

Genótipos do HBV e mutações de resistência antiviral em usuárias de drogas ilícitas no Pará, Amazônia Brasileira

Ana C. C. Cordeiro¹; Paula C. R. Frade¹; Jairo A. A. Castro²; Carlos E. M. Amaral²; Renata B. Hermes²; Luiz M. L. Pinheiro³; Jose A. R. Lemos⁴; Aldemir B. O. Filho^{1,5}

¹Residência Integrada Multiprofissional em Atenção à 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 Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Belém PA, Brasil. ⁵Instituto de Estudos Costeiros, Universidade Federal do Pará, Bragança PA, Brasil.

O HBV constitui mundialmente um importante problema de saúde pública. Apresenta uma grande variabilidade genética caracterizado em oito genótipos e subgenótipos, com importância na distribuição geográfica e na determinação de rotas de difusão e evolução molecular. Este trabalho identificou os genótipos circulantes entre usuárias de drogas ilícitas no Pará, assim como avaliou a presença de mutações de resistência à antivirais. Este estudo foi constituído por amostragem de conveniência não probabilística de usuárias de drogas ilícitas infectadas pelo HBV, oriundas de sete municípios do Pará. 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>). O método de genotipagem foi 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 (<http://hivdb.stanford.edu/HBV/DB/cgi-bin/MutPrevByGenotypeRxHBV.cgi>). Sinais de recombinações foram avaliados pelo programa SimPlot. No total, três genótipos foram identificados em 21 amostras. Dentre os quais, 11 usuárias foram diagnosticadas com genótipo A, 7 usuárias com genótipo D e 3 usuárias com genótipo F. Nenhum recombinante foi identificado. Três mutações de resistência à lamivudina (rtL180M, rtM204V e rtM204I) foram identificadas em 4 usuárias. Somente uma usuária apresentou dupla mutação (rtL180M e rtM204V). Todas as usuárias de drogas ilícitas infectadas pelo HBV relataram não ter sido tratadas com nenhum antiviral. Este estudo identificou os genótipos circulantes entre usuárias de drogas ilícitas no Pará, assim como as mutações de resistência à antiviral.

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

Apoio: MS/SVS, CNPQ, FAPESPA.