

VÍRUS DA DIARREIA VIRAL BOVINA (BVDV) EM BOVINOS DO ESTADO DE SANTA CATARINA: CARACTERIZAÇÃO ANATOMOPATOLÓGICA, GENOTÍPICA E FILOGENÉTICA

Eduarda Vianna Rocha, Lucas Marian, Claudia Salete Wisser, Vittoria Mileni Puxxi
Torrezilhas Aranda, Leticia Ferreira Baumbach, Cláudio Wageck Canal, Renata Assis
Casagrande

INTRODUÇÃO

O vírus da Diarreia Viral Bovina (BVDV) é um importante patógeno relacionado a distúrbios reprodutivos em bovinos (Marian et al., 2024). Em Santa Catarina, a detecção do BVDV e a caracterização das enfermidades associadas são limitadas, com informações escassas sobre o real impacto do vírus no rebanho do estado (Mosena et al., 2022; Marian et al., 2024). O objetivo deste trabalho foi descrever um surto causado por BVDV-1b em um rebanho de corte em Santa Catarina, abortamentos, malformações congênitas e infecção persistente (PI).

DESENVOLVIMENTO

Dois neonatos fracos e um feto abortado foram submetidos à necropsia e colheita de fragmentos de todos os órgãos em formalina tamponada a 10%, processados rotineiramente, incluídos em blocos de parafina e corados com hematoxilina e eosina (HE).

Amostras de baço e timo do feto, bem como baço, timo e encéfalo dos neonatos, foram testados para BVDV por RT-PCR (Vilček et al., 1994). Amostras de encéfalo dos bezerros neonatos foram testados por meio da RT-PCR para vírus do sorogrupo Simbu (Fischer et al., 2013). Amostras de encéfalo dos neonatos e do feto foram ainda submetidos a PCR para *Neospora caninum* e *Toxoplasma gondii* (Costa et al., 2022; Withoeft et al., 2024).

Todos os animais do rebanho foram submetidos a três colheitas de soro, com intervalo de 50 dias, para RT-PCR do BVDV. As amostras positivas foram submetidas ao sequenciamento Sanger e análise filogenética. Amostras de soro da última colheita sangue de bovinos positivos para o vírus foram submetidas ao ELISA direto e indireto.

RESULTADOS

Uma propriedade de 240 ha, localizada na região serrana de Santa Catarina, continha um rebanho de bovinos de corte da raça Braford formado há um ano, composto por 170 vacas adquiridas de múltiplas fazendas, além de 2 touros adultos, 8 touros de 1 ano e 38 bezerros. Os animais eram criados em sistema semi-extensivo. O manejo reprodutivo consistia em IATF e touros para repasse, sem vacinação contra doenças reprodutivas. Durante a primavera de 2022, houve aumento na incidência de perdas reprodutivas, predominantemente no terço final da gestação. Ao longo de 60 dias, ocorreram 15 abortamentos e nascimento de bezerros fracos.

O feto uma fêmea, seis meses de gestação, não apresentou alterações macroscópicas. As lesões histológicas foram epicardite, miocardite, miosite, pneumonia e serosite, linfoplasmocíticas multifocais, leves a moderadas.

O neonato 1, fêmea, 28 dias, apresentou ataxia e decúbito. Na necropsia, havia hipoplasia cerebelar, hidrocefalia e porencefalia. Histologicamente, as principais lesões estavam em cerebelo, caracterizadas pela perda da arquitetura habitual, hipoplasia e disgenesia foliar, difusas acentuadas. O neonato 2, fêmea, um dia de vida, nasceu a termo pesando apenas 7Kg. O subdesenvolvimento corporal foi a única alteração, sem lesões histológicas.

Não houve positividade para o BVDV no feto e nos Neonatos 1 e 2. Entre todos os animais do rebanho, seis bezerros foram positivos para o BVDV pela RT-PCR em até três análises (Tabela 1). Um bovino testou positivo na primeira análise, negativos nas subsequentes. Seis dos sete bovinos também positivaram no teste de ELISA direto. No ELISA indireto, mesmo após semanas de infecção ativa, cinco bezerros foram negativos e, portanto, classificados como PI. Dois animais desenvolveram anticorpos específicos. Um foi considerado transitoriamente infectado (TI) e outro, foi classificado como PI com anticorpos, que podem ser de origem colostrar ou de infecções por cepas heterólogas.

As sequências UDESC/06/2025, UDESC/07/2025 e UDESC/08/2025, obtidas de três dos bezerros PI, demonstraram 100% de homologia entre si, indicando se tratar da mesma cepa viral. Elas demonstraram similaridade máxima de 98,9% com sequências do BVDV-1b de origem chinesa, bem como níveis variando entre 96,77% e 98,7% com cepas brasileiras.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo evidenciou que o BVDV é um importante agente causador de distúrbios reprodutivos e malformações em bovinos de Santa Catarina, cuja real importância no rebanho estadual ainda parece ser subestimada.

