

DETECÇÃO DO VÍRUS DA HEPATITE “E” EM SUÍNOS DO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL



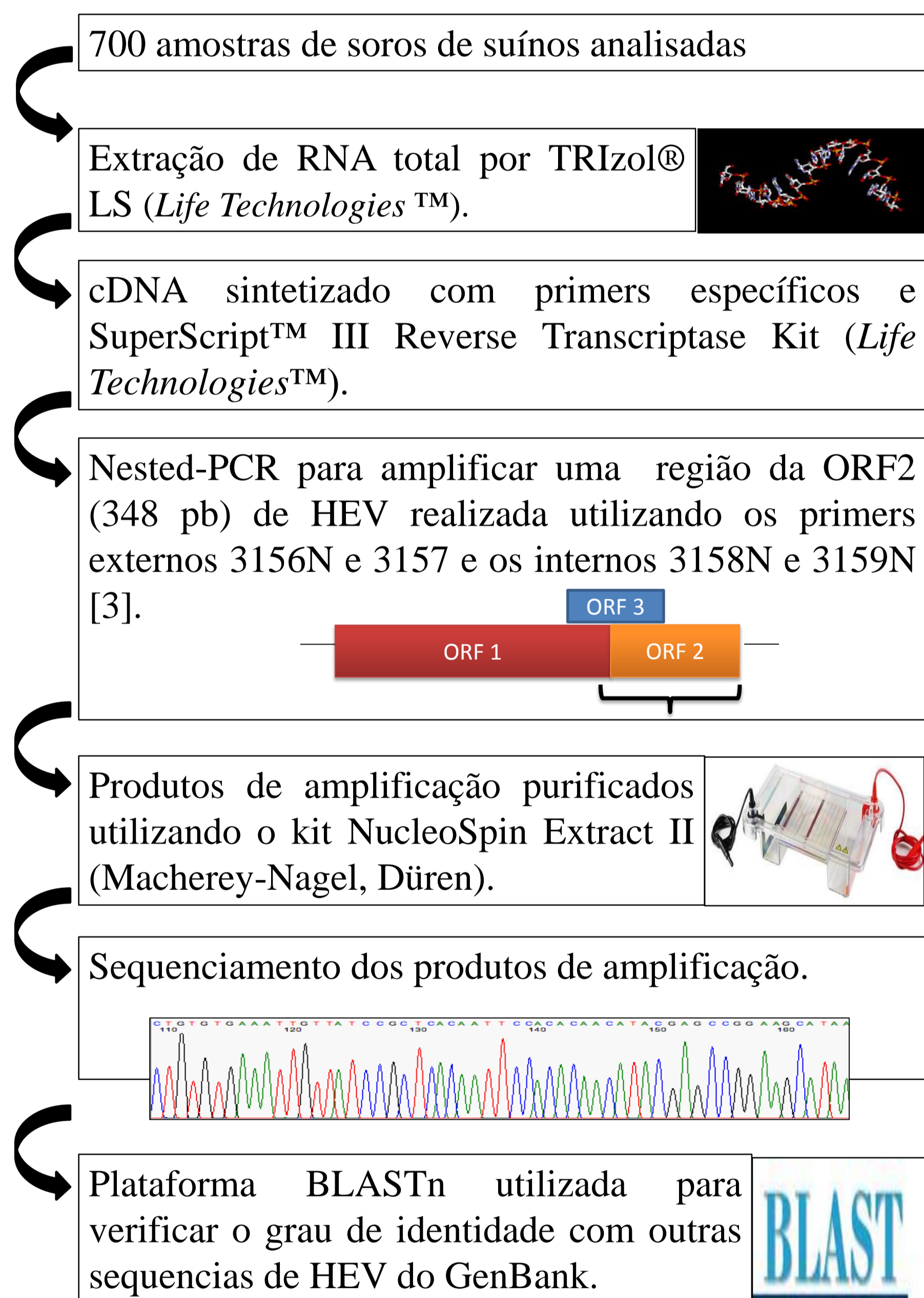
Mariana Soares da Silva¹, Cláudio Wageck Canal¹

¹ Laboratório de Virologia – Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

