



**Universidade:  
presente!**

**UFRGS**  
PROPEAQ



**XXXI SIC**

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2019
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	DIAGNÓSTICO E DETECÇÃO DO VÍRUS DA DIARREIA VIRAL BOVINA (BVDV) ENTRE 2018 E 2019
<b>Autor</b>	MANOELA INACIA FERREIRA
<b>Orientador</b>	CLAUDIO WAGECK CANAL

## DIAGNÓSTICO E DETECÇÃO DO VÍRUS DA DIARREIA VIRAL BOVINA (BVDV) ENTRE 2018 E 2019

Manoela Inácia Ferreira<sup>1</sup>, Cláudio Wageck Canal<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduanda da Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

<sup>2</sup>Professor da Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

O Brasil exerce papel de destaque no cenário mundial na criação e produção de carne e leite de origem bovina, sendo o rebanho brasileiro o segundo maior do mundo. A agropecuária gera grande quantidade de empregos, desempenhando assim uma importante fonte de geração de renda nacional. As doenças causadas por vírus são uma constante preocupação por parte dos programas de sanidade animal e dos produtores, uma vez que podem acarretar em grandes perdas econômicas. Nesse contexto, o vírus da diarreia viral bovina (BVDV) que pertence ao gênero *Pestivirus* da família *Flaviviridae* representa um importante agente infeccioso que pode causar perdas econômicas resultantes da queda da produtividade ocasionada por retardo no ganho de peso e problemas reprodutivos. Com isso, este trabalho tem como objetivo testar para BVDV amostras recebidas no Laboratório de Virologia. Desta forma, entre janeiro de 2018 e maio de 2019, o laboratório recebeu 78 amostras com suspeita de animais infectados pelo BVDV que incluíam soro, órgãos linfoides e fetos abortados. O RNA das amostras foi extraído utilizando Trizol® LS Reagent (Life Technologies) conforme as instruções do fabricante. A síntese do cDNA foi realizada usando o kit Transcriptase Reversa GoScript™ (Promega Corporation) com primers randômicos e a PCR foi realizada com a utilização dos primers 324/326 descritos na literatura, que amplificam um amplicon de 288 pares de bases (pb) da região 5' não traduzida (5'UTR). Durante o período citado, 8,97% (7/78) das amostras foram positivas. Futuramente, essas amostras serão sequenciadas pelo método de Sanger para análise filogenética, o que permitirá definir a espécie e subtipo viral que servirão de dados para estudos de epidemiologia molecular do BVDV no País e embasarão programas de controle do BVDV.