



**20°** CONGRESSO  
BRASILEIRO DE  
**Infectologia  
Pediátrica**  
DE 14 A 17 DE NOVEMBRO • SALVADOR/BA

## Trabalhos Científicos

**Título:** Diversidade Genética E Perfil De Resistência Das Cepas Do Vírus Respiratório Sincicial Humano Isoladas Em Casos De Síndrome Respiratória Aguda Grave Em Pacientes Pediátricos Na Cidade De Belém, Pará

**Autores:** Daniela Pereira Lopes; Wanderley Dias das Chagas Junior; Vinicius Maia dos Santos; Jessylene de Almeida Ferreira; Luana Soares Barbagelata; Edna Maria Acunã de Souza; Maryelle dos Santos Gonçalves; Rita Medeiros Sousa; Mirleide Cordeiro dos Santos; Wyller Alencar de Mello

**Resumo:** O vírus respiratório sincicial humano (HRSV) é um dos principais patógenos associados às infecções do trato respiratório, sobretudo em crianças menores de cinco anos de idade, sendo considerado o principal agente desencadeador de quadros de bronquiolite contribuindo para a elevação das taxas de morbidade e mortalidade infantil. Nesse sentido, muitas das estratégias profiláticas e terapêuticas têm incidido sobre a geração de anticorpos neutralizantes com o objetivo de bloquear a fusão e a entrada do vírus nas células hospedeiras. Portanto, este estudo busca avaliar a diversidade genética e perfil de resistência do HRSV através da descrição dos seus subgrupos e genótipos, assim como, a identificação de eventuais substituições aminoacídicas na glicoproteína F relacionadas à possível resistência ao anticorpo monoclonal Palivizumab®. Foram processados 547 espécimes clínicos (swab combinado ou aspirado de nasofaringe) colhidos de pacientes de ambos os sexos, em diferentes faixas etárias, com síndrome respiratória aguda grave, atendidos em unidades de saúde da cidade de Belém, no ano de 2016. O RNA viral foi extraído a partir de kit comercial e posteriormente foi submetido à amplificação por Reação em Cadeia Mediada pela Polimerase em tempo real precedida por transcrição reversa (RT-qPCR), subsequentemente, para as amostras positivas, foi realizada a detecção dos subgrupos do HRSV também por RT-qPCR. A técnica de RT-PCR, purificação, sequenciamento e análise filogenética para a identificação dos genótipos e perfil de resistência. Do total de 547 amostras analisadas, 38 (6,94%) foram positivas para o HRSV e todas são oriundas de pacientes entre 0 a 3 anos de idade. Destas, 34 (89,5%) pertencem ao subgrupo B e quatro (10,5%) ao subgrupo A. Em relação aos genótipos ocorreu a predominância do genótipo BA9 (subgrupo B). Nenhuma cepa analisada carregava mutações associadas à resistência ao Palivizumab. Entretanto, a maioria das cepas de HRSV-A apresentaram a substituição aminoacídica N276S presente na proteína F, no sítio de ligação do Palivizumab®, que está associada ao aumento da capacidade de propagação do HRSV. Por fim, os dados obtidos no presente estudo têm grande importância na avaliação do perfil de circulação do HRSV, sobretudo, na faixa etária infantil, demonstrando a circulação do genótipo BA e que as cepas do subgrupo A apresentam substituições aminoacídicas, possivelmente associadas ao escape da resposta imune.