



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Genômica comparativa de herpesvírus bovino
<b>Autor</b>	THAÍS MOREIRA TOTTI
<b>Orientador</b>	PAULO MICHEL ROEHE

Título: Genômica comparativa de herpesvírus bovino.

Aluna: Thaís Moreira Totti

Orientador: Paulo Michel Roehe

Instituição: Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O Herpesvírus Bovino (BoHV) tipo 1 (BoHV-1) e 5 (BoHV-5) são endêmicos nos rebanhos brasileiros, estando associados a doenças respiratórias e encefalites fatais, além de causar perdas reprodutivas significativas. A vacinação é indicada para minimizar as manifestações clínicas, que podem levar a perdas econômicas. Entretanto, as vacinas para BoHV disponíveis no mercado são na maioria preparadas com amostras de vírus isoladas há muitas décadas em países do hemisfério norte. O presente trabalho tem como objetivo fazer uma análise comparativa entre os genomas de amostras vacinais e os genomas de amostras isoladas de rebanhos brasileiros e determinar quais seriam mais adequadas para produção de vacinas para uso no Brasil. Amostras de BoHV foram multiplicadas em células CRIB e o sobrenadante foi coletado, clarificado em centrifugação de baixa velocidade e centrifugado a 100.000 x g por 2 horas sobre um colchão de sacarose a 25%. O *pellet* resultante foi ressuscitado em 100 µL de água ultrapura, tratado com nucleases e o DNA extraído com fenol/clorofórmio. O DNA assim obtido foi então quantificado e testado através de PCR para a presença de BoHV-1 e 5, de genoma do hospedeiro (gene GAPDH) e de genoma bacteriano (gene 16S). O sequenciamento foi realizado na plataforma Illumina (Miseq). A qualidade das *reads* obtidas e a montagem dos genomas completos foram feitas no *software Geneious*. Até o momento, quatro genomas completos de BoHV foram obtidos, sendo duas amostras de BoHV-5 subtipo A, uma de BoHV-1 subtipo 2b e uma amostra BoHV-1 subtipo 1. Resultados preliminares demonstram identidades entre 95 a 97% com amostras de referência disponíveis no GenBank. Uma análise criteriosa está em andamento para identificar possíveis regiões com baixa cobertura, as quais posteriormente serão novamente sequenciadas. Após a revisão da cobertura dos genomas, estes serão comparados com genomas de amostras vacinais disponíveis no GenBank.