

026

ESTUDO ANTIGÊNICO DE AMOSTRAS DO VÍRUS DA RAIVA ISOLADAS NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL. *Thais Fumaco Teixeira, Helena Beatriz de Carvalho Ruthner Batista, Eduardo Schmidt, Paulo Michel Roehle (orient.) (UFRGS).*

O vírus da raiva (VR) membro do gênero *Lyssavirus*, família *Rhabdoviridae*, apresenta sete genótipos presentemente identificados, sendo o VR classificado como genótipo 1. Além disso, o VR é o único *Lyssavirus* até o presente identificado na América do Sul. Apesar do mesmo ser considerado muito estável antigenicamente, diferenças têm sido encontradas entre amostras isoladas de diferentes espécies, as quais são denominadas “variantes”. Buscando a identificação de possíveis variantes ou lissavírus de outros genótipos circulantes no Estado do Rio Grande do Sul, no presente estudo foram examinadas 47 amostras de VR isoladas de diferentes espécies (bovinos, morcegos não hematófagos e equino), coletadas no período de janeiro de 2004 a fevereiro de 2005. As amostras foram submetidas à caracterização antigênica com um painel constituído por 12 anticorpos monoclonais (AcMs) dirigidos contra antígenos de lissavírus. Através dessa análise foi possível confirmar que todos os isolados examinados eram membros do genótipo 1. Além disso, foi possível identificar dois grupos antigenicamente distintos, sendo que o maior deles incluiu a maioria das amostras examinadas (39 de bovinos, 4 de morcegos não hematófagos e uma de equino). Um outro grupo foi constituído por duas amostras isoladas de morcegos não hematófagos e uma terceira, de origem bovina, que apresentava um perfil diferenciado de reatividade antigênica. Tanto as amostras do grupo maior quanto o último acima mencionado apresentaram perfis de reatividade distintos daquele usualmente detectado em amostras de VR de origem de cães domésticos (as quais não têm sido identificadas no Rio Grande do Sul há mais de 15 anos). Essas análises revelam que existem em nosso meio variantes de VR que parecem adaptadas a diferentes hospedeiros naturais. Tais diferenças podem vir a ser úteis como marcadores epidemiológicos.