

OTRII. ROTAVÍRUS A GENÓTIPO G26P[19] EM CRIANÇA HOSPITALIZADA COM GASTROENTERITE AGUDA: SEGUNDA DESCRIÇÃO MUNDIAL E CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA COMPLETA.

Mariela Martinez Gomez¹; Alexandre Madi Fialho¹; Rosane Maria Santos de Assis¹; Eduardo de Mello Volotão¹; Christian Sagave Mazzoco¹; Juliana da Silva Ribeiro de Andrade¹; Sergio da Silva e Mouta Junior¹; Myrna Santos Rocha²; José Paulo Gagliardi Leite¹.

¹ Laboratório de Virologia Comparada e Ambiental, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz;

² Hospital Municipal Jesus, Rio de Janeiro, Brasil.

INTRODUÇÃO Em 2006, a Organização Pan Americana da Saúde declarou que a introdução de uma vacina para rotavírus A (RVA) era prioridade nas Américas com a meta de prevenir as mortes e hospitalizações causadas por este vírus. Atualmente, 80 países já incorporaram uma das duas vacinas disponíveis (Rotarix® - RV1, RotaTeq®- RV5) em seus Programas de Imunizações, sendo que o Brasil introduziu a RV1 em março de 2006. Após a introdução da RV1 no Brasil observou-se uma importante redução de hospitalizações e mortalidade relacionadas às doenças diarreicas agudas (DDA); assim como flutuação temporal e geográfica dos genótipos de RVA. Diferentes fatores podem influenciar a flutuação de genótipos de RVA: a) introdução de vacinas; b) fluxo contínuo migratório de pessoas no mundo; c) emergência de variantes virais; d) diversidade genética dos diferentes genótipos; e) transmissão entre espécies; f) dose infectante e resistência do vírus no ambiente; g) fatores relacionados ao hospedeiro; g) mecanismos genéticos de evolução viral, entre outros. Eventualmente, novas variantes genéticas e antigênicas dos vírus circulantes poderão surgir, assim como algumas variantes poderão não ser mais detectadas na população.

OBJETIVO Realizar a caracterização molecular dos 11 genes (constelação gênica) de RVA genótipo G26P[19] detectado em amostra fecal de uma criança hospitalizada com DDA na cidade do Rio de Janeiro em 2015.

METODOLOGIA Os ácidos nucleicos foram extraídos pela metodologia descrita por Boom *et al.* (1990). A amplificação dos 11 genes virais foi realizada utilizando-se iniciadores consensuais e Kit OneStepRT-PCR® (Qiagen®). Para obtenção da

constelação gênica foi realizado *primer walking*. As sequências foram obtidas através da plataforma de sequenciamento PDTIS (Fiocruz), editadas e analisadas usando os programas: Bioedit v.7.2.3. O genótipo viral foi definido comparando-se as sequências obtidas com aquelas disponíveis no NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>) e o site RotaC (<http://rotac.regatools.be/>).

RESULTADOS A análise dos 11 genes virais VP7-VP8-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5-VP1-VP2-VP3-VP6 revelou a seguinte constelação gênica: G26-P19-A8-N1-T1-E1-H1-R1-C1-M1-I5. Observou-se que o gene que codifica para a proteína NSP5 apresentou uma duplicação de 280 nucleotídeos no final da sequência do gene.

CONCLUSÃO A circulação do genótipo G26P[19] na população humana foi descrita pela primeira vez em 2014, em crianças com DDA no Vietnã, sendo este genótipo definido como um *reassortment* humano-suíno. Este é o segundo relato deste genótipo e de sua constelação gênica no mundo. Estudos adicionais são necessários para esclarecer se este genótipo representa um caso isolado ou se o mesmo está circulando na população brasileira.

PALAVRAS-CHAVE rotavirus, G26P19, duplicação gênica.