

Mutações de resistência aos medicamentos antirretrovirais são um grande obstáculo ao tratamento de pacientes HIV-positivos, pois estão diretamente relacionados à eficácia dos regimes terapêuticos. A avaliação de mutações em vírus de pacientes que ainda não fazem uso de antirretrovirais é fundamental para a compreensão da dinâmica viral. O objetivo deste estudo foi avaliar a prevalência de mutações de resistência e polimorfismos nos genes virais da protease (PT) e da transcriptase reversa (TR) em pacientes *naïve* na população de Porto Alegre. Noventa e nove amostras de sangue de pacientes HIV-positivos oriundos do Hospital Sanatório Partenon, que não estavam sob tratamento, foram coletadas entre os anos de 2006 e 2007. Os genes da PT (297pb) e TR (800pb) foram amplificados através de *nested*PCR e sequenciados. A genotipagem foi realizada utilizando o programa *HIV Drug Resistance Database of Stanford University*. Das amostras analisadas, duas apresentaram mutações relacionadas à resistência aos inibidores de protease, quatro aos inibidores de transcriptase reversa análogos de nucleosídeos e três aos inibidores de transcriptase reversa não análogos de nucleosídeos. Quinze seqüências virais exibiram polimorfismos incomuns em códons onde, previamente, foram relatadas mutações de resistência. Noventa e seis seqüências virais (96%) mostraram polimorfismos comumente relacionados a pacientes sob tratamento com inibidores de protease. Os dados encontrados revelam um aumento relevante na frequência de mutações de resistência (9,1%) quando comparados com trabalhos anteriores realizados na região (3%). Além disso, este valor está acima da média nacional de mutações de resistência (6%) para essas populações. Investigações futuras são necessárias para entender o papel dos polimorfismos virais na resistência às drogas.