

Enterovírus são vírus causadores de doenças habituais como resfriados e gastroenterites e até doenças mais graves como a poliomelite, além de serem relacionados como possíveis causadores da diabetes mellitus tipo 1. Este gênero de vírus é dotado de um genoma de cadeia única de RNA, não-envelopado com capsídeo icosaédrico. A classificação é controversa, mas atualmente esses membros, pertencentes à família *Picornaviridae*, são divididos em 10 espécies, 4 destas encontradas em animais e 6 em humanos. Por suas características de transmissão via fecal-oral, os enterovírus fazem parte do grupo de vírus entéricos, encontrados com frequência em águas contaminadas. Atualmente a prevalência deste vírus em amostras clínicas é desconhecida. Este trabalho teve como objetivo padronizar uma técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) para detecção de enterovírus em amostras clínicas, tanto humanas como animais. Utilizou-se como controle positivo o Enterovírus bovino (BEV), cultivado *in vitro* e quantificado por titulação em microplacas. Para extração de ácidos nucleicos virais foi utilizado o kit High Pure Viral Nucleic Acid Kit (Roche). O cDNA foi transcrito a partir do RNA genômico viral e usado como molde para a amplificação por PCR. A reação de PCR foi realizada utilizando o GoTaq Green Master Mix (Promega). Os iniciadores utilizados foram desenhados com base em regiões altamente conservadas do fragmento 5'-NTR do genoma de enterovírus. Após, o produto foi analisado por eletroforese em gel de agarose e em tampão TBE, com Blue Green Loading Dye I, e então visualizado sob luz ultravioleta. A reação padronizada obteve excelente sensibilidade analítica, tendo o mínimo de uma partícula infecciosa como limiar de detecção. Com aprimoramentos futuros, tal metodologia poderá ser empregada na detecção de vírus em amostras humanas ou animais para detecção de infecção por enterovírus.