

ANÁLISE COMPARATIVA DOS ALGORITMOS DE INTERPRETAÇÃO DO TESTE DE RESISTÊNCIA AOS INIBIDORES DE TRANSCRIPTASE REVERSA E PROTEASE NA INFECÇÃO PELO VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA (HIV) E SEU IMPACTO NA TERAPÊUTICA ANTIRRETROVIRAL (APOIO UNIP)

Aluna: Renata Zugaib

Orientadora: Profa. Dra. Rejane Maria Tommasini Grotto

Curso: Biomedicina

Campus: Bauru

Apesar dos grandes avanços na terapêutica antirretroviral durante a infecção pelo Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV) nos últimos anos, a emergência de variantes virais resistentes aos medicamentos ainda constitui um dos maiores obstáculos ao sucesso terapêutico a longo prazo. Os algoritmos de interpretação do teste de resistência genotípica permitem a inferência indireta sobre sensibilidade ou resistência aos antirretrovirais utilizados no tratamento da infecção pelo HIV. No entanto, divergências na interpretação do teste, devido à utilização de diferentes algoritmos, podem dificultar a conduta clínica. Assim, este estudo teve por objetivo comparar os resultados obtidos no teste de genotipagem para as regiões codificadoras da transcriptase reversa e protease do HIV, entre os algoritmos: HIVdb e Brasileiro. As genotipagens foram obtidas de amostras de 380 pacientes atendidos na rotina diagnóstica da RENAGENO pelo Laboratório de Biologia Molecular, do Hemocentro de Botucatu, UNESP. Por terem sido baseados em diferentes regras, algumas discrepâncias podem ser observadas quando se comparam os dois algoritmos. Os resultados demonstram que os dois algoritmos não são totalmente concordantes nas três classes de drogas analisadas e que as drogas DDI (INTR's análogo nucleosídeos), TDF (INTR's não análogo nucleosídeo) e FPV/R (IP) apresentam os menores níveis de concordância quando comparadas às demais drogas de suas classes. Sabendo-se que

polimorfismos regionais do HIV-1 podem interferir na interpretação do exame, acreditamos que as barreiras genéticas das populações sejam o motivo das discordâncias observadas entre os dois algoritmos analisados, pois cada população possui um perfil genético diferente.