

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE HEPACIVIRUS EM BOVINOS DA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL

BAUMBACH, LETÍCIA F. & CANAL, CLÁUDIO W.
Laboratório de Virologia, Faculdade de Veterinária, UFRGS
leticiabaumbach@yahoo.com.br



INTRODUÇÃO

O vírus da hepatite C (HCV) pertence a família *Flaviviridae* e ao gênero *Hepacivirus* e infecta milhões de pessoas em todo o mundo, causando insuficiência hepática, hepatite e carcinoma hepatocelular. Estudos recentes relataram a presença de Hepacivírus (HVs) infectando animais silvestres e domésticos como morcegos, roedores, equinos, cães e bovinos. Visto a diversidade de hospedeiros, é importante investigar possíveis reservatórios deste vírus e seu potencial zoonótico.

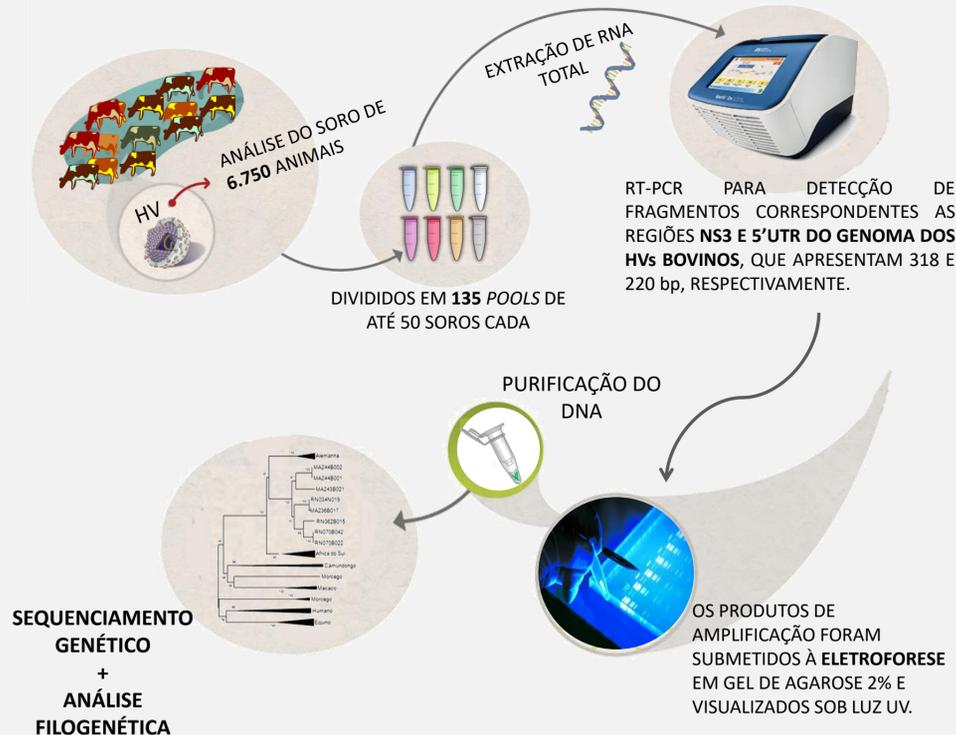


OBJETIVO

Detectar e caracterizar HVs em soro de bovinos oriundos da Região Nordeste do Brasil.

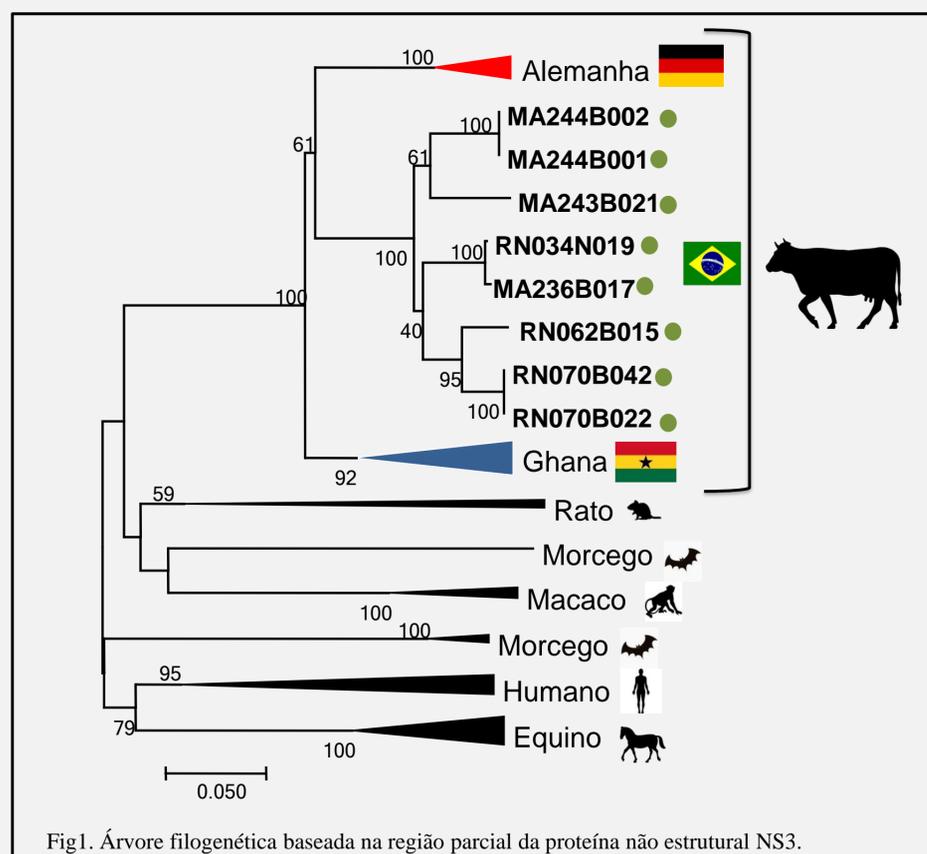


MATERIAIS E MÉTODOS



RESULTADOS

- ✓ 41 pools positivos (30,3%)
- ✓ Oito pools analisados individualmente
- ✓ Oito amostras sequenciadas (●).
- ✓ Análise filogenética revelou homologia de 85-99% com sequências referência de HVs bovinos.



CONCLUSÃO: O estudo confirma a circulação de HVs nos rebanhos bovinos do nordeste brasileiro. Os resultados aqui apresentados constituem uma base para futuros estudos visando conhecer melhor as rotas de infecção do HV, se os rebanhos podem atuar como reservatórios do vírus e qual seu potencial para estabelecer infecções zoonóticas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. SMITH, D. B. et al. Proposed update to the taxonomy of the genera Hepacivirus and Pegivirus within the Flaviviridae family. *Journal of General Virology*, 2016.
2. BAECHLEIN, C. et al. Identification of a novel Hepacivirus in domestic cattle from Germany. *J Virol*, 2015.
3. DREXLER, J.F. et al. Highly Divergent Hepaciviruses from African Cattle. *J Virol*, 2015.

APOIO: