

# IDENTIFICAÇÃO DOS GENÓTIPOS/SUBGENÓTIPOS DO VÍRUS DA HEPATITE B NO SUL DO BRASIL

Gabriela Borges<sup>1,2</sup>, Jonas Michel Wolf<sup>2</sup>, Vagner Ricardo Lunge<sup>2,3,4</sup>, Daniel Simon

Aluna do curso de Ciências Biológicas - Bolsista PROBIT – FAPERGS – gabiborges@gmail.com

<sup>2</sup> Laboratório de Diagnóstico Molecular – ULBRA –

<sup>3</sup> Professor do PPGBioSaúde – vagner.lunge@gmail.com

<sup>4</sup> Orientador

## INTRODUÇÃO

A hepatite B é uma doença humana viral grave e representa um grande problema de saúde pública. Estimativas apontam que 3,2% da população apresenta hepatite B crônica com mais de 600 mil óbitos devido a doenças decorrentes como cirrose e carcinoma hepatocelular (Trepo et al., 2014).

O vírus da hepatite B (HBV, do inglês *hepatitis B virus*) pertence à família Hepdnaviridae, tem seu genoma organizado em uma molécula circular de DNA fita dupla parcial (Tong & Revill, 2016).

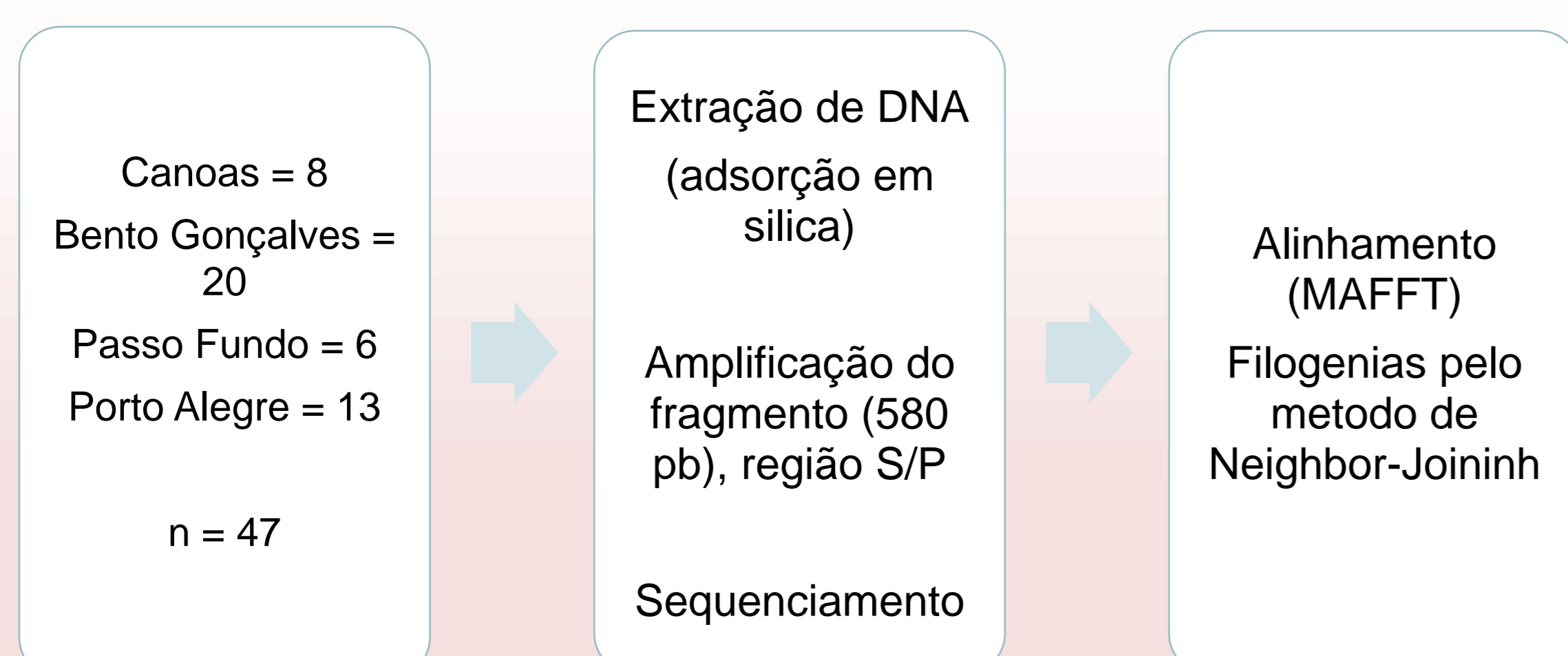
Atualmente é classificado em dez genótipos (A até J) e em diversos subgenótipos, de acordo com a diversidade genômica. Dados indicam que os genótipos A, D e F são os mais frequentes no Brasil, mas diferentes perfis são identificados dependendo da região avaliada (Pourkarim et al., 2014).

