

**CARACTERIZAÇÃO DOS GENÓTIPOS DO VÍRUS DA HEPATITE B EM  
PACIENTES ATENDIDOS NO PROGRAMA DE HEPATITES VIRAIS DO NÚCLEO  
DE MEDICINA TROPICAL – UFPA, BELÉM-PARÁ.**

**Marcella K. C. de Almeida<sup>1</sup>; Carla de C. Sant' Anna<sup>1</sup>; Patrícia Ferreira<sup>1</sup>; Andrei da S. Freitas<sup>1</sup>; Amanda A. Fecury<sup>1</sup>; Maria Inês C. da Silva<sup>2</sup>; Carolina de S. Pereira<sup>2</sup>; Carlos A. da Costa<sup>3</sup>; Joseane R. da Silva<sup>3</sup>; Luisa C. Martins<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> *Programa de Pós-Graduação em Doenças Tropicais. Universidade Federal do Pará (UFPA), CEP: 66055240, Belém, PA, Brasil.*

<sup>2</sup> *Bolsista Laboratório de Patologia Clínica de Doenças Tropicais, Núcleo de Medicina Tropical, Universidade Federal do Pará, CEP:66055240, Belém, PA, Brasil.*

<sup>3</sup> *Núcleo de Medicina Tropical da Universidade Federal do Pará, CEP: 66055240, Belém, PA, Brasil. Email: caricio@ufpa.br*

A literatura relata a região Amazônica como área de alta prevalência da infecção pelo HBV. O vírus da hepatite B pertence ao gênero *Orthohepnavirus* e a família *Hepadnaviridae*, compreendendo um vírus de DNA, hepatotrópico capaz de infectar mamíferos. Classificados em 10 genótipos (A-J) diferentes e muitos subgenótipos, estudos sugerem que eles podem influenciar na gravidade da doença, na resposta ao tratamento e na resposta vacinal. Os genótipos e subgenótipos do HBV tem uma distribuição variada, sendo alguns restritos a determinadas regiões geográficas, enquanto outros mostram uma distribuição mundial. É encontrada nas diversas regiões do Brasil com prevalência dos genótipos A, D e F. Este estudo teve como objetivo identificar os genótipos e subgenótipos do vírus da hepatite B entre os pacientes atendidos no Núcleo de Medicina Tropical - UFPA, na cidade de Belém, estado do Pará, no período de janeiro de 2011 a dezembro de 2015. O estudo compreendeu um total de 222 amostras, de ambos os sexos, atendidos no NMT-UFPA com sorologia reagente para os marcadores HBsAg e/ou anti-HBc total. As amostras foram submetidas a testes de biologia molecular, PCR “*in House*” e PCR multiplex para detecção do DNA viral e genotipagem, e posteriormente ao sequenciamento, para a confirmação e determinação dos subgenótipos virais. Em 65 das 222 amostras foi detectada a presença do DNA do HBV, sendo identificada a presença dos genótipos A (46/65), com predominância os subgenótipos A1(36/48) seguido do subgenótipo A2 (10/46), e genótipo F (17/65) sendo detectado apenas o subgenótipo F2 (17/17) circulando nesta população. Os resultados encontrados nesta pesquisa estão de acordo com o que é relatado em outros estudos no Brasil.

**PALAVRAS-CHAVES:** HBV, Amazônia, Pará, Genótipos, Subgenótipos