

INTRODUÇÃO

O Torque Teno Vírus (TTV) foi identificado e isolado pela primeira vez a partir de amostra de um paciente com hepatite pós-transfusional de etiologia desconhecida no Japão em 1997. O TTV é um vírus pertencente ao gênero *Anellovirus* e família *Circoviridae* com genoma de DNA, circular e não segmentado (fig 1). Mundialmente disperso, possui alta variabilidade genética, tendo mais de 30 genótipos descritos classificados em cinco grupos filogenéticos (fig 2). Apesar de estar presente em mais de 90% da população mundial de adultos, a patogenicidade humana do TTV ainda não foi totalmente estabelecida, embora a infecção por este vírus tenha sido associada com várias doenças, tais como: fígado, doenças respiratórias, doenças hematológicas e cancro. O objetivo deste estudo é detectar a presença do vírus TTV em amostras de pacientes com HIV e verificar a prevalência desta co-infecção.

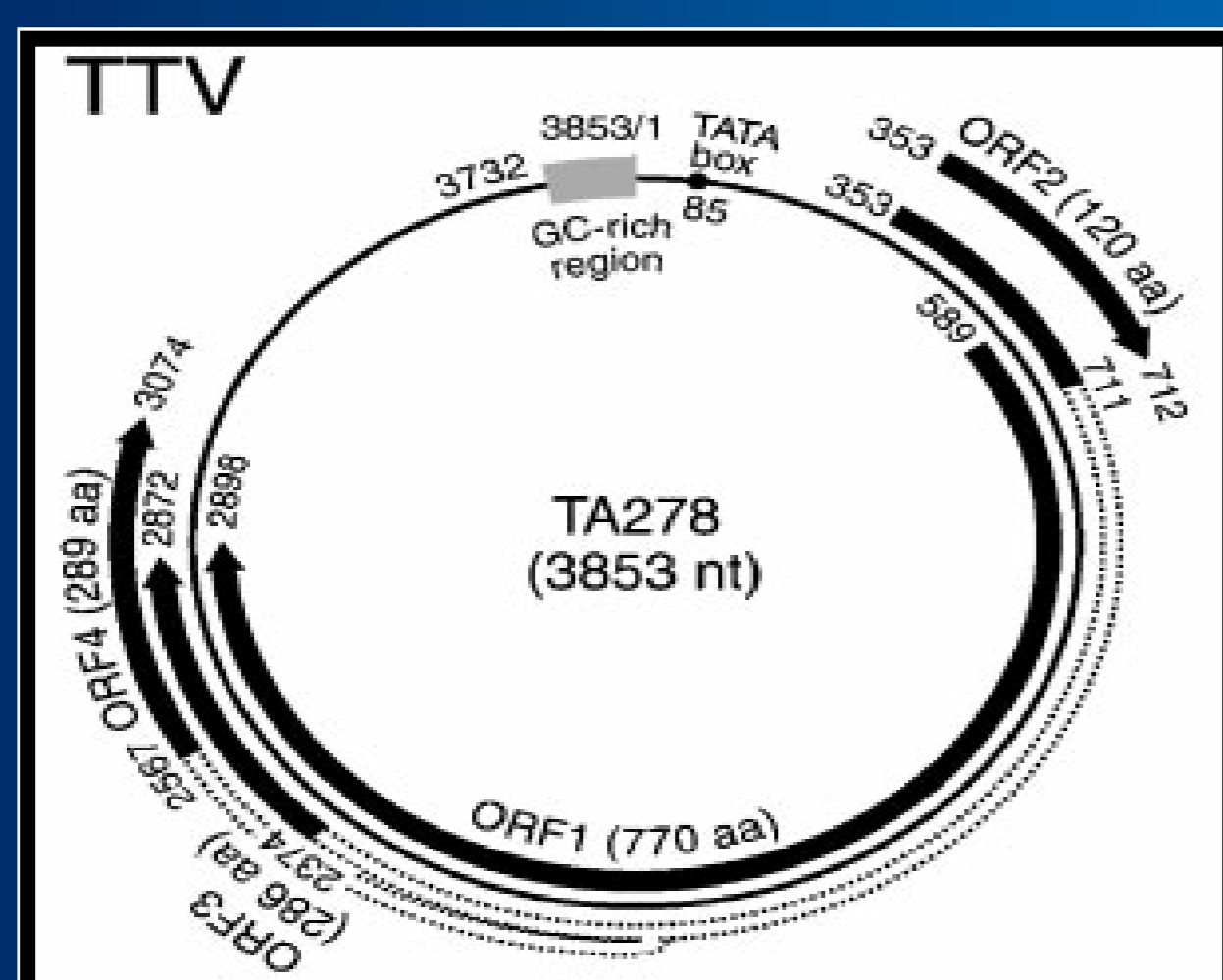
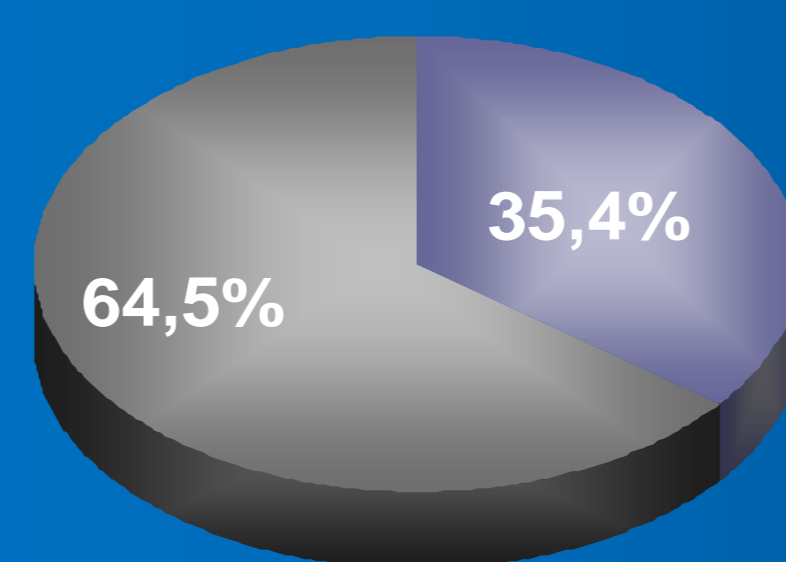
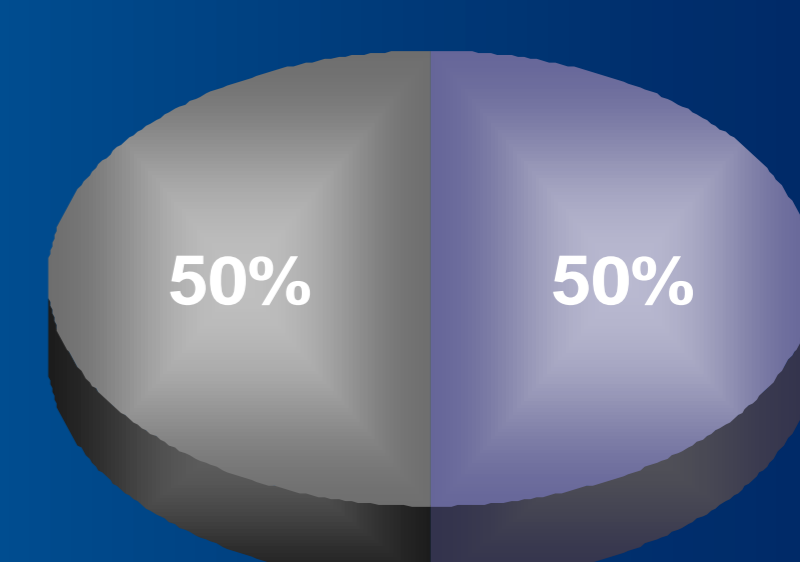


