

SALÃO DE  
INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
**XXIX SIC**  
**UFRGS**  
PROPESQ



múltipla   
**UNIVERSIDADE**  
inovadora  inspiradora

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2017
<b>Local</b>	Campus do Vale
<b>Título</b>	Detecção e identificação de papilomavírus bovino em lesões de teto de vacas leiteiras
<b>Autor</b>	DÉBORA RAINHO DE OLIVEIRA
<b>Orientador</b>	CLAUDIO WAGECK CANAL

Detecção e identificação de papilomavírus bovino em lesões de teto de vacas  
leiteiras

Débora Rainho e Cláudio Wageck Canal  
Laboratório de Virologia Veterinária – Faculdade Veterinária – UFRGS

Os papilomavírus (PVs) são vírus epiteliotrópicos pertencentes a família *Papillomaviridae* que é composta por vírus de DNA circular fita dupla. Os PVs induzem diversas lesões em animais e humanos, cujo comportamento patológico varia entre lesões papilomatosas benignas proliferativas, conhecidas popularmente como verrugas, a lesões neoplásicas malignas, acarretando risco a vida. O papilomavírus bovino (BPV) afeta rebanhos de bovinos de leite e de corte em todo o mundo e as suas lesões determinam prejuízos econômicos consideráveis à bovinocultura tanto por perda direta, causada pela morte dos animais; quanto indiretas, representada por reduções na produtividade. A papilomatose de teto que afeta vacas leiteiras, é um problema de saúde negligenciado na produção, embora possa ocasionar dificuldade de ordenha e predispor a mastite e distorções nos ductos do teto. Alguns trabalhos científicos afirmam que estes papilomas de teto são causados por alguns tipos específicos de BPV.

O objetivo do estudo é determinar quais são os tipos de BPV encontrados nas lesões papilomatosas nos tetos de vacas leiteiras. Para isso, foram coletadas amostras de tecido de lesões papilomatosas oriundas de 62 carcaças de vacas da raça Holandesa. O DNA total de parte das amostras foi extraído e submetido ao teste de reação em cadeia da polimerase (PCR), em seguida os produtos de amplificação de aproximadamente 430 pb foram purificados e encaminhados para sequenciamento.

Como resultado parcial, o BPV foi identificado em duas amostras entre as dez amostras até agora testadas. A análise filogenética revelou alta identidade de nucleotídeos da amostra AP4151-16 com a cepa BPV7/BR-UEL (93,8%) e a amostra AP3896-16 com a cepa BAPV9 (99,5%).

Os tipos de BPV que estão classicamente relacionados com a infecção de tetos e mamas de vacas são o BPV1, 5 e 6, porém, com base nos presentes resultados, pode-se concluir que a diversidade de tipos virais associados a essas lesões deve ser maior do que o esperado.