



HTLV 1 NO BRASIL: UMA BREVE SOBRE EPIDEMIOLOGIA, GRUPOS DE RISCO, DESAFIOS NO DIAGNOSTICO E AS PRINCIPAIS DOENÇAS ASSOCIADAS

HTLV-1 IN BRAZIL: A BRIEF OVERVIEW OF EPIDEMIOLOGY, RISK GROUPS, DIAGNOSTIC CHALLENGES, AND THE MAIN ASSOCIATED DISEASES

HTLV-1 EN BRASIL: BREVE RESEÑA DE LA EPIDEMIOLOGÍA, GRUPOS DE RIESGO, DESAFÍOS DIAGNÓSTICOS Y PRINCIPALES ENFERMEDADES ASSOCIADAS

 <https://doi.org/10.56238/levv16n54-122>

Data de submissão: 20/10/2025

Data de publicação: 20/11/2025

Dilmara Assunção Soares

Graduanda em Biomedicina

Instituição: Faculdade Metropolitana de Manaus

Endereço: Manaus, Amazonas, Brasil

E-mail: dil.unibio@gmail.com

Thaissa Soares Pierre

Graduanda em Biomedicina

Instituição: Faculdade Metropolitana de Manaus

Endereço: Manaus, Amazonas, Brasil

E-mail: thaissasoarespierre@gmail.com

Lorena Alves Santos

Mestrado em Ciências Aplicadas a Hematologia

Instituição: Centro Universitário Uninorte Laureat

Endereço: Manaus, Amazonas, Brasil

E-mail: lorena.alves@fametro.edu.br

Gabriel de Oliveira Rezende

Mestre em Biotecnologia e Recursos Naturais da Amazônia

Instituição: Universidade do Estado do Amazonas

Endereço: Manaus, Amazonas, Brasil

E-mail: gabriel.rezende@fametro.edu.br

Lattes: <http://lattes.cnpq.br/6370221153572710>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5551-2861>

RESUMO

O Vírus Linfotrópico de Células T Humano tipo 1 (HTLV-1) é um retrovírus identificado na década de 1980 e reconhecido como um problema de saúde pública, especialmente em países como o Brasil, onde sua prevalência é significativa. Estima-se que entre 800 mil e 2,5 milhões de brasileiros estejam infectados, com maior concentração nas regiões Norte e Nordeste, bem como em populações consideradas vulneráveis. Entre os principais grupos de risco estão doadores de sangue, gestantes,

homens que fazem sexo com homens, profissionais do sexo, usuários de drogas injetáveis e indivíduos coinfecados por HIV, HBV ou HCV. A maioria dos infectados permanece assintomática, dificultando o diagnóstico precoce e a adoção de medidas preventivas, o que contribui para a transmissão silenciosa do vírus. A diferenciação entre HTLV 1 e HTLV 2 é essencial para o manejo clínico, sendo necessários testes confirmatórios específicos, como Western Blot, LIA e PCR. Considerando que ainda não existe cura, a prevenção e a detecção precoce permanecem como as principais estratégias de controle. O HTLV 1 possui um genoma complexo, codificando proteínas estruturais, reguladoras e acessórios que favorecem sua replicação e potencial oncogênico. A transmissão ocorre principalmente por via sexual, sanguínea e vertical, ou seja, mãe-filho, e a presença de coinfecções, como HIV ou *Strongyloides stercoralis*, pode agravar o quadro clínico. Apesar de sua relevância, o HTLV 1 continua pouco conhecido e frequentemente negligenciado, evidenciando a necessidade de estratégias mais eficazes de diagnóstico, prevenção e políticas de saúde direcionadas aos grupos de maior risco.

Palavras-chave: Grupos de Risco. ATLL. HAM/TSP. Saúde Pública. Estudo Epidemiológico.

ABSTRACT

Human T-cell lymphotropic virus type 1 (HTLV-1) is a retrovirus identified in the 1980s and recognized as a public health problem, especially in countries like Brazil, where its prevalence is significant. It is estimated that between 800,000 and 2.5 million Brazilians are infected, with a higher concentration in the North and Northeast regions, as well as in populations considered vulnerable. Among the main risk groups are blood donors, pregnant women, men who have sex with men, sex workers, intravenous drug users, and individuals co-infected with HIV, HBV, or HCV. Most infected individuals remain asymptomatic, hindering early diagnosis and the adoption of preventive measures, which contributes to the silent transmission of the virus. Differentiation between HTLV-1 and HTLV-2 is essential for clinical management, requiring specific confirmatory tests such as Western Blot, LIA, and PCR. Considering that there is still no cure, prevention and early detection remain the main control strategies. HTLV-1 has a complex genome, encoding structural, regulatory, and accessory proteins that favor its replication and oncogenic potential. Transmission occurs mainly through sexual, blood, and vertical (mother-to-child) routes, and the presence of co-infections, such as HIV or *Strongyloides stercoralis*, can worsen the clinical picture. Despite its relevance, HTLV-1 remains poorly understood and frequently neglected, highlighting the need for more effective diagnostic and preventive strategies and health policies targeted at higher-risk groups.

