

## **Prevalência dos genótipos do vírus da hepatite C em Pernambuco, Nordeste – Brasil**

**Daniela M. Salustiano<sup>1</sup>; Ana Maria S. Cavalcanti<sup>1</sup>; Jefferson Almeida<sup>1</sup>;  
Lindiano A. Ferreira<sup>1</sup>; Kleodoaldo Lima<sup>2</sup>**

*<sup>1</sup>Laboratório de Saúde Pública do Estado de Pernambuco (LACEN-PE). Setor de Virologia, 50050-210 Recife, Pernambuco Brasil. <sup>2</sup>Pós-graduação em Medicina Tropical. Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), 50670-901 Recife, Pernambuco, Brasil.*

A infecção pelo vírus da hepatite C (HCV) é considerada um importante problema de saúde pública. Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), cerca de 130-150 milhões de pessoas no mundo foram infectadas pelo vírus da Hepatite C. No Brasil cerca de 3.000 mortes por hepatite C foram notificadas pelo Ministério da Saúde em 2015. O genoma do HCV apresenta alto grau de variabilidade genética. Seis genótipos e múltiplos subtipos têm sido identificados, os quais apresentam diferença na resposta ao tratamento antiviral, bem como uma distribuição geográfica distinta. O objetivo deste trabalho foi estimar a prevalência dos genótipos e subtipos virais circulantes da hepatite C no estado de Pernambuco, no ano de 2015. Os dados foram obtidos a partir do Sistema Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL), dos pacientes que deram entrada no Laboratório Central de Saúde Pública do estado de Pernambuco (LACEN-PE), referência estadual para biologia molecular de hepatites virais, para realização do teste de genotipagem do HCV. O exame foi realizado de acordo com o protocolo do Ministério da Saúde, através da técnica da transcrição reversa seguida de reação em cadeia da polimerase em tempo real. No período avaliado, foram registrados 258 exames de genotipagem detectáveis para o HCV. Identificamos maior prevalência do genótipo 1 (71%, 183 casos), seguido do tipo 3 (24%, 61 casos); tipo 2 (3%, 8 casos) e genótipo 1 com reatividade no 4 (2%, 6 casos). Entre os pacientes com genótipo 1, detectou-se maior prevalência do subtipo 1b (50%); 1a (20%) e 1% não foi possível identificar o subtipo viral. Houve maior prevalência da infecção pelo genótipo 1 subtipo 1b do HCV no estado de Pernambuco, corroborando com os dados nacionais. O conhecimento dos genótipos e subtipos circulantes do vírus é importante para a compreensão da disseminação do HCV, bem como fornece subsídios para diretrizes de tratamento.

**Palavra-chave:** HCV, genotipagem, subtipos virais.