

Epidemiologia molecular de rotavírus 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

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

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

Introdução: Estima-se que, no Brasil, 3.352.053 episódios de diarreia, 655.853 atendimentos de emergência, 92.453 internações hospitalares e 850 óbitos de crianças com menos de 5 anos de idade sejam causados por rotavírus (RV-A) anualmente. Os rotavírus pertencem à família *Reoviridae*, gênero *Rotavirus*. A partícula viral é composta por três camadas concêntricas de proteínas e pelo genoma viral de 11 segmentos de RNA de cadeia dupla. Segundo estudos moleculares, existem atualmente 23 genótipos G e 31 genótipos P, cujas cepas apresentam as especificidades G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8] e G9P[8] e são importantes causas da doença no homem. O G2 configura um dos mais importantes genótipos G detectados até o momento, e é geralmente associado ao genótipo P4. A re-emergência do genótipo G2 de RV foi observada em escala continental pouco tempo após a introdução de vacinas contra RV em vários países da América Latina. **Objetivo:** Este estudo visou à caracterização molecular de amostras de cepas do genótipo G2 obtidas de crianças que participaram de vários estudos sobre a gastroenterite causada pelo RV-A na Amazônia Brasileira entre 1992 e 2008. **Materiais e Métodos:** Das amostras de rotavírus G2 selecionadas, 53 foram sequenciadas visando-se à proteína VP7 e 38 com foco na VP4. A genotipagem ocorreu por meio da RT-PCR, e todos os seus produtos foram purificados, quantificados e sequenciados. As amostras também foram submetidas à eletroforese do RNA. As sequências obtidas de genes de VP4 e VP7 foram alinhadas e editadas utilizando o programa BioEdit (v.6.05); foram então comparadas com outras sequências armazenadas no GenBank de RVA usando o programa BLAST. Foi gerada uma árvore filogenética utilizando o programa Mega 2.1. **Resultados e Discussão:** Das 53 amostras sequenciadas para o gene da proteína VP7, a análise filogenética revelou duas linhagens (II e III) e três sublinhagens (IIa, IIc, IIId), que circularam na população estudada em diferentes períodos. As amostras de sublinhagens IIa e IIc mostraram uma mutação na posição 96 (Asp / Asn). Esta modificação pode resultar em uma mudança conformacional dos epítomos reconhecidos por anticorpos neutralizantes anti-RV. As cepas de G2 circulantes em Belém, Estado do Pará, eram idênticas às que circulavam em outros estados da Região Amazônica incluídos no estudo. O gene de VP4 foi sequenciado especificamente na região gênica correlata à VP8*, fornecendo 36 amostras pertencentes ao genótipo P[4] e três pertencentes ao genótipo P[6]. Identificamos duas cepas: P[4]-4 ocorreu entre 1998 e 2000; P[4]-5 foi observada de 1993 a 1994 e de 2006 a 2008. Nossos achados corroboram relatos recentes que indicam uma re-emergência de genótipos G2 da sublinhagem IIc em escala global, estabelecidos na população juntamente com o genótipo P[4]-5. **Conclusão:** A ampla homologia entre as cepas de G2 que circulam em vários estados e que foram incluídas neste estudo sugere que as mutações detectadas ultrapassaram barreiras geográficas e temporais. Nossa análise concentrou-se apenas nos genes das proteínas VP7 e VP4 e, por isso, pode não refletir totalmente a variabilidade potencial das cepas de G2 circulantes. Portanto, outros estudos são necessários para avaliar a caracterização do genoma completo.

Palavras-chave: Diarreia; Análise molecular; Genótipo G2 de rotavírus; Genótipo P[4] de rotavírus.

Apoio financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico.

Correspondência / Correspondence / Correspondencia:

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

Translated by / Traduzido por / Traducido por:

André Monteiro Diniz

Recebido em / Received / Recibido en: 6/9/2010

Aceito em / Accepted / Aceito en: 23/2/2011