Keywords: Risk Groups. ATLL. HAM/TSP. Public Health. Epidemiological Study.

RESUMEN

El virus linfotrópico de células T humanas tipo 1 (HTLV-1) es un retrovirus identificado en la década de 1980 y reconocido como un problema de salud pública, especialmente en países como Brasil, donde su prevalencia es significativa. Se estima que entre 800.000 y 2,5 millones de brasileños están infectados, con una mayor concentración en las regiones Norte y Nordeste, así como en poblaciones consideradas vulnerables. Entre los principales grupos de riesgo se encuentran los donantes de sangre, las mujeres embarazadas, los hombres que tienen relaciones sexuales con hombres, las trabajadoras sexuales, los usuarios de drogas intravenosas y las personas coinfecadas con VIH, VHB o VHC. La mayoría de las personas infectadas permanecen asintomáticas, lo que dificulta el diagnóstico precoz y la adopción de medidas preventivas, contribuyendo así a la transmisión silenciosa del virus. La diferenciación entre HTLV-1 y HTLV-2 es esencial para el manejo clínico, y requiere pruebas confirmatorias específicas como Western Blot, LIA y PCR. Dado que aún no existe una cura, la prevención y la detección precoz siguen siendo las principales estrategias de control. El HTLV-1 posee un genoma complejo que codifica proteínas estructurales, reguladoras y accesorias, las cuales favorecen su replicación y potencial oncogénico. La transmisión se produce principalmente por vía sexual, sanguínea y vertical (de madre a hijo), y la presencia de coinfecciones, como VIH o *Strongyloides stercoralis*, puede agravar el cuadro clínico. A pesar de su relevancia, el HTLV-1 sigue siendo poco conocido y frecuentemente desatendido, lo que pone de manifiesto la necesidad de



estrategias diagnósticas y preventivas más eficaces, así como de políticas de salud dirigidas a los grupos de mayor riesgo.

Palabras clave: Grupos de Riesgo. ATLL. HAM/TSP. Salud Pública. Estudio Epidemiológico.



1 INTRODUÇÃO

Na década de 1980, cientistas identificaram uma nova espécie de vírus, pertencente ao gênero deltaretrovírus, denominado HTLV - Vírus linfotrópico T Humano (Hoshino, 2012). Com base em cálculos obtidos por pesquisadores, aproximadamente 10 milhões de cidadãos já estão ou foram infectados por este vírus em todos os continentes do mundo. Tal infecção pode ter como resultado, a propagação de outras patologias associadas, como ATLL - Leucemia/Linfoma das Células T em Adultos e HAM/TSP - Paraparesia Tropical Associada ao HTLV1 (Legrand, 2022).

Nos últimos anos, o Brasil tem enfrentado um cenário complexo em relação à infecção pelo HTLV-1. Estimativas indicam que o país possui entre 800 mil e 2,5 milhões de pessoas infectadas, posicionando-se entre as nações com maior incidência global. Contudo, a distribuição da infecção é heterogênea no território nacional, influenciada por fatores como condições socioeconômicas, perfil sociocultural, origem étnica, localização geográfica e exposição a situações de risco (Caterino-de-Araujo, 2022). Um exemplo dessa disparidade é observado em Salvador (BA), onde estudos apontam uma prevalência de 1,48% em doadores de sangue, enquanto a média nacional varia entre 0,03% e 0,48% na população geral e chega a 1,05% em gestantes. Dados de 2020 reforçam essa desigualdade: as regiões Norte e Nordeste apresentam as maiores taxas de infecção, enquanto o Sul registra os índices mais baixos (Brasil, 2020). Essa disparidade regional e populacional está diretamente associada aos fatores predominantes em cada contexto para compreensão do perfil epidemiológico.

