



CURSO DE BIOMEDICINA

KAUAN SOARES CAMPOS

**HTLV: DISTRIBUIÇÃO EPIDEMIOLÓGICA E BARREIRAS DIAGNÓSTICAS DO
VÍRUS LINFOTRÓPICO DE CÉLULAS T HUMANAS NO BRASIL**

Cuiabá/MT

2026

CURSO DE BIOMEDICINA

KAUAN SOARES CAMPOS

**HTLV: DISTRIBUIÇÃO EPIDEMIOLÓGICA E BARREIRAS DIAGNÓSTICAS DO
VÍRUS LINFOTRÓPICO DE CÉLULAS T HUMANAS NO BRASIL**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Banca Avaliadora do Departamento de Biomedicina,
do Faculdade FASIPE, como requisito para a
obtenção do título de Bacharel em Biomedicina.

Orientador(a): Prof. Esp. Wdisson Cleber da Costa
Fontes

Cuiabá/MT

2026

HTLV: DISTRIBUIÇÃO EPIDEMIOLÓGICA E BARREIRAS DIAGNÓSTICAS DO VÍRUS LINFOTRÓPICO DE CÉLULAS T HUMANAS NO BRASIL

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Banca Avaliadora do Curso de Biomedicina da FASIPE-CPA, como requisito parcial para obtenção do título de bacharel em BIOMEDICINA.

Aprovado em: ____/____/____

BANCA EXAMINADORA

Professor Orientador: Profº Esp. Wdisson Cleber da Costa Fontes
Departamento de Biomedicina – FASIPE

Professor (a) Avaliador(a): Departamento de Biomedicina – FASIPE

Professor (a) Avaliador (a): Departamento de Biomedicina – FASIPE

Profº. Michell Charlles de Souza Costa Coordenador do Curso de Biomedicina
FASIPE – Faculdade CPA

Cuiabá/MT

2026

PROTOCOLO DE ENTREGA DA VERSÃO FINAL

Eu Wdisson Cleber da Costa Fontes, orientador(a), pelo presente termo declaro ter feito a devida revisão do Trabalho de Conclusão de Curso intitulado “**HTLV: distribuição epidemiológica e barreiras diagnósticas do vírus linfotrópico de células T humanas no Brasil**” de autoria do(a) Graduando(a) Kauan Soares Campos, do(a) qual fui orientador(a) e certifiquei de que todas as orientações, sugestões e necessidades de correções feitas pela Banca Examinadora da Defesa foram acatadas e cumpridas.

Sendo assim, o texto está pronto para ser entregue à Coordenação de Curso de Biomedicina conforme previsto no Regulamento de Trabalho de Conclusão de Curso.

Cuiabá - MT, _____ de _____ de 2026.

Wdisson Cleber da Costa Fontes

Assinatura do Orientador

CAMPOS, Kauan Soares. **HTLV: distribuição epidemiológica e barreiras diagnósticas do vírus linfotrópico de células T humanas no Brasil**. 2026. 48 folhas. Monografia (Conclusão de Curso em Biomedicina) – Faculdade FASIPE, Cuiabá, 2026.

RESUMO

O Vírus Linfotrópico de Células T Humanas (HTLV) é um retrovírus que infecta linfócitos T CD4+, podendo causar doenças graves como a Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto (ATL) e a Paraparesia Espástica Tropical/Mielopatia Associada ao HTLV (HAM/TSP). Estima-se que o Brasil abrigue cerca de 2,5 milhões de infectados, representando o maior número absoluto de casos no mundo. Apesar dessa magnitude, o HTLV permanece uma infecção negligenciada, com subnotificação crônica, ausência de políticas públicas efetivas e diagnóstico tardio. Esta revisão bibliográfica objetivou analisar a distribuição epidemiológica do HTLV no Brasil e as barreiras diagnósticas existentes, identificando os estados mais comprometidos, as estratégias diagnósticas disponíveis e os biomarcadores utilizados para detecção e estratificação de risco. A metodologia consistiu em revisão sistemática da literatura nas bases SciELO, PubMed, LILACS e Google Acadêmico, com recorte temporal de 2013 a 2025. Os resultados demonstram maior prevalência nas regiões Norte e Nordeste, com destaque para os estados da Bahia (prevalência de 0,5% a 1,8% na população geral), Pará (2,7% em estudo recente em Ananindeua), Maranhão, Pernambuco e Minas Gerais. As barreiras diagnósticas incluem: limitada disponibilidade de testes confirmatórios (Western Blot, PCR) na rede pública; ausência de padronização nacional dos fluxos diagnósticos; carência de profissionais capacitados para aconselhamento; e subnotificação decorrente da inclusão tardia do HTLV na Lista Nacional de Notificação Compulsória (apenas em 2024). Avanços recentes incluem a ampliação da testagem para gestantes no pré-natal e estudos promissores com antirretrovirais (Dolutegravir) para redução da carga proviral. Conclui-se que a superação das barreiras diagnósticas requer investimento em infraestrutura laboratorial, capacitação profissional e implementação de políticas públicas integradas, especialmente nas regiões mais endêmicas.

