

Detecção e caracterização de Bocavírus Humano em crianças hospitalizadas com gastroenterite aguda na região norte do Brasil, no período de 2011 a 2012

Ana Beatriz F. Lima¹; Kamilla C. Pantoja¹; Joana D. P. Mascarenhas²; Luana S. Soares²

¹Bolsista do Programa de Bolsas de Iniciação Científica PIBIC/IEC/CNPq, BR 316, Km 07, s/n, 67030-000, Ananindeua, PA, Brasil. ²Instituto Evandro Chagas, Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde (IEC, SVS, MS), BR 316, Km 07, s/n, 67030-000, Ananindeua, PA, Brasil.

A Doença Diarreia Aguda (DDA) ainda representa um importante problema de saúde pública, uma vez que são registradas aproximadamente 510 mil mortes de crianças menores de cinco anos, anualmente. Após a introdução da Vacina Oral de Rotavírus Humano (VORH) no Programa Nacional de Imunizações foi observado uma queda significativa no número de hospitalizações e taxas de mortalidade atribuídas à DDA, além da redução da detecção do rotavírus. Devido a isto, a emergência de novos agentes associados aos casos de DDA é cada vez mais frequente. O Bocavírus Humano (HBoV) é relatado de maneira crescente em associação aos casos de DDA, embora seu papel na gênese da infecção não esteja completamente esclarecido. O presente trabalho teve como objetivo detectar e caracterizar o HBoV em crianças hospitalizadas com gastroenterite aguda na região Norte do Brasil, durante o período de outubro de 2011 a setembro de 2012. Foram coletados espécimes fecais de 138 crianças que apresentavam quadro de DDA oriundas da Rede Nacional de Vigilância para Rotavirose, as quais foram submetidas à extração do genoma viral, amplificação genômica e sequenciamento nucleotídico. Foi observado uma positividade de 30,4% (42/138) para HBoV com maior frequência (54,7%, 23/42) em pacientes com 0 e 12 meses de idade. Coinfecção entre o HBoV e rotavírus foi observada em 35,7% (15/42) das amostras. A análise filogenética indicou que os genótipos HBoV-1 (95,2%; 40/42), HBoV-2 (2,4%; 1/42) e HBoV-3 (2,4%; 1/42) circularam entre os pacientes. No Brasil há poucos estudos sobre casos de DDA associados ao HBoV. A taxa de detecção do HBoV observada na presente análise (35,7%) foi um pouco inferior ao relatado na cidade de Salvador, Bahia, no mesmo período de estudo (42%) por Campos et al. (2016). Os achados da presente investigação podem indicar o potencial do HBoV associado a diarreia grave e reforça a necessidade de novos estudos, a fim de explorar o perfil epidemiológico deste agente no Brasil.

Palavras-chave: diarreia, crianças, Bocavírus Humano.

Apoio: Instituto Evandro Chagas, Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde.