

## Trabalho apresentado no 21º CBCENF

**Título:** DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE PAPILOMAVÍRUS HUMANO NO ESTADO DE SERGIPE

**Relatoria:** FERNANDA LAYS SOUZA GOES SANTOS

Fernanda Lays Souza Góes Santos

**Autores:** Maria da Conceição Viana Invenção

Marcus Vinícius de Aragão Batista

**Modalidade:** Comunicação coordenada

**Área:** Valorização, Cuidado e Tecnologias

**Tipo:** Pesquisa

**Resumo:**

Dentre as infecções sexualmente transmissíveis (IST), o papilomavírus humano (HPV) destaca-se pela elevada incidência e prevalência, sendo descrito pela literatura mais de 200 tipos de HPV circulantes. No mundo, se configura como principal causador do câncer cervical, e nos países em desenvolvimento, a exemplo do Brasil, é apontado como a segunda causa de câncer do colo do útero. Dentre as ferramentas utilizadas para detecção do vírus, destacam-se os métodos moleculares, como a técnica PCR (reação em cadeia da polimerase) que comumente aplica nas reações os primers degenerados MY09 e MY11. No entanto, estes primers, assim como outros utilizados nos protocolos, apresentam diferentes perfis de sensibilidade e especificidade para detecção de HPV. Diante do exposto, o presente estudo teve como objetivo desenvolver ferramenta computacional para desenho de novos primers para detecção do HPV. Inicialmente, 337 amostras do colo do útero foram submetidas à técnica PCR convencional utilizando os primers MY09 e MY11. Posteriormente, foi desenvolvida uma ferramenta computacional baseada em entropia que possibilitou a identificação de novos marcadores moleculares e através da técnica PCR convencional, os iniciadores foram aplicados nas amostras reais. Dentre as 337 amostras, 16 (4,7%) foram positivas para os primers MY09 e MY11. No entanto, quando foram utilizados os novos iniciadores, 51 (15,1%) foram positivas para HPV. A partir dos resultados encontrados, verificou-se que os novos primers desenhados pela ferramenta computacional baseada em entropia são mais sensíveis e específicos para detecção de HPV.