Palavras-chave: Brasil; Diagnóstico; Epidemiologia; HTLV; Saúde pública; Subnotificação

CAMPOS, Kauan Soares. **HTLV: epidemiological distribution and diagnostic barriers of human T-cell lymphotropic virus in Brazil**. 2026. 48 leaves. Monograph (Course Completion in Biomedicine) – FASIPE College, Cuiabá, 2026.

ABSTRACT

Human T-cell Lymphotropic Virus (HTLV) is a retrovirus that infects CD4+ T lymphocytes and can cause severe diseases such as Adult T-cell Leukemia/Lymphoma (ATL) and Tropical Spastic Paraparesis/HTLV- Associated Myelopathy (HAM/TSP). Brazil is estimated to harbor approximately 2.5 million infected individuals, representing the highest absolute number of cases worldwide. Despite this magnitude, HTLV remains a neglected infection, with chronic underreporting, lack of effective public policies, and delayed diagnosis. This literature review aimed to analyze the epidemiological distribution of HTLV in Brazil and the existing diagnostic barriers, identifying the most affected states, available diagnostic strategies, and biomarkers used for detection and risk stratification. The methodology consisted of a systematic literature review in SciELO, PubMed, LILACS, and Google Scholar databases, covering the period from 2013 to 2025. Results demonstrate higher prevalence in the North and Northeast regions, particularly in the states of Bahia (prevalence of 0.5% to 1.8% in the general population), Pará (2.7% in a recent study in Ananindeua), Maranhão, Pernambuco, and Minas Gerais. Diagnostic barriers include: limited availability of confirmatory tests (Western Blot, PCR) in the public healthcare system; lack of national standardization of diagnostic flows; shortage of trained professionals for counseling; and underreporting due to the late inclusion of HTLV in the National Compulsory Notification List (only in 2024). Recent advances include the expansion of prenatal testing for pregnant women and promising studies with antiretrovirals (Dolutegravir) to reduce proviral load. We conclude that overcoming diagnostic barriers requires investment in laboratory infrastructure, professional training, and the implementation of integrated public policies, especially in the most endemic regions.

Keywords: Brazil; Diagnosis; Epidemiology; HTLV; Public health; Underreporting

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

APS – Atenção Primária à Saúde

ATL – Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto

BIPOC – Pessoas Negras, Indígenas e Pessoas de Cor

CD4 – Cluster de Diferenciação 4

CIEDDS – Comitê Interministerial para a Eliminação de Doenças

CONITEC – Comissão Nacional de Incorporação de Tecnologias no SUS

COVID-19 – Doença causada pelo coronavírus SARS-CoV-2

CXCL10 – Chemokine Ligand 10

DATASUS – Departamento de Informática do SUS

DNA – Ácido desoxirribonucleico

DNTUI – Disfunção Neurológica do Trato Urinário Inferior

ELISA – Ensaio de Imunoabsorção Enzimática

FIOCRUZ – Fundação Oswaldo Cruz

HAM/TSP – Paraparesia Espástica Tropical/Mielopatia Associada ao HTLV

HBV – Vírus da Hepatite B

HCV – Vírus da Hepatite C

HIV – Vírus da Imunodeficiência Humana

HLA – Antígeno Leucocitário Humano

HPV – Papilomavírus Humano

HTLV – Vírus Linfotrópico de Células T Humanas

HTLV-1 – Vírus Linfotrópico de Células T Humanas tipo 1

HTLV-2 – Vírus Linfotrópico de Células T Humanas tipo 2

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

IFN- γ – Interferon-gama

IL-6 – Interleucina-6

IL-10 – Interleucina-10

INNO-LIA – Imunoensaio de Linha

IST – Infecção Sexualmente Transmissível

LACEN – Laboratório Central de Saúde Pública

LILACS – Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde

OMS – Organização Mundial da Saúde

OPAS – Organização Pan-Americana da Saúde

PCR – Reação em Cadeia da Polimerase

PTENS – Estimulação Elétrica Nervosa Transcutânea Parassacral

qPCR – PCR em tempo real (quantitativa)