Palavras-chave: Teratogênese; Falha reprodutiva; Pestivirus; Patologia

ILUSTRAÇÕES

Tabela 1 – Surto de infecção persistente, abortos e malformações congênitas associadas ao BVDV-1b em bovinos de corte no estado de Santa Catarina.

Bovino	Gênero	Colheita de amostra (idade/dias)	Dias depois da primeira colheita	RT-PCR BVDV	ELISA direto BVDV	ELISA indireto BVDV	Status de infecção
162	Fêmea	1º (60)	0	+			
		2º (105)	45	+	2,79	0,03	PI
		3º (148)	88	+			
168	Fêmea	1º (55)	0	+			
		2º (100)	45	+	2,79	0,02	PI
		3º (143)	88	+			
170	Macho	1º (40)	0	+			
		2º (85)	45	+	2,73	0,03	PI
		3º (-)	*	*			
173	Fêmea	1º (27)	0	+			
		2º (72)	45	+	2,73	0,43	PI com Anticorpos
		3º (115)	88	+			
174	Fêmea	1º (43)	0	+			
		2º (90)	47	+	2,78	0,19	PI
		3º (135)	92	+			
193	Macho	1º (62)	0	+			
		2º (107)	45	+	2,73	0,20	PI
		3º (150)	88	+			
201	Macho	1º (388)	0	+			
		2º (433)	45	-	0,06	3,07	TI
		3º (476)	88	-			

*Morte antes da coleta. ELISA direto: negativo $\leq 0,3$ e positivo $> 0,3$; ELISA indireto: negativo $\leq 0,2$; suspeito $> 0,2$ e $< 0,3$; positivo $\geq 0,3$

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Costa, L. S., Withoeft, J. A., Bilicki, J. V., Melo, I. C., Snak, A., das Neves, G. B., Miletto, L. C., de Moura, A. B., & Casagrande, R. A. (2022). *Neospora caninum*-associated abortions in cattle from Southern Brazil: Anatomopathological and molecular characterization. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 36, 100802. <https://doi.org/10.1016/J.VPRSR.2022.100802>
- Fischer, M., Schirrmeier, H., Wernike, K., Wegelt, A., Beer, M., & Hoffmann, B. (2013). Development of a pan-Simbu real-time reverse transcriptase PCR for the detection of Simbu serogroup viruses and comparison with SBV diagnostic PCR systems. *Virology Journal*, 10(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-327/TABLES/5>
- Marian, L., Withoeft, J. A., Esser, M., Dal Molin, S. R., Hamckmeier, D., Baumbach, L. F., Canal, C. W., & Casagrande, R. A. (2024). Uncommon bovine viral diarrhoea virus subtype 1e associated with abortions in cattle in southern Brazil. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 36(1), 115–119. https://doi.org/10.1177/10406387231209739/ASSET/BFDDDD008-D10F-4736-9CE8-13783CF5B14A/ASSETS/IMAGES/LARGE/10.1177_10406387231209739-FIG2.JPG
- Mosena, A. C. S., Wolf, J. M., Paim, W. P., Baumbach, L. F., da Silva, M. S., Silveira, S., Olegário, J. do C., Budaszewski, R. da F., Weber, M. N., & Canal, C. W. (2022). Temporal analysis of bovine pestivirus diversity in Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology*, 53(3), 1675–1682. <https://doi.org/10.1007/S42770-022-00735-Z/FIGURES/2>
- Vilček, S., Herring, A. J., Herring, J. A., Nettleton, P. F., Lowings, J. P., & Paton, D. J. (1994). Pestiviruses isolated from pigs, cattle and sheep can be allocated into at least three genogroups using polymerase chain reaction and restriction endonuclease analysis. *Archives of Virology*, 136(3–4), 309–323. <https://doi.org/10.1007/BF01321060/METRICS>
- Withoeft, J. A., Marian, L., da Costa, L. S., Fernandes, F. D., Vogel, F. S. F., das Neves, G. B., Miletto, L. C., & Casagrande, R. A. (2024). Sheep abortions associated with *Neospora caninum* and *Toxoplasma gondii* infections in multiple flocks from Southern Brazil. *Veterinary Research Communications*, 48(4), 2699–2705. <https://doi.org/10.1007/S11259-024-10390-4/TABLES/2>

DADOS CADASTRAIS

BOLSISTA: Eduarda Vianna Rocha

MODALIDADE DE BOLSA: PIBIC/CNPq

VIGÊNCIA: 01/09/2024 a 31/08/2025 – Total: 12 meses

ORIENTADOR(A): Renata Assis Casagrande

CENTRO DE ENSINO: CAV

DEPARTAMENTO: Medicina Veterinária

ÁREAS DE CONHECIMENTO: Medicina Veterinária

TÍTULO DO PROJETO DE PESQUISA: Vírus da Diarreia Viral Bovina (BVDV) em bovinos no estado de Santa Catarina: caracterização anatomopatológica, genotípica e filogenética

Nº PROTOCOLO DO PROJETO DE PESQUISA: PVAV134-2024