

265

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO HIV-1 NA GRANDE PORTO ALEGRE, RS.*Dennis Maletich Junqueira, Rubia Marília de Medeiros, Ardala Breda, Nêmora Barcelos, Maria Lucia Rossetti, Sabrina Esteves de Matos Almeida (orient.) (UFRGS).*

A distribuição global de subtipos e formas recombinantes circulantes denotam a complexidade da epidemiologia molecular do vírus da imunodeficiência humana (HIV). Tais variantes são fruto do curso natural da infecção e refletem as altas taxas de mutação do vírus. A diversidade genética resultante possui grandes implicações nos estudos de resposta aos medicamentos anti-retrovirais (HAART), no desenvolvimento de vacinas e, possivelmente, está implicada nas taxas de progressão da doença. Este estudo determinou a prevalência dos subtipos de HIV-1 circulantes na região metropolitana de Porto Alegre. Coletas de sangue de 129 pacientes positivos para HIV não usuários da HAART foram realizadas no Sanatório Partenon entre os anos de 2005 e 2007. Tais amostras tiveram o DNA total dos leucócitos extraído e foram submetidas à amplificação da região pol do genoma pró-viral seguido da amplificação dos genes da protease, transcriptase e integrase por *nested*PCR. As seqüências obtidas foram utilizadas na subtipagem do vírus através da análise filogenética com auxílio de programas de bioinformática (ClustalX, BioEdit, PAUP). O subtipo C foi observado em 38, 8% das infecções, o subtipo B em 34, 1% e 0, 7% dos casos corresponderam ao subtipo F. As formas recombinantes e mosaico representaram 26, 4% das amostras. Diferentemente do restante do país onde a forma prevalente é o subtipo B, na região metropolitana de Porto Alegre, como forma circulante principal encontrou-se o subtipo C. Esses achados estão de acordo com a literatura, no entanto, é notável o aumento do número de infecções causadas por formas recombinantes e mosaico. O fato de haver diferentes subtipos de HIV-1 co-circulando na região da grande Porto Alegre indica que constantes estudos epidemiológicos devem ser realizados.