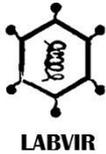




Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Vacinologia reversa para o desenvolvimento de vacinas contra herpesvírus bovinos
Autor	KALINKA DA CONCEIÇÃO MONTEIRO
Orientador	PAULO MICHEL ROEHE



Vacinologia reversa para o desenvolvimento de vacinas contra herpesvírus bovinos

Associados a perdas reprodutivas e manifestação de sinais neurológicos, os herpesvírus bovinos tipo 1 (BoHV-1) e tipo 5 (BoHV-5) são os representantes da família *Herpesviridae* de maior interesse veterinário na produção bovina. O projeto visa contribuir para a melhoria da sanidade dos rebanhos bovinos através de sequenciamento de alto desempenho – avaliando os tipos e subtipos de BoHV-1 e BoHV-5 prevalentes no Brasil. Assim, tem por objetivos determinar as sequências genômicas completas de representantes de BoHV-1 e BoHV-5 e identificar, por vacinologia reversa, quais amostras possuem maior potencial para uso na produção de vacinas, frente aos diferentes tipos e subtipos circulantes no País. Dando continuidade ao projeto, foi realizada extração de DNA, amplificação de fragmentos e preparação de duas amostras (SV609 e EVI88) para sequenciamento do genoma de BoHV-1 e BoHV-5, respectivamente. O DNA viral de isolados virais do banco de amostras do LabVir-UFRGS foi extraído com o kit PureLink™ Viral RNA/DNA Mini Kit (Invitrogen™), conforme as orientações do fabricante. Na realização das amplificações foram utilizadas enzimas de alta fidelidade e processividade, de acordo com os protocolos sugeridos pelos fabricantes (Phusion High-Fidelity DNA Polymerase/Thermo Fischer Scientific e Primestar GXL DNA Polymerase/TaKaRa Bio). Cada reação continha um par de primer desenhado para aquela região do genoma viral que se procurava amplificar. Após cada reação, os respectivos produtos foram analisados em gel de agarose, bem como purificados, quantificados e mensurada sua qualidade, antes de serem enviados para sequenciamento. Com os genomas sequenciados foi possível contribuir para um maior conhecimento dos herpesvírus e suas relações com a espécie hospedeira, gerando uma possibilidade para que estudos posteriores possam promover uma melhoria da sanidade dos rebanhos bovinos no país. A partir dos protocolos utilizados no sequenciamento das amostras é possível trabalhar no sequenciamento das demais amostras presentes no banco de amostras de BoHV do LabVir-UFRGS.