
Herpesvírus humano tipo 8 (HHV-8): Estudo de segmentos alvo do genoma viral em amostras de sangue, saliva e urina de pacientes infectados pelo HIV/aids, com e sem Sarcoma de Kaposi

Santos-Fortuna, E. de los **Human Herpesvirus type 8 (HHV-8): Study of target segments of the HHV-8 genoma in blood, saliva and urine of HIV/aids infected patients with or without Kaposi's Sarcoma.** São Paulo, 2005, [Tese de Doutorado- Área de Análises Clínicas Faculdade de Ciências Farmacêuticas —USP]. Orientadora: Adele Caterino de Araujo

Desde a descoberta do herpes vírus humano tipo 8 (HHV-8) como o agente etiológico do sarcoma de Kaposi (SK) nas suas diferentes formas clínico-epidemiológicas, vários estudos vêm sendo conduzidos com o intuito de determinar as vias de transmissão desse vírus em populações endêmicas e de risco epidemiológico. Em regiões endêmicas, a transmissão viral foi relacionada à transmissão horizontal de mães para filhos e entre irmãos e a sexual principalmente, nos casos de SK/aids. Com o objetivo de determinar segmentos do genoma viral em fluidos biológicos e conseqüentemente seu potencial infectante foi conduzido o presente trabalho. Foram avaliados quanto à presença de segmentos localizados em posições estratégicas do genoma do HHV-8 em sangue, saliva e urina de 76 pacientes com SK/aids, 19 pacientes com HIV/aids, 4 casos de SK clássico e 11 indivíduos sadios (HIV-soronegativos, sem SK). Foram utilizadas as técnicas de PCR “nested” para as *ORF K1*, *ORF 25*, *ORF 26*, *ORF K8.1* e *ORF 73* em DNA extraído de material de biópsia de lesão de SK (controle positivo), células do sangue periférico, saliva e urina. Os resultados de PCR positivo para o HHV-8 foram analisados quanto a variáveis epidemiológicas, clínicas e laboratoriais. Foram consideradas como variáveis: sexo, cor, origem étnica, tempo de infecção por HIV e de acompanhamento do SK, terapia ARV e para SK, contagem de células CD4+ e sorologia para o HHV-8 (IFI-LANA e IFI-Lítico). Os testes estatísticos de regressão logística e de razão de chances foram usados para detectar as associações estatisticamente significantes entre as PCRs positivas e as variáveis estudadas nos grupos SK/aids e HIV/aids. Os subtipos do HHV-8 foram também determinados pela técnica de PCR-RFLP da *ORF K1* (VR1). Os resultados obtidos mostraram a detecção de DNA/HHV-8 em 80,2% do material de biópsia, 69,7% no sangue, 59,2% na saliva e 21,0% na urina de pacientes com SK/aids. No grupo HIV/aids, a PCR para o HHV-8 resultou positiva em 47,4% dos casos no sangue e em 26,3% na saliva e urina. Já no grupo SK clássico 100% das biópsias e salivas resultaram PCR positiva, 67% do sangue e 33% das urinas. A avaliação sorológica revelou 73,3% de reatividade para IFI-LANA e 85,3% para a IFI-Lítico no grupo SK/aids, enquanto o grupo HIV/aids mostrou reatividade de 15,8% para IFI-LANA e 47,4% para IFI-Lítico; todos os pacientes apresentaram resultados reagentes nas duas sorologias para o HHV-8 no grupo de SK clássico. No grupo controle sadio não houve reatividade na sorologia para o HHV-8, com exceção de um caso, que mostrou ser reagente na IFI-LANA. Foi possível realizar a subtipagem do HHV-8 em amostras de 69 pacientes, sendo detectadas 27 cepas do subtipo A, 13 do subtipo B, 28 do subtipo C e 1 do subtipo E. Após as análises estatísticas foi verificado que as PCRs que identificam as regiões *ORF 26*, *ORF K8.1* e *ORF 73* foram as que apresentaram melhor desempenho na identificação de DNA/HHV-8. Houve associação entre a reatividade de IFI-Lítico e a presença do vírus no sangue periférico, assim como a reatividade para IFI-LANA e a detecção de DNA/HHV-8 na saliva. Houve uma tendência dos subtipos B e C de HHV-8 serem detectados em pacientes com infecção profunda ou disseminada de SK. Estes resultados sugerem que a boca pode ser um sítio de latência da infecção por HHV-8 e confirmam a atuação de sangue, saliva e urina como fluidos potencialmente infectantes.

Disponível no site de biblioteca digital de teses da USP
E-mail: efortuna@ial.sp.gov.br