## OBJETIVOS

O objetivo deste estudo foi determinar as frequências dos genótipos e subgenótipos do HBV em uma amostragem de pacientes diagnosticados com hepatite B no Sul do país.

## MATERIAIS E METODOS

Foram avaliados pacientes com hepatite B crônica de quatro cidades do Rio Grande do Sul, o DNA genômico foi extraído pelo método de adsorção em sílica e após foi realizada amplificação de um fragmento de 580 pares de bases de uma região de sobreposição dos genes S e P pela reação em cadeia da polimerase aninhada (*nested* PCR). Os fragmentos amplificados foram sequenciados pelo método de Sanger. As sequências de nucleotídeos foram alinhadas com sequências de referências obtidas do NCBI GenBank. Os alinhamentos foram realizados pelo método MAFFT e as filogenias foram geradas pelo método de Neighbor-Joining. Todas as análises foram conduzidas no *software* Geneious 9.1.2 (Geneious, Inc), conforme o esquema abaixo:



## RESULTADOS

Os resultados demonstraram a ocorrência de apenas dois genótipos (A e D), com predominância do genótipo D (43, 91,5%). Com relação aos subgenótipos foram observados D2 (8; 17,1%), D3 (35; 74,4%), A1 (3; 6,4%) e A2 (1; 2,1%). A filogenia está demonstrada na figura 1.

