

RESUMO - INICIAÇÃO CIENTÍFICA

ANÁLISE DE ALTERAÇÕES EPIGENÉTICAS EM PACIENTES INFECTADOS PELO VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA

Caren Nunes De Oliveira (caren@ufcspa.edu)

Letícia Da Cunha Verber (leticiaverber@yahoo.com.br)

Vanessa Sune Mattevi (vmattevi@ufcspa.edu.br)

Introdução: A introdução da terapia antirretroviral combinada (TARV) possibilitou o aumento da expectativa de vida de pacientes infectados pelo vírus da imunodeficiência humana (HIV). Entretanto, o advento da TARV também acarretou o aumento na incidência de complicações crônicas nestes pacientes, como lipodistrofia e complicações cardiovasculares. Estudos têm buscado elucidar o papel das alterações genéticas nestes efeitos adversos, porém pouco se sabe da relação das alterações epigenéticas neste contexto. A metilação é um processo de modificação epigenética que ocorre por intermédio de enzimas específicas, as DNA metiltransferases, dentre elas a DNA metiltransferase 3 beta (DNMT3B), podendo afetar a expressão de numerosos genes.

Objetivo: Avaliar a associação da TARV com inibidor da protease ou inibidor da transcriptase reversa não-análogo de nucleosídeos e do polimorfismo rs2424913 no gene DNMT3B com os níveis de metilação global do DNA em pacientes infectados pelo HIV.

Material e Métodos: compõem a amostra 233 indivíduos recrutados em Porto Alegre, dos quais 108 com HIV em uso de TARV contendo atazanavir (ATV,

n=57) ou efavirenz (EFZ, n=51), 62 com HIV não-tratados e 63 indivíduos não infectados. A partir de uma amostra de sangue total em EDTA foi realizada a genotipagem do polimorfismo por reação em cadeia da polimerase em tempo real e a análise da metilação pela metodologia de ELISA. As análises estatísticas foram realizadas no programa SPSS.

Resultados e Conclusões: Indivíduos infectados pelo HIV em uso de ATV (inibidor da protease) apresentaram média inferior de metilação global dos que os usuários de EFZ (inibidor da transcriptase reversa não-análogo de nucleosídeos), os virgens de tratamento e os não-infectados. Não houve diferença nos níveis de metilação entre os genótipos para o polimorfismo analisado. Em conclusão, o uso do ATV parece reduzir a metilação do DNA, o que possivelmente pode afetar a expressão de genes relacionados aos efeitos adversos deste fármaco.