

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E EPIDEMIOLÓGICA DO HIV EM PESSOAS PRIVADAS DE LIBERDADE DO PRESÍDIO CENTRAL DE PORTO ALEGRE: DIVERSIDADE VIRAL E CADEIAS DE TRANSMISSÃO

Brunna M. Alves (IC) ^{* 1,2}, Isabel Prellwitz ^{* 1,2}, Maria L. Ikeda ³, Daniele Kuhleis ⁴, Pedro Picon ⁵, Alexandra Sanchez ^{6,7}, Hector N. Seuanez ¹, Bernard Larouze ^{6,8,9}, Marcelo A. Soares ^{1,10}, Esmeralda A. Soares ¹

¹Programa de Genética, Instituto Nacional de Câncer, Rio de Janeiro, Brasil; ²Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil; ³Secretaria de Saúde de Viamão, Rio Grande do Sul, Brasil; ⁴Secretaria de Segurança Pública, Porto Alegre, Brasil; ⁵Hospital Sanatório Partenon, Porto Alegre, Brasil; ⁶Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil; ⁷Secretaria de Estado de Administração Penitenciária, Rio de Janeiro, Brasil; ⁸INSERM U707, Paris, França; ⁹Université Pierre et Marie Curie - Paris 6, Paris, França; ¹⁰Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil; *Estes autores tiveram a mesma contribuição neste trabalho

INTRODUÇÃO

Pouco se sabe sobre a situação das pessoas privadas de liberdade (PPL) portadores de HIV/Aids no Brasil, um tema pouco abordado nos trabalhos científicos. As PPL estão frequentemente expostas a condições favoráveis à disseminação do HIV e de coinfeções com oncovírus como o HCV, HBV, HPV, através de atividade sexual desprotegida, uso de drogas ilícitas, tatuagens e etc. Além disso, a dinâmica de intercâmbio entre a população não-encarcerada e os PPL destaca a importância da disseminação do HIV entre esses grupos. Existe ainda um acesso limitado à prevenção, diagnóstico e programas de tratamento. A adesão ao tratamento antirretroviral (ARV) de eficácia potente entre os prisioneiros permanece um desafio frente a comportamentos de alto risco, que podem levar à seleção de mutações de resistência, considerada a principal razão da falha terapêutica. A epidemiologia diferenciada de HIV da região Sul do Brasil, onde os subtipos C e B circulam com igual prevalência, também destacam a relevância desse estudo, assim como o impacto das mutações na região C-terminal da transcriptase reversa (RT), já que essas ainda foram pouco estudadas, e caracterizadas por diminuir a susceptibilidade aos ARVs.

OBJETIVOS

Estudar a epidemiologia molecular da infecção por HIV/Aids em PPL do Presídio Central de Porto Alegre, no Sul do Brasil. Determinar os subtipos prevalentes, as formas recombinantes circulantes, recombinantes únicos e casos de múltiplas infecções. Investigar a presença de resistência primária e mutações de resistência aos antirretrovirais, incluindo as mutações recém descritas no domínio C-Terminal. Por fim, caracterizar a existência de cadeias de transmissão viral dentro do presídio.

MATERIAL E MÉTODOS

Em 2009, foi realizada uma triagem em 1998 PPL, na qual 110 (5%) foram diagnosticados como HIV+. Para 40 destes últimos, uma amostra de sangue total foi colhida e um questionário preenchido com dados clínicos, laboratoriais e comportamentais. Seguiram-se a extração do DNA genômico deste material com o kit QIAamp[®] DNA Mini Kit, a amplificação por PCR aninhado dos genes da protease (PR) e da transcriptase reversa (RT, domínios polimerásico e C-terminais) totalizando 1750pb que foram sequenciados e analisados. A clonagem foi realizada para detectar múltiplas infecções, população viral minoritária e mutações de resistência aos ARVs. Utilizou-se o conjunto de reagentes do "pMOSBlue Blunt Ended Cloning Kit". As mutações de resistência aos ARV foram analisadas utilizando o consenso da Sociedade Internacional de Aids, através do uso do algoritmo de resistência do HIV da Universidade de Stanford. Para mutações na região C-terminal, uma análise manual foi conduzida de acordo com publicações científicas recentes. A análise dos subtipos foi realizada por inferência filogenética utilizando árvores de neighbor-joining e máxima verossimilhança, e análise de recominação pelo programa Simplot 3.5.1. Adicionalmente, as filogenias foram utilizadas para a identificação de cadeias de transmissão.

