

extremamente variável nos estados e regiões. **Objetivo:** Obter dados sobre a frequência de anticorpos anti-HHV-8 em população indígena da região Amazônica, do Brasil. **Material e Métodos:** Foram estudadas 664 amostras de plasma de 169 famílias de índios da Tribo Tiriyo que habitam a região de fronteira entre o norte do Pará e o Suriname, onde vivem cerca de 750 índios. A média de idade foi de 21 anos, variando de meses até 81 anos, sendo 332 do sexo masculino e 332 do sexo feminino. As amostras foram coletadas entre abril e maio de 1997 e estocadas a -20°C até serem processadas. O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do CPqGM/ Fiocruz-Ba. Os testes sorológicos de imunofluorescência indireta (IFI) para a detecção de anticorpos anti-HHV-8 de fase lítica (IFI-Lítico) e latente (IFI-LANA) viral foram realizados na Seção de Imunologia do Instituto Adolfo Lutz, utilizando células BCBL-1 latentemente infectadas ou estimuladas com forbol. Foram consideradas positivas as amostras que resultaram reagentes em pelo menos um dos testes de IFI na diluição do plasma de 1/50. **Resultados:** Foram detectados anticorpos anti-HHV-8 em 377 plasmas (57%), sendo 262 (39,5%) reagentes para anticorpos de fase lítica e latente viral. A distribuição de plasmas reagentes segundo o sexo mostrou resultados semelhantes: 57,5% para o sexo masculino e 56% para o feminino. Houve casos positivos em todas as faixas etárias e em quase todas as famílias analisadas (exceção 16 famílias), sendo que em 160 famílias mais de 70% dos membros apresentaram anticorpos anti-HHV-8. **Conclusões:** Foi verificada alta frequência de anticorpos anti-HHV-8 nos índios da Tribo Tiriyo de ambos os sexos e de todas as faixas etárias, confirmando resultados anteriores (Biggar *et al*, 2000). O alto percentual de plasmas reagentes nesta tribo mostra que o HHV-8 é endêmico nesta população e nesta região geográfica. Devido ao fato desses índios conviverem com índios de tribos vizinhas é provável que indivíduos de outras tribos desta região, também estejam infectados pelo HHV-8. A presença de índios infectados pelo HHV-8 em todas as faixas etárias sugere a existência de outras vias de transmissão viral, além da sexual. Faz-se necessário à realização de estudos epidemiológicos para se verificar a real distribuição e as vias de transmissão desse agente no Brasil. APOIO FINANCEIRO: FAPESP # 98/13313-5 e CNPq

TL-115

#### CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENOTIPOS NÃO USUAIS DE ROTAVÍRUS EM CRIANÇAS COM DIARRÉIA EM BELÉM, PARÁ, BRASIL.

Amanda G. Bayma<sup>1</sup>, Luana S. Soares<sup>2</sup>, André M. Caniceiro<sup>1</sup>, Alexandre C. Linhares<sup>2</sup>, José P.G. Leite<sup>3</sup>, Yvone B. Gabbay<sup>2</sup>, Euzeni Menezes<sup>2</sup>, Antônia S. Alves<sup>2</sup>, Joana D.P. Mascarenhas<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Bolsistas do PIBIC/CNPq/IEC; <sup>2</sup>Seção de Virologia do Instituto Evandro Chagas/Secretaria de Vigilância em Saúde/M.S/Belém, Pará; <sup>3</sup>Fundação Oswaldo Cruz, Departamento de Virologia, Rio de Janeiro, RJ.

**Introdução:** Estimativas demonstram a importância dos rotavírus, como causa de diarreia grave na infância, com ênfase para os países em desenvolvimento, onde os índices de infectividade alcançam de 1600 a 2400 crianças por dia. Os Rotavírus pertencem a Família Reoviridae, gênero Rotavírus, sendo classificados em sete diferentes grupos de A-G, sendo que o grupo A é o mais importante epidemiologicamente. Seu genoma é composto por um RNA de fita dupla, com 11 segmentos, os quais se encontram circundados por um triplo capsídeo viral. No capsídeo mais externo se situam duas proteínas, a VP7 e a VP4, que determinam os genótipos G e P, respectivamente, importantes para a classificação binária dos rotavírus. **Objetivos:** Quantificar os cDNAs dos genótipos não usuais de rotavírus entre crianças participantes de vigilância intensiva das diarreias em Belém, Pará. **Material e Métodos:** De um total de 281 espécimes fecais coletados no período de maio de 1998 a maio de 2000 e testados previamente pela Reação em Cadeia da Polimerase Precedida de Transcrição Reversa (RT-PCR), 43% (121/281) foram caracterizados para o genótipo G e 63,7% (179/281) para o genótipo P. Os cDNAs dos genótipos não usuais de rotavírus foram purificados a partir do produto da Nested-PCR, desde que os fragmentos amplificados apresentassem uma única banda (kit CONCERT™ Rapid PCR Purification System, GIBCO-BRL). No caso do aparecimento de duas bandas no gel, a purificação do cDNA foi feita a partir da excisão da banda indicativa do genótipo sob estudo, usando-se o kit QUIAQuick® Gel Extraction (QUIAGEN). Os cDNAs foram quantificados usando-se o marcador de peso molecular Low DNA Mass Leader (Invitrogen), visando futuro seqüenciamento de nucleotídeos. **Resultados:** Das 281 amostras previamente testadas pela RT-PCR, 33% (93/281) foram associadas aos genótipos não usuais, dentre eles: G9P[8], G9P[6], G9P[4], G1P[4], G1P[6], G4P[6], G4P[4], G5P[4], G2P[6], G3P[4], G3P[6], G2P[8], G11P[8], G1+G2P8] e G1P[4+6]. Dezoito genótipos não usuais foram purificados e quantificados, sendo 8 do genótipo G (G1=1; G2=3 e G9=4) e 10 do genótipo P (P[4]=7; P[6]=3) com DNAs que variaram de 7,5 a 80 nanogramas. **Conclusões:** O presente estudo mostra a importância de se usar ferramentas da biologia molecular como a RT-PCR na caracterização molecular de rotavírus, visando a triagem de genótipos não usuais de rotavírus com vistas ao seqüenciamento de nucleotídeos. **Fonte Financiadora:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (PIBIC/CNPq/IEC); Fundo Estadual de Ciência e Tecnologia (FUNTEC), Belém, Pará; IEC; IOC. **E-mail:** amandabayma@iec.pa.gov.br

TL-116

#### CO-INFECÇÃO COM HELMINTOS MODULA A RESPOSTA IMUNE DE INDIVÍDUOS INFECTADOS PELO HTLV-I

Silvane B. Santos<sup>1</sup>; Aurélio F. Porto<sup>1</sup>; André L. Muniz<sup>1</sup>; Waldyr Rodrigues<sup>1</sup>; Walderez Dutra<sup>2</sup>; Ken Gollob<sup>3</sup> e Edgar M. Carvalho<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Serviço de Imunologia – HUPES – UFBA; <sup>2</sup>Departamento de Morfologia; ICB – UFMG <sup>3</sup>Departamento de Bioquímica - Imunologia – ICB – UFMG A resposta imune de indivíduos infectados pelo HTLV-I (Vírus Linfotrófico de Células T Humanas tipo 1) é caracterizada por uma resposta exagerada das células T, com alta produção de citocinas pró-inflamatórias. Ao contrário, as infecções por helmintos, particularmente a esquistossomose crônica e a estrogiloidíase, estão associadas a uma resposta imune do tipo 2. Considerando dados preliminares que