

Fiocruz/IOC conclui primeiras seqüências genéticas do vírus influenza A (H1N1) mapeadas no Brasil

18/05/2009
Agência Saúde

O sequenciamento genético é uma ferramenta fundamental para acompanhar a evolução do vírus no país e abre a possibilidade para o desenvolvimento de protocolos de diagnóstico

As primeiras seqüências genéticas do vírus influenza A (H1N1) mapeadas no Brasil acabam de ser depositadas por pesquisadores do Instituto Oswaldo Cruz (IOC/Fiocruz). O depósito foi feito em 15 de maio, no banco de informações genéticas do National Center for Biotechnology Information (NCBI), baseado no National Institute of Health (NIH), dos Estados Unidos. O banco reúne seqüências genéticas de quase todos os organismos conhecidos, incluindo o genoma humano.

A colaboração com a comunidade científica internacional é uma das prioridades dos pesquisadores do Laboratório de Vírus Respiratórios e Sarampo do IOC, que integra a rede de vigilância liderada pelo Ministério da Saúde e atua como referência nacional para influenza, realizando o diagnóstico da doença no país. O material foi desenvolvido a partir de dados coletados junto a três pacientes - dois do Rio de Janeiro e um de Minas Gerais -, todos diagnosticados no laboratório.

Um dos principais desdobramentos do sequenciamento é a possibilidade de comparar os vírus detectados no país entre si e em relação aos vírus detectados em outras partes do mundo. "Uma análise preliminar mostrou que o vírus encontrado nos casos brasileiros são conservados entre si e, quando comparados com seqüências depositadas por outros países, vemos que eles mantêm as mesmas características, ou seja, não existe indicativo de variação em relação ao vírus que circula em outras localidades", aponta Fernando Motta, pesquisador do Laboratório de Vírus Respiratórios e Sarampo do IOC. Segundo o especialista, o sequenciamento genético é uma ferramenta fundamental para acompanhar a evolução do vírus no país e abre a possibilidade para o desenvolvimento de protocolos de diagnóstico.

As seqüências genéticas dos casos brasileiros já NCBI foram publicadas pelo NCBI. Anteriormente, já haviam sido efetuados depósitos de seqüências genéticas do influenza A (H1N1) pelos EUA, Canadá, Alemanha e Suíça, entre outros países. Os pesquisadores brasileiros optaram por sequenciar o gene da proteína de matriz (Proteína M) do vírus. Como o genoma do vírus influenza é segmentado - não é formado por uma seqüência única de RNA, mas por oito segmentos -, foi escolhido o gene da proteína M, uma das mais importantes na estrutura viral.

"Por ser um vírus segmentado, cada um dos oito genes evolui de maneira distinta. A proteína M é uma proteína estrutural importante, a mais abundante na composição do vírus, capaz de codificar a síntese de duas proteínas. Por isso, ela é usada como marcador para presença ou ausência de influenza A nos procedimentos de diagnóstico", explica. Os pesquisadores aguardam a chegada de insumos para dar continuidade ao sequenciamento de outros genes do vírus. Mais quatro genes serão seqüenciados: neuraminidase, hemaglutinina, NS e PB1.

O IOC atua como Laboratório de Referência Nacional para Influenza, credenciado pelo Ministério da Saúde e integra há mais de 50 anos a rede da Organização Mundial da Saúde (OMS) de centros nacionais de influenza. A rede nacional de laboratórios de vigilância em influenza também é integrada pelo Instituto Adolfo Lutz (SP) e pelo Instituto Evandro Chagas (PA), que atuam como Laboratórios de Referência Regional do Ministério da Saúde. Acesse as seqüências já cadastradas no mundo, inclusive as brasileiras, em <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/SwineFlu.html>

Mais informações na página do Ministério da Saúde sobre influenza A (H1N1): http://portal.saude.gov.br/portal/saude/profissional/area.cfm?id_area=1534

Atendimento à Imprensa:
(61) 3315-2351/3580
jornalismo@saude.gov.br