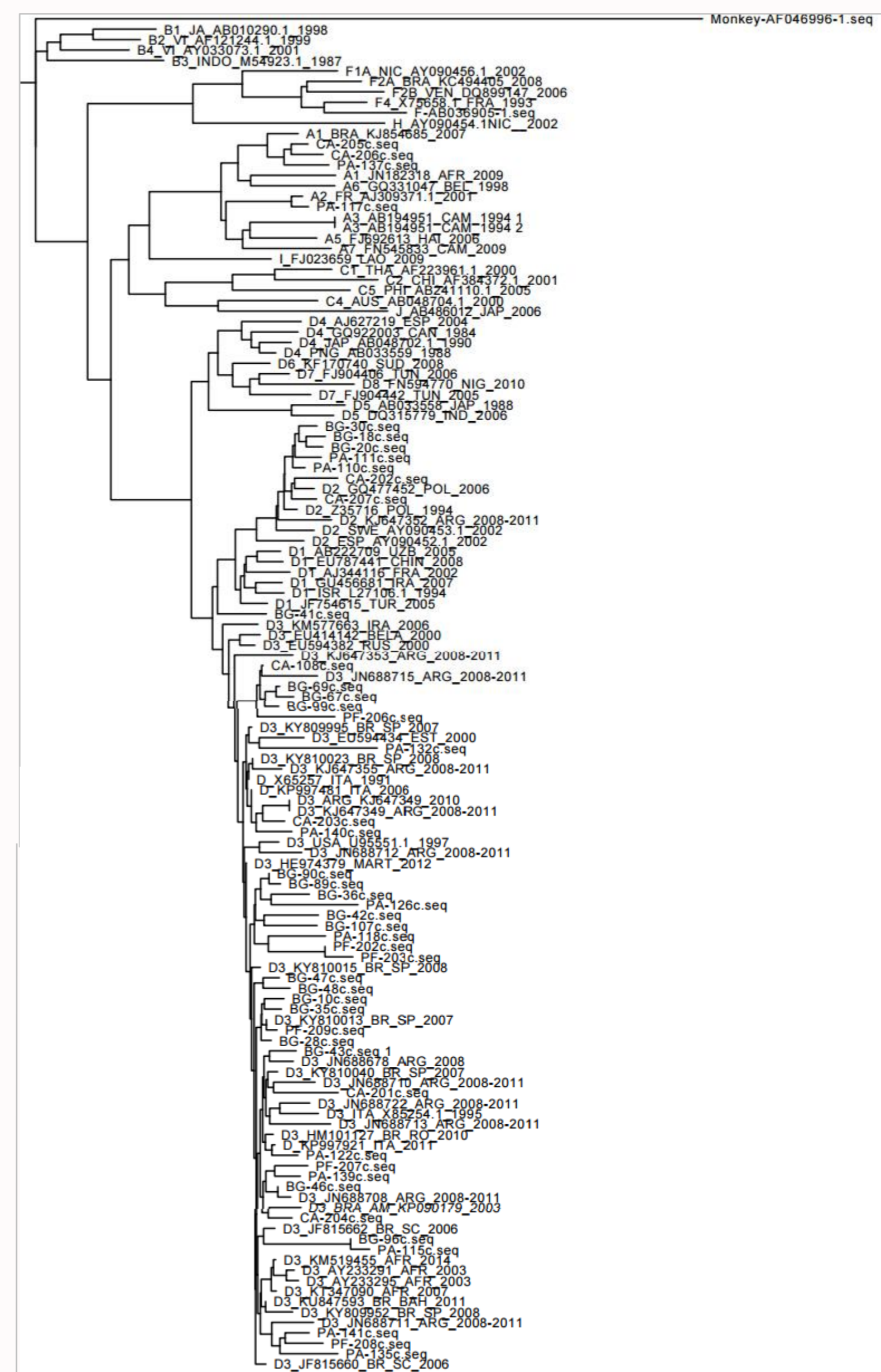


Figura 1. Filogenia gerada para avaliação dos genótipos e subgenótipos.

Recentemente, dados de estudo com base populacional no Brasil, informam que o genótipo A predomina nas regiões Norte (71,6%) e Nordeste (65,0%), enquanto que o D apresentou maior frequência na região Sul com 78,6% (Lampe et al., 2017).

Ademais, em pesquisa conduzida na cidade de Chapecó, no ano de 2015, 97,0% das amostras foram classificadas como genótipo D (Gusatti et al., 2015). Nossos achados estão de acordo com essas informações, visto que observamos uma frequência de 91,5% do genótipo D. Este cenário pode ser explicado pela colonização europeia no Sul do Brasil, já que este genótipo é comum no Sul da Europa.

Este estudo tem como perspectivas avaliar um maior número de amostras, e determinar processos de filogeografia/filodinâmica do HBV no Sul do Brasil.

## Referências Bibliográficas

- Gusatti CS, Costi C, Halon ML, et al. **PLoS One**. v. 10, p. 1-14, 2015.
- Lampe E, Mello FCA, do Espírito-Santo MP, et al. **J Gen Virol**. v.98, p. 1389 - 1398, 2017.
- Pourkarim MR, Amini-Bavil-Olyae S, Kurbanov F, et al. **World Journal of Gastroenterology**. v. 20, p. 7152-7168, 2014.
- Tong S, Revill P. **Journal of Hepatology**. v. 64, S4-16, 2016.
- Trepo C, Chan HL, Lok A. **Lancet**. v. 384, p. 2053–2063, 2014.