

201

DIFERENCIAÇÃO ENTRE INFECÇÕES LATENTES POR HESPEVÍRUS BOVINOS TIPOS 1 E 5 EM BOVINOS. *Martha Trindade Oliveira, Fabrício Souza Campos, Silvia de Oliveira Hübner, Franciscus Antonius Maria Rijsewijk, Paulo Augusto Esteves, Alessandra Davila da Silva, Paulo Michel**Roehe, Ana Claudia Franco (orient.) (UFRGS).*

O herpesvírus bovino tipo 1 (BoHV-1) é o causador da rinotraqueíte infecciosa bovina e de uma série de problemas reprodutivos nessa espécie. Já o herpesvírus bovino tipo 5 (BoHV-5) é responsável pela encefalite herpética bovina. Ambos são pertencentes à família *Herpesviridae*, subfamília *Alphaherpesvirinae*, e apresentam como característica o estabelecimento de infecções latentes em gânglios nervosos dos animais infectados. Assim, todo o animal infectado é um potencial portador da infecção. A determinação da prevalência destas infecções é importante para o estabelecimento de alternativas de controle e erradicação. Entretanto, a prevalência de infecções por BoHV-5 permanece desconhecida, devido à falta de testes capazes de diferenciar essas infecções. Perante isso, o presente trabalho descreve a diferenciação entre BoHV-1 e BoHV-5 através de análises genômicas de gânglios trigêmeos obtidos de bovinos destinados ao abate em frigoríficos gaúchos. Foi realizada a coleta de 400 gânglios, sendo essas amostras submetidas à extração de DNA total. Posteriormente, o DNA foi submetido à técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando oligonucleotídeos específicos desenhados com base na seqüência do gene da glicoproteína C (gC) de BoHV-1 e BoHV-5, e o amplicom obtido foi então submetido à clivagem com enzima de restrição *BglI*. O controle interno desta PCR foi baseado na construção de um fragmento de DNA cuja seqüência pode ser amplificada com os mesmos oligonucleotídeos utilizados para amplificar o fragmento alvo. O controle interno foi adicionado a todas às reações realizadas. Até o momento, das 6 amostras analisadas pelo método, 3 foram positivas para BoHV-5 e nenhuma foi positiva para BoHV-1. Espera-se, à continuação desse estudo, obter uma avaliação da real prevalência de infecções desses vírus na população amostrada. (BIC).