

Epidemiología molecular del rotavirus genotipo G2 en la Amazonía Brasileña durante 16 años (1992-2008)

Epidemiologia molecular de rotavirus genótipo G2 na Amazônia Brasileira ao longo de 16 anos (1992-2008)

Molecular epidemiology of rotavirus G2 infection over a 16-year period (1992-2008) in the Amazon Region of Brazil

Alessilva do Socorro Lima de Oliveira

Laboratório de Rotavírus, Seção de Virologia, Instituto Evandro Chagas/SVS/MS, Ananindeua, Pará, Brasil

Alexandre da Costa Linhares

Laboratório de Rotavírus, Seção de Virologia, Instituto Evandro Chagas/SVS/MS, Ananindeua, Pará, Brasil

Introducción: Se estima que en Brasil, 3.352.053 episodios de diarrea, 655.853 atenciones de emergencia, 92.453 internaciones hospitalarias y 850 óbitos de niños con menos de 5 años de edad sean causados por rotavirus (RV-A) anualmente. Los rotavirus pertenecen a la familia *Reoviridae*, género *Rotavirus*. La partícula viral está compuesta por tres capas concéntricas de proteínas y por el genoma viral por 11 segmentos de ARN de doble cadena. Según estudios moleculares, existen actualmente 23 genotipos G y 31 genotipos P, cuyas cepas presentan las especificidades G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8] y G9P[8] y son importante causa de esta enfermedad en el hombre. El G2 configura uno de los más importantes genotipos G detectados hasta el momento, y es generalmente asociado al genotipo P4. La reemergencia del genotipo G2 de RV fue observada a escala continental poco tiempo después de la introducción de vacunas contra el RV en varios países de América Latina. **Objetivo:** Este estudio tuvo como objetivo la caracterización molecular de muestras de cepas del genotipo G2 obtenidas de niños que participaron de varios estudios sobre la gastroenteritis causada por el RV-A en la Amazonía Brasileña entre 1992 y 2008. **Materiales Y Métodos:** De las muestras de rotavirus G2 seleccionadas, 53 fueron secuenciadas para obtener la proteína VP7 y 38 con foco en la VP4. El genotipado se hizo por medio de la RT-PCR, y todos sus productos fueron purificados, cuantificados y secuenciados. Las muestras también fueron sometidas a electroforesis del ARN. Las secuencias obtenidas de genes de VP4 y VP7 fueron alineadas y editadas utilizando el programa BioEdit (v.6.05); fueron comparadas entonces con otras secuencias almacenadas en el GenBank de RVA usando el programa BLAST. Se generó un árbol filogenético utilizando el programa Mega 2.1. **Resultados y Discusión:** De las 53 muestras secuenciadas para el gen de la proteína VP7, el análisis filogenético reveló dos linajes (II y III) y tres sublinajes (IIa, IIc, IIId), que circularon en la población estudiada en diferentes períodos. Las muestras de sublinajes IIa y IIc mostraron una mutación en la posición 96 (Asp / Asn). Esta modificación puede resultar en un cambio de conformación de los epítopos reconocidos por anticuerpos neutralizantes anti-RV. Las cepas de G2 circulantes en Belém, Estado de Pará, eran idénticas a las que circulaban en otros estados de la Región Amazónica incluidos en el estudio. El gen de VP4 fue secuenciado específicamente en la región génica correlata a la VP8*, suministrando 36 muestras pertenecientes al genotipo P[4] y tres pertenecientes al genotipo P[6]. Identificamos dos cepas: P[4]-4 ocurrió entre 1998 y 2000; P[4]-5 se observó de 1993 a 1994 y de 2006 a 2008. Nuestros hallazgos corroboran relatos recientes que indican una reemergencia de genotipos G2 del sublinaje IIc a escala global, establecidos en la población junto con el genotipo P[4] -5. **Conclusión:** La amplia homología entre las cepas de G2 que circulan en varios estados y que fueron incluidas en este estudio sugiere que las mutaciones detectadas superaron barreras geográficas y temporales. Nuestro análisis se concentró tan solo en los genes de las proteínas VP7 y VP4 y, por ese motivo, puede no reflejar completamente la variabilidad potencial de las cepas de G2 circulantes. Por lo tanto, otros estudios se hacen necesarios para evaluar la caracterización del genoma completo.

Palabras clave: Diarrea, Análisis molecular, Genotipo G2 de rotavirus, Genotipo P[4] de rotavirus.

Apoyo Financiero: La autora fue becaria del Consejo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico.

Correspondencia / Correspondência / Correspondence :

Alessilva do Socorro Lima de Oliveira
Laboratório de Rotavírus, Seção de Virologia, Instituto Evandro Chagas
Rodovia BR316, km 7, s/n°. Bairro: Levilândia
CEP: 67030-000 Ananindeua-Pará-Brasil
E-mail: alessilvaoliveira@iec.pa.gov.br

Received / Recebido em / Recibido en: 6/9/2010
Accepted / Aceito em / Aceito en: 23/2/2011