



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	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
Autor	ANDREA KAROLINE MASCITTI
Orientador	VAGNER RICARDO LUNGE
Instituição	Universidade Luterana do Brasil

O vírus da diarreia viral bovina (*bovine viral diarrhoea 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. O presente trabalho teve como 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. A amostragem total consistiu de 352 soros de diferentes touros que estavam sendo utilizados como reprodutores a campo em 17 propriedades. Alíquota de 0,1 mL de cada amostra foi utilizada para formação de *pools* de 5 amostras. Amostras em *pool* e individuais foram submetidas à extração de RNA pelo protocolo de sílica e posteriormente à amplificação por duas técnicas de biologia molecular: *RT-PCR* (transcrição reversa seguida da amplificação pela reação em cadeia da polimerase) e *RT-nestedPCR* (*RT-PCR* com dupla amplificação e que apresenta aumento aproximado de dez vezes na sensibilidade analítica). Ambas as técnicas avaliam a porção inicial do genoma do BVDV (região 5' não traduzida e gene N-pro) gerando fragmentos de 288bp (*RT-PCR*) e 282bp (*RT-nestedPCR*). Um total de 71 *pools* (incluindo todas as 352 amostras) foi analisado pela *RT-PCR*, enquanto 56 *pools* (incluindo 282 amostras) pela *RT-nestedPCR*. Adicionalmente, 80 amostras de 16 *pools* com suspeita de presença de BVDV (fragmentos de DNA amplificado mais tênues e próximos ao tamanho esperado) foram processadas separadamente e submetidas à amplificação por *RT-nestedPCR* e posterior sequenciamento. Não foi detectado BVDV nos *pools* e nas amostras analisadas individualmente. As amostras que apresentaram fragmentos de tamanho próximo ao esperado foram submetidas a sequenciamento e demonstraram a amplificação de genes bovinos (amplificação inespecífica). Estes resultados demonstram a não ocorrência de infecções pelo BVDV em touros de corte nas propriedades analisadas e a provável baixa disseminação deste vírus nas propriedades das Regiões da Campanha e Sul do Estado. Essa baixa frequência pode estar associada ao fato do estudo ter sido realizado em propriedades com bom manejo nutricional e nas quais não havia suspeita de infecção pelo BVDV (sem relatos de problemas reprodutivos e algumas com vacinação).