

PERFIL DE MUTAÇÕES DO HIV-1 ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA EM PACIENTES DE BOTUCATU E REGIÃO ATENDIDOS PELA RENAGENO

Tanikawa AA¹, Grotto RMT¹, Corvino SM¹, Munhoz LSR¹, Alho MJO¹, Henriques RMS¹, Ferreira D², Inocêncio LA², Pardini MIMC¹.

Laboratório de Biologia Molecular do Hemocentro de Botucatu/UNESP, Botucatu, SP¹; Unidade de Laboratório (ULAB) - Programa Nacional de DST/AIDS - Ministério da Saúde, Brasília, Brasil² – e-mail: aline_tani@yahoo.com.br

A emergência de mutantes resistentes tem sido a principal causa de falência dos esquemas terapêuticos anti-retrovirais. Mutações de resistência às drogas vêm sendo descritas em várias regiões genômicas do HIV-1, no entanto o principal alvo para testes de resistência têm sido os genes da transcriptase reversa (TR) e protease (PR). No Brasil, o Programa Nacional DST-Aids implantou desde 2001, a Rede Nacional de Laboratórios de Genotipagem (RENAGENO), a qual visa detecção de mutações de resistência em pacientes apresentando falência terapêutica. No Brasil, ainda faltam informações sobre o perfil viral circulante, bem como evidências de diferenças regionais. Assim, o presente trabalho tem como objetivo verificar a frequência de mutações nos genes da TR e PR, que conduzem à falência terapêutica em 77 pacientes atendidos no Hemocentro de Botucatu, nos anos de 2008 e 2009. RNA viral plasmático foi utilizado como fonte para RT-PCR e sequenciamento dos genes da TR e PR. As mutações mais comuns no gene da TR foram: L214F (81,8%), M184V (72,7%), T215I/N/F/S/Y (57,1%), R211K/A/T/E/Q (57,1%), D67N (44,2%), K103N (42,9%), K219D/E/N/Q/R (41,6%) e M41L (40,3%), sendo que a mutação no códon 184 foi a mais prevalente em Assis; e a alteração no códon 214 foi mais frequente em Marília e Bauru, evidenciando diferenças regionais. Na região da PR foram mais frequentes L63D/A/P/L/R/S/V (74%), M36I/L/V (71,4%), L10F/I/R/V/Y (62,3%), K20I/M/R/T (54,5%), E35D/N (48,1%), I62V (46,8%), I15V (41,6%), I13V (39%), A71T/A/I/V (39%), R41N/K/P(39%) e M46I/L/V (36,4%). Em Assis as mutações no códon 10 foram as mais frequentes, assim como no códon 20, e em Araraquara no códon 36. Os resultados aqui apresentados demonstram que o número de mutações associadas à resistência vem crescendo nos últimos anos, existindo a necessidade de ampliar esta amostra para determinar um perfil dos vírus circulantes na região estudada.