



RESUMOS

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR PARCIAL DE DUAS REGIÕES DO GENOMA DO EQUINE INFECTIOUS ANEMIA VIRUS A PARTIR DE UMA AMOSTRA DE CAMPO DE UM CAVALO DO PANTANAL BRASILEIRO

CURSINO, A.E.¹; NOGUEIRA, M.F.²; DE AGUIAR, D.M.³, KROON, E.G.¹

¹Laboratório de Vírus, Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte/MG/Brasil; ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) Corumbá/MS/Brasil; ³Laboratório de Virologia e Rickettsioses, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT/Brasil.

INTRODUÇÃO: A Anemia infecciosa equina (AIE) é causada pelo *Equine infectious anemia virus* (EIAV), um Retrovirus que infecta equídeos. A AIE apresenta distribuição mundial, e encontra-se amplamente disseminada no território brasileiro, especialmente no Pantanal, onde apresenta uma elevada soroprevalência, comprometendo o desempenho dos equídeos e indiretamente a pecuária pantaneira. Embora a AIE tenha sido descrita há mais de 150 anos, muito pouco é conhecido sobre a diversidade genética do EIAV, exceto para algumas sequências parciais do gene *gag* e da região LTR do genoma. Até o momento existem apenas quatro sequências de genoma completo, isoladas a partir de amostras de cavalos infectados naturalmente. **OBJETIVO:** No presente estudo foi feita a caracterização molecular parcial de duas regiões do genoma do EIAV de uma amostra de campo de um cavalo proveniente do município de Poconé/Mato Grosso. **METODOLOGIA:** Para a caracterização foram desenhados iniciadores e desenvolvidas PCRs para a amplificação de fragmentos de 663 pb e 535 pb para a região 5'LTR ao gene *gag* e para o gene *pol*, respectivamente. O produto da PCR foi submetido a PAGE, e o DNA amplificado foi purificado e sequenciado, e foi feita análise filogenética. **RESULTADOS:** As sequências nucleotídicas obtidas apresentaram valores variáveis de similaridade nucleotídica de até 87,8% com sequências de referência de genoma completo do EIAV. A análise filogenética mostrou que as sequências do Pantanal brasileiro formam um clado separado para as duas regiões analisadas em relação às demais sequências. **CONCLUSÃO:** Considerando a ausência de sequências de genoma completo do EIAV brasileiro e o número limitado de sequências disponíveis em bancos de dados públicos tornam-se importantes estudos de detecção e caracterização molecular do EIAV. Assim, a caracterização molecular do EIAV a partir de amostras de campo brasileiras permitirá ampliar o conhecimento sobre o EIAV circulante no território brasileiro.

Palavras-chave: *Equine infectious anemia virus*, Anemia infecciosa equina, caracterização molecular

Apoio financeiro: CNPq, CAPES, Embrapa, PRPq-UFMG