

Perfil epidemiológico dos casos de hepatite C em um hospital de referência em doenças infectocontagiosas no estado de Goiás, Brasil

Epidemiological profile of hepatitis C cases in a referral hospital in infectious diseases, Goiás State, Brazil

Thaysa Johanne Borges Oliveira^{1,2}, Lidyanne Alves Pimenta dos Reis^{1,2}, Luciana de Souza Lima Oliveira Barreto¹, José Geraldo Gomes¹, Edna Joana Cláudio Manrique^{2,3}

¹ Hospital de Doenças Tropicais Dr. Anuar Auad, Goiânia, Goiás, Brasil

² Laboratório de Saúde Pública Dr. Giovanni Cysneiros, Goiânia, Goiás, Brasil

³ Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil

RESUMO

OBJETIVO: Caracterizar o perfil epidemiológico dos casos de hepatite C investigados pelo Núcleo de Vigilância Epidemiológica do Hospital de Doenças Tropicais Dr. Anuar Auad em Goiânia, estado de Goiás, Brasil, no período de 2012 a 2015. **MATERIAIS E MÉTODOS:** Estudo epidemiológico transversal, realizado a partir dos casos notificados e confirmados de hepatites virais obtidos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação. Os dados foram tabulados no programa TabWin e analisados no Epi Info™. O teste estatístico utilizado foi o Qui-quadrado. **RESULTADOS:** Dos 293 casos de hepatite C confirmados, a média de idade foi de 50,7 anos (DP ± 12,4), sendo que 54,95% ocorreram no sexo masculino, com predomínio da raça parda (75,09%). Quanto à escolaridade, 34,81% possuíam entre cinco e nove anos de estudo. A proporção dos genótipos encontrados foi de 77,10% para o tipo 1, 1,53% para o tipo 2, 19,84% para o tipo 3 e 1,53% para o tipo 4. Quanto às condições de saúde, verificou-se associação significativa na coinfeção entre o vírus da hepatite C (HCV) e o HIV ($p < 0,001$). **CONCLUSÃO:** Neste estudo, o perfil encontrado para os portadores de HCV foi semelhante aos disponíveis na literatura. Ressalta-se a importância de conhecer a frequência do HCV para compreender sua disseminação e, assim, ter subsídios para medidas de controle no combate à infecção, visto que a hepatite C é um problema de saúde pública.

Palavras-chave: Hepatite C; *Hepacivirus*; Perfil de Saúde; Doenças Transmissíveis.

ABSTRACT

OBJECTIVE: To characterize the epidemiological profile of hepatitis C cases investigated by the Núcleo de Vigilância Epidemiológica of the Hospital de Doenças Tropicais Dr. Anuar Auad in Goiânia, Goiás State, Brazil, from 2012 to 2015. **MATERIALS AND METHODS:** A cross-sectional epidemiological study was conducted with secondary data of confirmed hepatitis C cases obtained from the Brazilian Information System for Notifiable Diseases (Sinan). Data were tabulated in TabWin and analyzed in Epi Info™. The statistical test used was the Chi-square. **RESULTS:** From the total of 293 hepatitis C cases, mean age was 50.7 years (SD ± 12.4) and 54.95% occurred in males with the predominance of brown skin color (75.09%). About education, 34.81% had between five and nine years of study. The proportion of genotypes found were 77.10% for type 1, 1.53% for type 2, 19.84% for type 3, and 1.53% for type 4. Regarding health conditions, a significant association was found between hepatitis C virus (HCV) and HIV coinfection ($p < 0.001$). **CONCLUSION:** The profile found for HCV patients in this study was similar to those available in the literature. It is important to know the frequency of HCV in order to understand its dissemination thus to have subsidies to assure control measures against infection, since hepatitis C is a public health problem.

Keywords: Hepatitis C; *Hepacivirus*; Health Profile; Communicable Diseases.

