

Detecção e genotipagem de papilomavírus bovino no Rio Grande do Sul

Correa, M.V.S.^{1,3}, Canal, C.W.^{2,3}

¹ Acadêmico do curso de Medicina Veterinária UFRGS ² Docente UFRGS ³ Laboratório de Virologia UFRGS

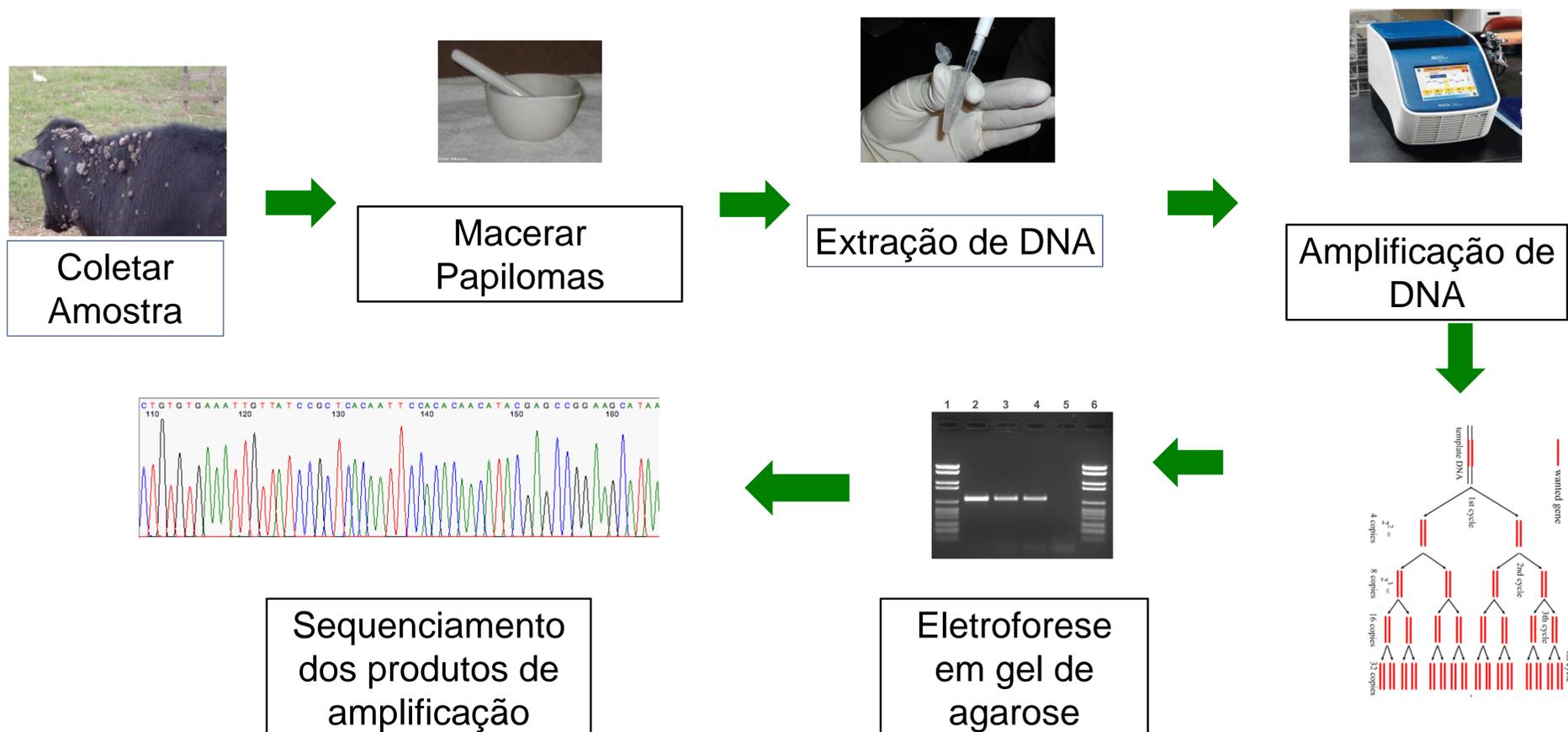
INTRODUÇÃO

A papilomatose bovina é uma enfermidade infecto contagiosa que causa importantes prejuízos econômicos nas cadeias de leite e carne. Infecções por BPV podem gerar lesões tumorais nos epitélios cutâneo e mucoso. Atualmente, são descritos 14 tipos de BPV (1 ao 14) de quatro gêneros diferentes. Diferentes tipos do BPV podem causar quadros clínicos distintos, além de gerarem pouca imunidade cruzada quando utilizados como antígenos de vacinas. Desta forma, o conhecimento dos tipos de BPV que circulam em uma região é importante para entender a patogenia e planejar o controle da doença.

OBJETIVOS

Verificar os tipos de BPV que circulam no Estado do Rio Grande do Sul por PCR seguido do seqüenciamento do produto de amplificação do gene L1.

MATERIAIS E MÉTODOS



RESULTADOS E CONCLUSÕES

Nos resultados parciais, observou-se uma grande prevalência do BPV 1, correspondendo à 26 das 31 amostras testadas até o momento (83%), seguido de 3 amostras de BPV 2 (9,6%) e 2 de BPV 6 (6,4%).

Conclui-se que a variabilidade dos tipos de BPV no Estado foi menor do que a detectada no norte do País pelo nosso grupo em um trabalho anterior [1]. Este trabalho encontra-se em andamento, de modo que os resultados estão sujeitos a mudanças conforme a evolução da pesquisa.

Bibliografia:

Apoio:

[1] Da Silva, F. R. C. et al. *Genetic characterization of Amazonian bovine papillomavirus reveals the existence of four new putative types* (Virus Genes) p.77-84, 2015.