

P-63

**ASSOCIAÇÃO ENTRE CARGA PROVIRAL E POLIMORFISMOS DOS GENES IL-6 E IL-10 NA INFECÇÃO PELO HTLV-1**

<sup>1</sup>Azevedo, R; <sup>1</sup>Kashima, S; <sup>2</sup>Castelli, EC, <sup>2</sup>Takayanagui, OM; <sup>3</sup>Alcântara, ICJ, <sup>3</sup>Gadelha, S, <sup>3</sup>Pombo de Oliveira, MS; <sup>1,2</sup>Covas, DT<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Centro Regional de Hemoterapia de Ribeirão Preto; <sup>2</sup>Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto – USP– Ribeirão Preto, SP; <sup>3</sup>Fundação Oswaldo Cruz – Salvador, Bahia, <sup>4</sup>Instituto Nacional do Câncer – INCA – Rio de Janeiro, Brasil.

O HTLV-1 está relacionado a duas manifestações clínicas: a leucemia/linfoma de células T do adulto (ATL) e a mielopatia associada ao HTLV-1/paraparesia espástica tropical (HAM/TSP). Os fatores que causam estas diferentes manifestações ainda não estão bem esclarecidos. Neste estudo foi feita a análise de polimorfismos (SNPs) em genes relacionados ao processo inflamatório, como o gene IL-6 (posição -174, -597 e -634) e gene IL-10 (posição -592). Foram analisadas amostras de DNA obtidas de 140 pacientes HTLV-1 positivos, divididas de acordo com a condição clínica: HAC (n=52), HAM/TSP (n=35) e ATL (n=53). Todas as amostras foram avaliadas quanto à carga proviral. Para o estudo de polimorfismo, foram coletadas amostras como controles negativos para HTLV-1 (n=97). A análise das frequências alélica e genotípica dos SNPs para os genes IL-6 e IL-10 demonstrou uma diferença estatisticamente significativa ( $p < 0,05$ ) para o genótipo (GG) na posição -597 de IL-6 entre os grupos HAM/HAC/ATL e controle relacionados. O mesmo foi observado para o genótipo na posição -592 de IL-10 (C/A) entre os grupos de HAM/HAC e controles. A carga proviral não apresentou variações significativas entre as amostras que apresentaram polimorfismos associados. Até o momento, podemos concluir que polimorfismos em genes do processo inflamatório podem estar relacionados com a infecção pelo HTLV-1. Entretanto, a quantificação da carga proviral não demonstrou ser um parâmetro associado aos polimorfismos nesta população analisada.

Apoio financeiro: FUNDHERP, CTC/FAPESP.