

## **METODOLOGIA PARA AVALIAR A ENTROPIA INFORMACIONAL SEQUÊNCIAS DE AMINOÁCIDOS DA PROTEÍNA VIF DO HIV-1**

Marta de Oliveira Barreiros<sup>1,2</sup>; Jullyanna Maria Pinheiro Mendes<sup>1</sup>; Luis Gustavo Farias Sales<sup>1</sup>; Beny Pinheiro Campelo<sup>1</sup>; Jonathan Queiroz<sup>2</sup>; Élcio Souza Leal<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Faculdade Pitágoras de São Luís. <sup>2</sup>Universidade Federal do Maranhão. <sup>3</sup>Universidade Federal do Pará.

A proteína Vif (fator de infecção viral) do HIV-1 é capaz de inativar a ação da proteína humana APOBEC3G, responsável por conter a replicação do HIV-1 induzindo a desaminação da citidina (C → U) na cadeia de DNA negativo do HIV-1, durante a transcrição reversa. Vif regula a infecciosidade viral, evitando a incorporação de virulência de APOBEC3G. O presente estudo analisou a relação entre a variabilidade genômica de Vif em subtipos do HIV-1 em 300 indivíduos virgens de tratamento, no estado de São Paulo, Brasil. Uma metodologia foi traçada para avaliar automaticamente a informação da entropia de Shannon (H) em sequências Vif do HIV-1, medindo a variação das mutações presentes no genoma do HIV. As sequências foram codificadas em números únicos para cada tipo e um algoritmo escrito em Matlab foi desenvolvido para ler os arquivos e calcular a entropia. Grupos foram separados em subtipos para avaliar as diferenças da variabilidade por distintos subtipos do HIV, relacionando-os com contagem de células T CD4+ e carga viral. As estatísticas descritivas foram média ± desvio padrão e teste t Student para avaliar as diferenças entre amostras. A pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética da Universidade Federal de São Paulo (CEP 0563/08). Na análise dos dados, o subtipo B foi identificado em 80,33% (n=241; CD4+ 383,11±283,55; Carga Viral 166.659±312.828 cópias/mm<sup>3</sup>) das sequências, seguido do subtipo F1 15,67% (n=47; CD4+ 327,48±229,26; Carga Viral 200.298±340.990 cópias/mm<sup>3</sup>) e o subtipo C 4% (n=12; 269,83±175,82; Carga Viral 501.514±731.462 cópias/mm<sup>3</sup>). Percebeu-se que a taxa de entropia informacional aumentada estava presente no subtipo F (4,205±0,022); seguido do subtipo B (4,198±0,024) e subtipo C (4,196±0,0076). Houve diferenças significativas entre as entropias dos subtipos B e F (p=0,031), mas não entre B e C (p=0,8607) e nem C e F (p=0,277). Os pacientes do subtipo B com progressão à AIDS (<= 200 células T CD4+) possuíam entropias mais altas de (H=4,205) em comparação aos demais, grupo > 200 células T CD4+ (H=4,194), com diferença significativa p=0,0032. A metodologia utilizada ajudou a medir a variabilidade genética de *vif* HIV-1 separados por subtipos. Descobriu-se que o subtipo com maior informação variável é o subtipo F. Porém, o subtipo F não obteve menor quantidade de células T CD4+ e carga viral. Dessa forma, a entropia foi capaz de medir a variabilidade genética dos subtipos *vif* do HIV-1.

**Palavras-chave:** entropia, vif, HIV-1, subtipos.