

PRIMERA DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL VIRUS DE LA DIARREA VIRAL BOVINA (VDVB) EN MUESTRAS DE SUERO BOVINO, EN EL AÑO 2019.

Rodriguez V, Maria Fatima¹; Nara, Eva¹; Martinez, Magaly¹.

¹Departamento de Biología Molecular y Biotecnología. IICS-UNA.

El virus de la diarrea viral bovina (VDVB) es el patógeno más prevalente del ganado bovino y ocasiona importantes pérdidas económicas debido a su variedad de manifestaciones clínicas severas. Pertenece a la familia *Flaviviridae* y se distribuye en las especies A, B y H dentro del género *Pestivirus*. **Materiales y Métodos:** 500 sueros de bovinos provenientes de 34 establecimientos ganaderos de diferentes propósitos, distribuidos a lo largo de 10 departamentos del país (fueron analizados en 100 *pooles* de 5 muestras mediante RT-PCR) **Resultados:** El 64% de los *pooles* fueron positivos para *Pestivirus A*, el 10% para el *Pestivirus B* y el 4% para *Pestivirus H*. La distribución geográfica del *Pestivirus A* se extiende a 3 departamentos de la región occidental y a 6 de la región oriental. Mientras que el *Pestivirus B*, se detectó en muestras de 2 departamentos de la región occidental y en 3 de la región oriental. El *Pestivirus H* se detectó en un establecimiento de Pte. Hayes. **Conclusiones:** La amplia distribución a lo largo de los departamentos del país así como la presencia de las tres especies de VDVB sugieren que la circulación de este virus puede ocasionar importantes pérdidas en la producción animal. Estudios continuos y ampliados sobre la prevalencia, variabilidad y distribución de este virus serán de importancia para su control y prevención mediante implementación de planes de inmunización efectivos.