

# Classificação da Sequência *Tax* do HTLV-1 nos pacientes oriundos de dois Centros de Referência em Doenças Infecciosas e Parasitárias em Maceió-AL

Erlon O. Santos<sup>1</sup>, Viviane M. S. de Moraes<sup>2</sup>, Jéfferson L. A. Silva<sup>3</sup> e Maria R. C. D. Coêlho<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Laboratório de Pesquisa em Virologia. E-mail: [erlon.medtropical@hotmail.com](mailto:erlon.medtropical@hotmail.com). Av. Lourival Melo Mota, s/n, Tabuleiro dos Martins. Cep 57072-900, Maceió-AL. <sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical, Centro de Ciências da Saúde (CCS) da Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, Pernambuco, Brasil. E-mail: [vivi.martha@hotmail.com](mailto:vivi.martha@hotmail.com); <sup>3</sup>Laboratório de Imunopatologia Keizo-Asami (LIKA/UFPE); <sup>4</sup>Departamento de Fisiologia e Farmacologia, do Centro de Ciências Biológicas (CCB/UFPE) Recife, Pernambuco, Brasil. E-mail: [rcoelholika@gmail.com](mailto:rcoelholika@gmail.com).

Estudos têm demonstrado o envolvimento da proteína *tax* do HTLV-1 no desenvolvimento da PET/MAH. São descritos dois subtipos do HTLV-1: *tax* A e *tax* B, sendo que o subtipo *tax* A apresenta maior incidência nos pacientes com PET/MAH. Os objetivos deste estudo foram classificar a sequência *tax* e avaliar sua associação com a PET/MAH nos pacientes oriundos de dois centros de referência em Doenças Infecciosas e Parasitárias em Maceió-AL. Para identificar o polimorfismo na região do gene *tax*, nos pacientes infectados pelo HTLV-1, foi utilizada a enzima de restrição *Bsh1236I* (*BstUI*), isoesquisômero da enzima *AccII*, na qual as variantes polimórficas apresentam um sítio de restrição na região 8344 do gene *tax*. Para a formação do amplicon, a ser digerido, foram realizadas duas PCRs. A primeira reação da PCR utilizou os primers PXO<sup>+</sup> e PXO<sup>-</sup> e 1x master mix (Promega®). O produto da primeira reação foi utilizado como *template* para a segunda reação, utilizando os primers PXI3<sup>+</sup> e PXI3<sup>-</sup> e 1x master mix (Promega®). Na reação de digestão foram utilizados os primers PXI3<sup>+</sup> e PXI3<sup>-</sup>, 2U da enzima *Bsh1236I*. Para as análises dos comprimentos dos polimorfismos em relação aos fragmentos de restrição (RFLP) foi utilizada a eletroforese em gel de agarose a 2%. Participaram do estudo 69 pacientes infectados pelo HTLV-1. Destes, 42% apresentavam PET/MAH e 58% eram assintomáticos. A faixa etária ficou entre 14 e 82 anos (média de 27 anos), predominando o sexo feminino. O subtipo A da sequência *tax* foi identificado em 95,7% (66/69) dos indivíduos, sendo 40,9% (27/66) nos pacientes com PET/MAH e 59,1% (39/66) nos assintomáticos. O subgrupo B esteve presente em 4,3% (3/69), sendo 1,5% (1/69) nos pacientes com PET/MAH e 2,8% (2/69) nos assintomáticos. A maior prevalência da PET/MAH no sexo feminino pode estar associada à eficiência de transmissão do HTLV-1 do homem para a mulher. Houve predomínio do subtipo *tax* A entre os pacientes infectados pelo HTLV-1.

**Palavras-chave:** Proteína *tax*, HTLV-1, PET/MAH

