

## IX ENCONTRO DO INSTITUTO ADOLFO LUTZ I SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE VIGILÂNCIA E RESPOSTA RÁPIDA

### M-010-23 **Prevalência dos subtipos circulantes do HIV-1 em pacientes assistidos pela Rede Nacional de Genotipagem (RENAGENO) na região de São José do Rio Preto**

**Autores:** Tolentino FM (Instituto Adolfo Lutz, São José do Rio Preto, SP/Brasil) ; Montanha JOM (Instituto Adolfo Lutz, São José do Rio Preto, SP/Brasil) ; Murata FHA (Instituto Adolfo Lutz, São José do Rio Preto, SP/Brasil) ; Ferreira GD (Instituto Adolfo Lutz, São José do Rio Preto, SP/Brasil) ; Bassi MG (Instituto Adolfo Lutz, São José do Rio Preto, SP/Brasil)

#### **Resumo**

O HIV-1 está dividido em 3 grupos diferentes M, N e O. O grupo M, mais prevalente, apresenta 9 subtipos (A - D, F - H, J e K) e progressivamente foram descritos 43 formas circulantes recombinantes. Estudos indicam que no Brasil o subtipo B o mais prevalente, seguido pelos subtipos F e C, com poucos casos dos subtipos D e A. Pesquisas mostram que os subtipos B, F e formas recombinantes B/C e B/F s? mais prevalentes nas regi?es sudeste e sul, e um aumento da preval?cia do subtipo C no sul do pa?. Nosso objetivo foi estimar a preval?cia dos subtipos do HIV-1 na regi? de S? Jos do Rio Preto, avaliando dados laboratoriais de pacientes HIV positivo, atendidos pela Rede Nacional de Genotipagem (RENAGENO) do Minist?rio da Sa?e, no per?do de janeiro de 2010 a julho de 2012. Os resultados foram obtidos utilizando a metodologia de genotipagem TRUGENE? HIV-1 Genotyping Assay - OpenGene DNA Sequencing System, que tem como alvo a regi? da protease (codons 1 to 99) e a regi? da transcriptase reversa (codon 40 to 247) do genoma do HIV-1. As amostras ap? sequenciadas foram analisadas e editadas. Arquivos FASTA e csv gerados ap? a edi?o foram submetidos ao Algoritmo Brasileiro de Genotipagem para obten?o dos laudos de resist?cia com subtipagem. Os resultados obtidos mostraram que das 422 amostras sequenciadas, 331 (78,4%) foram do subtipo B; 22 (5,2%) do subtipo F1 e 14 (3,3%) do subtipo recombinante BF1; 1,4% do subtipo C e aproximadamente 11% n?-subtipadas. Nossos resultados demonstram concord?cia com as recentes pesquisas publicadas, com uma grande preval?cia de HIV-1 subtipo B, seguido por HIV-1 subtipo n? B, sendo encontrados subtipos F e recombinantes BF. O monitoramento da diversidade estrutural do HIV-1 auxilia na compreens? da epidemiologia molecular e no rastreamento do movimento do v?us nos diferentes grupos vulner?eis.