

Pesquisa (PESQ - 946)

Responsável

Ana Maria Barral de Martinez

Unidades Envolvidas

FaMed - Faculdade de Medicina

Título

PREVALÊNCIA DE VÍRUS MODULADORES DA INFECÇÃO PELO VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA EM PACIENTES INFECTADOS POR DIFERENTES SUBTIPOS E ASSOCIAÇÃO COM A EVOLUÇÃO DA DOENÇA

Resumo

O Vírus da imunodeficiência humana (HIV) apresenta alta prevalência e incidência no Sul do Brasil. Em relação à heterogeneidade genética do HIV-1, esta região apresenta um padrão diferente da maioria das regiões do Brasil, com predomínio do subtipo C, seguido pelo B, formas recombinantes e subtipo F1. Esta característica o diferencia do resto do país onde o subtipo B tem maior prevalência. Essa diversidade viral é considerada um dos determinantes potenciais na patogênese do HIV-1 e pode afetar a resposta ao tratamento, fato que torna importante a identificação da diversidade genética deste agente viral em uma determinada população. Sabe-se que o HIV compromete a imunidade dos indivíduos, principalmente pela destruição de células T CD4+, deixando os pacientes suscetíveis a infecções oportunistas e a reativação de patógenos latentes nos indivíduos. Neste contexto, o estudo das coinfeções em pacientes HIV-1 positivos com outros agentes tais como: HPgV, TTV, HSV-1 e o HSV-2, Citomegalovírus e HPV, assumem papel de grande relevância na população infectada pelo HIV, tendo em vista que esses vírus compartilham algumas vias de transmissão e podem modificar o curso da doença dos pacientes coinfectados. A fim de melhorar a qualidade de vida e aprimorar estratégias de prevenção e tratamento nos pacientes HIV positivos atendidos no Hospital Universitário da Universidade Federal do Rio Grande (HU-FURG), este estudo busca estimar a prevalência dos vírus HPgV, TTV, HSV-1 e HSV-2, HCMV e HPV em pacientes HIV positivos de diferentes subtipos atendidos no HU-FURG no sul do Brasil, bem como determinar as associações existentes entre estes agentes virais e a evolução da infecção pelo HIV. Serão incluídos indivíduos HIV-1 positivos que concordarem em participar do estudo. Após assinar um termo de consentimento livre e esclarecido, será aplicado um questionário estruturado com variáveis sociodemográficas. As variáveis clínicas e laboratoriais serão obtidas no prontuário dos pacientes. Logo, uma alíquota de plasma de cada paciente será solicitada ao laboratório de HIV/Aids da FURG. As amostras serão submetidas à extração de DNA, RNA, síntese de cDNA, técnica de PCR nested com primers específicos para a detecção de cada um dos vírus, seguido da purificação e subtipagem dos agentes virais detectados. Os testes moleculares para pesquisa de HPgV, TTV, HSV-1, HSV-2, HCMV, HPV e HIV-1 serão realizados no Laboratório de Biologia Molecular da FURG e as genotipagens no Laboratório de Virologia Humana

da Universidade Federal do Rio de Janeiro. Também serão realizados, no HU-FURG, testes sorológicos para o HSV-1 e HSV-2. Os dados obtidos serão analisados utilizando o software estatístico SPSS for Windows versão 20.0. Ao final desta pesquisa espera-se ampliar o entendimento sobre as coinfeções e as suas associações na progressão da infecção pelo HIV-1. Será possível conhecer a prevalência dos vírus HPgV, TTV, HSV-1 e HSV-2, HCMV e HPV em pacientes infectados pelo HIV-1 de diferentes subtipos na população do extremo sul do Brasil do HU-FURG.