Correspondência / Correspondence:

Thaysa Johanne Borges Oliveira

Av. Contorno, 3556. Bairro: Jardim Bela Vista – CEP: 74853-120 – Goiânia, Goiás, Brasil – Tel.: +55 (62) 98208-6373

E-mail: thaysaoliveira08@gmail.com

INTRODUÇÃO

A hepatite C é causada por um vírus da família *Flaviviridae*, gênero *Hepacivirus*, que foi descrito por Choo et al.¹ como o principal agente etiológico das hepatites conhecidas como não A, não B (NANB). Esse vírus caracteriza-se por ser uma partícula viral esférica, com tamanho entre 40 e 100 nm de diâmetro; seu material genético é constituído por um RNA de fita simples composto por um envoltório e um nucleocapsídeo icosaédrico^{2,3,4,5}.

A principal via de transmissão do vírus da hepatite C (HCV) é parenteral e, assim, estão sob maior risco usuários de drogas injetáveis (atualmente, considerado o principal fator de risco para aquisição de hepatite), hemofílicos, pacientes em hemodiálise, profissionais de saúde com história de acidente percutâneo e indivíduos que receberam hemotransfusão, sobretudo antes de 1994. Além desses, configuram via de transmissão: compartilhamento de objetos de higiene pessoal, como lâminas de barbear, escovas de dente e instrumentos para pedicure/manicure; procedimentos estéticos e culturais, como tatuagem, *piercing* e acupuntura; e procedimentos odontológicos. A transmissão sexual ocorre em pessoas com múltiplos parceiros, com práticas sexuais desprotegidas e quando há coexistência de infecções sexualmente transmissíveis (IST). O HCV também pode ser transmitido verticalmente, o que está relacionado com a elevada carga viral da mãe, parto prolongado e coinfeção HCV/HIV^{4,6,7,8}.

O HCV é prevalente em todo o mundo e possui uma ampla distribuição geográfica. De acordo com a Organização Mundial de Saúde (OMS), aproximadamente 1% da população mundial está infectada pelo HCV, existindo cerca de 71 milhões de pessoas infectadas cronicamente. Ainda segundo a OMS, estima-se que, em 2015, ocorreram cerca de 400.000 óbitos decorrentes de doenças hepáticas relacionadas com a hepatite C, devido principalmente a complicações como cirrose e carcinoma hepatocelular⁹.

O HCV possui uma grande variedade de genótipos de 1 a 7, com diferentes subtipos, apresentando distribuição mundial de acordo com a população estudada e fatores de transmissão viral envolvidos na infecção. A nível global, o genótipo 1 é o mais comum, com 46,2% de todos os casos de hepatite C, predominando os subtipos 1a e 1b, seguido do genótipo 3, correspondendo a 30,1%. Os genótipos 2, 4 e 6 apresentam prevalência de 9,1%, 8,3% e 5,4%, respectivamente; enquanto que o genótipo 5 corresponde a menos de 1% de todos os casos de hepatite C no mundo. No Brasil, os genótipos 1 e 3 são os mais prevalentes, sendo que de 50 a 70% dos casos de hepatite C são causados pelo tipo 1^{7,8,10,11,12,13}.

No panorama mundial de hepatite C, o país com maior prevalência da infecção é o Egito, com cerca de 15% da população. Nesse caso, a principal razão para essa elevada prevalência pode ser a utilização

de agulhas não esterilizadas nos programas para o tratamento da esquistossomose endêmica. Na África, a maior prevalência ocorre nas Regiões Central, Ocidental e Subsaariana. Nos países da América Latina e Caribe, estima-se que existam entre 7 e 9 milhões de adultos positivos para anti-HCV, enquanto que, nos países da América do Norte, há baixas taxas de prevalência da hepatite C^{12,14,15,16}.

O Brasil é um país de endemicidade intermediária para a infecção de hepatite C, com taxas de prevalência de 1,4 a 2,5%¹⁷. No período de 1999 a 2011, o número total de casos notificados da doença, no Sistema de Informação de Agravos de Notificação (Sinan), foi 82.041 e 75% desses casos foram registrados em indivíduos na faixa etária de 30 a 59 anos, sendo mais prevalente no sexo masculino. A maioria dos casos notificados foi nas Regiões Sudeste (67%) e Sul (22%). Nesse mesmo período, na Região Centro-Oeste, foram notificados 2.737 casos confirmados de hepatite C, o que representa 3,3% dos casos notificados no Brasil, a maioria dos quais no estado de Goiás (43%), seguido pelo Distrito Federal (23,8%) e pelos estados do Mato Grosso do Sul (18,8%) e Mato Grosso (14,4%)¹². Acredita-se que esse número seja subnotificado, pois se estima que, no Brasil, a prevalência de pessoas vivendo com HCV seja de aproximadamente 1.450.000 casos, configurando a hepatite C como um relevante problema de saúde pública¹⁸.

