

Infecção oculta pelo vírus da hepatite B em uma população da Amazônia Brasileira

**Carla de C. Sant' Anna¹; Marcella K. C. de Almeida²; Patrícia Ferreira²;
Roseane G. de Oliveira²; Andrea M. da Silva²; Carolina de S. Pereira²;
Adriana P. Fernandes²; Cristóvão G. de O. Filho²; Maria Inês C. da Silva²;
Luisa C. Martins³;**

¹*Programa de Pós-Graduação em Oncologia e Ciências Médicas, Universidade Federal do Pará (UFPA), CEP: 66073005, Belém, PA, Brasil. Email: santannacarla@yahoo.com.br.*

²*Programa de Pós-Graduação em Doenças Tropicais, Universidade Federal do Pará (UFPA), CEP: 66055240, Belém, PA, Brasil.*

³*Docente do Núcleo de Medicina Tropical da Universidade Federal do Pará, CEP: 66055240, Belém, PA, Brasil.*

A hepatite B oculta (HBO) é definida pela presença do HBV-DNA no soro e/ou tecido hepático em indivíduos com sorologia negativa para o antígeno de superfície do vírus da hepatite B (HBsAg). O objetivo do trabalho foi determinar a prevalência da hepatite B oculta em uma população da Amazônia Brasileira, identificando os genótipos circulantes e mutações no gene S. Quatrocentos e sessenta e cinco (n=465) indivíduos atendidos no Ambulatório do Núcleo de Medicina Tropical no período de 2011 a 2015 foram selecionados para o teste imunoenzimático com os principais marcadores do HBV (HBsAg, anti-HBc total e anti-HBs). Porém, 181 indivíduos foram incluídos para a pesquisa do DNA viral por ter a ausência dos marcadores sorológicos HBsAg e anti-HBs e a presença do marcador sorológico anti-HBc total. Foi realizada a genotipagem por sequenciamento e análises das sequências nucleotídicas para detecção de possíveis mutações. Dos 181 indivíduos analisados para a presença do HBV-DNA, 26 (14,36%) eram positivos para o DNA do vírus. Desses, 88,45% (23/26) pertenciam ao genótipo A, com o subgenótipo A1 mais prevalente com 78,26%, seguido do A2 com 21,73%. Houve uma prevalência de 11,53% de infecção pelo genótipo F, onde todos pertenciam ao subgenótipo F2. Foi observado que as substituições de aminoácidos nas sequências de indivíduos com HBO comparado com indivíduos HBsAg reagentes (infecção evidente) não possuíam mutações. Assim, concluímos que houve uma alta prevalência nos indivíduos selecionados, com um padrão de genótipos que circulam na região Amazônica do Brasil, sendo de extrema importância mais estudos sobre a epidemiologia molecular do vírus nesta localidade com a identificação de pacientes considerados saudáveis, mas sendo um potencial transmissor da doença.

Palavras-chave: Biologia molecular. Hepatite B oculta. Genótipos.