INTRODUÇÃO

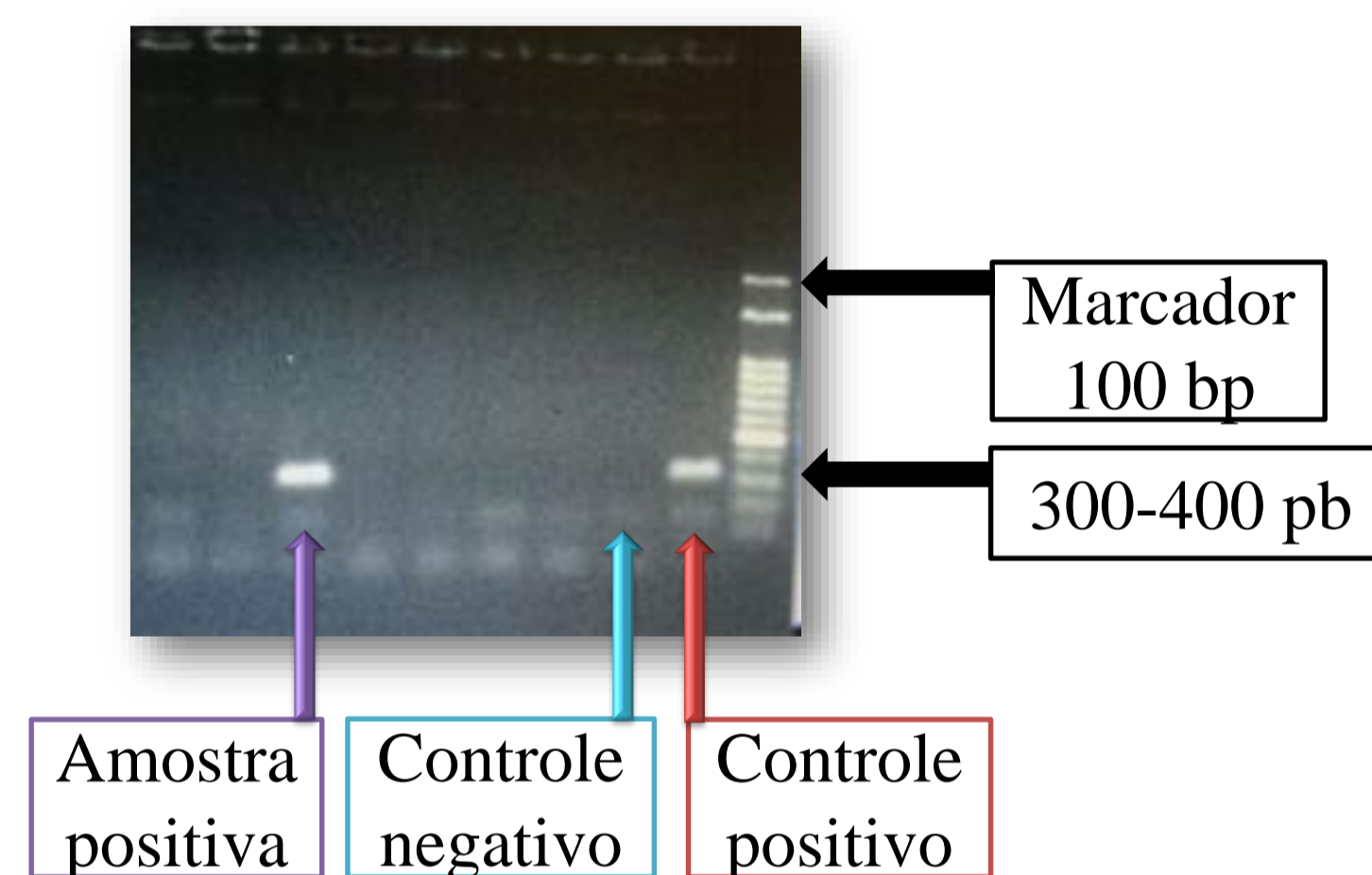
O vírus da hepatite E (HEV) da família *Hepeviridae*, causa hepatite aguda em humanos estando 20 milhões de pessoas infectadas e três milhões destas desenvolvem hepatite aguda todo ano. A doença está associada a falta de saneamento básico nos países em desenvolvimento e ao contato e ingestão de carne mal cozida de animais infectados nos países desenvolvidos. Há um número crescente de detecções do HEV em várias espécies domésticas e silvestres, sendo os suínos os hospedeiros mais envolvidos no ciclo de transmissão para humanos, portanto, é de extrema importância monitorar a presença de HEV em animais de produção e silvestres [1,3]. O objetivo deste trabalho foi verificar a presença de HEV em suínos de criações de subsistência do RS.

METODOLOGIA



RESULTADOS

- 24/700 amostras positivas (3,4%)



- 3 foram sequenciadas, mas apenas uma delas com qualidade. Foi possível observar a identidade com HEV, conforme figura abaixo (BLASTn).

	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident
Hepatitis E virus isolate He Uy14 capsid protein gene, partial cds	272	272	95%	2e-69	82%
Hepatitis E virus isolate He Uy11 capsid protein gene, partial cds	272	272	95%	2e-69	82%
Hepatitis E virus isolate He Uy10 capsid protein gene, partial cds	272	272	95%	2e-69	82%
Hepatitis E virus isolate He Uy7 capsid protein gene, partial cds	272	272	95%	2e-69	82%
Hepatitis E virus isolate He Uy8 capsid protein gene, partial cds	272	272	95%	2e-69	82%

82% de identidade

DISCUSSÃO E CONCLUSÕES

- Os resultados indicam que o vírus da HEV está circulando em suínos de subsistência do estado do Rio Grande do Sul, o que alerta para a necessidade de maiores estudos relacionados a sua prevalência e caracterização genética.
- O presente trabalho permanece em andamento, tendo em vista que 306 amostras ainda serão testadas pela Nested-PCR e seus produtos de amplificação serão sequenciados para análise filogenética.

REFERÊNCIAS

[1] THIRY, D. et al. Hepatitis E virus and related viruses in animals. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2015.

[2] World Organisation for Animal Health, 2014.

[3] HUANG, F.F. et al. Detection by reverse transcription-PCR and genetic characterization of field isolates of swine hepatitis E virus from pigs in different geographic regions of the United States. *Journal of Clinical Microbiology*, v.40, p. 1326-32, 2002.

