Wageck Canal (Orientador/Coordenador)¹.

¹Laboratório de Virologia Veterinária, Faculdade de Veterinária, UFRGS.

²Hospital Veterinário, Centro de Saúde e Tecnologia Rural, UFCG.

³Setor de Patologia Veterinária, Faculdade de Veterinária, UFRGS.

INTRODUÇÃO

Os pestivírus, membros da família *Flaviviridae*, são vírus envelopados de genoma RNA de fita simples. Compõem o gênero o vírus da peste suína clássica (CSFV), vírus da diarreia viral bovina tipo 1 (BVDV-1), BVDV tipo 2 (BVDV-2) e o vírus da doença da fronteira (BDV). Recentemente, estudos filogenéticos demonstraram a existência de pestivírus atípicos, propondo a classificação de uma nova espécie, tentativamente chamada de BVDV-3 ou atípicos. Embora o BVDV-3 tenha sido detectado em alguns países, principalmente a partir de soro fetal bovino exportado pelo Brasil, ele ainda não havia sido relacionado a doença clínica no País.

OBJETIVO

O objetivo do presente trabalho foi testar amostras de soro bovino para a presença de pestivírus por RT-PCR seguido de sequenciamento. As amostras eram de bovinos de uma propriedade da Paraíba, que apresentava histórico de baixa taxa reprodutiva, severa doença respiratória e mortalidade de bezerros.

MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi realizado conforme o fluxograma da (Figura 1).

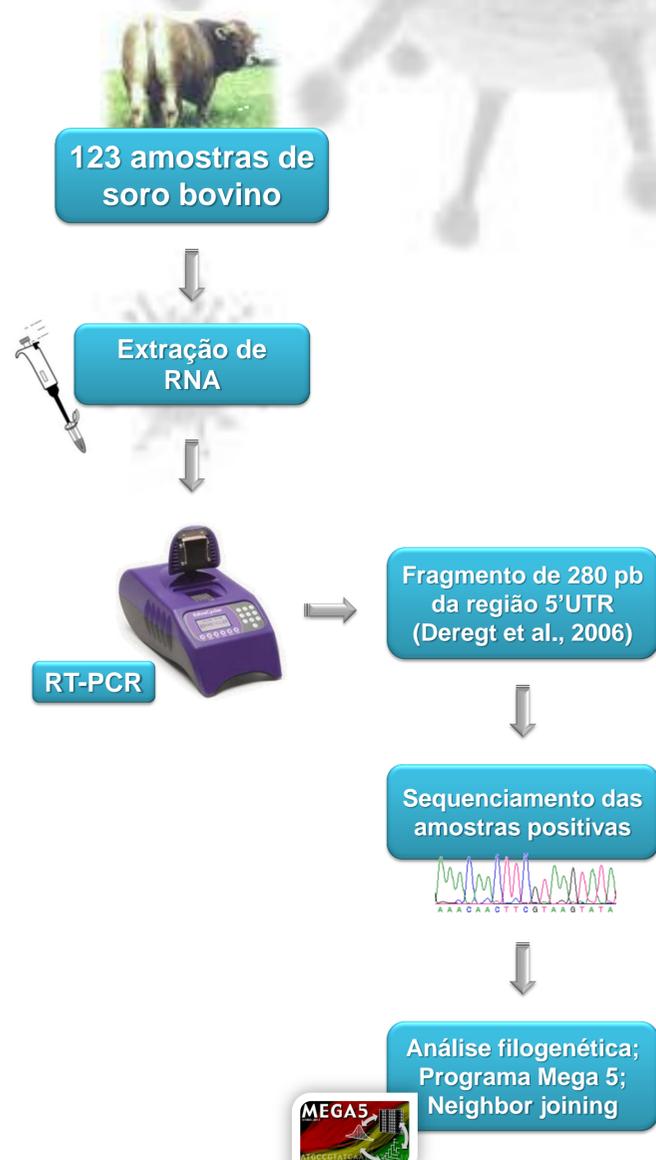


Figura 1: Esquema da metodologia utilizada no desenvolvimento do trabalho.

RESULTADOS

Foram detectadas 4 amostras positivas por RT-PCR que, quando sequenciados e submetidos a análise filogenética, agruparam no grupo dos BVDV-3 (Figura 2).

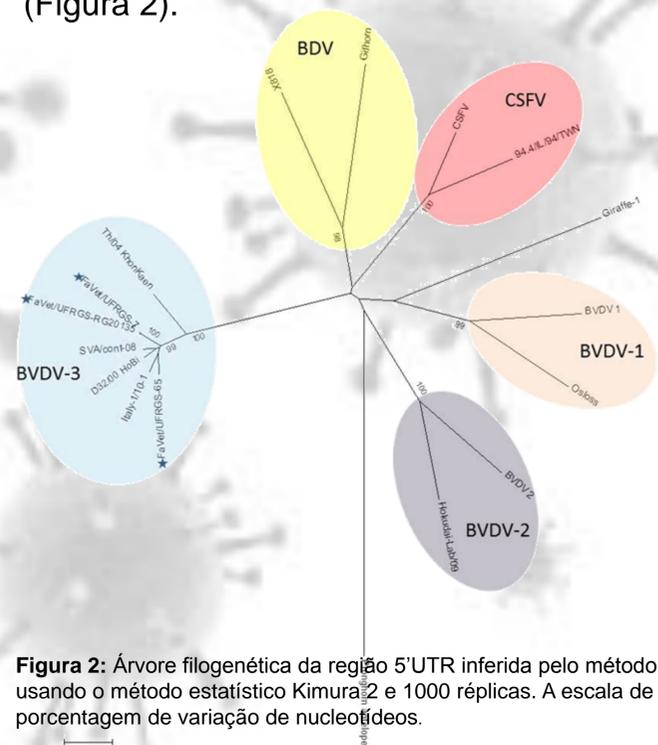


Figura 2: Árvore filogenética da região 5'UTR inferida pelo método *neighbor joining*, usando o método estatístico Kimura 2 e 1000 réplicas. A escala de 0.05 representa a porcentagem de variação de nucleotídeos.

DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Os resultados encontrados são o primeiro relato de pestivírus atípicos (BVDV-3) causando enfermidade no Brasil e confirmam a presença do vírus no país, levantando a necessidade da revisão dos testes de diagnóstico e das vacinas usadas para o controle de pestivírus em bovinos.

REFERÊNCIA

Deregt, D.; Gilbert, S.A.; Dudas, S.; Pasick, J.; Baxi, S.; Burton, K.M.; Baxi, M.K. A multiplex DNA suspension microarray for simultaneous detection and differentiation of classical swine fever virus and other pestiviruses. *Journal of Virological Methods*, v.136, p.17-23, 2006.