

Identificação de mutações de resistência aos fármacos utilizados no tratamento da hepatite B em portadores da Amazônia Ocidental

Tárcio P. Roca⁽¹⁾; Michele Soares G. Gouvêa⁽²⁾; Luan F. B. Sousa⁽³⁾ João Renato Rebelo Pinho⁽⁴⁾; Deusilene S. Viera⁽⁵⁾; Juan V. Salcedo⁽⁶⁾; Alcione O. Santos⁽⁷⁾.

⁽¹⁾FIOCRUZ-RO, tarciroca@hotmail.com; ⁽²⁾Instituto de Medicina Tropical-USP gomesmic@yahoo.com.br; ⁽³⁾FIOCRUZ-RO, luan_botelho@hotmail.com; ⁽⁴⁾Instituto de Medicina Tropical-USP (jrrpinho@usp.br) ⁽⁵⁾FIOCRUZ-RO, deusylenebio@hotmail.com ⁽⁶⁾FIOCRUZ-RO, juanitto2001@yahoo.com.br; ⁽⁷⁾FIOCRUZ-RO, alcione.m@hotmail.com.

A Organização Mundial de Saúde (OMS) estima cerca de 350 milhões o número de portadores de infecção crônica pelo vírus da hepatite B (HBV). A variabilidade genética permite classificar esse vírus em 9 genótipos, organizados em ordem alfabética do A ao I. Com relação ao tratamento duas condutas terapêuticas têm sido utilizadas para o tratamento da infecção pelo HBV: moduladores do sistema imune e os agentes antivirais na forma de análogos nucleosídeos. Um dos fatores mais importantes na falha terapêutica dessa infecção é o aparecimento de mutações, as quais podem determinar resistência aos antivirais. Esse estudo tem como objetivo identificar as mutações de resistência aos antivirais utilizados no tratamento da hepatite B crônica e os genótipos circulantes. Para isso, 30 pacientes foram selecionados para o estudo. Uma *nested-PCR* foi aplicada para amplificar um fragmento de 1300pb correspondente a região parcial do gene S/P do HBV. Do total de 30 amostras, 29 foram positivas e sequenciadas. Apenas 17 amostras apresentaram sequências de boa qualidade e foram utilizadas para análise filogenética e análise de mutações. Para a análise de mutações, foi utilizado uma ferramenta online (*HIV Drug Resistance Database, Stanford University, USA*). Com base nos resultados parciais, foi observado a seguinte distribuição genotípica: A1, 3(18%); D1, 1(6%); D2, 6(35%); D3, 6(35%); D4, 1(6%). E diante das 17 sequências de DNA analisadas, nenhuma mutação de resistência circulante aos antivirais foi encontrada, observando-se então uma baixa frequência de mutações de resistência no DNA do HBV em pacientes no estado de Rondônia. Portanto, diante do cenário endêmico nessa região, torna-se necessário ampliar o conhecimento sobre o impacto clínico do aparecimento da resistência do HBV aos antivirais, para uma melhor conduta no tratamento dos pacientes com cepas resistentes e seleção de esquemas terapêuticos alternativos.

Palavras chave: hepatite B; resistência; mutações;

Apoio: PPSUS- FAPERO, CEPEM, FIOCRUZ-RO.