



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Análise preliminar da associação do polimorfismo Gln11Leu (rs179008) TLR7 em mulheres HIV+ com a susceptibilidade à infecção pelo HIV e com a progressão para aids
Autor	KARINE PEREIRA DE ANDRADE
Orientador	SABRINA ESTEVES DE MATOS ALMEIDA

Análise preliminar da associação do polimorfismo Gln11Leu (rs179008) *TLR7* em mulheres HIV+ com a susceptibilidade à infecção pelo HIV e com a progressão para aids.

Aluna: Karine Pereira de Andrade Orientadora: Sabrina Esteves Matos de Almeida
Fundação Estadual de Produção e Pesquisa em Saúde (FEPPS) – Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CDCT)

O vírus da imunodeficiência humana (HIV, do inglês *Human Immunodeficiency Virus*) infecta células do sistema imune, a depleção destas células acarreta o estabelecimento de infecções oportunistas, estágio da infecção chamado de Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (aids). Ao ser exposto ao vírus, o indivíduo pode ou não se infectar. Além disso, uma vez infectados, o tempo e a maneira como os indivíduos progridem para a aids pode variar: progressores rápidos entram em aids em até três anos após a infecção, progressores crônicos, entre quatro e nove anos, e progressores lentos em mais de nove anos.

Receptores do tipo Toll (TLR) desempenham um papel fundamental no reconhecimento de patógenos e na ativação da resposta imune. Entre os diferentes TLRs, o TLR7, que está localizado em compartimentos endossomais, é capaz de reconhecer moléculas de RNA fita simples de patógenos intracelulares. Estudos sugerem que o polimorfismo Gln11Leu (rs179008) *TLR7* leva a tradução de uma proteína prejudicada funcionalmente. Outros estudos já demonstraram que o polimorfismo está associado tanto à susceptibilidade à infecção pelo HIV quanto a uma progressão mais rápida para aids. Portanto, o objetivo deste trabalho foi investigar a relação desse SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) com a susceptibilidade à infecção e com a progressão à aids na população do Rio Grande do Sul.

Até o momento, o material genético (DNA) de 131 mulheres HIV positivas e de 61 mulheres com sorologia negativa para o vírus (grupo controle) foi extraído a partir de sangue total. O fragmento do gene contendo o polimorfismo investigado foi amplificado pela técnica de reação em cadeia da polimerase. A genotipagem foi realizada pela técnica de RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) seguida de visualização por eletroforese em gel de agarose. O equilíbrio de Hardy-Weinberg foi inferido por contagem direta dos genótipos e as análises estatísticas foram realizadas com o software SPSS v18 usando o teste χ^2 de Pearson.

As frequências genotípicas estavam em equilíbrio de Hardy-Weinberg em pacientes e controles. Observamos que as frequências alélicas e genotípicas do polimorfismo Gln11Leu (rs179008) *TLR7* não diferiram significativamente ao compararmos pacientes e controles. Apesar da comparação entre as mulheres HIV-positivas, progressoras rápidas ou não rápidas (crônicas ou lentas) para aids, não revelar diferenças significativas, a frequência do genótipo AA está aumentada no grupo de progressoras não rápidas.

Pretendemos aumentar o número de amostras analisadas, principalmente do grupo controle, para que os nossos resultados se tornem mais concisos. Entretanto, mesmo sem diferir estatisticamente, nossas observações parecem estar alinhados com resultados encontrados na literatura, que indicam a associação do genótipo AA (GlnGln) com um maior número de células T CD4+ após a infecção pelo vírus do que os genótipos TT (LeuLeu) e AT (GlnLeu), o qual foi associado com à susceptibilidade à infecção e com a progressão rápida à doença. Por fim, destacamos que estudos sobre o efeito da diversidade genética do hospedeiro na susceptibilidade à infecção pelo HIV contribuem para o entendimento dos possíveis desfechos tanto após a exposição ao vírus quanto após a infecção pelo vírus.