Este estudo teve por objetivo caracterizar o perfil epidemiológico dos casos de hepatite C investigados pelo Núcleo de Vigilância Epidemiológica do Hospital de Doenças Tropicais Dr. Anuar Avad (HDT/HAA) em Goiânia, estado de Goiás, no período de 2012 a 2015.

MATERIAIS E MÉTODOS

Trata-se de um estudo epidemiológico transversal, de abordagem quantitativa, realizado a partir dos casos notificados e confirmados de hepatites virais no período de 2012 a 2015, obtidos do Sinan e que foram investigados pelo Núcleo de Vigilância Epidemiológica do HDT/HAA, um hospital de média e alta complexidade com 130 leitos, sendo referência em assistência especializada em doenças infectocontagiosas e dermatológicas para a população adulta e pediátrica em Goiás.

Para a definição do grupo com hepatite C (grupo 1), foram considerados os casos notificados e confirmados de hepatite C que compreenderam o período de estudo. E para o grupo sem hepatite C (grupo 2), foram considerados os casos notificados e confirmados com classificação etiológica de outros tipos de hepatites virais.

Para a coleta e análise de dados, foi analisada a ficha de notificação de hepatites virais; porém, neste estudo, somente as variáveis sociodemográficas (sexo, faixa etária, raça e escolaridade), genótipos e condições de saúde (coinfeção com HIV e outras IST) foram utilizadas. Os dados foram tabulados no

programa TabWin v3.6 e analisados no Epi Info™ v7.0, para calcular frequência, média e desvio padrão.

Foi realizada a comparação das condições de saúde em relação à coinfeção pelo HIV e outras IST. Para a análise, os 738 casos notificados de hepatites que constavam no banco de dados formaram o grupo 1, com 293 casos, e o grupo 2, com 445 casos. O teste Qui-quadrado foi utilizado para comparar as proporções e verificar se havia uma associação entre portadores de hepatite C e coinfeção pelo HIV e outras IST, tendo sido considerado o nível de significância de $p < 0,05$. Os dados ignorados e/ou em branco não foram considerados para a realização do teste nem para a elaboração do gráfico dos genótipos.

O presente estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do HDT/HAA (certificado de apresentação para apreciação ética nº 51801315.4.0000.0034 e parecer de aprovação nº 1390536, 19 de janeiro de 2016).

RESULTADOS

De acordo com os dados coletados, foram notificados, no período de janeiro de 2012 a dezembro de 2015, 738 casos de hepatites virais, dos quais 293 pertenciam ao grupo 1. Nesse grupo, a média de idade foi de 50,7 anos (DP \pm 12,4), com maior prevalência da faixa etária de 50 a 64 anos (41,98%), do sexo masculino (54,95%), da raça parda (75,09%) e de indivíduos que possuíam de cinco a nove anos de estudo (34,81%) (Tabela 1).

Tabela 1 – Perfil sociodemográfico de 293 casos de hepatite C (grupo 1) notificados em um hospital de doenças infectocontagiosas de Goiânia, estado de Goiás, Brasil, de 2012 a 2015

Variáveis	N	%
Média de idade	50,7 (43–81)	DP \pm 12,4
Faixa etária (anos)		
< 4	3	1,02
15–19	4	1,37
20–34	32	10,92
35–49	109	37,20
50–64	123	41,98
>65	22	7,51
Sexo		
Feminino	132	45,05
Masculino	161	54,95
Escolaridade (anos de estudo)		
0	5	1,71
<4	20	6,82
5–9	102	34,81
10–12	86	29,35
>12	29	9,90
Ignorado	51	17,41
Raça		
Branca	41	13,99
Preta	11	3,75
Amarela	1	0,34
Parda	220	75,09
Indígena	1	0,34
Ignorado	19	6,49

Fonte: Sinan, 2016.

DP: Desvio padrão.

