

## IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES DO PAPILOMAVIRUS HUMANO TIPO 16 (HPV 16) POR BIOLOGIA MOLECULAR EM AMOSTRAS DE PACIENTES DO AMBULATÓRIO DE PATOLOGIA CERVICAL DA UCS

Aline Salvati (BIC-UCS), Eduardo Pretto Serafini (orientador), Leonardo R. Motta, Jovana Mandelli (pesquisadores), Roberta Versetti (bolsista) - Depto. de Ciências Biomédicas/Centro de Ciências Biológicas e da Saúde/UCS - [asalvati@ucs.br](mailto:asalvati@ucs.br)

A epidemiologia do câncer de colo uterino está bem estabelecida em relação à existência de um agente carcinogênico. A infecção viral com certos tipos de Papilomavirus humano (HPV), em associação com outros fatores, está presente na história de praticamente todos os carcinomas do colo uterino. O DNA-HPV é encontrado em 99,7% das amostras de carcinoma de colo estudadas. O carcinoma da cérvix uterina é uma das neoplasias mais comuns em mulheres, ocupando o segundo lugar na perspectiva mundial tanto em incidência como em mortalidade. Estima-se cerca de 500 mil novos casos por ano de carcinomas cervicais invasivos. Dentre os 100 tipos conhecidos de HPV, cerca de 15 são considerados de alto risco, sendo destes o HPV 16 o mais freqüente. Estudos preliminares demonstraram que as variantes do HPV 16 estão divididas em 6 ramos: E (Europeu), As (Asiático), AA (Asiático-Americano), Af1 (Africano-1), Af2 (Africano-2) e NA1 (Norte-Americano-1). O trabalho visa verificar a proporção de variantes moleculares do HPV 16 em amostras cervico-vaginais coletadas de pacientes do Ambulatório de Patologia Cervical do Ambulatório Central da Universidade de Caxias do Sul, através da biologia molecular e estabelecer correlação entre variante viral e tipo de lesão apresentada pela paciente. A técnica de biologia molecular consiste na extração de DNA das amostras com uso do kit GFX™; Genomic Blood DNA Purification Kit (Amersham Biosciences), técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) com amplificação da  $\beta$ -globina e do HPV. As amostras positivas seguem para um novo PCR para tipagem viral com a finalidade de identificação do HPV 16. As amostras que obtiverem resultado positivo para HPV 16 serão sub-tipadas no Instituto Ludwig para Pesquisa de Câncer, em São Paulo, através de sequenciamento de 364 pares de base para região LCR. Até o momento o número de coletas realizadas é aproximadamente 215. A perspectiva é de que, das amostras positivas, aproximadamente 50% seja HPV 16, e que destas pelo menos metade correspondam à variante E (Européia).

Palavras-chave: Papilomavirus humano, Variantes do HPV 16, Carcinoma cervical

Apoio: UCS