Caracterização genética do HBV circulante em mulheres profissionais do sexo no Arquipélago do Marajó, Pará, Brasil

Paula C. R. Frade¹; Ana C. C. Cordeiro¹; Carlos E. M. Amaral²; Renata B. Hermes²; Luiz M. L. Pinheiro³; Divino B. Cunha⁴, Nairis C. Raiol⁴; José A. R. Lemos⁵; Aldemir B. Oliveira-Filho^{1,4}

¹Residência Multiprofissional em Saúde da Mulher e da Criança, Universidade Federal do Pará, Bragança PA, Brasil. Email: olivfilho@ufpa.br ²Centro de Hemoterapia e Hematologia do Pará, Belém PA, Brasil. ³Campus do Marajó – Soure, Universidade Federal do Pará, Soure PA, Brasil. ⁴Instituto de Estudos Costeiros, Universidade Federal do Pará, Bragança PA, Brasil ⁵Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Belém PA, Brasil.

As mulheres profissionais do sexo (MPS) estão sujeitas à maior risco de infecções sexualmente transmissíveis (IST) e podem atuar como disseminadoras dessas infecções. Apesar de registros de elevadas taxas de infecção pelo HBV em áreas na região norte do Brasil, pesquisas sobre infecção pelo HBV entre profissionais do sexo são escassas. Assim, este trabalho identificou os genótipos do HBV circulantes entre mulheres profissionais do sexo no Arquipélago do Marajó, assim como avaliou a presença de mutações de resistência à antivirais. O estudo foi constituído por amostragem de conveniência não probabilística de mulheres profissionais do sexo infectadas pelo HBV, oriundas de três municípios e quatro comunidades ribeirinhas no Arquipélago do Marajó, Pará, norte do Brasil. O diagnóstico da infecção pelo HBV foi fornecido por PCR em tempo real. Por meio de Nested-PCR, fragmento de aproximadamente 529pb da região RT foi gerado, o qual foi submetido a sequenciamento pelo método de Sanger. Os genótipos do HBV foram identificados de acordo com o banco de dados do NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/genotyping/formpage.cgi>), sendo confirmado através da construção de árvore filogenética utilizando o programa MEGA 5.0. As mutações de resistência foram analisadas no HBV RT drug resistance database da Universidade de Stanford. Sinais de recombinações foram avaliados pelo programa SimPlot. No total, 3 genótipos foram identificados em 13 amostras. Dentre os quais, 9 MPS foram diagnosticadas com genótipo A e 3 MPS com genótipo D e 1 MPS com genótipo F. Dois recombinantes entre os subgenótipos A1 e A2 foram identificados. Duas mutações de resistência à lamivudina (rtL180M e rtM204V) foram identificadas em 3 MPS, sendo que uma MPS apresentou dupla mutação. Todas as MPS infectadas pelo HBV relataram não ter sido tratadas com nenhum antiviral. Por fim, este estudo identificou importantes informações genéticas do HBV circulante em população vulnerável no norte do Brasil.

Palavras-chave: HBV, Genótipos, Mutações de resistência.

Apoio: FAPESPA.