HCG - HEPATITE C POR GENOTIPAGEM

Finalidade

O genoma do vírus da hepatite C apresenta significativa variabilidade, podendo, de acordo com sua seqüência, ser agrupado em pelo menos seis principais genótipos, denominados de 1 a 6 e subdivididos em subtipos como 1a e 1b. A distribuição dos diferentes genótipos varia de um país para outro, sendo o 1, o 2 e o 3 os mais freqüentes na América do Sul, na Europa e nos Estados Unidos. A identificação do subtipo de HCV tem importância clínica, pois há dados indicando pior prognóstico (má evolução e baixa resposta ao tratamento) associado ao tipo 1 do HCV. Assim, esta caracterização está indicada como um dos elementos utilizados para a avaliação do prognóstico e o planejamento terapêutico de indivíduos infectados pelo HCV. O método de escolha para a determinação dos subtipos do HCV é o seqüenciamento de regiões de seu genoma, entre as quais a 5´ não-codificante, a E1 e a NS5B. O método desenvolvido e padronizado no Fleury emprega o seqüenciamento da região 5´ não-codificante. Em estudo realizado no Fleury, com 233 amostras consecutivas de indivíduos infectados pelo HCV, provenientes de São Paulo, observou-se que o subtipo 1b e o 3a são os mais prevalentes nessa população, com 44,6% e 31,8%, respectivamente, seguidos do 1a, detectado em 15,5% dos pacientes. Nos 8,1% restantes, foram encontrados diversos subtipos. Método: Sequenciamento da região 5´ não-codificante do genoma do vírus da hepatite C (HCV). O subtipo é determinado por estudo de homologia, comparando-se a sequência identificada com sequências padrões para cada um dos subtipos conhecidos.

Material

Sangue

Instruções

- Jejum não obrigatório
- Em casos de exames anteriores, trazer os resultados.