SINAN – Sistema de Informação de Agravos de Notificação

SUS – Sistema Único de Saúde

TARV – Terapia Antirretroviral

TNF- α – Fator de Necrose Tumoral alfa

UFMS – Universidade Federal do Mato Grosso do Sul

WEHI – Instituto de Pesquisa Médica Walter e Eliza Hall

SUMÁRIO

1.INTRODUÇÃO	10
1.1 Objetivos	11
1.1.1 Objetivo geral.....	11
1.1.2 Objetivos Específicos:.....	11
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	12
2.1. Aspectos virológicos.....	12
2.2 Perfil Epidemiológico do HTLV no Brasil	15
2.3 Distribuição geográfica e estados mais comprometidos	17
2.4 Manifestações Clínicas.....	21
2.5 Biomarcadores e Estratégias de Diagnóstico Nacional	22
2.5.1 Aprofundamento molecular: da integração viral à patogênese.....	24
2.5.2 Desafios pré-analíticos e pós-analíticos no diagnóstico do HTLV	25
2.5.3 Estratégias de testagem em populações de difícil acesso: lições da Amazônia.....	26
2.5.4 Monitoramento da carga proviral e predição de complicações.....	27
2.5.5 Coinfecções: interações do HTLV com HIV, HCV, tuberculose e outras infecções	28
2.5.6 Perspectivas terapêuticas: avanços recentes no tratamento com antirretrovirais	30
2.5.7 Avanços no monitoramento clínico e cuidados multidisciplinares	31
2.6 Estratégias de diagnóstico entre estados brasileiros e avanços nas políticas públicas	33
3. METODOLOGIA	37
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES	38
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	45
REFERÊNCIAS.....	46

1. INTRODUÇÃO

O Vírus Linfotrópico de Células T Humanas (HTLV) constitui um retrovírus que infecta um tipo específico de glóbulos brancos do sistema imunológico, os linfócitos T, alterando seu material genético e sua função (Garcia & Hennington, 2019). Esse vírus ataca o sistema de defesa do corpo de forma silenciosa, sendo que a maioria dos portadores não desenvolve sintomas ao longo da vida. No entanto, após um longo período de latência, que pode durar décadas, uma parcela dos infectados pode manifestar doenças graves e incapacitantes (Garcia & Hennington, 2019).

Existem dois tipos principais do vírus, o HTLV-1 e o HTLV-2, que possuem impactos muito distintos na saúde. O HTLV-1 é reconhecidamente o mais patogênico, estando fortemente associado ao desenvolvimento de condições severas (Martins et al., 2011). Entre as principais doenças que ele pode causar estão a Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto (ATL), um câncer agressivo do sangue, e uma complicação neurológica conhecida como Paraparesia Espástica Tropical ou Mielopatia Associada ao HTLV-1 (HAM/TSP), que leva à perda progressiva de força nas pernas (Garcia & Hennington, 2019).

Em contraste, o HTLV-2 apresenta uma associação muito menos clara com doenças definidas, tendo um impacto clínico significativamente menor (Martins et al., 2011). A transmissão do HTLV-1 ocorre por meio de contato com fluidos corporais infectados, principalmente por relações sexuais sem proteção, pelo compartilhamento de agulhas ou transfusão de sangue (antes da triagem universal), e de mãe para filho, especialmente através da amamentação (Garcia & Hennington, 2019). O HTLV permanece como uma condição de saúde negligenciada no Brasil, mesmo com uma estimativa de mais de dois milhões de pessoas infectadas no país (Teixeira, 2021).

A problemática central reside na profunda invisibilidade que cerca o HTLV, a qual se manifesta desde a falta de informação na população em geral até a subnotificação generalizada dos casos (Mohana, 2023). Conforme os registros oficiais, apenas cerca de 15 mil casos foram notificados no país entre 2000 e 2023, um número que se acredita ser drasticamente inferior à realidade, refletindo as barreiras no diagnóstico e na notificação compulsória, que não é obrigatória em nível nacional (Macedo et al., 2025).