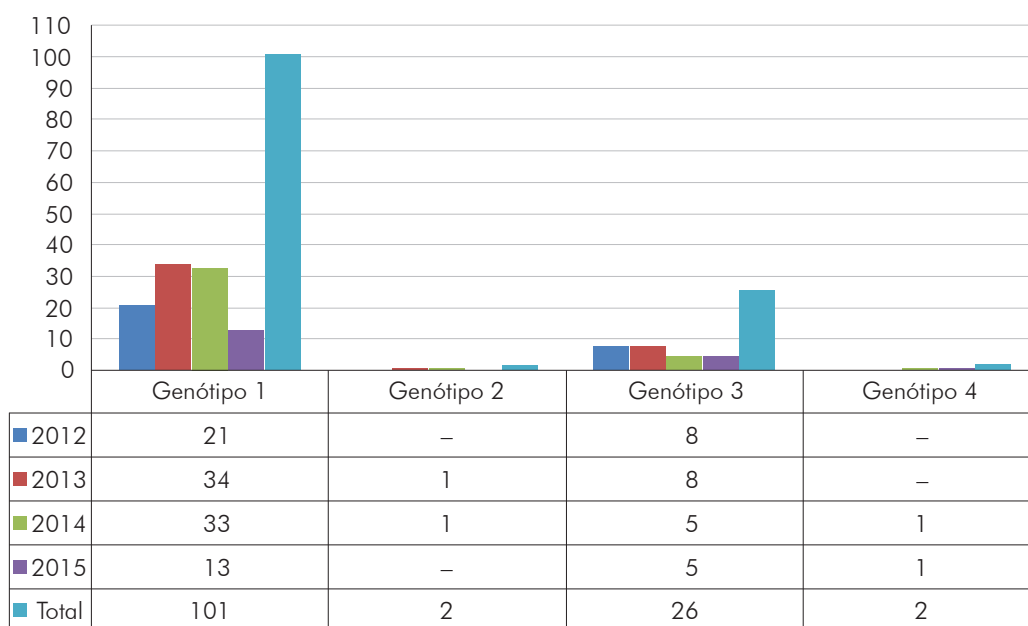
Em relação aos genótipos, o total de casos ignorados/brancos foi 162 (55,29%). Por conseguinte, a proporção dos genótipos dos 131 casos informados foi de 101 casos (77,10%) para o tipo 1, dois casos (1,53%) para o tipo 2, 26 casos (19,84%) para o tipo 3 e dois casos (1,53%) para o tipo 4 (Figura 1).

Na análise entre as condições de saúde e agravos associados (Tabela 2), dos 266 casos de portadores de HCV, 30 mostraram positividade para HIV, que resultou em uma frequência de 11,27% de coinfeção; assim, verificou-se uma associação significativa da presença de coinfeção com HIV e portadores de HCV ($p < 0,001$). No que diz respeito

à presença de IST, não foi observada associação significativa com portadores de HCV ($p = 0,11$).

DISCUSSÃO

A predominância de casos notificados na faixa etária de 50 a 64 anos (41,98%) e a média de idade de 50,7 anos, observadas neste estudo, corroboram os resultados dos estudos de Mello et al.¹⁹, realizado em um hospital filantrópico da Região Sul do Brasil, no qual a faixa mais acometida foi de 50 a 60 anos, e de Oliveira et al.²⁰, realizado em uma unidade de referência regional no estado de Minas Gerais, onde a predominância foi da faixa de 50 a 59 anos. É válido destacar que a média de idade dos casos de hepatite C no Brasil, para ambos os sexos, é de 46,3 anos¹⁸.



Fonte: Sinan, 2016.

Sinal convencional utilizado: – Dado numérico igual a zero, não resultante de arredondamento.

Figura 1 – Distribuição dos genótipos, segundo o ano de notificação, dos 131 casos de hepatite C notificados em um hospital de doenças infectocontagiosas de Goiânia, estado de Goiás, Brasil, de 2012 a 2015

Tabela 2 – Condições de saúde, segundo relato de agravos associados, dos casos de hepatites virais notificados em um hospital de doenças infectocontagiosas de Goiânia, estado de Goiás, Brasil, de 2012 a 2015

Variáveis	Grupo 1 (N = 293)		Grupo 2 (N = 445)		p valor*
	N	%	N	%	
HIV					
Sim	30	4,06	121	16,40	
Não	236	31,98	289	39,16	< 0,001
Ignorados	27	3,66	35	4,74	
Outras IST					
Sim	5	0,68	17	2,30	
Não	249	33,74	378	51,22	0,11
Ignorados	39	5,28	50	6,78	

Fonte: Sinan, 2016.

