

QUAL A IMPORTÂNCIA DO TIPO DE HPV NA PAPILOMATÓRIA RESPIRATÓRIA RECORRENTE?ANÁLISE PRELIMINAR DOS PACIENTES TIPADOS NO HCPA. Massena PN , Smith MM , Kuhl G , Schmidt LP , Krug L . Serviço de Otorrinolaringologia . HCPA.

Fundamentação:A Papilomatose Respiratória Recorrente é uma doença relativamente rara que pode ter significativa morbidade e mortalidade. É causada inicialmente pela infecção com o Human papillomavirus (HPV) e atinge tanto adultos quanto crianças, sem diferença importante entre gêneros e etnias. Já foram identificados mais de 100 genótipos distintos do HPV até o momento, sendo os tipos 6 e 11 os mais freqüentemente encontrados na PRR. Os pacientes sintomáticos variam muito em seu curso clínico, podendo alguns apresentarem doença moderada com momentos de remissão, enquanto outros têm doença precocemente agressiva com obstrução aguda de via aérea. Ainda estão em investigação as possíveis causas da variabilidade de sinais e sintomas da doença dentre as quais destacam-se o tipo viral, a idade de diagnóstico, fatores genéticos de suscetibilidade ou a combinação desses três. Nosso trabalho busca conhecer os tipos virais presentes em nossa população, compará-los com os dados da literatura atual e investigar possíveis relações de agressividade e remissão na evolução clínica dos pacientes.Objetivos:Determinar se o tipo viral pode predizer o curso clínico da PRR, avaliado a partir da média de excisões cirúrgicas (agressividade/recorrência) por ano por paciente, bem como nortear formas de tratamento mais precoces e mais eficazes.Causística:Este é um estudo transversal dos pacientes portadores de Papilomatose Respiratória Recorrente atendidos no ambulatório de mesmo nome no Serviço de Otorrinolaringologia do Hospital de Clínicas de Porto Alegre. Os dados e materiais (biópsias) para tipagem foram coletados com o consentimento informado dos pacientes durante suas consultas e procedimentos cirúrgicos no Serviço de Otorrinolaringologia. A extração do DNA é feita de acordo com o protocolo de extração de DNA de tecido humano utilizando o QIAMPA® DNA MiniKit (QIAGEN) e a identificação do genótipo é realizada através do sequenciamento do fragmento amplificado pela PCR utilizando o KitBigDye Terminator V1.1 Cycle Sequencing de acordo com técnica descrita em Schiffman M et al (J Clin Microbiol, 29:573-577, 1991). As seqüências são enviadas para o European Bioinformatics Institute (<http://www.ebi.ac.uk>) onde são confrontados com o banco de dados genético.Resultados: Nossa população é formada por 35,4% de pacientes que tiveram diagnóstico com dezoito anos ou mais e 64,6% que tiveram diagnóstico com menos de dezoito anos, conforme classificação encontrada na literatura. Dos 68 pacientes pertencentes ao APRR apenas 20 deles até a presente data foram tipados. Desses, quinze apresentaram o HPV tipo 6 (nove crianças e seis adultos) e cinco apresentaram HPV tipo 11 (duas crianças e três adultos). As duas crianças com tipo 11 usam ou já necessitaram usar traqueostoma. No tipo 6 temos quatro crianças atualmente traqueotomizadas, duas que já fizeram uso de traqueostoma e um adulto traqueotomizado no momento. A maior média de excisões cirúrgicas foi de 3,7 ao ano em um paciente cujo diagnóstico foi feito aos 4 anos e apresenta HPV tipo 6. A média de excisões cirúrgicas por ano nos pacientes com HPV tipo 11 variou de 1,0 a 3,1 e no tipo 6 entre 0,6 e 3,7Conclusões:Os dados de nosso trabalho ainda estão em desenvolvimento. Nessa análise preliminar já podemos observar que nossa população condiz com o encontrado na literatura no que cerne à prevalência de tipos virais em PRR (HPV 6 e 11) e à maior agressividade do HPV tipo 11. Acreditamos que a tipagem viral usando PCR pode nos dar um valioso indicador prognóstico da PRR e enfatizamos a necessidade desta informação deste o princípio do acompanhamento do paciente.