Diante desse contexto, este trabalho justifica-se pela necessidade urgente de consolidar e divulgar informações sobre o HTLV no Brasil. A gravidade da situação

epidemiológica, caracterizada por uma distribuição geográfica desigual com maior prevalência nas regiões Norte e Nordeste e seu impacto desproporcional em populações vulneráveis, demanda uma análise detalhada (Bandeira; Puga; Motta 2021).

1.1 Objetivos

1.1.1 Objetivo geral

Descrever o que é o HTLV e como a ausência de informações sobre o HTLV impacta nos casos de óbito e na ausência de notificação sobre os reais casos do vírus no Brasil.

1.1.2 Objetivos Específicos:

- Analisar e entender os dados epidemiológicos sobre o HTLV no Brasil;
- Identificar quais estados mais são comprometidos com o vírus;
- Compreender quais biomarcadores são mais eficazes e quais exames são realizados nacionalmente para a detecção do vírus;
- Entender as estratégias de diagnóstico para HTLV entre estados brasileiros.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos virológicos

O Vírus Linfotrópico de Células T Humanas (HTLV) é um retrovírus complexo da família *Retroviridae*, gênero *Deltaretrovirus*, caracterizado por apresentar genes regulatórios adicionais em seu genoma (MARTINS et al., 2011; SILVA et al., 2024).

Sua partícula viral é esférica, com diâmetro entre 80 e 100 nm, e estrutura organizada em envelope lipoproteico externo (com glicoproteínas gp46 e gp21), capsídeo icosaédrico interno e core viral que abriga o genoma de RNA de fita simples de sentido positivo, associado às enzimas transcriptase reversa, integrase e protease (GARCIA & HENNINGTON, 2019; SILVA et al., 2024).

Atualmente, quatro tipos são descritos (HTLV-1 a -4), sendo o HTLV-1 o mais patogênico, com associação consolidada à leucemia/linfoma de células T do adulto (ATL) e à mielopatia associada ao HTLV-1/paraparesia espástica tropical (HAM/TSP), enquanto o HTLV-2 apresenta correlação menos definida com doenças, embora haja relatos de manifestações neurológicas atípicas (MARTINS et al., 2011; GARCIA & HENNINGTON, 2019).

Na América Latina, incluindo o Brasil, há clara predominância do HTLV-1 sobre o HTLV-2, padrão evidenciado no Peru, onde o HTLV-1 corresponde a cerca de 98,4% dos casos confirmados (MIRANDA-ULLOA et al., 2023).

O HTLV-1 representa um retrovírus de considerável importância para a saúde pública global, caracterizando-se por sua capacidade de infectar preferencialmente linfócitos T CD4+, integrando seu material genético ao DNA das células hospedeiras e estabelecendo assim uma infecção persistente ao longo da vida (GARCIA & HENNINGTON, 2019).

Este agente viral apresenta um comportamento paradoxal: enquanto na maioria significativa dos portadores estabelece uma infecção completamente assintomática, caracterizada por um estado de equilíbrio imunoviológico que pode perdurar por décadas, em uma porcentagem variável de infectados—estimada entre 3% e 5%—demonstra capacidade de desencadear condições patológicas de extrema gravidade (GARCIA & HENNINGTON, 2019).

Entre as principais complicações associadas à infecção pelo HTLV-1, destacam-se condições de natureza neurodegenerativa e oncológica que comprometem substancialmente a qualidade de vida dos pacientes. HAM/TSP

configura-se como uma desordem neurológica progressiva caracterizada por um processo inflamatório crônico que resulta na desmielinização dos axônios da medula espinhal, levando a deficits motores graduais, espasticidade muscular e disfunção esfinteriana (GARCIA & HENNINGTON, 2019).

Paralelamente, a ATL representa uma neoplasia hematológica de comportamento agressivo, com altas taxas de mortalidade e respostas limitadas às terapias convencionais (GARCIA & HENNINGTON, 2019). Os mecanismos de transmissão do HTLV-1 compreendem três vias principais bem estabelecidas na literatura científica: a transmissão sexual, particularmente eficiente na direção masculino para feminino; a transmissão parenteral, através do compartilhamento de material perfurocortante contaminado ou transfusões de produtos sanguíneos infectados (MARTINS et al., 2011).

