

Análise dos genes VP7 e VP4 de rotavírus tipo G9 de crianças com gastroenterite aguda na região Norte do Brasil

**Sylvia de F. dos S. Guerra¹; Luana da S. Soares²; Patrícia dos S. Lobo²;
Alessilva S. L. de Oliveira¹; Fabiola S. Santos³; Alexandre C. Linhares²;
Joana D. P. Mascarenhas²**

¹Programa de Pós-Graduação em Doenças Tropicais. Universidade Federal do Pará (UFPA), Av. Generalíssimo Deodoro, n° 92, Umarizal, 66055-240, Belém, PA, Brasil Email: sylvia guerra@iec.pa.gov.br ²Instituto Evandro Chagas/ SVS / MS, Rodovia BR-316 km 7 s/n - Levilândia - 67030-000 - Ananindeua / Pará / Brasil. ³Programa de Pós-Graduação em Biologia Parasitária na Amazônia, Universidade do Estado do Pará, Av. Alm. Barroso, 1920 - Marco, 66095-000, Belém - PA, Brasil

O rotavírus (RV) ocasiona cerca de 200.000 óbitos por diarreia aguda ao ano entre crianças menores de cinco anos de idade. Os RV são formados por ácido ribonucléico de dupla cadeia, de natureza segmentada, o qual codifica 6 proteínas estruturais e 6, não-estruturais. As proteínas estruturais VP7 e VP4 formam o capsídeo externo, estão envolvidas na indução da resposta imune e definem os genótipos G e P, respectivamente. O genótipo G9 é considerado um dos mais detectados, em combinação com diferentes tipos P, em especial P[4], P[6] e P[8]. Apesar de as vacinas vigentes não contemplarem este genótipo em sua composição, as mesmas conferem proteção heteróloga às infecções por RV, aí se incluindo o G9. O presente estudo objetivou identificar a variabilidade genética das proteínas VP7 e VP4 de RV G9P[8] na região Norte do Brasil, de 1999 a 2013. Foi realizada a extração viral a partir da suspensão fecal de 50 amostras posteriormente submetidas à amplificação genômica e ao sequenciamento genético. A análise filogenética do gene VP7 demonstrou que todas as amostras agruparam na linhagem III de G9, com similaridades nucleotídicas variando de 96,1% a 100%, observando-se modificações aminoacídicas nos sítios antigênicos 7-1a, 7-1b, 7-2, quando comparadas às regiões antigênicas das cepas vacinais. Com relação ao gene VP4, os espécimes agruparam na linhagem III de P[8] com similaridades de 95,8% a 100%, sendo esta a linhagem mais disseminada em escala global. Apesar de terem sido detectadas as mesmas linhagens circulantes no período antes e após a implantação da vacina, observaram-se modificações em regiões antigênicas relevantes, daí decorrendo a necessidade de contínua monitorização das variantes genéticas circulantes de RV, dadas as implicações em potencial quanto às estratégias vacinais.

Palavras-chave: Rotavirus, Genótipo G9, Análise molecular.

Apoio: Instituto Evandro Chagas, CNPq.