

## 15-PLSP - INQUERITO SOROLÓGICO E MOLECULAR DO VÍRUS DA HEPATITE B EM UMA COMUNIDADE SEMI-ISOLADA DA AMAZÔNIA ORIENTAL

Gomes, M.M.S.<sup>1</sup>; Bertolini, D.A.<sup>1</sup>; Moreira, R.C.<sup>1</sup>; Bensabath, G.<sup>2</sup>; Soares, M.C.P.<sup>2</sup>; Pinho, J.R.R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto Adolfo Lutz/SP

<sup>2</sup> Instituto Evandro Chagas – Belém/PA

E-mail: gomesmic@hotmail.com)

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a frequência de marcadores sorológicos para o vírus da hepatite B (VHB) e os genótipos do mesmo em Cachoeira Porteira, uma comunidade semi-isolada localizada no noroeste do estado do Pará, Brasil.

Essa comunidade manteve intenso contato com outras populações durante 1985/86 quando houve um planejamento para a construção de uma hidroelétrica na região, e as atividades de mineração foram intensas.

Foram estudadas 644 amostras de soro de habitantes da região e trabalhadores imigrantes de outras áreas da Amazônia, coletados durante os anos de 1985/86.

Todas as amostras foram submetidas a testes imunoenzimáticos (ELISA) para a pesquisa de marcadores sorológicos para o VHB: AgHBs e Anti-HBs, posteriormente as amostras positivas para AgHBs foram submetidas à pesquisa de AgHBe, Anti-HBe e Anti-HDV e HBV-DNA por PCR. Um fragmento do gene S foi amplificado e posteriormente seqüenciado utilizando-se o seqüenciador automático ABI modelo 377.

Para identificação dos genótipos, as seqüências obtidas foram comparadas com 53 seqüências de HBV já publicadas representantes dos sete diferentes genótipos. AgHBs e Anti-HBs foram encontrados em 1,7% (11/644) e 14% (90/644) das amostras, respectivamente.

Entre as amostras AgHBs positivas, quatro foram AgHBe positivas e sete Anti-HBe positivas.

Somente uma amostra foi Anti-HDV positivo. Todas as amostras AgHBs positivas foram HBV-DNA positivas.

Os genótipos identificados foram A (7-63,3%), D (2-18,2%) e F (1-9,1%).

Em uma amostra não foi possível determinar o genótipo pelo método utilizado neste trabalho.

Outra amostra apresentou a mutação G145R, que afeta a estrutura antigênica do determinante "a".

Este mutante está relacionado com escape dos anticorpos neutralizantes Anti-HBs.

A frequência de AgHBs na população estudada foi baixa.

Três genótipos (A, D e F) foram identificados, provavelmente refletindo a origem diversa da população, sendo o genótipo A o mais freqüente.

Este trabalho reforça a importância da realização de estudos da diversidade genética do VHB na região Amazônica, e a necessidade de se desenvolver técnicas que permitam a caracterização de genomas completos dessas cepas virais.