

INFECÇÃO PELO VÍRUS DA HEPATITE B EM UMA COMUNIDADE AFRODESCENDENTE DE ARMAÇÃO DE BÚZIOS/RJ: PERFIL SEROLÓGICO E MOLECULAR



do Ó,K.M.R.¹; d' Albuquerque e Castro, FR²; Stoecker, A³; Gomes, J.N.N.⁴; Ramalho, A⁵

² Hospital de Base de Brasília; ³ Laboratório de pesquisa em Infectologia (SGH/LAPI) Salvador/Bahia; ⁴ Depto de tuberculose, HIV e Hepatites Virais do MS; ⁵ Hospital Geral de Nova Iguaçu.

INTRODUÇÃO:

O vírus da hepatite B (HBV) ainda é uma das principais causas de doença hepática. Estima-se que dois bilhões de pessoas tenham sido infectadas com o vírus da hepatite B (HBV) e 350-400 milhões de pessoas sejam portadoras do antígeno de superfície (HBsAg). Cerca de um milhão de pessoas morreram de causas relacionadas ao HBV anualmente. Os genótipos (A -J) e subgenótipos do vírus da hepatite B (HBV) têm distribuição geográfica e étnica distinta e podem ser responsáveis por diferenças na história natural e no resultado clínico da doença. O Brasil é um País mestiço com indivíduos de origem europeia, africana e indígena. Durante o período da escravidão, alguns afrodescendentes viviam em pequenas comunidades isoladas denominadas *Quilombos*, algumas delas mantidas até hoje. Os objetivos deste estudo foram avaliar a prevalência, análise filogenética e características moleculares dos genótipos do HBV circulante em uma comunidade afrodescendente.

MÉTODOS:

Cinquenta indivíduos residentes no quilombo da Rasa no Município de Armação de Búzios/Rio de Janeiro, sudeste do Brasil foram testados para o HBsAg. As amostras positivas foram submetidas aos testes HBeAg e antiHBe. O HBVDNA da região do genoma pré-S/S foi amplificado e os amplicons foram sequenciados diretamente. A genotipagem do VHB foi realizada por análise filogenética.

Tabela 1. Características sorológicas e moleculares dos indivíduos que foram positivos nos testes rápido

Sample number	Age (years)	Gender	Total anti-HBc	HBsAg	Anti-HBc	HBsAg	Anti-HBe	PCR (pre-S/S)
RJ-BR-2	Unknown	Female	+	+	-	+	+	+
RJ-BR-3	55	Male	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-5	40	Male	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-6	42	Male	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-7	37	Female	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-8	44	Male	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-9	25	Female	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-11	13	Male	-	-	n.d.	n.d.	n.d.	-
RJ-BR-18	39	Male	-	-	+	n.d.	n.d.	-
RJ-BR-19	18	Male	-	-	+	-	n.d.	-
RJ-BR-24	49	Female	+	+	-	-	+	-
RJ-BR-25	39	Female	+	+	-	-	+	-
RJ-BR-28	15	Female	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-29	35	Female	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-33	32	Male	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-34	40	Male	-	-	-	n.d.	n.d.	-
RJ-BR-40	70	Female	+	+	n.d.	-	-	-
RJ-BR-42	Unknown	Female	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-43	24	Male	+	+	-	-	-	-
RJ-BR-44	18	Female	+	+	-	+	+	-
RJ-BR-48	36	Male	+	+	-	n.d.	+	-
RJ-BR-49	11	Male	-	-	+	n.d.	n.d.	-
RJ-BR-50	20	Male	+	+	-	+	-	-

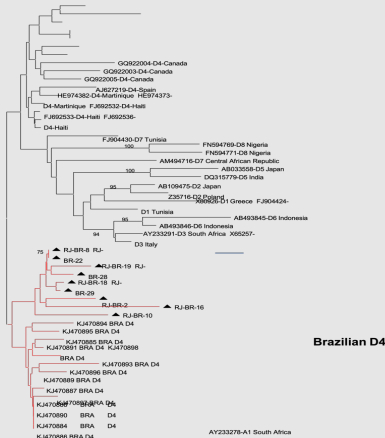


Fig 2. Análise filogenética de 13 seqüências completas de HBV na região pré S/S 9nt 2854-835), número de acesso GenBank (VOO866) deste estudo e comparação com seqüências de diferentes subgenótipos A1-A6 (A) e D1-D8 (B) disponíveis no Banco De dados GenBank. As distâncias genéticas foram estimadas pelo modelo Kimura de dois parâmetros e, as árvores filogenéticas foram construídas pelo método de junção de vizinhos.

RESULTADOS:

Vinte (40%) amostras foram HBsAg positivas. Dentre elas, quatro e dez pertenciam aos subgenótipos A1 e D4 amostras respectivamente. As amostras de HBV/A1 e HBV/D4 formaram grupos monofiléticos isolados de HBV/A1 estavam intimamente relacionadas a amostras circulando nas regiões Norte e Nordeste para o Brasil e Somália, dentro do clade asiático-americano, juntamente com amostras da Ásia e leste da África. As amostras de HBV/D4 compartilharam uma origem comum com outras seqüências brasileiras, uma variação específica (Q275H) na região pré S/S, não observada em isolados de vírus de todo mundo foi observada em todas as amostras de HBV/A1. Além disso, uma deleção de 33pb na região pré-S2 foi detectada em uma amostra de HBV/A1.

CONCLUSÃO:

Embora o número de amostras estudadas tenha sido limitado, a alta prevalência de infecção pelo HBV e o predomínio de HBV/D4 e HBV/A1, nsta ordem, são dois destaques deste estudo. Foi observada assinatura molecular e deleção na região na região pré S2 ligada na Carcinoma Hepatocelular. Esses dados corroboram um estudo anterior que mostrou que as amostras brasileiras de HBV/A1 foram originárias de Países da costa leste da África por meio do tráfico de escravos no final do século XVIII. Esta é a primeira análise filogenética de isolados de HBV/A1 e D4 de uma comunidade quilombola no estado do Rio de Janeiro/Brasil.