

Detecção do genótipo ECSA do vírus chikungunya em casos autóctones do Rio de Janeiro

Cintia D.S. Rodrigues^{1,2}, Marcos César L. de Mendonça¹, Maria Celeste Torres^{1,2}, Rita MR Nogueira¹, Ana Maria B. de Filippis¹

¹ Laboratório de Flavivirus, Instituto Oswaldo Cruz - Fundação Oswaldo Cruz, Caixa Postal 21040-360 Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Email: cintia.damasceno@ioc.fiocruz.br. ²Bolsista do Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical. Fundação Oswaldo Cruz Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

O vírus Chikungunya (CHIKV), é um vírus RNA fita simples pertencente à família *Togaviridae* e ao gênero *Alphavirus*. Seus principais vetores são os mosquitos da espécie *Ae. aegypti* e *Ae. albopictus*. A particularidade mais significativa da febre chikungunya (CHIK) é caracterizada por fortes dores articulares que podem persistir por semanas e até anos. Embora sorotipo único, três genótipos foram identificados até o momento; genótipo do Centro-Leste-Sul-Africanos (ECSA), genótipo do Oeste Africano e genótipo Asiático. O genótipo asiático de CHIKV foi introduzido na região das Américas pela Ilha de San Martin, no final de 2013 e se espalhou por todos os países da América Central e Caribe, sendo o genótipo dominante. Em Setembro de 2014 foram confirmados no Brasil casos autóctones de chikungunya nas cidades do Oiapoque e Feira de Santana, com a detecção dos genótipos Asiático e ECSA, respectivamente. O genótipo asiático detectado no Oiapoque foi introduzido pela Guiana Francesa e o ECSA, em Feira de Santana, importando de Angola. No Rio de Janeiro, casos autóctones de CHIKV foram confirmados por sorologia em Novembro de 2015, mas somente em Janeiro de 2016 foram confirmados os primeiros casos por qRT-PCR, permitindo posterior determinação do genótipo circulante, através do sequenciamento da região E1 do genoma pela técnica de pirosequenciamento em PyroMark Q96 ID e sequenciamento de Sanger. Através da análise filogenética, identificamos o genótipo de 8 amostras do Rio de Janeiro. Todas as amostras pertencem ao genótipo ECSA, apresentando uma única substituição nucleotídica quando comparadas com outras sequências do mesmo genótipo circulante em Feira de Santana. Considerando que as amostras analisadas do RJ apresentaram o mesmo padrão quando comparadas com as de Feira de Santana, pretendemos realizar o sequenciamento total do genoma dessas cepas para pesquisar a presença de outras substituições ao longo do genoma.

Palavras-chave: vírus, chikungunya, genótipo, autóctone, Rio de Janeiro.

Apoio: FAPERJ, CNPq, Capes, IOC/FIOCRUZ