

VIABILIDADE E DETECÇÃO DO GENOMA DO VÍRUS DA RAIVA EM AMOSTRAS CONGELADAS POR LONGO PERÍODO DE TEMPO.

Marissol Cardoso Lopes*, Leandro Lima Rossingnolo Veditti*, Keila Iamamoto, Cristiano de Carvalho, Luzia Helena Queiroz da Silva - Departamento de Apoio, Produção e Saúde Animal – Faculdade de Odontologia e Curso de Medicina Veterinária de Araçatuba – Campus de Araçatuba.

As análises antigênica e genética são ferramentas importantes para o estudo retrospectivo da epidemiologia da raiva em uma região. A recuperação e re-isolamento viral a partir de amostras conservadas por longos períodos em temperatura de congelamento é essencial para estes estudos, feitos por meio de testes com anticorpos monoclonais e sequenciamento de fragmento específico do gene da nucleoproteína viral (N), obtido por amplificação pela técnica de RT-PCR. Com o objetivo de avaliar essas questões, 95 amostras (23 de bovinos, 03 de eqüídeos, 12 de felinos, 57 de canídeos), armazenadas a -20 e -70°C , foram testadas por inoculação intracerebral em camundongos e RT-PCR. Do total de 95 amostras inoculadas em camundongos, apenas 33,6% (32/95) foram positivas, enquanto que a RT-PCR detectou o genoma viral em 65,3% (62/95). Houve uma diferença significativa ($p<0,05$) na viabilidade das amostras e na detecção do genoma viral, de acordo com o tempo de armazenamento. Nasqueles armazenadas a partir de 1997 a 2002 a porcentagem de positividade chegou a 83,3% e 88,9%, respectivamente, enquanto que naquelas armazenadas a partir de 1993 a 1996 (10 a 13 anos) foi de 22,1% e 59,7% (46/77). O presente estudo confirma a importância da técnica de RT-PCR na detecção do genoma viral em amostras antigas, incluindo aquelas em estado avançado de decomposição.

*Bolsas: FAPESP (Processos 04/12793-6 e 04/12792-0).

Marissol Cardoso Lopes
Orientada

Luzia Helena Queiroz da Silva
Orientadora