



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Detecção de vírus influenza A H3N8 em amostras de suabe nasal de equinos em Porto Alegre
Autor	LEONARDO REIS LOBRAICO DA SILVA
Orientador	CLAUDIO WAGECK CANAL

Detecção de vírus influenza A H3N8 em amostras de suabe nasal de equinos em Porto Alegre

SILVA, L. R. L. & CANAL, C. W.

Laboratório de Virologia, Faculdade de Veterinária, UFRGS

O vírus da influenza equina (EIV) é o agente etiológico da Gripe Equina, uma das principais doenças infecciosas do trato respiratório em equídeos. O agente é pertencente à família *Orthomyxoviridae* e gênero *Influenzavirus A*, sendo mais comumente descritos em equídeos os subtipos H3N8 e H7N7. A ocorrência de surtos está relacionada principalmente a idade, estresse, manejo e estado imunitário. A transmissão ocorre por aerossóis, secreções ou contato direto com animais contaminados, principalmente em eventos que reúnem equinos de diferentes origens, como rodeios, cavalgadas, desfiles e feiras de animais. Clinicamente manifesta-se por febre, conjuntivite, descarga nasal serosa e ocasionalmente pode causar pneumonia broncointersticial grave com edema pulmonar, além de infecções secundárias. O objetivo deste trabalho foi pesquisar e classificar o EIV durante um surto de doença respiratória em equinos em Porto Alegre, RS, ocorrido em setembro de 2018. Foram analisadas um total de 25 amostras de suabe nasal de equinos. Em uma primeira etapa foi realizada a extração de RNA das amostras, seguida pela respectiva RT-PCR. Para a reação de PCR, foram utilizados iniciadores que tiveram como alvo um fragmento de 148 pares de bases (pb) do gene da hemaglutinina de H3N8. As amostras positivas foram purificadas, submetidas a sequenciamento e analisadas comparando seu genoma, utilizando o banco de dados do GenBank. Seis amostras foram positivas na RT-PCR para EIV. A sequência do gene mostrou que as amostras apresentavam 100% de identidade com uma cepa de H3N8 detectada no Uruguai em 2018. O presente trabalho pode confirmar o envolvimento do vírus da influenza A H3N8 no surto de doença respiratória aqui reportado e reforça a presença do vírus no Sul do País.