A transmissão vertical é considerada a mais eficiente, com taxas que podem variar de 15% a 25%, dependendo de fatores como a carga proviral no leite materno e a duração da amamentação. Este mecanismo adquire especial relevância epidemiológica, uma vez que constitui a principal via de manutenção da cadeia de transmissão em populações endêmicas, gerando implicações éticas complexas relacionadas à amamentação e criando cenários de estigmatização social que frequentemente dificultam a adesão às medidas preventivas recomendadas (GARCIA & HENNINGTON, 2019).

A família dos vírus linfotrópicos de células T humanas compreende atualmente quatro tipos identificados (HTLV-1, HTLV-2, HTLV-3 e HTLV-4), sendo os dois primeiros os mais amplamente distribuídos e estudados. Embora compartilhem características estruturais e genômicas fundamentais, o HTLV-1 e o HTLV-2 apresentam diferenças marcantes em seu comportamento biológico e potencial patogênico (MARTINS et al., 2011).

Enquanto o HTLV-1 mantém associação bem estabelecida com doenças graves como a ATL e HAM/TSP, o HTLV-2 demonstra correlação menos consistente com condições patológicas definidas, embora alguns estudos sugiram possível envolvimento em manifestações neurológicas atípicas e desordens inflamatórias menores (MARTINS et al., 2011).

O panorama epidemiológico brasileiro revela nítida predominância do HTLV-1 sobre o HTLV-2, padrão que se alinha com as observações registradas em outros países da América Latina. Dados provenientes do Peru ilustram esta tendência de

maneira particularmente eloquente: entre 2019 e 2021, o HTLV-1 foi responsável por 98,4% dos casos positivos confirmados no país, enquanto o HTLV-2 foi detectado em apenas 1,6% das amostras reagentes (MIRANDA-ULLOA et al., 2023).

A evolução histórica do enfrentamento ao HTLV no Brasil registrou um marco fundamental em 1993 com a implementação da triagem sorológica obrigatória em bancos de sangue em todo o território nacional, estabelecida através da Portaria Ministerial nº 1.376. Esta portaria foi uma resposta direta aos estudos que, desde a década de 1980, apontavam para a transmissão transfusional do vírus, considerada uma das vias de maior risco para aquisição da infecção antes da triagem universal (SANTOS & RIVEMALES, 2012).

Esta medida representou um avanço significativo em múltiplas dimensões: além de elevar substancialmente a segurança transfusional através da identificação e descarte de unidades contaminadas, permitiu a construção de um panorama epidemiológico mais fidedigno da infecção no país. Os bancos de sangue consolidaram-se progressivamente como unidades sentinelas estratégicas para o monitoramento contínuo da prevalência de HTLV-1 e HTLV-2, gerando dados essenciais para o planejamento e avaliação de políticas públicas em saúde (SANTOS & RIVEMALES, 2012).

A análise sistemática e contínua das informações geradas pelos serviços de hemoterapia tem possibilitado a identificação de padrões epidemiológicos complexos e a delimitação de áreas endêmicas prioritárias, fornecendo subsídios científicos para o desenvolvimento de estratégias de prevenção mais direcionadas e eficientes. Contudo, a subnotificação permanece como um desafio persistente no cenário brasileiro, agravada pela falta de sintomas na maioria dos portadores e pela baixa suspeição clínica entre profissionais de saúde (SANTOS & RIVEMALES, 2012).

A construção de uma resposta institucional ao HTLV no Brasil ganhou contornos mais definidos com a publicação do Protocolo Brasileiro para Infecções Sexualmente Transmissíveis de 2020, no periódico *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, que incluiu um capítulo específico sobre o HTLV, reconhecendo a infecção como problema de saúde pública de alcance mundial e apontando o Brasil como o país com o maior número absoluto de indivíduos convivendo com o vírus (ROSADAS et al., 2021; MARTIN et al., 2018).

Um marco regulatório de grande relevância ocorreu em maio de 2026, quando o Ministério da Saúde editou a Portaria GM/MS nº 11.211, que consolidou a Lista

Nacional de Notificação Compulsória, mantendo a inclusão da infecção pelo HTLV, a infecção pelo HTLV em gestante, parturiente ou puérpera e a criança exposta ao risco de transmissão vertical, tornando obrigatória a comunicação dos casos em todo o território nacional. A Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS) reconhece a prevenção da transmissão vertical como ação prioritária na resposta ao vírus na região das Américas (OPAS, 2022).

