

Deteção e Caracterização Molecular dos Genótipos G e P de Rotavírus Humano na cidade de Caxias do Sul

Felipe da Lúz (BIC-UCS), Veridiana Munford, Maria Lúcia Rácz, Suelen Osmarina Paesi (orientadora) - fluz1@ucs.br

As gastroenterites virais são doenças de grande impacto em saúde pública que envolvem pacientes de todas as idades. Apesar de baixa mortalidade em adultos, a doença leva a sintomas que afastam os pacientes de suas atividades. Em criança, o quadro de diarreia é mais comprometedor, pois abrange o período em desenvolvimento do sistema imunológico e o risco de desidratação. As gastroenterites de origem viral são responsáveis por mais da metade dos surtos registrados nos Centros de Saúde. Os Rotavírus são apontados como os mais importantes agentes etiológicos de gastroenterites virais, são responsáveis por mais de 11 milhões de casos por ano de internações no mundo, no Brasil anualmente cerca de 2.500 mortes de crianças estão associadas a infecção por rotavírus. Os rotavírus pertencem à família Reoviridae gênero Rotavírus, é um vírus composto por 11 segmentos de RNA de fita dupla, possui simetria icosaédrica, um capsídeo com tripla camada protéica, e não são envelopados. Nosso estudo reuniu 372 amostras da coleção do laboratório de diagnóstico molecular de Caxias do Sul coletadas entre novembro de 2004 até dezembro de 2007. Estas amostras passaram por dois testes distintos para identificação de rotavírus, Aglutinação em Látex (AL) e Eletroforese em Gel de poliacrilamida (EGPA), no qual resultaram com precisão 74 amostras positivas para rotavírus. Destas amostras positivas foi feito um estudo de caracterização molecular através da técnica de semi-nestes RT-PCR com o objetivo de sensibilizando duas das principais proteínas do vírus (VP7 e VP4) com primers específicos para a os genótipos mais comuns em humanos e animais. Este estudo é o primeiro estudo de genotipagem de rotavírus realizado em Caxias do Sul, os resultados confirmam que o genótipo G9 é o mais frequente sendo identificado em 71,6% das amostras. O mesmo ocorrendo com o genótipo P[8] identificado em 70,35 das amostras. Nosso estudo também identificou uma amostra com os genótipos G6P[11] frequentemente encontrados em bovinos o que nos leva a crer que o rotavírus é um vírus que permite infecções entre espécies distintas.

Palavras-chave: rotavírus, genotipagem, RT-PCR.

Apoio: UCS, USP.

XVII Encontro de Jovens Pesquisadores - Setembro de 2009
Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa
Universidade de Caxias do Sul