

CARACTERIZAÇÃO SOROLÓGICA E MOLECULAR DE ROTAVÍRUS SUÍNO NO PARANÁ - BRASIL

S.S. KROEFF¹; V. MUNFORD³; M.L. RÁCZ³; Y. HAYASHI²

¹Mestranda do Curso de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Federal do Paraná.

²Professor Titular do Departamento de Patologia Básica, Universidade Federal do Paraná.

³Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo.

O Brasil possui, atualmente, um dos maiores rebanhos de suínos do mundo, estando entre os sete detentores da produção mundial, com um plantel estimado em 36,5 milhões de cabeças. A região Sul, incluindo os Estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná, onde estão localizados os maiores núcleos de criação de suínos, é responsável por mais de 70% das exportações brasileiras de carne suína. Em todos os países onde a suinocultura é explorada de forma intensiva, os rotavírus representam uma das maiores causas de diarréias infecciosas endêmicas, em várias espécies animais, com alta incidência em suínos e bovinos recém nascidos e desmamados. As diarréias neonatais pré e pós-desmama causam elevadas perdas econômicas, em função da mortalidade de suínos e do decréscimo da taxa de peso vivo e da conversão alimentar. Os rotavírus pertencem à família *Reoviridae* e ao gênero *Rotavirus* e possuem tripla camada protética que envolve o material genético, constituído por 11 segmentos distintos de RNA fita dupla (dsRNA), sendo que cada segmento do dsRNA codifica pelo menos uma proteína viral. A caracterização sorológica dos rotavírus está baseada nas seguintes proteínas: a VP6, proteína do capsídeo interno responsável pela caracterização de grupo e subgrupo; a VP7 e a VP4, localizadas no capsídeo externo e responsáveis pela caracterização de sorotipos e genotipos G e P, respectivamente. Foram colhidas 117 amostras de fezes de leitões nas fases de maternidade e creche em 21 granjas de produção de suínos, das regiões de Toledo, Dois Vizinhos, Marechal Cândido Rondon e Castro, todas do Estado do Paraná, que apresentavam quadros freqüentes de gastroenterite aguda. Todas as amostras foram submetidas a um ensaio imunoenzimático (EIARA-FIOCRUZ) para a identificação de rotavírus do grupo A, das quais, 40 (34,19%) foram positivas. As amostras positivas foram testadas para a caracterização de subgrupo através de um ensaio imunoenzimático com anticorpos monoclonais (Mab-ELISA). Nove amostras foram caracterizadas como grupo A e subgrupo II e 31 fizeram parte do grupo A e subgrupo não-I. Para a caracterização de genotipos G e P utilizou-se a técnica de transcrição reversa, seguida da Reação em Cadeia de Polimerase (RT-PCR) com primers específicos para rotavírus suínos, bovinos e humanos. Das 40 amostras positivas para rotavírus, 18 puderam ser caracterizadas como genótipo G e 30 como genótipo P. Foram encontrados os genótipos G3, G4, G5, G9 e G10 e uma amostra com os genótipos G4 e G9 ocorrendo simultaneamente. Quanto ao genótipo P foram observadas amostras P[6], P[7] e misturas de P[6] e P[7] ocorrendo num mesmo animal. Este estudo mostrou uma diversidade de genótipos ocorrendo ao mesmo tempo em uma região e em uma mesma granja, inclusive o genótipo G9, que até o momento não havia sido descrito em amostras de suínos, somente em humanos.