

# Pesquisa do vírus da diarreia viral bovina no soro de touros mantidos a campo em propriedades das regiões Sul e da Campanha do Rio Grande do Sul

Andrea Karoline Mascitti<sup>1</sup>, Vagner Ricardo Lunge<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Acadêmica de Medicina Veterinária, Universidade Luterana do Brasil.

<sup>2</sup> Docente da Universidade Luterana do Brasil



**UFRGS**  
PROFESQ

**XXV SIC**  
Salão Iniciação Científica

CA - Ciências Agrárias

## INTRODUÇÃO

O vírus da diarreia viral bovina (*bovine viral diarrhea virus - BVDV*) é o agente etiológico de patologias sistêmicas em bovinos, normalmente com consequências no desempenho reprodutivo do rebanho. Taxonomicamente o BVDV pertence ao gênero *Pestivirus*, família *Flaviviridae*, podendo ser classificado em 3 genótipos: BVDV-1, BVDV-2 e BVDV-3. A partícula viral é envelopada e o material genético é constituído de uma única fita de RNA com orientação positiva.

Estudos epidemiológicos relatam que a prevalência de animais portadores de anticorpos situa-se entre 60 e 90% no Brasil e entre 23,4 e 58,8% no Rio Grande do Sul. O BVDV pode estar presente em infecções persistentes ou agudas transitórias em bovinos. Animais persistentemente infectados raramente chegam a ser reprodutores, devido a complicações clínicas gerais e retardo no crescimento. Entretanto, a presença de touros com infecções transitórias agudas eventualmente ocorre e estes animais podem eliminar o BVDV pelo sêmen e contaminar o rebanho.

## OBJETIVO

Investigar a presença de BVDV usando técnicas de biologia molecular de alta sensibilidade analítica em touros de gado de corte mantidos a campo em diferentes estabelecimentos das regiões Sul e da Campanha do Rio Grande do Sul.

## METODOLOGIA

Coleta de amostras de soro de 352 touros que estavam sendo utilizados como reprodutores a campo em 17 propriedades (Figura 1).



Extração do DNA em forma de *pools* (5 amostras cada) e individuais pelo protocolo de adsorção em sílica.



Amplificação por RT-PCR (71 *pools*) e/ou RT-nestedPCR (56 *pools* e 80 amostras individuais) utilizando *primers* específicos para BVDV (Figura 2).



Deteção do RNA viral por RT-PCR e avaliação do fragmento amplificado por eletroforese em gel de poliacrilamida.

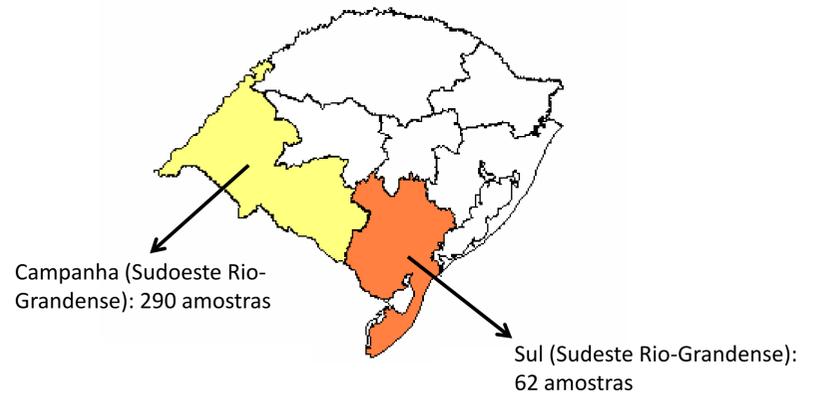


Figura 1: Mesorregiões das propriedades estudadas e número de amostras coletadas.

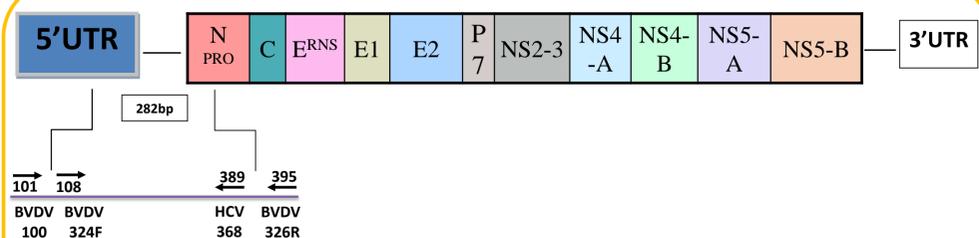


Figura 2: Genoma viral destacando a região alvo e *primers* utilizados.

## RESULTADOS

Não foi detectada a presença do BVDV nos *pools* e nas amostras analisadas individualmente. Amostras que apresentaram fragmentos de tamanho próximo ao esperado foram submetidas ao sequenciamento e demonstraram amplificação inespecífica (identidade com genes bovinos).

Estes resultados demonstram a não ocorrência de infecções transitórias pelo BVDV nos touros das propriedades analisadas.

## DISCUSSÃO

A ausência do BVDV observada no presente estudo indica uma provável baixa prevalência deste vírus em touros nas regiões da Campanha e Sul do Rio Grande do Sul. Estudos prévios também demonstraram uma baixa frequência do BVDV em reprodutores de outros locais do mundo (Givens et al., 2003; Smith et al., 2008). Novos estudos devem ser realizados com outras categorias de animais (vacas, novilhos) para obtenção de dados epidemiológicos mais consistentes quanto à disseminação do BVDV nos rebanhos bovinos do estado do Rio Grande do Sul.

## REFERÊNCIAS

- GIVENS M.D et al. Analytical sensitivity of assays used for detection of bovine viral diarrhea virus in semen samples from the Southeastern United States. *Vet Microbiol.* 2003;96:145-155.
- SMITH R.L., et al. Sensitivity of polymerase chain reaction for detection of bovine viral diarrhea virus in pooled serum samples and use of pooled polymerase chain reaction to determine prevalence of bovine viral diarrhea virus in auction market cattle. *J Vet Diagn Invest* 2008; 20:75-78.