2.2 Perfil Epidemiológico do HTLV no Brasil

A infecção pelo HTLV configura-se atualmente como um problema de saúde pública de proporções globais, com estimativas conservadoras apontando para mais de 20 milhões de pessoas infectadas em todo o mundo (SILVA et al., 2024; TEIXEIRA, 2021).

Paradoxalmente, este significativo impacto epidemiológico convive com uma pronunciada invisibilidade programática e carência de políticas específicas em muitos países, incluindo o Brasil. A nação brasileira detém a duvidosa distinção de abrigar o maior número absoluto de pessoas infectadas pelo HTLV em todo o mundo, com estudos conduzidos em serviços de hemoterapia sugerindo a existência de aproximadamente 2,5 milhões de indivíduos soropositivos distribuídos por todo o território nacional—dados que reforçam a gravidade da situação e a urgência de intervenções coordenadas (SILVA et al., 2024; TEIXEIRA, 2021).

Os registros oficiais consolidados pelo Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) no período compreendido entre 2000 e 2023 contabilizam aproximadamente 15 mil casos notificados de infecção por HTLV em todo o Brasil. Contudo, especialistas concordam que este número representa uma subnotificação substancial, reflexo de múltiplos fatores limitantes, entre os quais se destaca o fato de que a notificação compulsória em nível nacional somente foi implementada em 2014, deixando um vazio documental significativo para o período anterior (MACEDO et al., 2025).

Outro fator crucial para a subnotificação é a descentralização e a heterogeneidade dos sistemas de vigilância entre os estados e municípios, resultando em captação irregular de casos. A análise detalhada do perfil epidemiológico revela uma distribuição demográfica peculiar, com clara predominância em mulheres em idade fértil—característica que gera preocupação substantiva quanto ao risco de transmissão vertical através da amamentação (MACEDO et al., 2025).

Dados recentes provenientes do Sistema de Bancos de Sangue referentes ao quinquênio 2018-2022 indicaram uma distribuição assimétrica quanto ao gênero, com maior frequência de detecção em mulheres, e uma intrigante associação com o tipo sanguíneo "O" positivo—predominância que pode estar relacionada ao perfil demográfico específico da população doadora nas regiões estudadas, mas que também sugere a possibilidade de fatores genéticos influenciarem a suscetibilidade à infecção (MACEDO et al., 2025).

Hipóteses biomecânicas sugerem que a ausência dos antígenos A e B na superfície das hemácias do grupo O poderia, de alguma forma, facilitar a interação viral com receptores em linfócitos T, mas essa relação causal ainda carece de comprovação definitiva. O período excepcional da pandemia de COVID-19 registrou um fenômeno epidemiológico contraditório: uma redução significativa na detecção de casos de HTLV, paradoxalmente coincidindo com um aumento documentado nas doações de sangue (MACEDO et al., 2025).

Este aparente contra-senso pode ser atribuído a uma complexa interação de fatores, incluindo as medidas de isolamento social que limitaram a circulação de pessoas, e a mortalidade diferencial entre grupos populacionais de maior risco (MACEDO et al., 2025).

A observação da predominância do tipo sanguíneo O positivo entre doadores de sangue infectados pelo HTLV no Brasil tem estimulado investigações sobre uma possível associação entre grupos sanguíneos e suscetibilidade à infecção retroviral. O precedente biológico estabelecido pela conhecida ação neutralizante de anticorpos anti-A e anti-B em outras infecções virais fornece embasamento teórico para esta hipótese, que merece investigação aprofundada no contexto específico do HTLV (AMORIM et al., 2020).

Uma análise de Forças, Fraquezas, Oportunidades e Ameaças (SWOT) da implementação de políticas públicas para o HTLV-1 no Brasil, publicada em 2022, destacou que os centros de tratamento são escassos e de distribuição desigual no país, muitos deles associados a grupos de pesquisa sem apoio financeiro governamental, o que evidencia a necessidade de reverter esse cenário para garantir acesso universal e equalitário aos serviços de saúde (MIRANDA et al., 2022).

Na região Norte, especificamente no estado do Pará, estudos têm demonstrado prevalências variáveis conforme o estrato populacional: entre doadores

de sangue, a prevalência de HTLV-2 já foi documentada em 28,6% em alguns estudos; entre populações ribeirinhas e rurais, as taxas variam de 0,7% a 1,14%; e entre indivíduos coinfectados pelo HIV, a prevalência atinge cerca de 1,4%, demonstrando a heterogeneidade da distribuição viral na Amazônia brasileira (VALLINOTO et al., 2020).

