



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Determinação da variabilidade genética de papilomavírus bovino no Estado do Rio Grande do Sul
Autor	LÚNIA ROSSA
Orientador	CLAUDIO WAGECK CANAL

Os papilomavírus são vírus pequenos e não envelopados pertencentes à família *Papillomaviridae* que infectam diferentes espécies de mamíferos, aves e répteis. Este vírus possui uma molécula única de DNA circular fita dupla com aproximadamente 8 kilobases (kb), um genoma composto de duas fases abertas de leitura (ORFs) e uma região não codificante (NCR). O gene L1, que codifica a principal proteína do capsídeo, é altamente conservado e tem sido usado para identificar e classificar a variedade viral. As lesões causadas pela infecção com o papilomavírus bovino (BPV) nos rebanhos bovinos podem determinar prejuízos econômicos consideráveis à bovinocultura, tanto pela morte dos animais quanto por reduções na produtividade e no valor comercial dos animais e subprodutos. Adicionalmente, os papilomavírus bovinos 1 e 2 são bem estabelecidos como agentes etiológicos de tumores de bexiga urinária em bovinos, principalmente quando associados com a ingestão da samambaia *Pteridium aquilium*. Atualmente, treze tipos de papilomavírus bovino foram identificados e caracterizados. O objetivo deste trabalho foi analisar quais os tipos de papilomavírus bovino estão presentes nos rebanhos bovinos do Estado do Rio Grande do Sul. Como metodologia, foram coletadas amostras de lesões cutâneas de três animais e 0,5 g de cada amostra foram maceradas para posterior extração do DNA. O DNA foi extraído através de um protocolo que utiliza sílica e a amplificação da região conservada do gene L1 foi realizada através da reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando os *primers* degenerados FAP59 e FAP64. Os produtos gerados pela PCR foram purificados e sequenciados. As sequências obtidas foram comparadas através da ferramenta BLAST para verificar sua similaridade em relação às sequências já depositadas em bancos de dados públicos. Como resultados parciais, foi observado que as três amostras tiveram elevada similaridade com os tipos virais BPV1 e 2. Com estes resultados podemos considerar, de acordo com a classificação sugerida por Villiers (2004), que todas as amostras são subtipos dos tipos BPV1 e 2.