



INFECÇÃO RESPIRATÓRIA POR *MICOPLASMA BOVIS* E BVDV-2b EM UM REBANHO BOVINO DE ALTA PRODUÇÃO LEITEIRA DO SUL DO BRASIL

Isabela Vaz Silva¹, Arthur Balero Morettin¹, Alysson Cezar Coelho¹, Vinícius Rodrigues Bon¹, Thalita Evani Silva de Oliveira¹, Alice Fernandes Alfieri¹

¹ Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia para a Cadeia Produtiva do Leite (INCT-LEITE), Universidade Estadual de Londrina. aisabelavaz@gmail.com

A Doença Respiratória Bovina (DRB) é um dos principais problemas sanitários da pecuária bovina, ocorre com maior frequência em rebanhos leiteiros, principalmente em animais jovens. Nos jovens a DRB é uma das principais causas de morbidade e mortalidade pré-desmame. A etiologia da DRB é complexa, pois além dos agentes infecciosos, fatores como o animal, ambiente e manejo podem estar envolvidos. Os agentes etiológicos virais são principalmente vírus respiratório sincicial bovino (BRSV), coronavírus bovino (BCoV), vírus da diarreia viral bovina (BVDV), alphaherpesvírus bovino 1 (BoHV-1) e vírus parainfluenza bovino 3 (BPIV-3). *Histophilus somni*, *Mannheimia haemolytica*, *Pasteurella multocida* e *Mycoplasma bovis* são os agentes bacterianos mais identificados nas DRB. As infecções podem ocorrer de forma isolada ou em associações, levando ao agravamento do quadro clínico. O objetivo desse estudo foi determinar os agentes etiológicos envolvidos em um surto de doença respiratória em rebanho leiteiro do município de Carambeí, PR. Foram coletados fragmentos de pulmão e linfonodos mediastínicos de 2 bezerras com sinal clínico respiratório não responsivo à antibioticoterapia e que vieram a óbito naturalmente. Alíquotas de 500 µL de suspensões (10-20% p/v) dos tecidos em PBS pH 7,2, pré-tratadas com SDS e proteinase K, foram utilizadas para extração do ácido nucleico associando técnicas de fenol-clorofórmio-álcool isoamílico e sílica-isotiocianato de guanidina. O diagnóstico etiológico, realizado por técnicas moleculares (PCR, RT-PCR, nested-PCR), incluiu os nove agentes etiológicos de DRB relacionados anteriormente. Produtos amplificados nas reações foram sequenciados e analisados filogeneticamente. Nos fragmentos de órgãos das duas bezerras foram amplificados nas reações específicas para *M. bovis* e para BVDV que foram confirmados por sequenciamento. A determinação do tipo de BVDV foi realizada por meio da análise filogenética de um produto com 290pb da região não traduzida 5'UTR e de outro produto com 428 pb do gene Npro. Ambos os produtos possibilitaram concluir tratar-se do BVDV tipo 2b. Esses resultados demonstram que a associação das infecções por *M. bovis* e BVDV-2 determinou a ocorrência do surto de DRB descrito neste estudo. A infecção por BVDV, principalmente em animais jovens, é imunodepressora predispondo a ocorrência de infecções intercorrentes. O *M. bovis* é uma bactéria de difícil isolamento. Com isso, o diagnóstico etiológico dessa bactéria, mesmo sendo um patógeno primário do trato respiratório bovino, é quase sempre negligenciado. Com frequência, os estudos que descrevem a etiologia de DRB incluem o diagnóstico de um ou de apenas alguns dos potenciais agentes etiológicos. A utilização de uma plataforma para o diagnóstico molecular de praticamente todos os potenciais patógenos do trato respiratório bovino, como a utilizada nesse estudo, proporcionará a definição dos principais agentes envolvidos em DRB na pecuária bovina leiteira no Brasil bem como determinação da ocorrência de infecções singulares e mistas. Adicionalmente, estudos moleculares nas cepas dos micro-organismos identificados com o objetivo de determinar as relações filogenéticas entre as cepas de maior ocorrência regional e no Brasil, bem como estudos comparativos com cepas identificadas em outras partes do mundo e que tenham informações disponíveis em bases públicas de dados (GenBank).

Palavras-chave: Bezerras. BRD. Diagnóstico molecular.

Fonte de Financiamento: INCT – Leite, CNPq, CAPES, Fundação Araucária