



## MONITORAMENTO DE ROTAVÍRUS A EM REBANHO LEITEIRO DE ALTO RENDIMENTO REGULARMENTE VACINADO PARA DIARREIA NEONATAL BOVINA

Alysson Cezar Coelho<sup>1</sup>, Giovana Hashimoto Nakadomari<sup>1</sup>, Gabriel Martins Guedes<sup>1</sup>, Isabela Vaz Silva<sup>1</sup>, Arthur Balero Morettin<sup>1</sup>, João Vitor Godoy Takashi<sup>1</sup>, Vinícius Rodrigues Bon<sup>1</sup>, Flávia Megumi Miyabe<sup>1</sup>, Fernanda Louise Pereira Lavorete<sup>1</sup>, Elis Lorenzetti<sup>1,2</sup>, Raquel Arruda Leme<sup>1,2</sup>, Amauri Alcindo Alfieri<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Virologia Animal/DMVP/CCA/ Universidade Estadual de Londrina

Rotavírus, agente viral identificado com maior frequência em casos de diarreia neonatal bovina (DNB), está classificado na família *Reoviridae*, não possui envelope lipoproteico e apresenta genoma constituído por 11 segmentos de RNA fita dupla (dsRNA) segmentado. Cada segmento genômico codifica ao menos uma proteína viral, sendo seis proteínas estruturais e seis não estruturais. Rotavírus A (RVA) é a espécie identificada com maior frequência em infecções entéricas em humanos e em animais, incluindo bovinos. O objetivo desse estudo foi determinar a ocorrência de diarreia, a frequência de RVA e avaliar os genótipos G (VP7) e P (VP4) de RVA em fezes de bezerras de um rebanho bovino leiteiro de alta produção, regularmente vacinado com vacina comercial contendo RVA genótipo G6P[5]. Foram coletadas amostras fecais nos dias 1, 4, 7, 10, 14, 17, 21, 24, 28 e 30 de idade de 38 bezerras da raça Holandesa, totalizando 380 amostras. De acordo com a consistência fecal as amostras foram classificadas em quatro scores sendo que o score 0 e 1 correspondeu às amostras fecais não diarreicas e os scores 2 e 3 a amostras diarreicas sendo que o último score se refere às amostras líquidas. O ácido nucleico foi extraído por meio da associação das técnicas fenol/clorofórmio e álcool isoamílico e sílica e tiocianato de guanidina. A técnica de eletroforese em gel de poliacrilamida (EGPA), seguida de coloração pela prata, foi utilizada como teste de triagem para a detecção da presença de dsRNA de RVA. Uma amostra fecal RVA-positiva foi selecionada para a determinação dos genótipos G e P por RT-PCR e sequenciamento de nucleotídeos dos produtos amplificados. Neste estudo, 26 (68,4%) animais e 32 (8,4%) amostras fecais foram positivas para RVA, sendo que em 5 (13,15%) animais foi detectada a excreção viral em mais de uma amostra de fezes incluída na amostragem. A cepa de RVA selecionada para o sequenciamento dos amplicons G e P foi caracterizada como genótipo G10P[11]. As amostras fecais ( $n=380$ ) apresentaram os scores 0 e 1 em 81,6% ( $n=310$ ) e os scores 2 e 3 em 10,8% ( $n=41$ ) e 7,6% ( $n=29$ ), respectivamente. A taxa de detecção de RVA foi mais alta nas amostras classificadas nos scores 2 e 3 (19,51 e 17,24%) do que nos scores 1 e 2 (7,28 e 5,03%). A detecção de RVA em bezerras com nas quatro primeiras semanas de idade foi de 1,7% (2/114), 6,6% (5/76), 14,5% (11/76) e 12,3% (14/114) das amostras, respectivamente. O genótipo G10P[11] identificado na cepa de RVA selecionada para genotipagem difere do genótipo presente na cepa vacinal de RVA que corresponde ao genótipo G6P[5]. Este resultado demonstra a importância epidemiológica do constante monitoramento dos genótipos G e P das cepas de campo de RVA, particularmente daquelas identificadas em rebanhos bovinos regularmente vacinados. Com isso, poderão ser monitoradas as infecções homólogas, heterólogas, com baixa e alta virulência e também aquelas com potencial zoonótico.

**Palavras-chave:** Diarreia. Rotavirus. Genótipos.

**Fonte de Financiamento:** INCT-LEITE, CNPq, CAPES, Fundação Araucária