



**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	CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E PATOLÓGICA DE PAPILOMATOSE EM TETOS DE VACAS LEITEIRAS NO SUL DO BRASIL
Autor	CAROLINE SAVI
Orientador	DAVID DRIEMEIER

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E PATOLÓGICA DE PAPILOMATOSE EM TETOS DE VACAS LEITEIRAS NO SUL DO BRASIL

Caroline Savi
Prof^o Dr. David Driemeier
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A papilomatose em tetos de bovinos é uma doença mundialmente descrita e especialmente importante para vacas leiteiras, pois pode induzir a danos graves na saúde e estrutura da glândula mamária. A doença é causada pelo papilomavírus bovino (BPV), que até o momento tem 24 diferentes tipos totalmente caracterizados, sendo associados ou não à papilomatose em tetos. Este trabalho descreve os aspectos moleculares e patológicos de papilomatose em tetos de vacas leiteiras no sul do Brasil. Amostras de papilomas em tetos foram coletadas de 73 vacas leiteiras abatidas. Fragmentos das lesões foram coletados, formando um *pool* por vaca, congelados e submetidos a análise molecular. Os tetos com as lesões remanescentes foram fixados em formalina 10%, processados rotineiramente para histopatologia e corados pela hematoxilina e eosina (H&E). A análise molecular foi realizada por meio da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando *primers* degenerados (FAP59/FAP64), que permitiram a amplificação parcial do gene L1 do BPV. Após, o produto amplificado foi submetido ao sequenciamento do tipo Sanger e as sequências de nucleotídeos obtidas depositadas no *GenBank*. As amostras que apresentaram mais de 90% de similaridade com os tipos de BPV já totalmente caracterizados, foram considerados BPVs clássicos. As amostras com menos de 90% de similaridade com tipos clássicos de BPV, mas mais de 90% de similaridade com tipos de BPV previamente descritos, foram considerados prováveis tipos de BPV previamente descritos. Por fim, as amostras com menos de 90% de similaridade com qualquer sequência depositada no *GenBank*, foram consideradas como prováveis novos tipos de BPV. As amostras consideradas como prováveis novos tipos de BPV foram comparadas e uma matriz de similaridade, e aquelas que apresentavam semelhança superior a 90% entre si, foram consideradas como sendo um mesmo provável novo tipo. As lesões papilomatosas foram caracterizadas por três padrões macroscópicos: exofítico (5 [6,9%]), plano (29 [39,7%]) e misto (39 [53,4%]). Histologicamente, todas as amostras foram identificadas como papilomas escamosos. A análise molecular identificou oito tipos clássicos de BPV (BPVs 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11 e 12) em 27 amostras, seis prováveis tipos de BPV previamente descritos em 17 amostras, e 10 prováveis novos tipos de BPV em 15 amostras. Quatro sequências não puderam ser classificadas e 10 foram negativas. Não houve relação entre o padrão macroscópico e o tipo de BPV identificado. Entretanto, 24 diferentes tipos de BPV foram identificados, demonstrando grande diversidade genética entre os tipos de BPVs associados a papilomatose de tetos em vacas leiteiras no Sul do Brasil.