Figura 1. Estrutura genômica do TTV. Fonte: Okamoto *et al.*, 2001.

Amostras positivas para HIV



Amostras grupo controle



■ Positivo
■ Negativo

Figura 3. Percentual do nível de detecção de TTV nas amostras de HIV e grupo controle por PCR

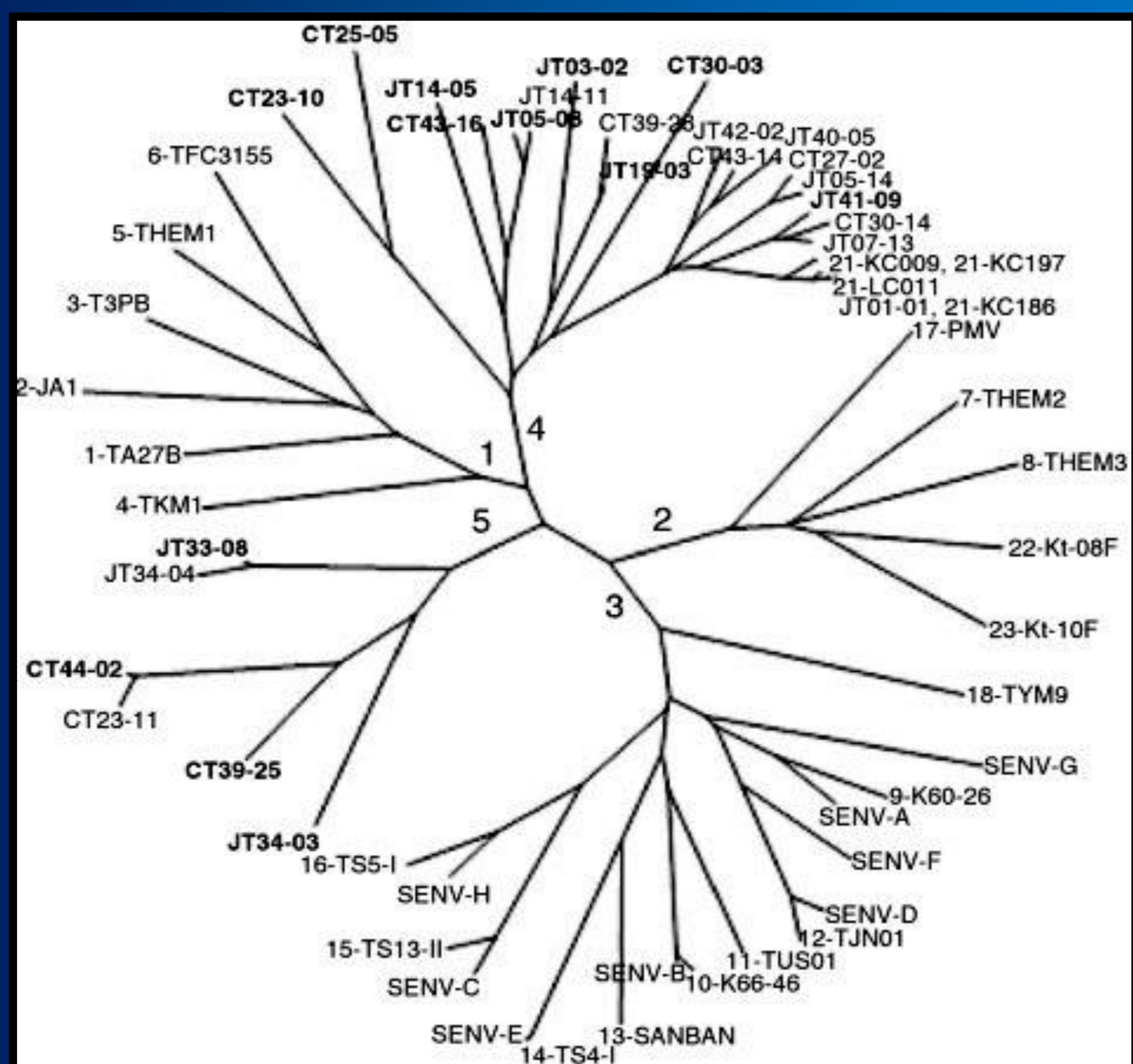


Figura 2. Análise filogenética do genoma completo do TTV, classificada em cinco grupos genômicos distintos. Fonte: Peng *et al.*, 2002.

MATERIAIS E MÉTODOS

Foram analisadas amostras de plasma de 158 pacientes infectados com HIV e 70 pacientes sem a presença do vírus (grupo controle). A extração do DNA foi realizada utilizando o método com fenol-clorofórmio para posterior amplificação por PCR. Os *primers* usados foram o TTV1 sense 5'-TGCACT-TCCGAATGGCTGAGTT-3' e TTV NG0147 antisense 5'-GCCAGTCCCGAGCCCGAATTGCC-3', gerando um fragmento de 136pb (Niel *et al.*, 2005). Os resultados foram analisados em gel de agarose 1,5%, corado com brometo de etídio e visualizados, sob luz ultravioleta (fig 3).

RESULTADOS

As análises mostraram que das 158 amostras, 56 (36,6%) apresentaram a presença do TTV nos pacientes com HIV e, das 70 amostras sem o vírus HIV, 35 (50%) destas mostraram a presença do TTV. A prevalência da co-infecção TTV/HIV foram estatisticamente significantes ($p < 0,04$).

CONCLUSÃO

Uma análise maior do número amostral é importante para determinar a possível relação da co-infecção TTV-HIV. De acordo com a literatura, é provável que o TTV tenha relação com a carga viral de pacientes infectados com o HIV. Existe a necessidade de mais estudos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Nasser, Thiago F. Detection of Torque Teno Virus in HIV infected and exposed but uninfected individuals in North Parana region. 2007 78f. Dissertação – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2007.
- Niel C, Diniz-Mendes L, Devalle S 2005. Rolling-circle amplification of Torque teno virus (TTV) complete genomes from human and swine sera and identification of a novel swine TTV genogroup. J Gen Virol 86: 1343-1347.
- Nishizawa T, Okamoto H, Konishi K, Yoshizawa H, Miyakawa Y, Mayumi M. 1997. A novel DNA virus (TTV) associated with elevated transaminase levels in posttransfusion hepatitis of unknown etiology. Biochem Biophys Res Commun 241:92-97.
- Okamoto H, Nishizawa T, Takahashi M, Asabe S, Tsuda F, Yoshikawa A. 2001. Heterogeneous distribution of TT virus of distinct genotypes in multiple tissues from infected humans. Virology 288:358-368.
- Peng YH, Nishizawa T, Takahashi M, Ishikawa T, Yoshikawa A, Okamoto H. 2002. Analysis of the entire genomes of thirteen TT virus variants classifiable into the fourth and fifth genetic groups, isolated from viremic infants. Arch Virol 147:21-41.