



IDENTIFICAÇÃO DE RNA DE BVDV 1a EM FETO BOVINO MUMIFICADO

Nathália da Silveira Guimarães¹, João Vitor Godoy Takashi¹, Marcos Vinicius de Oliveira^{1,2}, Arthur Balero Morettin¹, Alysson Cezar Coelho¹, Isabela Vaz Silva¹, Gabriel Martins Guedes¹, Flávia Megumi Miyabe¹, Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}

¹ Laboratório de Virologia Animal/DMVP/CCA/ Universidade Estadual de Londrina.

O vírus da diarreia viral bovina (BVDV) possui genoma RNA fita simples, polaridade positiva. As cepas de campo de BVDV são classificadas em tipos (1 e 2), subgenótipos (1a–1u; 2a–2d). Em bovinos, a infecção por BVDV, dependendo da faixa etária e gênero, pode estar relacionada com síndromes acometendo os tratos reprodutivo, digestório e respiratório. Na esfera reprodutiva a infecção por BVDV nas fases iniciais da gestação podem determinar mortalidades embrionárias precoces e tardias com repetições de cios. Nas fases intermediárias e finais da gestação a infecção pode ser causar morte fetal que resulta em abortamento e natimortalidade. A literatura científica associa a infecção por BVDV e morte fetal com a ocorrência de mumificação fetal. Entretanto, raros são os casos nos quais o BVDV foi identificado em fetos bovinos mumificados. O objetivo desse trabalho é relatar a identificação de BVDV em um feto mumificado proveniente de um rebanho bovino leiteiro da região de Londrina/PR. O feto mumificado foi identificado no momento da realização do diagnóstico de gestação em uma vaca da raça Holandesa no sétimo mês de gestação. No rebanho leiteiro, de pequeno porte, além do controle das doenças oficiais (brucelose, tuberculose e febre aftosa), doenças da reprodução como rinotraqueíte infecciosa bovina, diarreia viral bovina e leptospirose não era realizado. Pools de fragmentos de órgãos torácicos (coração e pulmão) e abdominais (fígado, baço e rim) do feto foram triturados e emulsionados (10–20% p/v) em PBS 7,2. Alíquotas de 500 µL pré-tratadas com SDS e proteinase K foram utilizadas para a extração do ácido nucleico utilizando as técnicas de fenol-clorofórmio-álcool isoamílico e sílica-isotiocianato de guanidina. As amostras foram avaliadas por técnicas de diagnóstico (PCR; RT-PCR, nested-PCR) para a identificação molecular de sete agentes infecciosos (BVDV, BoHV-1, *Leptospira* sp., *Neospora caninum*, *Brucella* sp., *Mycoplasma bovis* e *Histophilus somni*) envolvidos em distúrbios reprodutivos em bovinos. Produtos amplificados de amostras positivas foram purificados e sequenciados, com subsequente análise filogenética das sequências de nucleotídeos (nt). Os softwares Phred e CAP 3 foram utilizados para a análise da qualidade de nt e para a obtenção de contig, respectivamente. A determinação de sequências similares foi realizada utilizando o software BLAST para verificar a similaridade de nt e comparar com sequências disponíveis no GenBank. A árvore filogenética foi obtida no MEGA v.7 usando *bootstrap* de 1.000 replicações. Os órgãos amplificaram um produto com 290pb na reação de RT-PCR para identificação parcial do segmento 5'UTR de BVDV. Todas as outras reações para a identificação de patógenos da reprodução desse estudo resultaram negativas. O sequenciamento de nt confirmou para BVDV. Com esse resultado, as amostras foram avaliadas por RT-PCR para o gene Npro de BVDV. As análises filogenéticas realizadas nos produtos amplificados das sequências 5'UTR e do gene Npro possibilitaram determinar que a cepa viral responsável pela morte fetal, seguida de mumificação, é a BVDV-1a. Essa é a primeira descrição no Brasil da ocorrência de mumificação em feto bovino ocasionada pela infecção pelo BVDV 1a.

Palavras-chave: Pecuária leiteira. Doenças da Reprodução. Diarreia Viral Bovina.

Fonte de Financiamento: INCT-LEITE, CNPq, CAPES, Fundação Araucária.