

P-250

DETECÇÃO E GENOTIPAGEM DO VÍRUS DA HEPATITE B (VHB) EM AMOSTRAS DAS REGIÕES NORTE E NORDESTE DO BRASIL: ANÁLISE FILOGENÉTICA DAS REGIÕES PRÉ-S E S.

Hermes P. da Silva Filho¹, Luciano K. da Silva¹, Paulo R.S. Melo¹, Lee W. Riley², Raymundo Paraná³ e Mitermayer G. dos Reis¹. ¹Centro de Pesquisa Gonçalo Moniz/FIOCRUZ, ²School of Public Health, University of California, Berkeley e ³Faculdade de Medicina/UFBA.

Introdução- Estudos recentes tem mostrado consideráveis variações genéticas entre os isolados do VHB em todo o mundo. Além da diversidade genotípica, mutações pontuais na região pré-S e S tem sido associadas ao quadro de hepatite B silenciosa, sem marcadores sorológicos detectáveis, e ao escape do sistema imune com evolução para a infecção crônica. **Objetivos-** Detectar genótipos circulantes e avaliar as variações presentes nas regiões pré-S e S de isolados do VHB de pacientes com hepatite aguda e crônica provenientes das regiões Norte e Nordeste do Brasil. **Material e Métodos-** Foram selecionados aleatoriamente 40 amostras de soros de pacientes portadores do VHB, sendo 28 AgHBs positivos provenientes de Salvador-BA e 12 AgHBs positivos provenientes de Rio Branco-AC. O VHB-DNA foi detectado por Nested-PCR utilizando-se *primers* específicos para as regiões pré-S e S. Os produtos amplificados foram seqüenciados em ambas as direções e a análise filogenética seguiu-se utilizando os softwares DNASTar, ClustalX e Mega2 utilizando-se um método de "parsimony" para o agrupamento dos isolados. Seqüências de referência foram incluídas na análise para permitir o reconhecimento dos genótipos do VHB. **Resultados-** Das 40 amostras analisadas 57,5% (23/40) foram PCR detectáveis e sequenciadas. Sendo que todas 23 amostras foram positivas para região S, enquanto que apenas 27,5% (14/40) tiveram a região pré-S detectável. Das 28 amostras AgHBs positivas, 50% (14/28) foram PCR detectáveis e, nossos resultados preliminares, apontam para um predomínio do genótipo A em 85,7% (12/14) seguido do genótipo F em 14,3% (2/14). Das 12 amostras AgHBs positivas, 75% (9/12) foram PCR detectáveis; sendo que 55,6% foram do genótipo A, 22,2% do genótipo D e 22,2% do genótipo E. **Conclusões-** Os *primers* específicos para região S se mostraram mais eficientes na detecção do DNA-VHB do que os da região pré-S, embora as análises filogenéticas realizadas com a região pré-S tenham mostrado resultados similares aos vistos com análises usando a região S. Das amostras provenientes do Norte do Brasil verificamos uma grande diversidade genotípica, com identificação dos genótipos A, D e E. Também foi demonstrado que na região Nordeste, na qual tem-se poucos estudos dos aspectos genômicos do VHB, há uma certa diversidade vista pela detecção do genótipo F.