Portanto, ao analisar os modos de transmissão e dos grupos populacionais mais vulneráveis ao HTLV-1 revela uma variabilidade significativa nas taxas de prevalência, que oscilam entre 0,7% e 5,3%. Entre os grupos de maior risco, destacam-se homens que fazem sexo com homens (HSH), profissionais do sexo, usuários de drogas injetáveis (UDI) e pessoas com infecções sexualmente transmissíveis (ISTs), especialmente aquelas coinfetadas por HIV, HBV ou HCV (Brasil, 2020). Um estudo realizado por Iwanaga (2020) demonstrou que a presença do HTLV-1 é mais frequente em indivíduos acima de 45 anos. A mesma pesquisa estimou uma média de 40.000 novos casos anuais da infecção em adolescentes e adultos, reforçando a urgência de implementar estratégias de controle mais eficazes para reduzir a transmissão. Neste trabalho, iremos abordar a importância do diagnóstico e precisão da distinção da classe do vírus HTLV.

A distinção entre as infecções por HTLV-1 e HTLV-2 é de suma importância para o manejo clínico e a implementação de medidas preventivas eficazes. A realização de um diagnóstico confirmatório e discriminatório, portanto, torna-se um passo crucial (Rosadas et al., 2021a). De acordo com Martin J. et al. (2016), a maioria dos indivíduos infectados pelo HTLV não apresenta sintomas, devido à habilidade do vírus de se ligar e fundir em células-alvo. O Protocolo Brasileiro para Infecções Sexualmente Transmissíveis HTLV 2020 sugere o uso de Western Blot (WB) ou ensaio de imunoabsorção ligado a enzimas (LIA) como testes confirmatórios iniciais. Em casos de resultados



indeterminados, a reação em cadeia da polimerase (PCR) é recomendada para confirmação (Rosadas et al., 2021b). Dado que não existe cura para essas infecções, a prevenção, incluindo o diagnóstico preciso, é a única estratégia eficaz para interromper a transmissão do HTLV (Rosadas et al., 2021a). Esse indicador é um problema atual de saúde pública, sendo relevante o conhecimento profundo desses estudos de casos, a fim de desenvolvendo de estratégicas mais adequados, e continuidade de trabalhos de pesquisas para acompanhamento do estado clínico e laboratorial dos casos já diagnosticados, e apesar a doença não expressar alta frequência de mortalidade na população brasileira, observa-se a gravidade do vírus HTLV associados aos linfomas e doenças degenerativas, sendo pertinente o conhecimento da patogênese abordado neste projeto.

A infecção pelo vírus linfotrópico de células T humano (HTLV) representa um desafio significativo para a saúde pública em escala global. Apesar de sua associação com patologias severas, incluindo a leucemia/linfoma de células T do adulto (ATLL) e a Mielopatia associada ao HTLV/paraparesia espástica tropical (HAM/TSP), o HTLV frequentemente recebe menos atenção em comparação com outros retrovírus, como o HIV. Diante disso, faz necessário a realização deste estudo, pois ainda existem muitos desafios a serem superados para assegurar o atendimento completo e a melhoria da qualidade de vida das pessoas que convivem com o HTLV I/II no Brasil.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO PRINCIPAL

Compreender a epidemiologia, os desafios no diagnóstico e tratamento, e os impactos na saúde pública causados pela infecção por HTLV 1 no Brasil.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Analisar a distribuição geográfica e a prevalência da infecção por HTLV 1 no Brasil, com ênfase em regiões endêmicas.
2. Descrever os mecanismos patogênicos do HTLV-1, focando em suas principais manifestações clínicas associadas, como o ATLL.
3. Identificar os desafios atuais no diagnóstico precoce e tratamento da infecção por HTLV.



3 MATERIAIS E METODOS

3.1 TIPOS DE ESTUDO

Trata-se de estudo de revisão da literatura, com metodologia descritivo qualitativo, utilizando como fonte de dados os aspectos epidemiológicos, desafios nos diagnósticos e grupos de riscos do HTLV 1 em regiões do Brasil.

3.2 BASE DE DADOS CONSULTADAS

Foram coletadas informações retiradas por meios de pesquisas em artigos publicados em revistas e bancos de dados eletrônicas como Scientific Electronic Library Online (SciELO), PubMed, Biblioteca Virtual em Saúde (BVS) e Google Acadêmico.

