

VARIABILIDADE GENÉTICA DE CEPAS DE VÍRUS SINCICIAL RESPIRATÓRIO OBTIDOS DE INFECÇÕES COMUNITÁRIAS E HOSPITALARES EM CRIANÇAS ATENDIDAS NO HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

Roberta Flôres Silva, Caroline Beck, Fernanda de Paris, Alice Beatriz Mombach Pinheiro Machado, Rodrigo Minuto Paiva, Denise da Silva Menezes, Luciana de Souza Nunes, Marcia Rosane Pires, Rodrigo Pires dos Santos, Ricardo de Souza Kuchenbecker, Afonso Luis Barth

Introdução: O vírus sincicial respiratório (VSR) é o agente viral mais comum em crianças com infecção aguda do trato respiratório. Frequentemente este vírus provoca surtos nosocomiais em enfermarias pediátricas e em unidades de terapia intensiva. A variabilidade entre as cepas de VSR é uma das características que pode contribuir para a capacidade do vírus em infectar as pessoas repetidamente e causar surtos anuais. Objetivo: Investigar a variabilidade genética do gene da proteína de attachment (proteína G) de isolados de VSR obtidos de infecções classificadas como comunitárias e hospitalares. Materiais e Métodos: 63 amostras (21 infecções hospitalares e 42 infecções comunitárias) de aspirados de nasofaringe positivos para VSR foram analisadas. Estes isolados foram obtidos de crianças atendidas durante maio a julho de 2010. As amostras foram diferenciadas em VSRA ou VSRB por reação da polimerase em cadeia em tempo real após transcrição reversa. Para genotipagem foi realizado o sequenciamento da segunda região variável do gene da proteína G (genotipagem). As sequências obtidas foram comparadas a sequências previamente publicadas com diferentes origens (Europa, China, Estados Unidos, África, Argentina, Montevideú e Brasil) obtidas no Genbank. Resultados e Conclusões: Foi observada co-circulação VSRA (43 isolados) e VSRB (20 isolados), com predomínio do VSRA em ambos os grupos de pacientes estudados. Os isolados de VSRA foram similares entre si, independente de sua origem (comunitária ou hospitalar), porém não demonstraram similaridade com os genótipos já descritos. Já os isolados de VSRB de origem hospitalar foram agrupados e são distintos dos VSRB comunitários. Todos os genótipos de VSRB analisados são similares aos genótipos descritos com circulação em Buenos Aires.