

Genótipos e mutações de resistência antiviral em usuários de drogas ilícitas com infecção oculta pelo HBV no Pará, Brasil

Fabricio Q. Silva¹; Francisco J. A. Santos¹; Nairis C. Raiol¹; Carlos E. M. Amaral²; Renata B. Hermes²; Luiz Marcelo L. Pinheiro³; José Alexandre R. Lemos⁴; Aldemir B. Oliveira-Filho¹

¹Instituto de Estudos Costeiros, 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.

A infecção oculta pelo vírus da hepatite B (HBV) é caracterizada pela presença de DNA-HBV no sangue e/ou no fígado em indivíduos com resultados negativos de HBsAg, que podem apresentar ou não apresentar resultados positivos de anticorpos para componentes do HBV (anti-HBc, anti-HBs, etc.). A infecção oculta pelo HBV é importante em diferentes contextos clínicos e pode influenciar a progressão hepática da doença. Os usuários de drogas ilícitas (UD) apresentam elevado risco de adquirir e transmitir HBV por meio de contato com sangue e/ou por relações sexuais desprotegidas. Este trabalho identificou os genótipos circulantes entre UD com infecção oculta pelo HBV, assim como avaliou a presença de mutações de resistência à antivirais. Este estudo transversal abordou UD em centros de tratamento de dependência química e em áreas de consumo e tráfico de drogas ilícitas em 19 municípios no Pará, de 2008 a 2014. As amostras foram testadas quanto à presença de antígeno (HBsAg), de anticorpos (anti-HBc total e anti-HBs) e de ácido nucléico (HBV-DNA) do HBV por meio de ELISA e PCR em tempo real. Por meio de Nested-PCR, fragmentos das regiões RT e S foram gerados e submetidos a sequenciamento pelo método de Sanger. Os genótipos foram identificados utilizando banco de dados do NCBI e confirmados por construção de árvore filogenética (MEGA 5.0: Método Neighbor-Joining e Bootstrap de 1.000 réplicas). Mutações de resistência foram analisadas no HBV RT drug resistance database da Universidade de Stanford. Sinais de recombinações foram avaliados (SimPlot). Em 901 UD, 24 apresentavam infecção oculta pelo HBV. Os genótipos A (58,3%) e D (41,7%) foram detectados. Nenhum recombinante foi identificado. Três mutações de resistência à lamivudina (rtL180M, rtM204V e rtM204I) e três substituições (G145R, S114T e Q129H) foram observadas. Em suma, este estudo identificou informações relevantes da infecção pelo HBV no Pará, as quais podem dificultar o diagnóstico e o tratamento de infectados.

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

Apoio: MS/SVS, CNPQ.