

VIII ENCONTRO DO INSTITUTO ADOLFO LUTZ

DISTRIBUIÇÃO DOS GENÓTIPOS DO VHC NAS REGIÕES DE BOTUCATU, BAURU E ASSIS ENTRE 2002 E 2009

Zeminian LB¹, Grotto RMT¹, Corvino SM¹, Padovani JL¹, Escolástico RF¹, Assis RCFP¹, Spina A², Oliveira UB², Pardini MIMC¹.

Laboratório de Biologia Molecular do Hemocentro da Faculdade de Medicina – UNESP, Botucatu, SP¹; Coordenação do Programa Estadual de Hepatites Virais (SESSP)²

A hepatite C vem se tornando um grande problema de saúde pública mundial, sendo a maior causa de doença hepática crônica, podendo evoluir para cirrose e carcinoma hepatocelular. A doença, consequência da infecção pelo vírus da Hepatite C (VHC ou, do inglês HCV), apresenta evolução e terapêutica distintas na dependência do genótipo viral. Os genótipos 1, 2 e 3 apresentam distribuição mundial, 4 e 5 estão presentes na África e o genótipo 6 geralmente na Ásia. No Brasil, os genótipos mais frequentes são o 1, 2 e 3. Vírus de genótipo 1 e 4 são menos respondedores ao tratamento e evoluem mais rapidamente que os demais. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar a distribuição dos genótipos do VHC nas regiões de Botucatu, Bauru e Assis, entre os anos de 2002 e 2009, circulantes em 2192 pacientes. O RNA viral foi detectado utilizando RT-PCR (Roche) e genotipado pelo InnoLipa® (Siemens). Quando se considera a frequência dos genótipos ao longo dos anos, nota-se que em todas as regiões estudadas o genótipo 1 foi o mais prevalente, seguido do genótipo 3 em todo o período, dados concordantes com outros estudos realizados no Brasil. No entanto, após o ano de 2006, ocorreu um decréscimo na frequência do genótipo 2 na região de Bauru e uma elevação deste em Assis. Quanto ao genótipo 1, nota-se uma elevação significativa nas regiões de Botucatu e Assis após os anos de 2005 e 2007, respectivamente. Estes dados sugerem a necessidade de estudar a modificação das vias de transmissão do VHC nestas regiões.