

264

PESQUISA E EVIDÊNCIA MOLECULAR DA TRANSMISSÃO DE HTLV-I/II EM INDIVÍDUOS SOROPOSITIVOS PARA HTLV NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL. *Paula Kellermann, Jane Renner, Virginia Minghelli Schimitt (orient.) (PUCRS).*

Introdução: O Estado do Rio Grande do Sul representa uma significativa área endêmica para os Vírus Linfotrópicos de Células T Humanas do Tipo I e II (HTLV-I/II), com índice de soroprevalência de 0, 13% em 2000 (ANVISA). A transmissão sexual e vertical (principalmente através do aleitamento materno) são as principais rotas de transmissão intrafamiliar de HTLV-I/II em áreas endêmicas. A estabilidade genética do HTLV foi demonstrada por várias estimativas do índice evolucionário do vírus e a investigação de infecção intrafamiliar demonstrou a presença de sequências idênticas de HTLV-I e HTLV-II em amostras de vários membros de uma mesma família em diferentes gerações. **Objetivos:** O propósito deste estudo é buscar evidências moleculares da transmissão intrafamiliar, vertical ou horizontal, do vírus HTLV-I/II através do sequenciamento de regiões específicas do provírus em indivíduos soropositivos para este vírus atendidos no ambulatório de Neuro-HTLV do Hospital São Lucas da PUCRS. **Métodos:** Pelo menos dez famílias com indivíduos soropositivos serão analisadas. A região 5' LTR dos vírus HTLV-I e HTLV-II será amplificada com uma específica Nested-PCR. Os amplicons resultantes serão sequenciados em um sequenciador automático. **Conclusão:** Apesar da variabilidade genética observada nos vírus HTLV-I/II ser pequena, ela é suficiente para diferenciar os vírus isolados de diferentes grupos como de diferentes famílias sem ligação genética. Através da identificação das principais rotas de transmissão entre indivíduos de uma mesma família é possível realizar um aconselhamento destas pessoas portadoras do HTLV-I e II para evitar a disseminação viral. O conhecimento do tipo de vírus envolvido também permite um melhor acompanhamento clínico dos indivíduos infectados.