

---

# Otimização da reação em cadeia da polimerase para detecção de segmento *tax* do genoma proviral de HTLV-1 e HTLV-2

---

Leila Dias Teixeira da COSTA\*, Vanessa da Silva BUENO\*, Mariana Cavalheiro MAGRI<sup>2</sup>, Adele CATERINO-DE-ARAÚJO<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Imunologia, Instituto Adolfo Lutz

<sup>2</sup>Laboratório de Retrovírus, Núcleo de Doenças Sanguíneas/Sexuais, Centro de Virologia, Instituto Adolfo Lutz

\*Programa Institucional Brasileiro de Iniciação Científica (PIBIC/CNPq)

---

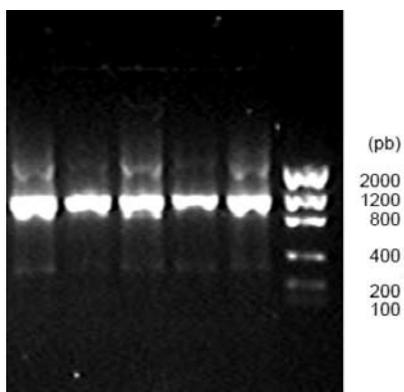
Os vírus linfotrópicos de células T humanas dos tipos 1 e 2 (HTLV-1 e HTLV-2) são retrovírus, cujo genoma proviral se insere ao DNA da célula hospedeira, podendo levar o indivíduo infectado ao estado de portador assintomático ou doente. A região *tax* do genoma proviral desses vírus diverge quanto à sua composição nucleotídica e ao tamanho do produto gerado (proteína Tax) e, portanto, essa região se presta a estudos de epidemiologia molecular<sup>1,2</sup>. Sabe-se que a proteína Tax de HTLV-1 possui capacidade de induzir células T citotóxicas a produzirem citocinas e quimiocinas, responsáveis por processos inflamatórios graves, e que variantes da Tax são descritas em diferentes isolados no mundo<sup>2-4</sup>. Assim, o presente estudo objetivou otimizar uma reação em cadeia da polimerase (PCR) capaz de amplificar um segmento grande da Tax, para posterior utilização em estudos de epidemiologia molecular. Os experimentos foram realizados no Laboratório de Retrovírus do Instituto Adolfo Lutz. Foram usadas na otimização sete amostras de DNA sabidamente positivas para HTLV-1 (n = 4) e HTLV-2 (n = 3), disponíveis no Laboratório de HTLV do Instituto Adolfo Lutz<sup>5</sup>. Após ajustes nos protocolos de amplificação (*primers*, reagentes e

condições de ciclagem), foi possível obter produtos de 1119 pb para HTLV-1 e 1134 pb para HTLV-2 (Figuras 1 e 2, respectivamente). Com os protocolos otimizados, foram amplificadas mais 43 amostras de DNA proviral (13 de HTLV-1 e 30 de HTLV-2), obtidas de pacientes coinfectados pelo HIV/Aids para posterior sequenciamento e busca de possíveis assinaturas moleculares presentes em isolados que circulam em São Paulo, em Londrina e região.

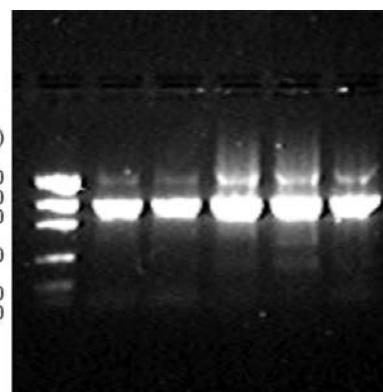
---

## REFERÊNCIAS

1. Proietti AB de FC. HTLV Cadernos Hemominas. Minas Gerais: Belo Horizonte: Fundação Centro de Hematologia e Hemoterapia de Minas Gerais, 2010.
2. Iñiguez AM, Gastaldello R, Otsuki K, Balangero M, Carvalho Costa F, Remondegui C, Paula Vicente AC, Gallego S. Correlation of HTLV-1 Tax genetic diversity with HTLV-1 associated myelopathy/tropical spastic paraparesis progression and HTLV-1a genotypes in an HTLV-1 endemic region in Argentina. J Med Virol. 2010;82(8): 1438-41.
3. Furukawa Y, Yamashita M, Usuku K, Izumo S, Nakagawa M, Osame M. Phylogenetic Subgroups of Human T Cell Lymphotropic Virus (HTLV) Type I in the tax Gene and Their Association with Different Risks for HTLV-I-Associated Myelopathy/Tropical Spastic Paraparesis. J Infect Dis. 2000; 182: 1343-9.



**Figura 1.** Bandas obtidas da amplificação da região Tax do genoma proviral de HTLV-1, quando submetidas à eletroforese em gel de agarose a 1,3%



**Figura 2.** Bandas obtidas da amplificação da região Tax do genoma proviral de HTLV-2, quando submetidas à eletroforese em gel de agarose a 1,3%

4. Higuchi M, Fujii M. Distinct functions of HTLV-1 Tax1 from HTLV-2 Tax2 contribute key roles to viral pathogenesis. *Retrovir.* 2009;6:117.
5. Bueno VS, Magri MC, Caterino-de-Araujo A. Estabelecimento de métodos moleculares para a amplificação da região tax do genoma proviral de HTLV-1 e HTLV.

**Nota:** artigo baseado na monografia de Leila Dias Teixeira da Costa, apresentada no Programa Institucional de Iniciação Científica do Instituto Adolfo Lutz de São Paulo, área Imunologia/Biologia Molecular, em 2011.