%: Calculado pelo total de casos de hepatites virais (738); * Os dados ignorados não foram considerados para o cálculo do p valor.

É importante salientar, que a hepatite C é uma infecção latente e muitas vezes silenciosa, com apresentação do quadro clínico tardio e, provavelmente por isso, a maior prevalência dos casos esteja em indivíduos com idade superior a 50 anos, sugerindo infecção em passado distante^{5,21}.

O fato da média de idade dos portadores de hepatite C deste estudo estar acima da média nacional pode ser devido à dificuldade de acesso aos serviços de saúde ou à falta de tecnologia eficaz para o diagnóstico da infecção na rede assistencial.

Em relação à variável sexo, foi observada maior frequência da infecção por hepatite C no sexo masculino (54,95%), fato evidenciado por outros estudos^{8,20}. De acordo com Gomes et al.²², ao analisarem a vulnerabilidade da população para a hepatite C, a partir do perfil dos portadores do vírus, constataram que os homens têm mais atitudes que os deixam mais expostos ao vírus como, por exemplo, uso de drogas injetáveis ou inaláveis, consumo de álcool e a prática de relações sexuais sem uso de preservativo.

Em relação à raça, observou-se que 75,09% eram pardos, dado que diverge do encontrado por Cruz et al.²³, cuja maioria era branca (84%), e por Alves et al.²⁴, que encontraram 42% pardos, 32,1% brancos e 12,5% negros. O predomínio de pardos no estudo em questão é, provavelmente, devido à maioria da população goiana declarar-se como parda, conforme referido no último censo²⁵.

Quanto ao nível de escolaridade, verificou-se que 34,81% possuíam de 5 a 9 anos de estudo e 29,35%, de 10 a 12 anos. Moia et al.²⁶ detectaram que 50% dos indivíduos apresentava cerca de 13 anos de estudo, inferindo que o nível de escolaridade, considerado regular, não foi protetor no sentido de evitar a infecção pelo HCV ou de favorecer a aquisição de informações que a evitasse; portanto, outras variáveis teriam influenciado na aquisição do vírus.

Com relação aos genótipos, o tipo 1 foi o mais frequente, com 77,10%, seguido do genótipo 3, com 19,84%. Essa frequência já foi encontrada em diversos locais do País, como demonstrado pelos estudos de Araújo et al.²¹, em Manaus, estado do Amazonas; de Alvarado-Mora et al.²⁷, no estado do Pernambuco; de Oliveira et al.²⁰, no interior do estado de Minas Gerais; e de Paraboni et al.⁸, em cidades do interior do Sul do Brasil.

Os genótipos do HCV apresentam distribuição geográfica distinta. Assim, Messina et al.¹¹ verificaram que o genótipo 1 é o responsável pela maioria dos casos de HCV (83,4 milhões – 46,2%), comum em 85 dos 117 países analisados, sendo mais de um terço dos casos oriundos do Leste Asiático. O genótipo 3 é o segundo mais prevalente (54,3 milhões – 30,1%), ocorrendo principalmente no Sul da Ásia. Nesse estudo, também foi observado que o genótipo 2 é dominante na África Ocidental; o genótipo 4, na África Central e do Norte; o genótipo 5, na África do Sul; e o genótipo 6, no sudeste da Ásia.

De acordo com Petruzzello et al.²⁸, os países da América Latina apresentam prevalência estimada de 1,4% HCV, com taxa virêmica de hepatite C de 76,4%. O genótipo mais representativo é o tipo 1 (74,3%), seguido do 3 (14,2%) e do 2 (10,4%), havendo baixa soroprevalência de casos pelos genótipos 4 e 5. Não há relatos de HCV pelo tipo 6.

A distribuição global do genótipo 1 pode estar relacionada à disseminação internacional de sangue e de produtos sanguíneos contaminados (transfusão sanguínea), muito comum antes da descoberta do HCV em 1989²⁹. A alta circulação do genótipo 3 possivelmente está relacionada à associação do subtipo 3a e ao uso de drogas injetáveis³⁰.

