

HEPATITE B - GENOTIPAGEM PCR

PCR - DNA HBV GENOTIPAGEM

CBHPM

Sinonímia:

PCR (Polymerase Chain Reaction) para quantificação dos genomas virais da hepatite B.
ICTVdB 00.030.0.01.001

Fisiologia:

Taxonomia: Família Hepadnaviridae, Gênero Orthohepadnavirus, Espécie Hepatitis B virus (Vírus da hepatite B).

DNAvirus com envelope.

Genoma: dsDNA.

Incubação: 45 a 160 dias.

Transmissão: sexual, perinatal e parenteral.

Material Biológico:

Soro ou sangue total em tubo estéril.

Coleta:

2,0 ml de soro ou 10 ,0 ml de sangue total em tubo estéril, tanto para a coleta como também para a separação e seu transporte.

Armazenamento:

Refrigerar e acondicionar em tubo estéril.

Se o exame não for realizado no mesmo dia, congelar a -20°C. Não estocar em freezer tipo frost-free.

Exames Afins:

TGO, TGP, Bilirrubinas, Sorologia para HBV.

Valor Normal:

Negativo

Positivo	Resultado
Genótipo	
Subtipo	
Mutação epitopo "a"	
Mutação região pré-C	
Mutação região pré-C/C	

Preparo do Paciente:

Jejum de 4 ou mais horas. Água *ad libitum*.

Interferentes:

Coleta inadequada. Contaminação do tubo com outro RNA. Carga viral baixa.
Descongelamentos repetidos.

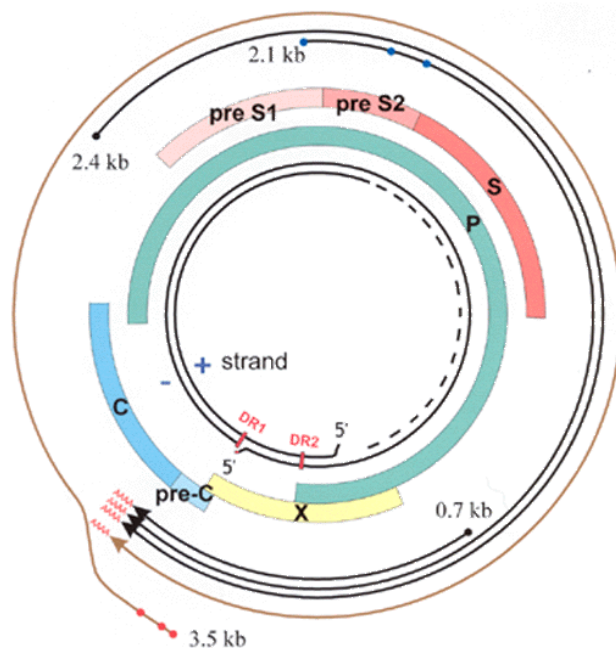
Método:

Reação em Cadeia da Polimerase com amplificação das regiões S e pré-C/C do genoma viral, seguida de determinação da sequência dos fragmentos amplificados.

Interpretação:

Existem 8 genótipos do HBV denominados por letras de A a H.

A genotipagem do vírus da hepatite B detecta variações na sequência do HBsAg. A presença do genótipo D do vírus da hepatite B se correlaciona com maior frequência a formas graves de hepatite, enquanto que o genótipo A está associado a formas mais brandas. Mutações na região pré-C do genoma viral (1887-1908), bem como mutações no promotor pré-C/C se correlacionam com formas mais graves da doença, com persistência do DNA viral em casos de HbeAg negativos e com pior resposta ao tratamento com Interferon-alfa e/ou melhor ao Lamivudine (3TC). A presença de mutações no epitopo "a" está relacionada com resistência a gama-globulina hiperimune (HBIG). O resultado de DNA necessário para a determinação das mutações foi estudado pela reação de sequenciamento.



Estrutura e organização genômica do vírus da hepatite B.

Sitografia:

E-mail do autor: ciriades@yahoo.com

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ICTVdb>

http://www.abbottdiagnostics.com/Science/pdf/learning_hepatitis.pdf

<http://gsbs.utmb.edu/microbook/ch070.htm>

<http://pathmicro.med.sc.edu/virol/hepatitis-virus.htm>

http://www.socgenmicrobiol.org.uk/JGVDirect/18197/Figs/F1_pg.htm