

Potencial zoonótico do Rotavírus A em espécimes fecais de crianças com gastroenterite aguda em Belém, Pará.

Renato S. Bandeira¹; Edvaldo C. Souza Junior¹; Delana A. M. Bezerra¹;
Patricia S. Lobo¹; Luana S. Soares²; Joana D. P. Mascarenhas².

¹ Programa de Pós-graduação em Virologia do Instituto Evandro Chagas, Rod. Br 316, KM 07, s/n, 67030-000, Ananindeua, PA, Brasil. ² Instituto Evandro Chagas, Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde (IEC, SVS, MS), Rod. Br 316, KM 07, s/n, 67030-000, Ananindeua, PA, Brasil

As gastroenterites agudas (GA) ocasionam anualmente aproximadamente 500 mil mortes de crianças na faixa etária de 0 a 5 anos. Dentre os diversos agentes etiológicos, destacam-se os Rotavírus da espécie A (RVA) que infectam tanto seres humanos quanto diversas espécies de animais. O RVA possui genoma com 11 segmentos, o que facilita o fenômeno de *reassortment*, gerando cepas de origens diversas, proporcionando a transmissão zoonótica. O presente estudo visa identificar amostras de RVA com potencial zoonótico em espécimes fecais de crianças diarreicas em Belém, Pará. Foram selecionadas quatro amostras fecais provenientes de um estudo vacinal conduzido em 1991, que apresentavam o gene NSP4 com características zoonóticas. Foi realizada a extração do genoma viral e submetido à reação em cadeia mediada pela polimerase precedida por transcrição reversa (RT-PCR) utilizando iniciadores específicos para os genes VP7, VP4 e VP6 e posteriormente o sequenciamento automatizado dos nucleotídeos. A análise do gene NSP4 indicou similaridade nucleotídica (nt) de 93% para os genótipos E1 Gottfried de origem suína e o humano/animal HST327 e NB150 (nt \geq 92%). As análises filogenéticas para o gene VP7 demonstraram que todas as amostras apresentaram o genótipo G4, com similaridade nt \geq 92% ao protótipo BRA898 de origem suína. Para o gene VP4, as amostras analisadas foram classificadas como P[6], agrupando com protótipos de origem suína 221/04-13 e origem humana E931/2008 (nt \geq 91%). O gene VP6 foi classificado como I1 similar a cepas de origem humana Arg4605 (nt \geq 91%) e a cepa CZE/P70 de javali (nt \geq 91%). Os resultados obtidos no presente estudo demonstram o perfil das amostras de RVA com origens de animais domésticos e selvagens, evidenciando a versatilidade evolutiva do RVA através do mecanismo de *reassortment*. A análise "*in silico*" dos genes de RVA servem de importante parâmetro para a identificação de amostras com potencial zoonótico.

Palavras-Chave: rotavírus, potencial zoonótico, caracterização.

Apoio: Instituto Evandro Chagas e Fundação Amazônica de Amparo a Estudos e pesquisas do Pará – FAPESPA.