

Título: EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR DE ROTAVIRUS DETECTADO EM CRIANÇAS MENORES DE 5 ANOS DE IDADE COM DIARREIA AGUDA ANTES DA INTRODUÇÃO DA VACINA EM MOÇAMBIQUE, 2012-2015

Autores: Eva JOÃO^{1, 4*}, Jorfélia CHILAÚLE¹, Assa CUAMBA³, Ezequias SITOE¹, Jerónimo LANGA¹, Marta CASSOCERA¹, Leopoldina LUÍS², Esperança GUIMARÃES¹, Júlia SAMBO¹, Sozinho ACÁCIO², Inácio MANDOMANDO^{1, 2}, Orvalho AUGUSTO³, Idalécia COSSA-MOIANE¹, Isabel MAURÍCIO⁴ & Nilsa de DEUS¹

*Email para correspondência: evadora1@hotmail.com

Afiliações: ¹Instituto Nacional de Saúde, Maputo, Mozambique; ²Centro de Investigação em Saúde de Manhiça (CISM), Manhiça, Moçambique; ³Faculdade de Medicina, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Moçambique; ⁴Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal.

Introdução

Rotavirus do grupo A (RVA) é a principal causa de gastroenterite aguda (GEA) em crianças em todo o mundo. A vacina contra o rotavirus (Rotarix®, GlaxoSmithKline), foi introduzida em Moçambique em Setembro de 2015 no Programa Alargado de Vacinação.

Objectivos

Determinar os genótipos de rotavirus G (VP7) e P (VP4) circulantes entre os anos 2012 a 2015 em Moçambique.

Metódos

Para a presente análise, foram incluídas amostras de fezes de crianças menores de 5 anos de idade hospitalizadas com GEA, recolhidas num estudo transversal de epidemiologia de rotavirus e na Vigilância Nacional de Diarreias Agudas (ViNaDiA). As mesmas foram previamente testadas a RVA com o kit ELISA ProSpect™ Rotavirus (Oxoid, UK). As amostras do estudo foram recolhidas entre os anos 2012 e 2013 em Maputo (Hospital Geral de Mavalane e Hospital Distrital de Manhiça, e as amostras da ViNaDiA entre os anos 2014 e 2015 em Maputo (Hospital Geral de Mavalane e José Macamo), Nampula (Hospital Central de Nampula), Quelimane (Hospital Provincial de Quelimane) e Beira (Hospital Central da Beira).

No estudo transversal de epidemiologia de rotavirus, a frequência de rotavirus foi de 42.4% (163/384) e na ViNaDia foi de 41.8% (256/613). No total, 359 amostras positivas a RVA (157 do estudo transversal e 202 da ViNaDia) foram tipificadas por RT-PCR multiplex.

Resultados

De 359 amostras, 71.3% (256/359) foi possível tipificar para G e P, 6.1% (22/359) foram tipificadas parcialmente para G, 13.4% (48/359) para P e 8.9% (32/359) não foi possível tipificar. A distribuição das estirpes circulantes ao longo do período em análise mostrou que a combinação mais prevalente em 2012 foi G12P[6], 35.2% (32/91) e foram detectados em menor frequência genótipos como G12P[8] e G8P[4] com 5.5% (5/91) cada. Em 2013, o genótipo mais prevalente foi G2P[4], 57.6% (38/66), enquanto que em 2014 o genótipo mais frequente foi G1P[8], 84.9% (28/33). Em 2015, observou-se a emergência de G9P[8], detectado em 39.0% (66/169), G1P[8], 31.6% (53/169) e de outros genótipos com menor frequência como G1P[6], 0.6% (1/169) e G2P[6], 1.2% (2/169).

Conclusões

A presente análise mostrou que os genótipos do rotavírus alteraram ao longo dos últimos quatro anos em Moçambique, reforçando a importância da vigilância de genótipos, a fim de determinar o seu papel no impacto da vacina contra rotavirus.