



| | |
|-------------------|--|
| Evento | Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2013 |
| Local | Porto Alegre - RS |
| Título | Identificação de mutações relacionadas à resistência a fármacos no gene UL54 de citomegalovírus humano detectado em urina de pacientes transplantados renais |
| Autor | JOSIANE SLOGO |
| Orientador | ANA CLAUDIA FRANCO |

O citomegalovírus humano (HCMV) é um betaherpesvírus amplamente disseminado que causa infecções assintomáticas em indivíduos imunocompetentes e que adquire importância clínica em imunocomprometidos, como pacientes transplantados, podendo nesses casos estar associado à elevada morbidade. A terapia é feita com o uso de fármacos antivirais, sendo os principais o Ganciclovir (GCV), o Cidofovir (CDV) e o Foscarnet (FOS), os quais inibem a replicação viral através da inibição da atividade da DNA polimerase viral. Porém, o uso prolongado, doses insuficientes ou baixa biodisponibilidade do fármaco ou a persistência da replicação viral mesmo sob tratamento podem levar ao surgimento de mutações no genoma do vírus que conferem resistência à ação dessas drogas. Dois domínios conservados do gene *UL54* do HCMV, que codifica a polimerase viral, concentram algumas dessas mutações: a região 3'-5' Exonuclease, relacionada à resistência à GCV e CDV, e a região C, relacionada principalmente à resistência à FOS, com ocorrência de resistência cruzada com GCV e CDV. Dessa forma, o objetivo desse trabalho é verificar a presença do DNA do HCMV em 86 amostras de urina de pacientes transplantados renais, amplificar as duas regiões genômicas virais relacionadas à resistência a esses medicamentos e realizar o sequenciamento destas, verificando a existência das mutações acima citadas. Para isso, as duas regiões do gene *UL54* (3'-5' Exonuclease e região C) serão amplificadas por Nested-PCR, sequenciadas e analisadas. Do total de 86 amostras testadas, foi possível detectar o genoma do HCMV em 53 amostras. Destas, 28 foram submetidas à PCR para amplificação da região C do gene *UL54* e as respectivas sequências de nucleotídeos foram determinadas. Até o momento não foram encontradas mutações no gene *UL54* em nenhuma das amostras testadas. O restante das amostras está sendo processado visando finalizar a detecção das mutações de interesse.