

VIII ENCONTRO DO INSTITUTO ADOLFO LUTZ

DIVERSIDADE GENÉTICA DO HIV EM AMOSTRAS ENCAMINHADAS PARA TESTE DE RESISTÊNCIA NO INSTITUTO ADOLFO LUTZ DE SÃO PAULO

Magri MC¹, Souza LO¹, Cavalcanti JS¹, Batista JPG¹, Rodrigues R¹, Brígido LFM¹

Laboratório de Genotipagem do HIV, Serviço de Virologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil¹ – e-mail: marimagri@ig.com.br

A epidemia do HIV no Brasil é predominantemente pelo subtipo B, com presença dos subtipos F, C e recombinantes. A introdução da terapia antiretroviral no final da década de 90, proporcionou melhor sobrevida aos pacientes, mas gerou problemas em relação ao desenvolvimento de resistência viral. O objetivo desse trabalho foi analisar a diversidade genética do HIV-1 de amostras encaminhadas para testagem de resistência a medicamentos em São Paulo. No período de fevereiro-junho/2008, foram analisadas 89 amostras encaminhadas ao Laboratório de Genotipagem do HIV, Instituto Adolfo Lutz-São Paulo, para realização do teste de resistência do HIV (Rede Nacional de Genotipagem-PN DST/Aids). O kit utilizado foi o Trugene-Siemens (extração do RNA viral de plasma, seguida da retrotranscrição, PCR e sequenciamento). As seqüências obtidas foram analisadas utilizando os sites da Universidade de Stanford (<http://hivdb.stanford.edu/index.html>) e do NCBI(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), além dos programas SimPlot e PAUP. Do total, 72% eram do gênero masculino; idade variou de 2-77 anos (média 38,6); 75% atendidos na região metropolitana, 25% no interior. Na análise das seqüências, subtipos encontrados foram B(74%), F(12%), C(2%), recombinante B/F ou F/B(9%) e indeterminado(2%). Mutações mais frequentes na protease foram: I54V (27%), L90M (26%) e V82A (20%); e na transcriptase reversa: M184V/I (84%), M41L (43%), T215Y (42%), K103N (37%) e D67N (33%). Foi observado aumento da frequência da mutação M184V/I de 57% para 84% e queda da T215, de 59% para 42% (ambas com $p < 0,001$), quando comparado com amostras analisadas de 2000 a 2007 no nosso laboratório utilizando a metodologia ViroSeq HIV-Abbott. De acordo com o relatório de mutações gerados por Stanford, os resultados sugerem importante modificação na prevalência de algumas mutações, como M184V/I e T215, que devem ter seu impacto melhor avaliado na terapia. Os dados encontrados de diversidade não diferem daqueles relatados na literatura, porém este estudo observou um aumento na presença de mosaico B/F.