

Caracterização genética de hantavírus em humanos em área endêmica de síndrome cardiopulmonar por hantavírus no Estado de Minas Gerais

Jean E. Limongi¹, Renata C. Oliveira², Alexandro Guterres², Jorlan Fernandes², Marcelo S. Ferreira³, Keile A. R. Santos¹, Elba R. S. Lemos²

¹Pós-graduação Saúde Ambiental e Saúde do Trabalhador, Universidade Federal de Uberlândia, 38408-100, Uberlândia, MG, Brasil. Email: jeanlimongi@gmail.com. ²Laboratório de Hantavíruses, Instituto Oswaldo Cruz, 21040-360, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. ³Departamento de Moléstias Infeciosas, Universidade Federal de Uberlândia, 38408-100, Uberlândia, MG, Brasil.

Os hantavírus estão entre os patógenos zoonóticos mais importantes para o homem, especialmente devido à alta letalidade daqueles associados à Síndrome Cardiopulmonar por hantavírus (SCPH). Este estudo teve como objetivo caracterizar os hantavírus circulantes em área endêmica de Minas Gerais. Durante o período de julho de 2011 a dezembro de 2012, amostras de soro foram coletadas de pacientes com suspeita de SCPH em hospitais de referência de Minas Gerais. As amostras reagentes no teste ELISA foram processadas por meio de diagnóstico molecular (PCR One Step e Semi-Nested PCR). O produto da PCR foi amplificado e sequenciado. Os primers foram direcionados para sequências conservadas do genoma dos hantavírus no segmento S (201 nucleotídeos). Entre seis casos de SCPH confirmados sorologicamente, em cinco (83.3%) foram amplificados produtos de PCR. A coleta de soro foi em média quatro dias após o início dos sintomas. Todos eram do sexo masculino, com idade média de 33.9 ± 12.9 anos. A taxa de letalidade foi de 50%. O tempo médio de evolução dos sintomas foi de $4 \pm 1,5$ dias. Cinco casos (71,4%) ocorreram entre abril e agosto, evidenciando o perfil sazonal típico da SCPH na região. Em todos foram observados o genótipo viral Araraquara (ARAV), porém com a formação de dois *clusters* bem definidos. As amostras identificadas com ARAV analisadas neste estudo foram distribuídas a uma distância de 400 quilômetros. A observação apenas do genótipo ARAV não exclui a possibilidade de cocirculação de outros genótipos de hantavírus nesta área de estudo, devido à presença de outros reservatórios de hantavírus na região.

Palavra-Chave: Hantavírus, Síndrome Cardiopulmonar por hantavírus, Brasil

Apoio: CNPq Papes FIOCRUZ V (403601/2008-8) e VI (407664/2012-2)