

Gomes-Gouvêa1,2

ELUCIDAÇÃO ETIOLÓGICA DE QUADROS DE HEPATITE

AGUDA EM PACIENTES ATENDIDOS EM INSTITUIÇÕES



Leidiane B. Ribeiro¹, Ana Catharina S.S. Nastri², Tania R.T. Mendonza¹, Maria Cássia J.M. Corrêa^{1,2}, Fernanda M. Malta³, Deyvid E. Amgarten³, Luciana V.B. Casadio², Mario P.Gonzalez⁴ Suzane K. Ono², Flair J. Carrilho², João R.R.Pinho^{1,2,3},

Los docueros. Instituto de Medicina Tropical. Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo: ² Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo; ³ Hospital Israelita Albert Einstein, São Paulo; ⁴ Instituto de Infectologia Emílio Ribas

INTRODUCÃO

A hepatite aguda (HA) trata-se de uma atinge indivíduos previamente saudáveis. definida por níveis aumentados das enzimas alanina aminotransferase aspartato aminotransferase funcão hepática ٩ prejudicada. Α etiologia viral considerada a causa mais freguente de HA, seguida por aquelas medicamentosa, no entanto, apesar dos avancos significativos no diagnóstico. quadros de hepatite aguda de etiologia

MATERIAL E MÉTODOS

Desenho do estudo

indeterminada são relatados.



34 pacientes com hepatite aguda que não apresentavam evidência infecção pelos vírus hepatotrópicos comumente investigados (vírus da hepatite A, B ou C) e vírus da febre amarela.

Análise das amostras



Extração do material genético (DNA e RNA) viral do plasma.



A presença dos seguintes virus invetigada por utilizando o equipamento QuantStudio 5 (Applied Biosystems):

- Vírus da hepatite E (HEV);
- Vírus Herpes Simplex 1/2 (HSV-1/2);
- · Citomegalovírus (CMV);
- Vírus Epstein-Barr (EBV);
- · Vírus varicella-zoster;
- · Herpesvírus Humano 6 (HHV-6);
- · Vírus dengue:
- · Vírus Zika;
- Chikungunya,;
- · Parechovírus humano;
- · Parvovírus humano:
- · Enterevírus:
- Adenovirus humano:
- Vírus Adeno-Associado 2 (AAV-2)

RESULTADOS

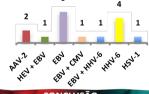
dados demográficos, clínicos ۹ laboratoriais estão apresentados na tabela 1.

Tabela 1 - Distribuição das características demográficas, clínicas e bioquímicas dos

Variáveis	Valores
Idade (mediana)	40,1
Sexo masculino (n, %)	21/34 (61,8)
Sintomas (n, %)	
Ictericia	17/34 (50)
Náuseas	16/34 (47,1)
Febre	15/34 (44,1)
Vômitos	11/34 (32,4)
Colúria	12/34 (35,3)
Fezes esbranquiçadas	3/34 (8,8)
Enzimas hepáticas (mediana)	
ALT U/L	1349,5
AST U/L	1414,5
GGT U/L	253,7
BD mg/dL	7,4
BT mg/dL	9,6
AST: aspartato aminotransferase. AL'	Γ: alanina aminotransferase. GG

glutamiltransferase, BD: bilirrubina direta, BT: bilirrubina total

A presença de HEV foi detectada em 1 caso (3%), a caracterização genoma viral demostrou tratar-se de uma infecção pelo subgenótipo HEV-3f. Infecções por vírus não primariamente hepatotrópicos foram detectadas em 41,2% (14/34)pacientes com a distribuição apresentada no gráfico abaixo:



CONCLUSÃO

A detecção do HEV-3f e sua associação filogenética a isolados suínos previamente relatados no Brasil, sugere transmissão zoonótica do HEV pode ser uma fonte de infecção para humanos no país e ressalta a importância de considerar o HEV como agente potencial em casos de HA de causa indeterminada. A detecção positiva dos agentes virais não primariamente hepatotrópicos demonstra a presenca do mas outros fatores considerados antes de estabelecer uma

relação causal definitiva.