

1 - PLSP

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE VÍRUS DENGUE TIPO 3 ISOLADOS DE AMOSTRAS CLÍNICAS

Danya Moysés Fialho, Cecília Luiza Simões dos Santos (orientadora)

Área de Concentração – Pesquisas Laboratoriais em Saúde Pública
Instituto Adolfo Lutz. Av. Dr. Arnaldo 355. CEP 01246-902, São Paulo-SP, Brasil
e.mail: dmfialho@yahoo.com.br

A dengue, doença infecciosa febril aguda causada por qualquer um dos quatro sorotipos do flavivirus dengue (DENV 1 – 4), transmitida por mosquitos *Aedes aegypti*, constitui-se em grave problema de Saúde Pública nos países tropicais. A infecção por qualquer um dos sorotipos causa um amplo espectro de manifestações clínicas, desde um quadro febril de evolução benigna, a febre do dengue até doença grave, a febre hemorrágica da dengue/síndrome do choque do vírus dengue, muitas vezes fatal. No Brasil, os casos de infecção por DENV têm aumentado significativamente nas duas últimas décadas e atualmente os tipos 1, 2 e 3 circulam em quase todos os Estados. Atenção especial tem sido dada ao tipo 3, que após sua introdução no Estado do Rio de Janeiro, no verão de 2000/2001, espalhou-se rapidamente pelo país, sendo responsável por epidemias severas com grande número de casos graves e fatais. Neste estudo foram analisadas 21 amostras de DENV 3 isoladas de casos autóctones detectados em São Paulo ou importados de outros Estados, no período de 2001 a 2006. Essas cepas foram oriundas de pacientes com graus distintos de manifestações clínicas. Uma cepa isolada de um caso importado da Nicarágua foi incluída no estudo, cujos principais objetivos consistiram na caracterização genotípica e identificação da origem desses isolados. O RNA viral foi extraído do sobrenadante da cultura de células C6/36 infectadas com o soro dos pacientes virêmicos. Reações de RT-PCR foram utilizadas para amplificar o gene do envelope e os produtos obtidos diretamente seqüenciados. As seqüências nucleotídicas completas do gene do envelope determinadas no estudo foram comparadas com outras retiradas do GenBank, correspondentes a duas cepas brasileiras anteriormente descritas e diversas cepas isoladas em distintas regiões geográficas mundiais. A análise molecular indicou que o gene do envelope das cepas brasileiras apresenta valores de divergência máxima de nucleotídeos e aminoácidos de 1,9% e 1,2%, respectivamente. Nas seqüências determinadas no estudo não foram encontrados determinantes genéticos potencialmente associados à virulência. A reconstrução filogenética das seqüências nucleotídicas do gene do envelope, conduzida sob os critérios de verossimilhança máxima, sugeriu que as cepas de DENV 3 circulantes no país tiveram origem no Sri Lanka e na Índia, indicando ainda que pertencem ao genótipo III que inclui vírus isolados em Moçambique, México e Venezuela.

Suporte Financeiro: CCD-SES/SP; FAPESP; CNPq