3.3 FONTES BIBLIOGRÁFICAS

Serão utilizados artigos científicos. Para a pesquisa dos artigos serão utilizadas: artigos publicados em revistas e bancos de dados eletrônicos

3.4 CRITÉRIOS DE INCLUSÃO E EXCLUSÃO

Critérios de inclusão: foram selecionados artigos redigidos, publicados no período entre 2019 à 2025, em português, inglês e espanhol, que oferecem informações sobre o tema “HTLV 1 no Brasil: Uma breve sobre epidemiologia, grupos de riscos, desafios nos diagnósticos e doenças associadas”. Critérios de exclusão: artigos anteriores ao ano de 2019, que não abordam assuntos exclusivos sobre a temática.

3.5 COLETA DE DADOS

A coleta de dados foi realizada durante o período de fevereiro a outubro de 2025, através de levantamento de obras literárias já publicadas, voltada à identificação de estudos relevantes sobre os aspectos epidemiológicos, desafios enfrentados no diagnóstico, e as principais doenças associadas ao HTLV 1 no contexto brasileiro.

4 REVISÃO DA LITERATURA

4.1 HTLV 1

O HTLV-1 é um retrovírus humano complexo, classificado como um retrovírus, que pertence ao gênero Deltaretrovirus, da família Retroviridae e da subfamília Orthoretrovirinae, foi identificado pela primeira vez no Brasil em 1986, em uma comunidade japonesa em Campo Grande (MS), por um Kitagawa, (Santos et al., 2023), é um retrovírus com genoma de RNA de fita simples de polaridade positiva, porém, têm várias proteínas que requer processamento transcripcional mais complexo do que

os retrovírus simples (Hoshino, 2012). Este genoma viral é composto por genes codificadores (gag, pol, env); genes reguladores (tax, rex) e genes acessórios da região pX (p12, p13, p30, HBZ), e regiões terminais longas (LTRs) que controla a transição do vírus no hospedeiro (Eusebio et al., 2019).

4.2 ESTRUTURA GENÔMICA

O HTLV 1 possui genoma viral composto pelos genes codificadores gag que codifica proteínas estruturais do core viral, como a proteína de matriz (p19), do capsídeo (p24) e do nucleocapsídeo (p15). (Hoshino, 2012). Genes codificadores pol que codifica enzimas cruciais para a replicação do vírus, como a transcriptase reversa, a protease e a integrase. Genes codificadores env que codifica as glicoproteínas que formam o envelope viral, incluindo a glicoproteína transmembrana (gp21) e a de superfície (gp46) (Eusebio et al., 2019). Tax e rex que são genes reguladores importantes para a ativação da replicação viral e para o controle da expressão gênica. Região pX que está localizada próxima à LTR 3', e contém genes reguladores e acessórios, incluindo os genes tax e rex, e os genes de proteínas acessórios como p12, p13, p30 e HBZ (Hoshino, 2012). Proteínas acessórias p12; p13; p30, que desempenham papéis na viabilidade do vírus e na infecção das células. (Martin et al., 2016). Os HBZ são genes expresso na infecção crônica, importante na oncogênese da leucemia/linfoma de células T (LLTA) e na imunossupressão. As regiões LTRs estão localizadas em ambas as extremidades do genoma, contêm sequências promotoras e reguladoras que controlam a transcrição do vírus no genoma hospedeiro (Eusebio et al., 2019).

4.3 EPIDEMIOLOGIA

O HTLV-1 é um problema de saúde pública global, com uma estimativa de 10 a 20 milhões de indivíduos infectados em todo o mundo. No Brasil estima-se que cerca de 800.000 pessoas estejam infectadas pelo HTLV 1. A prevalência da infecção é notavelmente maior em mulheres negras/pardas, indivíduos com menor escolaridade e aumenta progressivamente com a idade (Rosadas et al., 2020). No entanto, não se distribui de forma homogênea pelo território brasileiro, apresentando significativas influenciadas por diversos fatores como regiões geográficas, origem étnica, nível socioeconômico e fatores de risco para aquisição dessas infecções, sendo assim um problema de saúde negligenciado (Caterino, 2022).

Dessa maneira os dados epidemiológicos disponíveis são em sua maioria, de estudos populacionais locais e regionais, realizados em populações específicas, o contato sexual é uma via importante de disseminação do vírus. A infecção é mais comum em mulheres, porém, a eficiência da transmissão não mostra diferença entre os sexos e está associado a transfusões de sangue, contaminação entre usuários de drogas, profissionais do sexo, e apesar de essas informações, ainda que não sejam ideais, é possível avaliar padrões da doença (Rosadas et al., 2021).



