

DETECÇÃO DE ROTAVÍRUS A EM SUÍNOS ORIUNDOS DE CRIAÇÕES DE AGRICULTURA FAMILIAR NO MUNICÍPIO DE VISEU ,ESTADO DO PARÁ.

Bruno de Cássio Veloso de Barros¹, Laila Graziela da Silva Ribeiro² Kamilla da Costa Pantoja³, Anderson Nonato do Rosário Marinho⁴, Joana D`Arc Pereira Mascarenhas⁵

¹Bolsista CAPES, Doutorando do Programa de Pós-graduação em Virologia, Instituto Evandro Chagas; ^{2,3} Bolsista do Programa de Bolsas de Iniciação Científica PIBIC/IEC/CNPq ⁴ Pós Doutorando do Programa de Pós graduação em Virologia IEC; ⁵Instituto Evandro Chagas, Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde (IEC, SVS, MS), BR 316, Km 07, s/n, 67030-000, Ananindeua, PA, Brasil.

As diarreias em animais representam uma das principais causas de morbimortalidade do período neonatal caracterizada como uma síndrome de grande complexidade etiológica, que conta com a influência de alterações ambientais, manejo, fatores nutricionais e fisiológicos, os quais cooperam para o agravamento dos quadros. Em suínos, vários agentes infecciosos podem estar envolvidos na etiologia das diarreias; entretanto, os agentes mais comumente associados ao processo infeccioso são os rotavírus, *Escherichia coli* enterotoxigênica, *Isoospora suis*, *Eimeria spp* e *Cryptosporidium sp*. A transmissão zoonótica de RVA pode originar cepas recombinantes, contribuindo para a diversidade genética do rotavírus. Os RV pertencem à família *Reoviridae*, gênero *Rotavirus* com genoma subdividido em 11 segmentos de RNA de fita dupla. São classificados em nove espécies (RVA- RVI) de acordo com a sequência nucleotídica do gene VP6. O objetivo do presente estudo foi investigar a ocorrência de rotavírus em animais de sistemas de agricultura familiar deficitários, pertencentes a áreas de alterações antrópicas em Viseu- PA, e avaliar a possível transmissão entre espécies humanas e animais. O estudo englobou 20 amostras biológicas, as quais foram coletadas de suínos de 3 meses a 1 ano de idade, sendo a maioria pertencentes ao sexo masculino e de criações de subsistência, sem manejo sanitário. As amostras fecais foram submetidas a Imunocromatografia, ao Ensaio Imunoenzimático (ELISA) para detecção de RVA, a Eletroforese em gel de Poliacrilamida (EGPA), a Reação em Cadeia da Polimerase precedida de Transcrição Reversa (RT-PCR) e sequenciamento nucleotídico para o gene VP6. O Ensaio Imunoenzimático e o EGPA foram negativos para todas as amostras. Com relação a RT-PCR, 11,11% (2/18) apresentaram-se positivas para o gene VP6, tendo o sequenciamento demonstrado genótipo I linhagem 2, de origem humana, com bootstrap de 97% de similaridade. Os resultados apresentados indicam a circulação de RVA em suínos de criação extensiva com manejo deficitário. Considerando a diversidade genotípica do RV, dados epidemiológicos envolvendo RVA encontrados nestes animais são de suma importância para uma melhor compreensão da circulação destes vírus, bem como a relação com a transmissão zoonótica, possibilitando a diversidade genética do RVA humano e

sua relação na saúde de populações de animais de áreas produtivas ausentes de programas de manejo sanitário.

Palavras-chave: RVA, Gastreenterite, Transmissão Zoonótica.

Apoio: Instituto Evandro Chagas, Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde//CAPES.