

Lúnia Rossa¹, Cláudio Wageck Canal¹

¹Laboratório de Virologia Veterinária – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

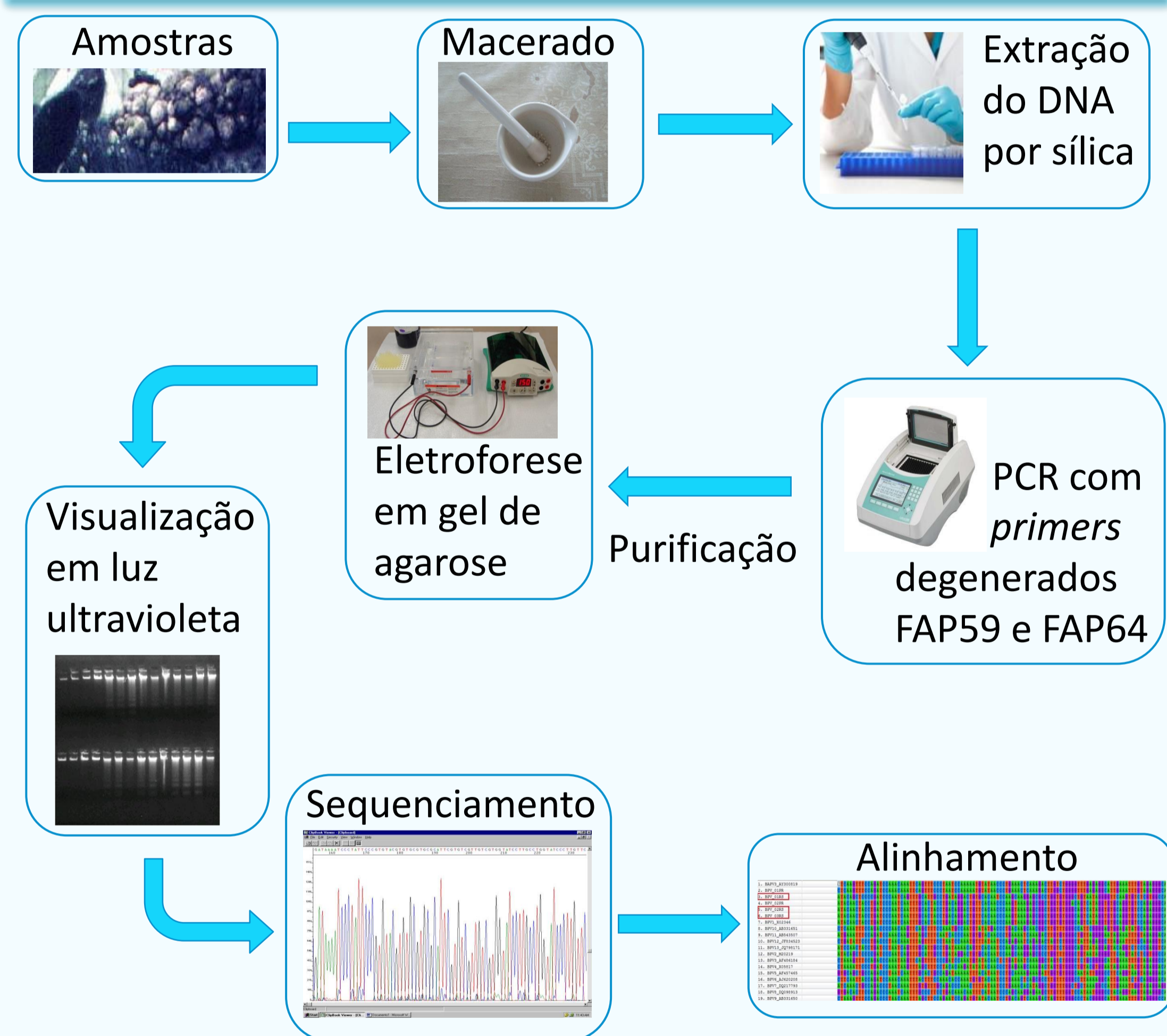
INTRODUÇÃO

Os papilomavírus são vírus pequenos e não envelopados pertencentes à família *Papillomaviridae* que infectam diferentes espécies de mamíferos, aves e répteis. Em humanos, o papilomavírus humano (HPV) está associado ao câncer de colo de útero, a segunda maior causa de mortes em mulheres por câncer no Brasil. Atualmente treze tipos de papilomavírus bovino foram caracterizados e identificados, sendo o papilomavírus bovino tipo 13 (BPV-13) encontrado aqui no Brasil. A transmissão ocorre principalmente por contato direto entre os animais ou indiretamente por fômites. Apesar das lesões causadas pela infecção com o BPV determinar prejuízos econômicos consideráveis à bovinocultura, vacinas comerciais não são produzidas devido ao escasso conhecimento sobre a diversidade genética da população viral.

OBJETIVO

O objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar geneticamente os papilomavírus bovino encontrados em rebanhos do Estado do Rio Grande do Sul.