4.4 PREVALÊNCIA EM GRUPOS DE RISCO

4.4.1 Doadores de Sangue

A distribuição geográfica do HTLV no Brasil apresenta variações expressivas entre as diferentes regiões do país. Estudos realizados em bancos de sangue de 12 estados revelam taxas de prevalência que variam de 0,03% em Santa Catarina a 0,48% na Bahia, sendo mais elevadas nas regiões Norte e Nordeste e mais baixas na região Sul (Rosadas et al., 2020). Evidências científicas sugerem que a prevalência geral na população pode ser superior à observada entre doadores de sangue. Em Salvador, por exemplo, verificou-se uma taxa de 1,48% na população geral, em contraste com 0,48% entre doadores (Marinho et al., 2022). Na Bahia, a prevalência chegou a 1,2% em grupos específicos, como doadores, gestantes e indivíduos com sintomas de infecção, com destaque para as regiões de Barreiras e do litoral, incluindo os municípios de Ilhéus e Salvador (Rosadas et al., 2020).

4.4.2 Gestantes

A prevalência da infecção pelo HTLV-1 em gestantes no Brasil varia entre 0% e 1,05%, sendo mais elevada nesse grupo quando comparada e observada entre doadores de sangue. As maiores taxas de ocorrência concentram-se nas regiões Norte e Nordeste, com destaque para o estado da Bahia (Rosadas et al., 2020). Ainda há escassez de dados sobre a prevalência em gestantes de diversos estados brasileiros, e muitos dos estudos disponíveis são antigos e apresentam amostras reduzidas (Alves et al., 2023). A transmissão vertical, de mãe para filho, constitui uma das principais formas de disseminação silenciosa do vírus, estando associada a um maior risco de desenvolvimento de doenças relacionadas ao HTLV 1 na infância. Dessa forma, as ações voltadas à prevenção e ao controle da infecção nesse grupo populacional são essenciais para a redução da prevalência da doença na população geral (Rosadas et al., 2020).

4.4.3 Grupos Vulneráveis

Estudos realizados no Brasil indicam que determinados grupos populacionais apresentam maior vulnerabilidade à infecção pelo HTLV 1. Entre esses grupos destacam-se usuários de drogas injetáveis, profissionais do sexo, homens que fazem sexo com homens, receptores de transfusões sanguíneas realizadas antes de 1993 e parceiros sexuais de indivíduos infectados (Rosadas et al., 2020). Nesses segmentos, a prevalência é consideravelmente elevada, estando associada principalmente à transmissão sanguínea e às práticas sexuais desprotegidas. Além disso, populações indígenas também se mostram significativamente afetadas, em razão da alta proximidade e agregação familiar, podendo alcançar taxas de prevalência de até 20% entre crianças com menos de nove anos de idade (Rosadas et al., 2020).



4.4.4 Coinfecções

Indivíduos infectados pelo HTLV apresentam maior frequência de coinfecções quando comparados à população geral, o que pode estar relacionado tanto às vias de transmissão semelhantes quanto às alterações imunológicas provocadas pelo vírus (Rosadas et al., 2022). No contexto da coinfecção com o HIV, o HTLV 1 tem sido associado a um risco aumentado de mortalidade, possivelmente em decorrência do atraso no início da terapia antirretroviral, provocado pela elevação dos níveis de células T CD4+ (Brites et al., 2009). Pacientes submetidos ao tratamento e com carga viral controlada tendem a apresentar sobrevida semelhante à de indivíduos monoinfectados, entretanto, na presença de viremia detectável, a sobrevida é significativamente reduzida (Rosadas et al., 2022).

No que se refere ao vírus da hepatite C, os dados disponíveis na literatura permanecem controversos. Alguns estudos apontam para um aumento da viremia e uma menor probabilidade de eliminação espontânea do vírus, enquanto outros sugerem um efeito oposto, com maior possibilidade de clearance em decorrência da imunomodulação induzida pelo HTLV. Além disso, indivíduos infectados por HIV, HTLV e vírus da hepatite C podem apresentar menor grau de comprometimento hepático e maior probabilidade de eliminação viral (Brites et al., 2020).

A coinfecção pelo *Strongyloides stercoralis* agrava o curso de ambas as infecções, contribuindo para o aumento da resistência ao tratamento, da carga proviral e do risco de transmissão vertical do HTLV. Além disso, indivíduos infectados pelo HTLV 1 apresentam maior susceptibilidade à infecção por *Mycobacterium tuberculosis*, contudo, o impacto clínico dessa associação ainda não está completamente elucidado (Rosadas et al., 2021c).

