

RECONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DO VÍRUS DA HEPATITE B NO SUL DO BRASIL

Thallyson Pedro Medeiros; Jonas Michel Wolf; Daniel Simon; Vagner Ricardo Lunge

Universidade Luterana do Brasil

Palavras-chave: Vírus da Hepatite B; Epidemiologia; Análise Bayesiana; Imigração.

A infecção pelo vírus da hepatite B (HBV) é disseminada e é um grande problema de saúde no mundo todo. A distribuição global do HBV varia significativamente entre as regiões do mundo. Esse vírus é classificado de acordo com a sua divergência genética em dez genótipos (A – J) e diversos subgenótipos. O genótipo D é classificado em sete subgenótipos principais sendo distribuído no mundo todo com diferentes frequências. Estudos reportam que o subgenótipo D3 é o mais frequente na região Sul do Brasil e que talvez tenha sido introduzido pela colonização europeia. O objetivo do estudo é descrever a epidemiologia molecular dos subgenótipos D1, D2 e D3 do HBV em uma população cronicamente infectada no Sul do Brasil, utilizando análises filogenética e Bayesiana. O HBV-DNA da região parcial S/P (590pb) foi amplificado e sequenciado a partir de 52 pacientes cronicamente infectados pelo HBV. As análises filogenéticas e evolutivas foram realizadas através de métodos de máxima verossimilhança e Bayesiano. Os genótipos D (n=49; 94,2%), A (n=2; 3,9%) e G (n=1; 1,9%) foram detectados. A circulação dos subgenótipos D3 (n=39; 79,6%), D2 (n=8; 16,3%) e D1 (n=2; 4,1%) foi principalmente identificada. Na reconstrução filodinâmica, o HBV-D3 demonstrou um ancestral comum mais recente (tMRCA) de 1889 (HPD95%:1870 a 1950). Os valores de tMRCA estimados para HBV-D1 e HBV-D2 foram de 1917 (HPD95%:1900 - 1999) e 1920 (HPD95%:1905 - 1999), respectivamente. Na análise demográfica, o número de infecções causadas pelo HBV-D1 mostrou estabilidade entre 1930-1990 e um ligeiro declínio após os anos 2000. Além disso, o número de infecções por HBV-D2 cresceu exponencialmente entre 1960 e 1990 e um platô foi detectado após os anos 2000. A demografia evolutiva do HBV-D3 demonstrou que o número de infecções cresceu exponencialmente entre os anos 1950 e meados dos anos 1990. Essa elevação foi mais evidente entre as décadas de 1970 e 1990. No final dos anos 1990 e início dos anos 2000, esse processo apresentou um platô com estabilidade do número de infecções. Na região Sul do Brasil, há um predomínio do genótipo D, principalmente do subgenótipo D3, sugerindo uma associação entre a imigração europeia e a disseminação da infecção pelo HBV. Nesse aspecto, a data de introdução do HBV na região Sul remeteu ao ano de 1889, período caracterizado pelo ápice da imigração italiana e evidenciando a provável contribuição da colonização italiana para a fixação do subgenótipo D3 no Sul do Brasil.