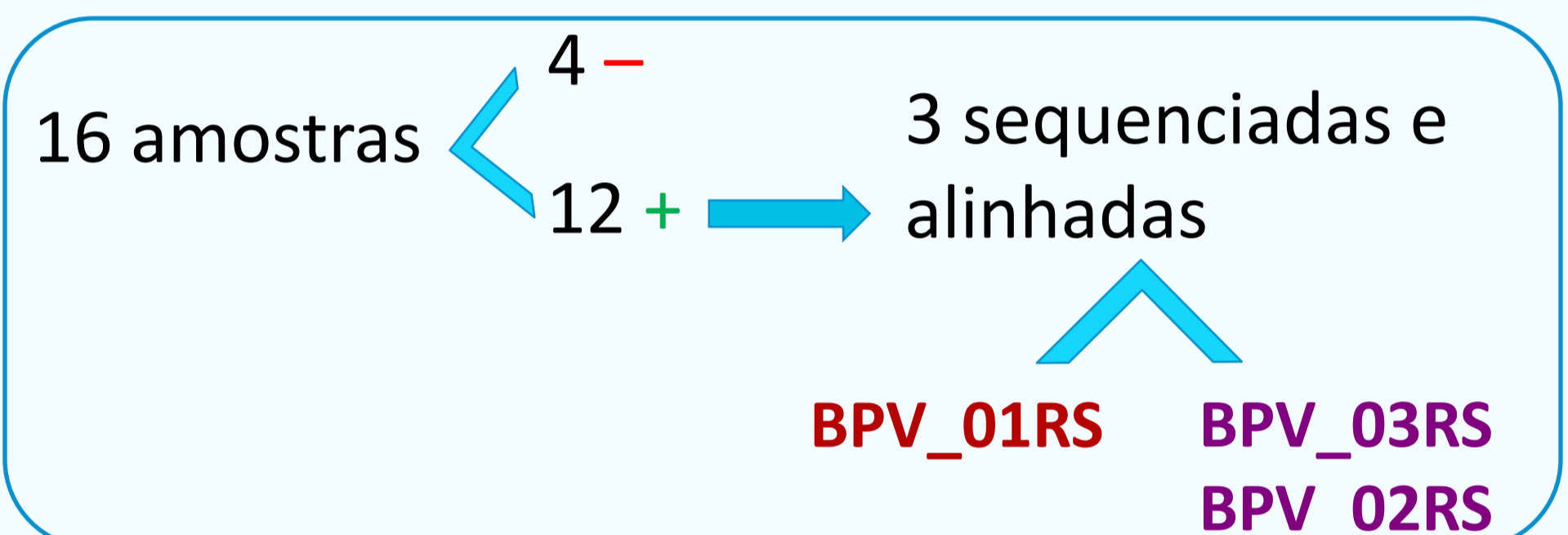
MATERIAIS E MÉTODOS



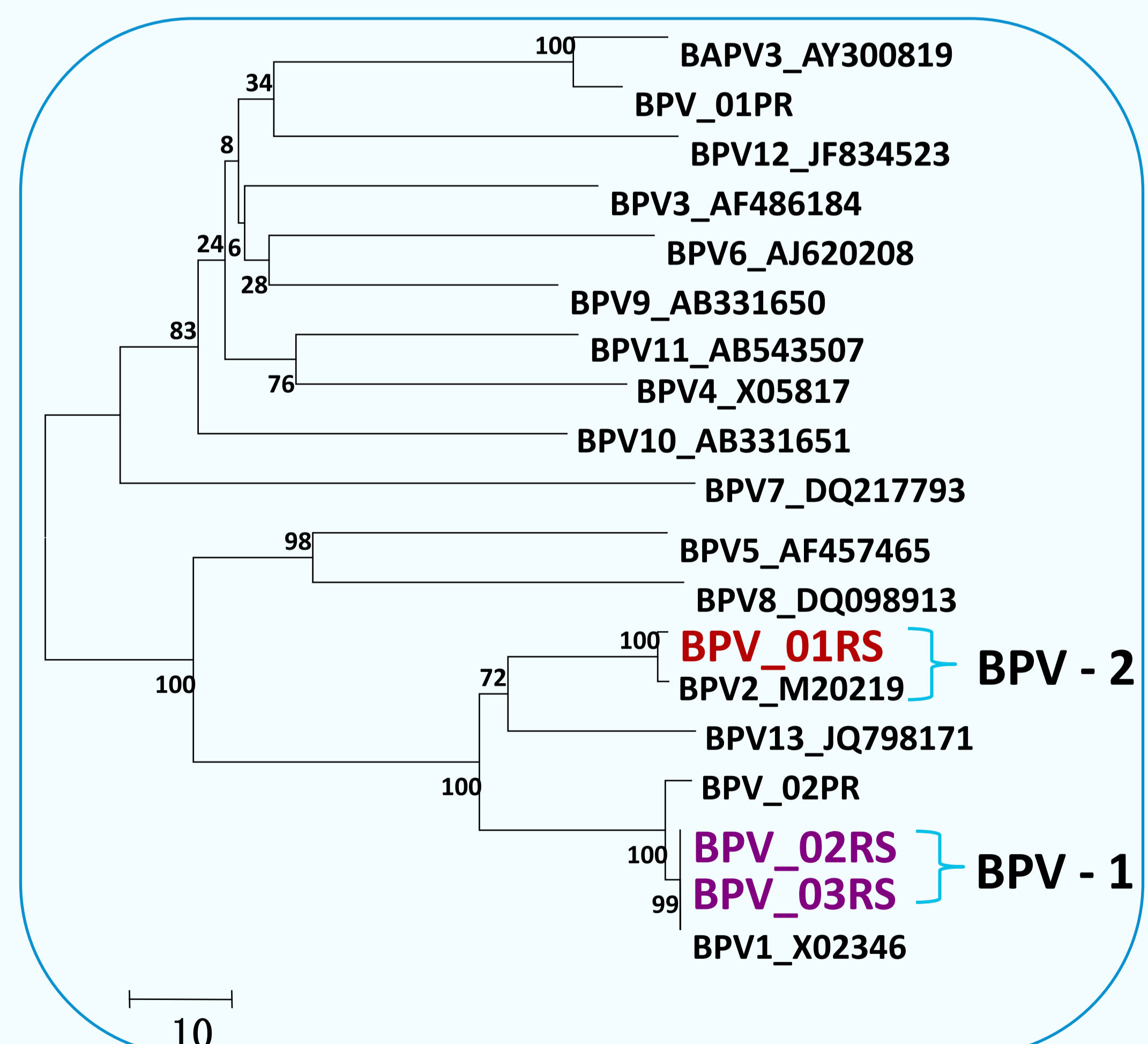
DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

- As amostras analisadas foram submetidas a consulta na ferramenta BLAST e tiveram 92% de similaridade com tipos já conhecidos na literatura, sendo assim, consideramos elas subtipos dos tipos BPV-1 e 2;
- Há diferentes subtipos do BPV no Rio Grande do Sul, os quais estão presentes em diversas regiões do Estado;
- É importante conhecermos quais os tipos de vírus estão presentes no Estado para futuramente conseguirmos desenvolver uma vacina industrial que previna a infecção entre animais já que existe somente vacinas autógenas.

RESULTADOS



Quadro 1: Resultados das amostras analisadas usando os *primers* degenerados FAP59 e FAP64.



Quadro 2: Análise filogenética contendo as 3 amostras sequenciadas.

Contato: luniarossa@gmail.com