4.5 DESAFIOS NO DIAGNÓSTICO DO HTLV-1 NO BRASIL

A infecção pelo HTLV-1 tem o diagnóstico baseado na detecção de anticorpos específicos, empregando-se uma combinação de testes de triagem e exames confirmatórios. Entretanto, esse processo de diagnóstico ainda enfrenta diversos desafios que podem comprometer a precisão dos resultados e, consequentemente, a eficácia do manejo clínico (Bandeiras et al., 2021).

No Brasil, ainda são escassos os estudos voltados ao diagnóstico da infecção, sendo que os métodos mais empregados têm sido o RT-PCR e o Ensaio Imunoenzimático - ELISA, especialmente na detecção da doença em sua fase aguda (Ribeiro et al., 2024). Em 2021, o Ministério da Saúde distribuiu testes imunocromatográficos aos 27 estados brasileiros, conforme orientações da Cartilha de Monitoramento e Vigilância Epidemiológica, o que proporcionou uma nova perspectiva às Unidades Básicas de Saúde. Essa medida possibilitou o rastreamento de pacientes infectados e o acompanhamento individualizado dos casos, considerando a ausência de tratamento disponível no Sistema Único de Saúde (Ribeiro et al., 2024).



4.6 DOENÇAS ASSOCIADAS AO HTLV-1

O HTLV 1 encontra-se relacionado a diversas condições clínicas, que podem ser classificadas como oncogênicas, inflamatórias e crônicas. Entre as manifestações mais relevantes destacam-se a Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto – ATLL e a Mielopatia Associada ao HTLV - HAM (Silva, 2023).

4.6.1 Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto - ATLL

A Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto – ATLL, constitui um tipo raro de linfoma não-Hodgkin, caracterizando-se como uma entidade clínica complexa e de evolução frequentemente grave, marcada pela proliferação descontrolada de células T maduras. Essa condição hematológica apresenta uma associação peculiar com a infecção pelo Vírus Linfotrópico de Células T Humano do Tipo I – HTLV 1, um retrovírus pertencente à família Retroviridae (Aredes et al., 2024).

Trata-se de uma neoplasia maligna de caráter agressivo, com predileção por células T CD4+, que pode permanecer em estado latente por décadas antes de manifestar-se clinicamente, geralmente na sexta década de vida (Santos et al., 2024). A ATLL pode ser classificada em quatro subtipos principais: aguda, linfomatosa, crônica e latente. Esses subtipos diferem significativamente quanto à progressão clínica e ao prognóstico, sendo as formas aguda e linfomatosa as mais agressivas e associadas a desfechos clínicos desfavoráveis (Santos et al., 2024).

4.6.2 Mielopatia Associada ao HTLV 1 - HAM

A Mielopatia Associada à Infecção pelo HTLV-1, também denominada Paraparesia Espástica Tropical - MAH/TSP, constitui como uma doença degenerativa crônica do sistema nervoso central (SNC), com predomínio de acometimento da medula espinhal (Llanos et al., 2021). Essa condição está associada à infecção pelo vírus linfotrópico humano tipo 1, o HTLV 1, que se integra ao DNA das células e desencadeia uma resposta inflamatória no SNC, resultando na destruição do tecido neural e, consequentemente, no desenvolvimento da doença (Llanos et al., 2021).

A maioria dos pacientes apresenta dor lombar, hiperreflexia, sinal de Babinski positivo e paraparesia espástica progressiva, a qual pode evoluir para incapacidade de locomoção (Silva, 2023). Com a progressão da doença, é frequente o surgimento de noctúria, bexiga arreflexa e necessidade de cateterização urinária, decorrentes das disfunções urológicas, urinárias e sexuais (Marcusso et al., 2024). Exames de ressonância magnética geralmente evidenciam atrofia da medula espinhal torácica, acometendo predominantemente a medula dorsal. O diagnóstico baseia-se em critérios clínicos e sorológicos, e os pacientes tipicamente apresentam fraqueza e rigidez nos membros inferiores, associadas a reflexos profundos exacerbados (Carvalho et al., 2025).



5 CONCLUSÃO

O estudo sobre o HTLV-1 no Brasil evidenciou que a infecção permanece um importante desafio de saúde pública, especialmente nas regiões Norte e Nordeste, onde sua prevalência é mais elevada. A análise da literatura demonstrou que fatores socioeconômicos, práticas sexuais desprotegidas e a falta de diagnóstico precoce contribuem para a disseminação silenciosa do vírus.

