



Trabalhos Científicos

Título: Dinâmica Temporal Dos Genótipos De Norovírus Em Crianças Com Gastroenterite Aguda Em 5 Países Populosos: Uma Análise De 10 Anos.

Autores: HIRAM MENEZES (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); CARLOS OLIVEIRA (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); JULIANNE DE SANTANA (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); ISABEL LOPES (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); MAÍRA FARO (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); MARCELO PAES (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); PABLO LIMA (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); VITÓRIA SANTOS (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); VICTOR SANTOS (PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS DA SAÚDE DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE); RICARDO GURGEL (DEPARTAMENTO DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE)

Resumo: Introdução: Norovírus (NoV) é o principal agente etiológico nos surtos de gastroenterite aguda na população pediátrica. Em virtude da estabilidade no ambiente e poder de mutação, NoV altera o genótipo predominante em uma mesma região ao longo do tempo. Objetivo: Identificar os genótipos e variantes de NoV mais prevalentes nos casos de gastroenterite aguda em 5 países populosos ao longo de 10 anos. Método: Revisão Sistemática nas plataformas SCOPUS, MEDLINE e LILACS dos estudos que envolveram crianças menores de 12 anos com gastroenterite aguda e reportaram infecção por NoV e respectivos genótipos conduzidos durante o período de 2006 a 2015. Resultados: Foram identificados os genótipos de NoV mais prevalentes em crianças menores de 12 anos segundo os períodos de 2006 a 2008, 2009 a 2011 e 2012 a 2015. China 2006-2008 [GII.4 2006b (81,4%)], 2009-2011 [GII.4 (58,4%)], 2012-2015 [GII.4 Sydney (73,4%)]; Brasil GII.4 (73,6%), GII.4 (75,4%), GII.4 (80,4%); Índia GII.4 Osaka (57,2%), GII.4 New Orleans (40,0%), GII.4 Sydney (45,5%); Rússia GII.4 2006b (78,8%), GII.3 (68,7%), GII.3 (52,6%); Japão GII.6 (20,7%), GII.4 Den Haag (37,5%), GII.4 (34,7%). Conclusão: NoV apresenta grande variedade de genótipos e variantes circulando entre crianças com gastroenterite aguda em diferentes países. Os genótipos mais prevalentes costumam se alterar ao longo dos anos no mesmo local, evento observado na China, Índia, Rússia e Japão. Nenhum genótipo foi predominante simultaneamente nos 5 países. China e Índia registraram a variante GII.4 Sydney como mais prevalente na temporada de 2012 a 2015. Identificar a dinâmica de substituição dos genótipos por nacionalidade auxilia na abordagem precisa para o controle da doença por NoV.