

O vírus da diarréia viral bovina (BVDV), pertencente à Família *Flaviviridae* e gênero *Pestivirus*, é responsável por causar uma enfermidade altamente contagiosa em bovinos. A importância econômica desta virose está diretamente relacionada a aspectos produtivos, como queda na produção de leite, atraso na idade de abate e falhas reprodutivas, sendo o abortamento a de maior impacto. As infecções fetais, que ocorrem durante o terço médio da gestação, podem gerar animais persistentemente infectados (PI), os quais são a principal fonte de disseminação do BVDV nos rebanhos. A identificação dos PI através da técnica de transcrição reversa seguida de reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é uma importante ferramenta que pode ser utilizada na detecção de animais PI. O objetivo deste trabalho foi identificar animais PI em rebanhos gaúchos com suspeita de infecção por BVDV. Foram analisadas cinquenta e cinco amostras de soro sanguíneo de animais provenientes de rebanhos de oito municípios gaúchos. A extração de RNA foi realizada utilizando o protocolo de Trizol<sup>®</sup> LS e os produtos de amplificação (157 pb da região 5'UTR) obtidos na RT-PCR foram submetidos a eletroforese em gel de agarose a 2%. Do total das amostras analisadas, dez animais foram positivos para BVDV, correspondendo a 18,18 % dos animais testados. Fragmentos de orelha dos animais positivos serão analisados pelo teste de imunoistoquímica. Este estudo permitiu a identificação de animais PIs pelo BVDV e possibilitou a obtenção e utilização de seus órgãos para estudos posteriores.