No presente estudo, os genótipos 2 e 4 apresentaram frequências de 1,53% cada. Essa baixa proporção também foi relatada em outros estudos^{11,27}. Entretanto, essa frequência está abaixo da encontrada nos estudos de Oliveira et al.²⁰ e de Paraboni et al.⁸.

No Brasil, a prevalência da coinfeção por HIV/HCV varia de 3,3 a 82,4%³¹. Neste estudo, observou-se uma frequência de 11,27%. Essa proporção é maior do que a encontrada nos estudos de Brandão et al.³², em Goiânia, que mostrou uma prevalência de 9,7%, e de Freitas et al.³³, no Mato Grosso do Sul, cuja taxa foi de 6,9%, ambos na Região Centro-Oeste do Brasil. É sabido que o HIV altera a história natural do HCV e acelera a progressão da doença hepática, levando ao aumento das taxas de morbidade e mortalidade³⁴.

Alguns estudos demonstraram que a presença da coinfeção por HCV/HIV poderia ser explicada pela semelhante forma de transmissão dos dois vírus, sobretudo em pessoas que receberam transfusão de sangue antes de 1994, em usuários de drogas injetáveis, em indivíduos que fizeram tatuagem antes do diagnóstico e nos que praticam relação sexual desprotegida^{26,33}.

No protocolo terapêutico preconizado pelo Ministério da Saúde⁷, é obrigatório a genotipagem dos pacientes portadores de HCV antes do início do tratamento; porém, verificou-se neste estudo que, para 55% dos pacientes, não havia registro do genótipo. Isso supostamente se deve à demora na realização do exame ou ao não retorno do paciente à unidade de saúde até o prazo de conclusão da investigação.

É pertinente ressaltar que o Sinan consiste de um sistema passivo e que convive com subnotificações e incompletude de dados. Por conseguinte, os resultados devem ser avaliados com cautela, pois o viés de seleção da amostra não é representativo da população geral e levanta a questão da importância da qualidade dos dados do sistema de informação e dos desafios para a vigilância em saúde.

O Brasil é um país com dimensões continentais e, por isso, apresenta variabilidade na distribuição do HCV em suas diferentes regiões, o que torna essencial o conhecimento da frequência e da distribuição desse vírus, a fim de subsidiar a implementação

de medidas de controle e, assim, combater a infecção. Dessa forma, ressalta-se a importância do preenchimento correto e da completude dos campos da ficha de notificação no momento da investigação epidemiológica, uma vez que a vigilância epidemiológica é uma ferramenta imprescindível para o entendimento da dinâmica de epidemias por HCV.

CONCLUSÃO

O perfil epidemiológico e a frequência dos genótipos encontrados para os portadores de HCV, em um hospital de referência em doenças infectocontagiosas de Goiás, são semelhantes aos relatados no mundo. Os resultados do presente estudo

também mostram que há uma associação significativa de infecção por HIV nesses portadores.

CONFLITOS DE INTERESSE

Os autores declaram não haver conflitos de interesse em relação à pesquisa.

CONTRIBUIÇÃO DOS AUTORES

Todos os autores contribuíram com a idealização do estudo, a análise e a interpretação dos dados e com a redação do manuscrito, aprovando a versão final publicada. Declaram-se responsáveis pelo conteúdo integral do artigo, garantindo sua precisão e integridade.



