



| | |
|--------------------|--|
| Evento | Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2013 |
| Local | Porto Alegre - RS |
| Título | Epidemiologia molecular do HIV-1 na Região Sudoeste do Rio Grande do Sul |
| Autor | HEGGER MACHADO FRITSCH |
| Orientador | SABRINA ESTEVES DE MATOS ALMEIDA |
| Instituição | Fundação Estadual de Pesquisa e Produção da Saúde |

Introdução: A epidemia de HIV/AIDS no sul do Brasil apresenta-se, atualmente, como o cenário epidemiológico mais crítico da infecção no país. Além de apresentar as maiores taxas de incidência e mortalidade relacionada à infecção, as capitais da região sul apresentam um subtipo viral predominante distinto do resto do país: o subtipo C. Nos últimos anos, observa-se um processo rápido de interiorização da epidemia do HIV-1, evidenciado principalmente pelo aumento do número de notificações em cidades localizadas distantes da região metropolitana de Porto Alegre. Contudo os dados epidemiológicos sobre os municípios do interior ainda são escassos. Uruguaiana é a maior cidade da mesorregião Sudoeste e encontra-se na metade do trajeto entre Porto Alegre e Buenos Aires. Por ser um município de divisa, Uruguaiana é uma cidade vital para o monitoramento da diversidade de subtipos virais circulantes na fronteira do Rio Grande do Sul, podendo revelar uma epidemiologia molecular singular. Assim, o presente estudo tem por objetivo investigar a diversidade molecular do HIV-1 na cidade de Uruguaiana. **Materiais e Métodos:** Foram coletadas, em cartão FTA, amostras de sangue de 26 pacientes HIV positivos e virgens de tratamento atendidos em um hospital de referência local. Após, lavados e secos, três confetes do material com sangue foi diretamente amplificado pelo método de Nested-PCR. Foram investigadas as regiões do gene *Env* (gp 120 - C2/V3) e do gene *Pol* (região da protease e parte da transcriptase reversa). Após a obtenção dos produtos amplificados, foi realizado o sequenciamento. As sequências foram alinhadas usando o algoritmo *Muscle*, implementado no programa MEGA, e as análises filogenéticas foram realizadas por máxima verossimilhança (ML). Para identificação de formas recombinantes foi aplicado o método de *Bootscaning* utilizando o programa *Simplot*. Informações clínicas e epidemiológicas foram obtidas através de entrevista e histórico médico do paciente. **Resultados:** A população de estudo era composta por 50% de homens. A forma de transmissão mais prevalente foi a heterossexual (73%), seguida por homens que fazem sexo com homens (19%) e usuários de drogas injetáveis (8%). Em média os pacientes foram diagnosticados positivos para HIV em 2008. Foram amplificadas e sequenciadas 18 amostras do gene *Pol*, destas 21% eram subtipo B, 38% subtipo C, 6% subtipo F1, 6% subtipo D e 29% de formas recombinantes, sendo a maioria recombinantes BC. Considerando também o gene *Env*, a prevalência de formas recombinantes aumentou para 50%, sendo a forma recombinante BC responsável por 38% das infecções. **Discussão e Conclusão:** A partir dos resultados apresentados no presente estudo pode-se perceber a expansão da epidemia do subtipo C pela região Sudoeste do Rio Grande do Sul. Isso é evidenciado pela alta prevalência do subtipo C puro e formas recombinantes BC, sendo que essa última revela um recente processo de mistura de epidemia do HIV-1 C e HIV-1 B. O fato de Uruguaiana localizar-se na fronteira com a Argentina pode indicar uma possível disseminação do subtipo C para outros países da América do Sul, onde, até o momento, há poucos relatos de infecção por essa forma do HIV-1.