

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 caracterização de hepacivirus em bovinos da região Nordeste do Brasil
<b>Autor</b>	LETICIA FERREIRA BAUMBACH
<b>Orientador</b>	CLAUDIO WAGECK CANAL

## **Deteccção e caracterização de hepacivirus em bovinos da região Nordeste do Brasil**

BAUMBACH, LETÍCIA F. & CANAL, CLÁUDIO W.

Laboratório de Virologia, Faculdade de Veterinária, UFRGS

O vírus da hepatite C, membro da Família *Flaviviridae* e do gênero *Hepacivirus*, é um vírus RNA que infecta milhões de pessoas em todo o mundo, causando insuficiência hepática, hepatite e carcinoma hepatocelular. Estudos recentes relataram a presença de hepacivírus (HV) infectando animais silvestres e domésticos como morcegos, roedores, equinos, cães e bovinos. Visto a diversidade de hospedeiros, é importante investigar possíveis reservatórios deste vírus e seu potencial zoonótico. O objetivo deste estudo foi detectar e caracterizar HV em soro de bovinos oriundos da Região Nordeste do Brasil. Para isso, foram analisados 135 pools de soros bovinos, com 50 amostras cada, coletados pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para realização de inquérito epidemiológico pertencente ao Programa Nacional de Erradicação e Prevenção da Febre Aftosa. A extração de RNA total foi obtida através do uso de TRIzol® LS e o cDNA foi sintetizado a partir de iniciadores específicos. Após, foi realizada a RT-PCR para detecção de fragmentos correspondentes as regiões NS3 e 5'UTR do genoma dos HV, que apresentam 318 e 220 pares de bases, respectivamente. Os produtos de amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 2% e visualizados sob lâmpada ultravioleta. Até o momento 39 pools tiveram resultados positivos e sete amostras foram purificadas e encaminhadas ao sequenciamento genético. A análise filogenética revelou alta identidade (85-99%) com amostras referência, confirmando a presença de HV bovino. Este trabalho encontra-se em andamento no Laboratório de Virologia Veterinária e faz parte do projeto de mestrado da aluna Mariana Soares da Silva.