REFERÊNCIAS

- 1 Choo QL, Kuo G, Weiner AJ, Overby LR, Bradley DW, Houghton M. Isolation of a cDNA clone derived from a blood-borne non-A, non-B viral hepatitis genome. *Science*. 1989 Apr;244(4902):359-62.
- 2 Suzuki T, Aizaki H, Murakami K, Shoji I, Wakita T. Molecular biology of hepatitis C virus. *J Gastroenterol*. 2007 Jun;42(6):411-23.
- 3 Ashfaq UA, Javed T, Rehman S, Nawaz Z, Riazuddin S. An overview of HCV molecular biology, replication and immune responses. *Virology*. 2011 Apr;8:161.
- 4 Silva AL, Vitorino RR, Esperidião-Antonio V, Santos ET, Santana LA, Henriques BD, et al. Hepatites virais: B, C e D: atualização. *Rev Bras Clin Med*. 2012 mai-jun;10(3):206-18.
- 5 Catanese MT, Uryu K, Kopp M, Edwards TJ, Andrus L, Rice WJ, et al. Ultrastructural analysis of hepatitis C virus particles. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2013 Jun;110(23):9505-10.
- 6 Martins T, Narciso-Schiavon JL, Schiavon LL. Epidemiologia da infecção pelo vírus da hepatite C. *Rev Assoc Med Bras*. 2011 jan-fev;57(1):107-12.
- 7 Ministério da Saúde (BR). Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de DST, Aids e Hepatites Virais. Protocolo clínico e diretrizes terapêuticas para Hepatite C e coinfeções. Brasília: Ministério da Saúde; 2015. 98 p.
- 8 Paraboni MLR, Sbeghen MD, Wolff FH, Moreira LB. Risk factors for infection with different hepatitis C virus genotypes in southern Brazil. *Sci World J*. 2012;2012:946954.
- 9 World Health Organization. Global hepatitis report, 2017 [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2017 [cited 2017 Ago 16]. Available from: <http://www.who.int/hepatitis/publications/global-hepatitis-report2017/en/>.
- 10 Lacombe K, Rockstroh J. HIV and viral hepatitis coinfections: advances and challenges. *Gut*. 2012 May;61 Suppl 1:i47-58.
- 11 Messina JP, Humphreys I, Flaxman A, Brown A, Cooke GS, Pybus OG, et al. Global distribution and prevalence of hepatitis C virus genotypes. *Hepatology*. 2015 Jan;61(1):77-87.
- 12 Ministério da Saúde (BR). Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de DST, Aids e Hepatites Virais. Hepatites virais. *Bol Epidemiol*. 2012;3(1):1-172.
- 13 Murphy DG, Willems B, Deschênes M, Hilzenrat N, Mousseau R, Sabbah S. Use of sequence analysis of the NS5B region for routine genotyping of hepatitis C virus with reference to C/E1 and 5' untranslated region sequences. *J Clin Microbiol*. 2007 Apr;45(4):1102-12.
- 14 Te HS, Jensen DM. Epidemiology of hepatitis B and C viruses: a global overview. *Clin Liver Dis*. 2010 Feb;14(1):1-21.
- 15 Kershenobich D, Razavi HA, Sánchez-Avila JF, Bessone F, Coelho HS, Dagher L, et al. Trends and projections of hepatitis C virus epidemiology in Latin America. *Liver Int*. 2011 Jul;31 Suppl 2: S18-29.
- 16 Sievert W, Altraif I, Razavi HA, Abdo A, Ahmed EA, AlOmair A, et al. A systematic review of hepatitis C virus epidemiology in Asia, Australia and Egypt. *Liver Int*. 2011 Jul;31 Suppl 2:S61-80.
- 17 Kretzer IF, Livramento A, Cunha J, Gonçalves S, Tosin I, Spada C, et al. Hepatitis C worldwide and in Brazil: silent epidemic – data on disease including incidence, transmission, prevention, and treatment. *Sci World J*. 2014 Jun;2014:827849.
- 18 Ministério da Saúde (BR). Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância, Prevenção e Controle das DST, Aids e Hepatites virais. Hepatites virais. *Bol Epidemiol*. 2016;5(1):1-67.