Reforça-se a importância de estratégias efetivas de prevenção, diagnóstico e acompanhamento clínico, sobretudo em grupos de risco como gestantes, doadores de sangue e pessoas coinfetadas por HIV, HBV e HCV. A ausência de cura torna indispensável o investimento em políticas públicas que ampliem o rastreamento e a conscientização populacional.

Dessa forma, o trabalho cumpre o objetivo de reunir informações atualizadas sobre a epidemiologia, os desafios diagnósticos e as doenças associadas ao HTLV 1, ressaltando sua relevância científica e social, além de incentivar novas pesquisas que contribuam para a redução dos impactos desse vírus na população brasileira.

AGRADECIMENTOS

Gostaríamos de agradecer primeiramente a Deus que nos deu paciência e sabedoria para desenvolver esse trabalho e não nos permitiu desistir. Aos nossos orientadores, Gabriel Rezende e Lorena Alves, que nos ajudaram, nos guiando com seus conhecimentos, sempre incentivando e orientando sobre a melhor forma para a construção do nosso trabalho.

Dilmara Assunção: Gostaria de agradecer a minha mãe que sempre me incentivou a estudar. Aos meus tios e minha prima, que sempre estavam lá me apoiando. Gostaria de agradecer também a “algumas pessoas”, que mesmo involuntariamente, estavam envolvidas e colaboraram na minha formação e aos meus colegas de profissão que me proporcionaram tempo para desenvolver esse trabalho.

Thaissa Pierre: Gostaria de agradecer a minha família, pelo apoio que tem me dado. Sou muito grata a eles pelo amor, paciência e conselhos e aos meus amigos, por compartilharem comigo novos desafios e conquistas.

Também gostaríamos de agradecer as nossas amigas Andria, Evaneide e Lilian, que estavam conosco desde o início, dividindo aflições, nervosismos nas apresentações, risadas nas aulas, a cada trabalho em grupo que desenvolvemos, e as alegrias e conquistas que tivemos a partir do momentos que decidimos seguir juntas.

REFERÊNCIAS

ALVES, Victória Gabriele et al. HTLV-1 na gestação e o risco de transmissão vertical: um desafio na saúde pública. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 6, n. 4, p. 18531–18548, 2023.

ARÊDES, Franciele Maria Pires et al. Leucemia-Linfoma de células T do adulto associada à infecção pelo vírus linfotrópico de células T humanas do tipo I (HTLV-1): uma revisão abrangente. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 7, n. 1, p. 2025–2033, 2024.

BANDEIRAS, L. M.; PUGA, M. A. M.; MOTTA-CASTRO, A. R. C. Infecção pelo HTLV: uma visão geral. **Campo Grande, MS**: 2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Prevalência da infecção por HTLV-1/2 no Brasil. **Boletim Epidemiológico**, v. 51, n. 48, p. 25–33, nov. 2020.

BRITES, C.; MIRANDA, F.; LUZ, E.; NETTO, E. M. Early and successful combination antiretroviral therapy normalizes survival time in patients coinfected with human immunodeficiency virus and human T-cell lymphotropic virus type 1. **Clinical Infectious Diseases**, v. 71, n. 1, p. 196–200, jun. 2020. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.1093/cid/ciz756>.

BRITES, C.; SAMPAIO, J.; OLIVEIRA, A. HIV/human T-cell lymphotropic virus coinfection revisited: impact on AIDS progression. **Revista Brasileira de Epidemiologia**, v. 11, n. 1, p. 8–16, jan./mar. 2009. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19290030>.

CATERINO-DE-ARAUJO, Adele et al. HTLV-1 and HTLV-2 infections in patients with endemic mycoses in São Paulo, Brazil: a cross-sectional observational study. **The Lancet Regional Health—Americas**, v. 15, 2022.

CUCCO, Marina Silveira et al. Caracterização molecular do HTLV-1: impacto no desenvolvimento de doenças associadas. 2023.

DURER, C.; BABIKER, H. M. Adult T cell leukemia. **Treasure Island (FL): StatPearls Publishing**, 2020.

EUSEBIO-PONCE, E.; ANGUITA, E.; PAULINO-RAMIREZ, R.; CANDEL, F. J. HTLV-1 infection: an emerging risk. Pathogenesis, epidemiology, diagnosis and associated diseases. **Revista Española de Quimioterapia**, v. 32, n. 6, p. 485–496, dez. 2019. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31648512>.

