

## VIII ENCONTRO DO INSTITUTO ADOLFO LUTZ

### **GENOTIPAGEM DO VÍRUS DA HEPATITE C EM CONTRIBUIÇÃO PARA A EXCELÊNCIA DA ASSISTÊNCIA NAS HEPATITES VIRAIS NOS ANOS DE 2002 A 2007 NA REGIÃO DE SÃO JOSÉ DO RIO PRETO, SP**

Bassi MG<sup>1</sup>, Soares MM<sup>1</sup>, Reche SHC<sup>1</sup>, Figueiredo JK<sup>1</sup>, Carloni MC<sup>1</sup>, Moreira CC<sup>1</sup>, Braguini RF<sup>1</sup>, Estécio TCH<sup>1</sup>, Costa FR<sup>2</sup>, Amarante RMF<sup>3</sup>, Ribeiro MC<sup>3</sup>

Instituto Adolfo Lutz (Laboratório Regional de São José do Rio Preto)<sup>1</sup>, Laboratório de Sorologia da Secretaria Municipal de Saúde <sup>2</sup>, Grupo de Vigilância Epidemiológica XXIX<sup>3</sup>.

A hepatite C crônica, causada pelo vírus da hepatite C (HCV), é um problema de saúde pública mundial, com mais de 170 milhões de indivíduos infectados, considerada hoje como uma das causas de maior importância de cirrose e transplante hepático no mundo ocidental. Evolui silenciosamente e, na maioria dos casos, é desconhecida pelo seu portador. Um dos avanços no tratamento da hepatite C é a determinação do genótipo do HCV, necessário para definir a duração da terapia e a probabilidade de resposta ao tratamento. O objetivo desse estudo foi identificar os diferentes genótipos dos portadores de Hepatite C, notificados por municípios da região de São José do Rio Preto. Foram analisadas 2485 fichas de investigação de Hepatites Virais, classificadas como Hepatite C no Sistema Nacional de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) e registros de resultados do Instituto Adolfo Lutz, Laboratório Regional de São José do Rio Preto (IAL-SJRP). Dentre os 2485 casos analisados, foram realizadas genotipagem para Hepatite C de 506 pacientes em acompanhamento no IAL-SJRP (cerca de 90%), com o kit VERSANT<sup>®</sup> HCV Genotype Assay (SIEMENS) e os demais em outros laboratórios da rede privada. Das 506 genotipagens realizadas nos serviços envolvidos, 353 (69,8%) pertencem ao genótipo 1 e sub-tipos; 30 (6,0%) ao genótipo 2 e sub-tipos e 122 (23,9%) ao genótipo 3 e sub-tipos. Três pacientes (0,6%) apresentaram co-infecção com os genótipos 1 e 2. Dentre os genótipos 1, 203 (40,1%) estão classificados ao subtipo 1a e 126 (24,9%) ao subtipo 1b; no genótipo 2 encontramos 8(1,6%) do subtipo 2a/2c e entre o genótipo 3, prevaleceu o subtipo 3a com 118(23,3%). A distribuição dos genótipos do HCV na região estudada coincide com as descrições da literatura, predominando o genótipo 1 e subtipos. A identificação dos genótipos mostrou-se necessária para a definição, resposta ao tratamento e compreensão da epidemiologia da doença.