- 19 Mello JC, Motta TP, Santos MC. Perfil epidemiológico de portadores de hepatite C do Núcleo Hospitalar Epidemiológico do sul do Brasil. *Ens Cienc.* 2011;15(3):55-64.
- 20 Oliveira JM, Maia MAC, Silva JP, Queiroz CA, Fortuna CM, Andrade RD. Perfil epidemiológico de portadores de hepatite C: estudo descritivo em unidade de referência regional. *Rev Pesqui Cuid Fundam (Online)*. 2015 out-dez;7(4):3454-66.
- 21 Araújo AR, Almeida CM, Fraporti L, Garcia N, Lima TA, Maia LPV, et al. Caracterização do vírus da hepatite C em pacientes com hepatite crônica: genótipos no Estado do Amazonas, Brasil. *Rev Soc Bras Med Trop.* 2011 set-out;44(5):638-40.
- 22 Gomes DT, Tocantins FR, Souza FBA. Perfil de portadores de hepatite C e a vulnerabilidade da população: potencialidades para a enfermagem. *Rev Pesqui Cuid Fundam (Online)*. 2010 out-dez;2(supl):512-5.
- 23 Cruz CRB, Shirassu MM, Martins WP. Comparação do perfil epidemiológico das hepatites B e C em um serviço público de São Paulo. *Arq Gastroenterol.* 2009 jul-set;46(3):225-9.
- 24 Alves MR, Silva DM, Souza TO, Oliveira YNS, Nery AA, Casotti CA. Perfil epidemiológico dos casos de hepatite C em uma diretoria regional de saúde da Bahia. *Rev Pesqui Cuid Fundam (Online)*. 2014 jul-set;6(3):889-96.
- 25 Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. *Cidades@: Goiás* [Internet]. Rio de Janeiro: IBGE; 2017 [citado 2017 jun 8]. Disponível em: <http://cidades.ibge.gov.br/xtras/uf.php?lang=&coduf=52&search=goias>.
- 26 Moia LJMP, Amaral ISA, Farias AJL, Silva MMA. Infecção pelo vírus da hepatite C em hospital de referência na Amazônia brasileira. *Rev Para Med.* 2014 jul-set;28(3):19-25.
- 27 Alvarado-Mora MV, Moura IM, Botelho-Lima LS, Azevedo RS, Lopes E, Carrilho FJ, et al. Distribution and molecular characterization of hepatitis C virus (HCV) genotypes in patients with chronic infection from Pernambuco State, Brazil. *Virus Res.* 2012 Oct;169(1):8-12.
- 28 Petruzzello A, Marigliano S, Loquercio G, Cozzolino A, Cacciapuoti C. Global epidemiology of hepatitis C virus infection: an up-date of the distribution and circulation of hepatitis C virus genotypes. *World J Gastroenterol.* 2016 Sep;22(34):7824-40.
- 29 Magiorkinis G, Magiorkinis E, Paraskevis D, Ho SYW, Shapiro B, Pybus OG, et al. The global spread of hepatitis C virus 1a and 1b: a phylodynamic and phylogeographic analysis. *PLoS Med.* 2009 Dec;6(12):e1000198.
- 30 Morice Y, Cantaloube JF, Beaucourt S, Barbotte L, Gendt S, Goncales FL, et al. Molecular epidemiology of hepatitis C virus subtype 3a in injecting drug users. *J Med Virol.* 2006 Oct;78(10):1296-303.
- 31 Kuehlkamp VM, Schuelter-Trevisol F. Prevalence of human immunodeficiency virus/hepatitis C virus co-infection in Brazil and associated factors: a review. *Braz J Infect Dis.* 2013 Jul-Aug;17(4):455-63.
- 32 Brandão NAA, Pfrimer IAH, Martelli CMT, Turchi MD. Prevalence of hepatitis B and C infection and associated factors in people living with HIV in Midwestern Brazil. *Braz J Infect Dis.* 2015 Jul-Aug;19(4):426-30.
- 33 Freitas SZ, Teles SA, Lorenzo PC, Puga MAM, Tanaka TSO, Thomaz DY, et al. HIV and HCV coinfection: prevalence, associated factors and genotype characterization in the Midwest Region of Brazil. *Rev Inst Med Trop S Paulo.* 2014 Nov-Dec;56(6):517-24.
- 34 Grebely J, Oser M, Taylor LE, Dore GJ. Breaking down the barriers to hepatitis C virus (HCV) treatment among individuals with HCV/HIV coinfection: action required at the system, provider, and patient levels. *J Infect Dis.* 2013 Mar;207 Suppl 1:S19-25.

Recebido em / Received: 20/2/2017
Aceito em / Accepted: 17/9/2017

Como citar este artigo / How to cite this article:

Oliveira TJB, Reis LAP, Barreto LSLO, Gomes JG, Manrique EJC. Perfil epidemiológico dos casos de hepatite C em um hospital de referência em doenças infectocontagiosas no estado de Goiás, Brasil. *Rev Pan-Amaz Saude.* 2018 jan-mar;9(1):51-7. Doi: <http://dx.doi.org/10.5123/S2176-62232018000100007>