HOSHINO, H. Fatores celulares envolvidos na entrada e patogenicidade do HTLV-1. **Frontiers in Microbiology**, v. 3, p. 222, 2012. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2012.00222>.

IWANAGA, M. Epidemiology of HTLV-I infection and ATL in Japan: an update. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 1124, 29 maio 2020. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01124>. PMID: 32547527; PMCID: PMC7273189.

LEGRAND, N. et al. Clinical and public health implications of human T-lymphotropic virus type I infection. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 35, n. 2, e0007821, abr. 2022. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.1128/cmrv.00078-21>. PMID: 35195446; PMCID: PMC8941934.

MARINHO, V. K. A. S. et al. Prevalência de soropositividade para HTLV I/II em doadores de sangue no período de 2020–2022 no Hemocentro Dalton Cunha no Rio Grande do Norte, Brasil. **Hematology, Transfusion and Cell Therapy**, v. 44, p. S491–S492, 2022.

MARTIN, J.; MALDONADO, J.; MUELLER, J.; ZHANG, W.; MANSKY, L. **Estudos moleculares da replicação do HTLV-1: uma atualização.** *Virus*, v. 8, n. 2, p. 31, 2016. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.3390/v8020031>.

MOHANTY, S.; HARHAJ, E. W. Mechanisms of oncogenesis by HTLV-1 **Tax. Pathogens**, v. 9, n. 7, p. 543, 7 jul. 2020. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.3390/pathogens9070543>. PMID: 32645846; PMCID: PMC7399876.

PENALVA, Augusto; MORAES, Clarice Neuenschwander Lins de; NECO, Heytor Victor Pereira da Costa. Estratégia de eliminação da transmissão vertical do HTLV no Brasil. **Curso Livre**, Fundação Fiocruz Virtual, 2024.

RIBEIRO, Alessandro Martins et al. Panorama do HTLV no Brasil: prevalência e diagnóstico ao Sistema Único de Saúde. **Observatorio de La Economía Latinoamericana**, v. 22, n. 3, p. e3667, 2024.

ROSADAS, C.; BRITES, C.; ARAKAKI-SANCHEZ, D.; CASSEB, J.; ISHAK, R. Protocolo Brasileiro para Infecções Sexualmente Transmissíveis 2020: infecção pelo vírus linfotrópico de células T humanas (HTLV). **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 54, Suppl I, e02020605, 2021a. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.1590/0037-8682-065-2020>.

ROSADAS, C. et al. Bloqueio da transmissão silenciosa do HTLV-1/2 no Brasil: políticas atuais de saúde pública e proposta de estratégias adicionais. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 15, e0009717, 2021b. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009717>.

ROSADAS, C. et al. Prevalência da infecção por HTLV-1/2 no Brasil. Boletim Epidemiológico, v. 51, n. 48, Ministério da Saúde, 2020.

ROSADAS, C. et al. Protocolo Brasileiro para Infecções Sexualmente Transmissíveis, 2020: infecção pelo vírus linfotrópico de células T humanas (HTLV). **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 30, p. e0202065c, 2021c.

ROSADAS, C.; TAYLOR, Graham P. HTLV-1 e coinfecções. **Frontiers in Medicine**, v. 9, p. 81, 2016, 2022.

SANTOS, Felipe Araújo dos. Incidência de HTLV-1/2 em candidatos à doação de sangue do Amazonas: um estudo observacional comparando diferentes métodos de diagnóstico. 2023.

SANTOS, W. J.; LIMA, F. L. O.; SANTOS, R. J. Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto: características clínicas e prognóstico. **Hematology, Transfusion and Cell Therapy**, v. 46, p. S284–S285, 2024.

SILVA, Luana de Andrade da. Doenças associadas ao vírus linfotrópico de células T humanas – HTLV no Brasil. 2023.

TOVAR LLANOS, Vanessa et al. Mielopatía asociada con infección por HTLV-1: paraparesia espástica tropical. *Acta Neurológica Colombiana*, v. 37, p. 40–46, 2021.

YAMAUCHI, J.; ARAYA, N.; YAGISHITA, N.; SATO, T.; YAMANO, Y. An update on human T-cell leukemia virus type I (HTLV-I)-associated myelopathy/tropical spastic paraparesis (HAM/TSP) focusing on clinical and laboratory biomarkers. **Pharmacology & Therapeutics**, 2020. Disponível em DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pharmthera.2020.107669>.