

162

**CARACTERIZAÇÃO E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE DIFERENTES CEPAS DE PARVOVÍRUS SUÍNO.** Karla Rathje Goncalves, Carine Kunzler Souza, Danielle Gava, André Felipe Streck, Claudio Wageck Canal (orient.) (UFRGS).

O parvovírus suíno (PPV) está amplamente distribuído na população suína de todo o mundo e é responsável por significativas perdas econômicas da suinocultura. A infecção por PPV afeta principalmente fêmeas jovens, sendo provavelmente a causa mais importante e freqüente de falhas reprodutivas. Estudos recentes demonstram que a capacidade de reconhecimento do hospedeiro ao PPV está relacionada a seqüências específicas de aminoácidos da superfície dos vírions, o que pode determinar a patogenicidade das cepas virais. O presente trabalho tem o objetivo de caracterizar e comparar amostras de PPV de diferentes regiões do Brasil. A extração do DNA total de amostras foi realizada através de kit comercial a base de sílica. A amplificação da região do gene VP1/VP2 do capsídeo viral, de amostras previamente positivas para PPV, foi realizada através de duas *nested*-PCR. Os produtos de amplificação foram purificados e seqüenciados. O alinhamento das seqüências, avaliação das inserções e deleções e análise filogenética foram realizados através dos *softwares* Bioedit 7.0.0, Artemis 9.5 e Mega 4.0, respectivamente. Os resultados parciais demonstraram que as três amostras seqüenciadas, até o momento, sofreram mutações nas regiões relacionadas à patogenicidade viral. Em duas amostras, foi observada alta homologia (99, 64%) com um isolado de alta virulência (Kresse), em contrapartida a outra amostra apresentou homologia de 100, 00% com o isolado de baixa virulência (NADL-2). A perspectiva deste estudo é comparar um maior número de seqüências, a fim de obter conhecimentos que contribuam para a prevenção e controle de infecções pelo PPV.