



Estudo da circulação do vírus H1N1pdm09 no Rio Grande do Sul entre os anos de 2009 e 2011

Silvia de Carli¹, Tatiana Schäffer Gregianini², Fernanda Kieling Moreira Lehmann¹, Vagner Ricardo Lunge¹ e Nilo Ikuta¹

1- Laboratório de Diagnóstico Molecular, Universidade Luterana do Brasil

2 -Laboratório de Biologia Molecular e Vírus Respiratórios, Seção de Virologia IPB-LACEN/RS

INTRODUÇÃO

A gripe é uma doença infecciosa aguda que ocorre predominantemente nos meses mais frios do ano, infectando aves e mamíferos, o agente etiológico é o vírus da Influenza pertencente à família *Orthomyxoviridae*. Em março de 2009 o vírus de influenza A H1N1pdm09 disseminou-se pelo mundo levando a ocorrência da mais nova pandemia de gripe. No Rio Grande do Sul (RS) durante os anos de 2009 a 2012 foram confirmados 4.210 casos.

OBJETIVO

O objetivo deste estudo foi caracterizar o vírus H1N1pdm09 que circulou durante estes anos no RS comparando com aqueles que estavam distribuídos no mundo.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisadas sequências do gene de neuraminidase de 2009 (140), 2011 (105) e 2012 (117) provenientes do Laboratório Central do Rio Grande do Sul LACEN (Figura 1).



Figura 1: Etapas para implementação da técnica de detecção e caracterização das sequências obtidas do gene da NA.

RESULTADOS

As sequências de neuraminidase mostraram-se filogeneticamente muito semelhantes entre si (~98%), com algumas pequenas alterações consistentes de aminoácidos, que permitiu a identificação de padrões distintos. Verificou-se que as amostras que circularam no mundo durante o ano da pandemia (2009), estavam relacionadas com dois padrões principais denominados 2009-I e 2009-II. Das 140 amostras deste ano sequenciadas no RS, todas foram compatíveis com 2009-I.

Três genótipos foram encontrados no RS em 2011, e foram denominados genótipos 2011-I, II e III. O primeiro representou 40% dos casos no RS e foi o grupo mais prevalente em 2012 (81,2%). O segundo padrão mais frequente no RS no ano de 2011 foi o 2011-II (36,2%) e o terceiro (14,3%). Em 2012, o genótipo 2012-I foi detectado no RS em 17,9% dos casos (Tabela 1). Esses mesmos padrões foram visualizados em todo o mundo e está ilustrado na Figura 2.

CONCLUSÕES

A análise dos padrões genotípicos deste estudo permitiu acompanhar a fantástica disseminação deste patógeno pelo mundo. Desta forma, fica evidenciado que todos os padrões encontrados no Rio Grande do Sul circularam previamente em outros continentes.

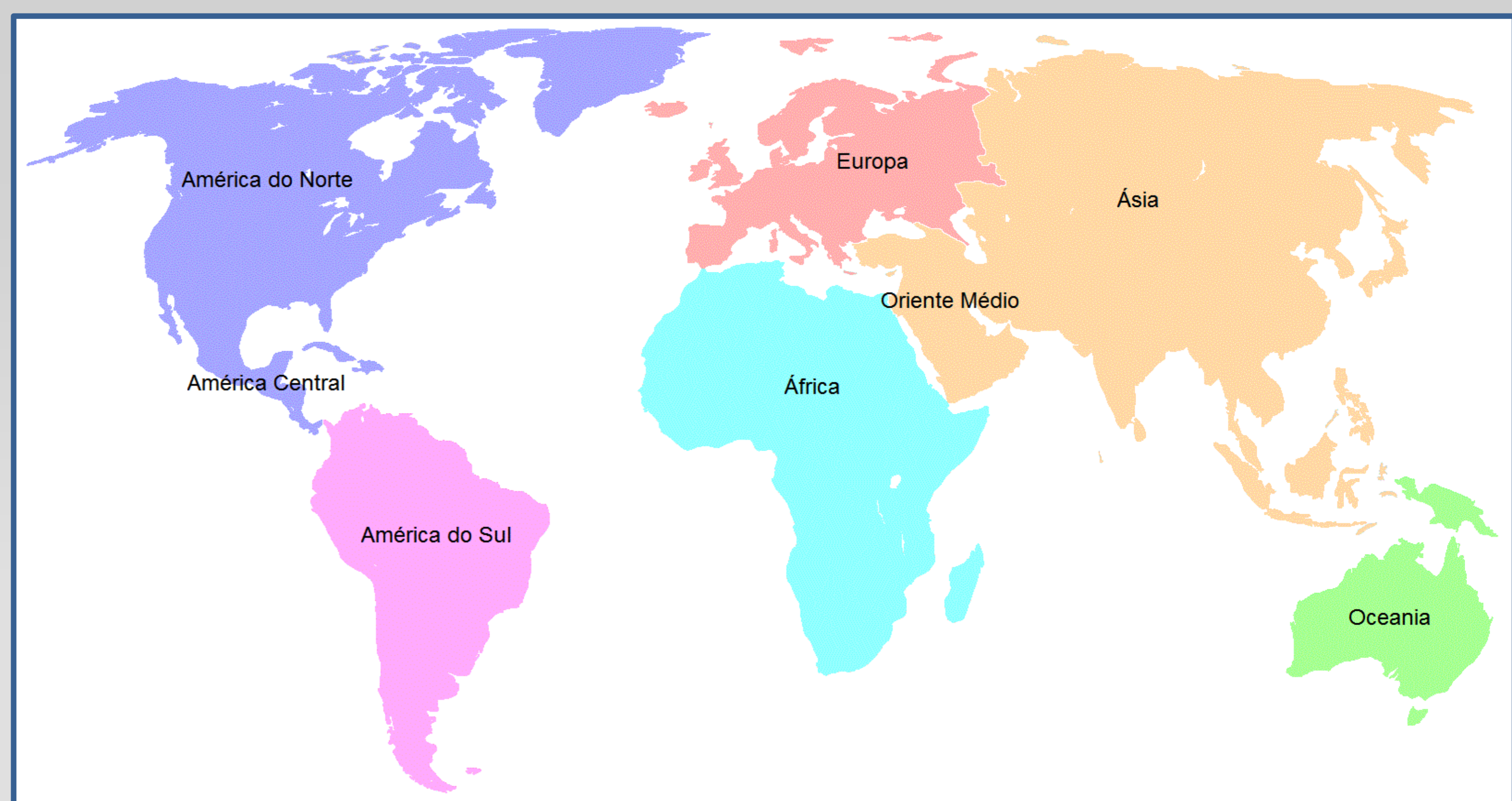


Figura 2: Análise da distribuição mundial dos padrões filogenéticos encontrado durante os anos de 2009 a 2012.

REFERÊNCIAS

- WHO: Update on oseltamivir resistance in influenza A (H1N1) 2009 viruses. 15 June 2011.
Hurt A.C., et al. Oseltamivir-resistant influenza viruses circulating during the first year of the influenza A(H1N1) 2009 pandemic in the Asia-Pacific region, March 2009 to March 2010. Euro Surveill, 20;16(3), 2011.
Chen H, et al. Oseltamivir-resistant influenza A pandemic (H1N1) 2009 virus, Hong Kong, China. Emerg Infect Dis. 2009 Dec;15(12):1970-2.