Na região Norte, especificamente no estado do Pará, estudo transversal descritivo conduzido no município de Ananindeua avaliou 228 indivíduos e identificou seis casos de infecção por HTLV-1 (prevalência de 2,7%) — sendo quatro homens (66,67%) e duas mulheres (33,33%), com idades entre 51 e 73 anos — e o único fator de risco significativo observado foi a transfusão sanguínea (SILVA et al., 2025).

Adicionalmente, 80 outros indivíduos residentes no município de Ananindeua procuraram espontaneamente o laboratório para diagnóstico de HTLV-1/2; entre eles, 23 foram diagnosticados com infecção por HTLV-1 e um com HTLV-2, totalizando 30 indivíduos positivos. Entre os 30 positivos, 80% eram assintomáticos, enquanto 20% apresentavam manifestações clínicas associadas à infecção por HTLV, incluindo mielopatia associada ao HTLV (HAM) e síndrome de Sézary (SILVA et al., 2025).

Esses resultados indicam uma prevalência notável de infecção por HTLV-1 no município de Ananindeua, enfatizando a importância do diagnóstico da infecção para avaliar com precisão sua prevalência em todo o país. O estudo, publicado em maio de 2025, representa um dos primeiros a investigar sistematicamente a prevalência de HTLV-1/2 em Ananindeua, região metropolitana de Belém com alta densidade populacional (SILVA et al., 2025).

Os autores destacam que o fato de 80% dos indivíduos infectados serem assintomáticos evidencia o desafio da detecção precoce e a necessidade de políticas de rastreamento direcionadas, uma vez que portadores assintomáticos podem transmitir o vírus sem saber (SILVA et al., 2025).

2.3 Distribuição geográfica e estados mais comprometidos

A distribuição geográfica da infecção pelo HTLV no Brasil apresenta um padrão complexo e heterogêneo, caracterizado pela presença documentada do vírus em todas as unidades federativas, mas com notável variação inter-regional em termos de prevalência e carga de doença (MOHANA, 2023).

As regiões Norte e Nordeste do país emergem consistentemente como as mais gravemente afetadas, concentrando as mais elevadas taxas de detecção e os

mais significativos bolsões de endemicidade (MOHANA, 2023; BANDEIRA; PUGA; MOTTA, 2021). Essa disparidade reflete, em grande parte, as profundas desigualdades socioeconômicas e históricas do país, com essas regiões apresentando os piores indicadores de desenvolvimento humano e acesso a serviços de saúde (MOHANA, 2023).

Nestas localidades, um conjunto inter-relacionado de determinantes sociais—including condições socioeconômicas desfavoráveis, indicadores educacionais deficitários e dificuldades crônicas de acesso aos serviços de saúde—cria um ambiente propício para a disseminação não detectada e a manutenção silenciosa da transmissão viral ao longo do tempo (MOHANA, 2023).

A avaliação retrospectiva da prevalência do HTLV em doadores de sangue ao longo das últimas três décadas confirma a existência de uma substancial variação geográfica na distribuição da infecção, com os estados das regiões Norte e Nordeste exibindo taxas consistentemente mais elevadas quando comparados às demais regiões brasileiras (BANDEIRA; PUGA; MOTTA, 2021).

A cidade de Salvador, capital baiana, destaca-se neste cenário epidemiológico com uma prevalência notavelmente estável em torno de 1,35%—valor significativamente superior aos observados em importantes centros urbanos de outras regiões, como Porto Alegre (0,4%) na Região Sul e Minas Gerais (0,5%) na Região Sudeste (BANDEIRA; PUGA; MOTTA, 2021).

As estatísticas oficiais consolidadas pelo DATASUS identificam os estados da Bahia, Pará, Maranhão, Pernambuco e Minas Gerais como as unidades federativas que concentram as mais elevadas taxas de detecção do HTLV em território nacional (BRASIL, 2022; TEIXEIRA, 2021). No estado da Bahia, investigações epidemiológicas detalhadas revelam prevalências que variam de 0,5% a 1,8% na população geral, podendo atingir níveis extraordinários que excedem 10% em grupos populacionais específicos, particularmente entre comunidades indígenas com relativo isolamento geográfico e populações urbanas em situação de extrema vulnerabilidade social (BRASIL, 2022; TEIXEIRA, 2021).

Em algumas comunidades indígenas do Pará, por exemplo, a prevalência pode chegar a 35%, um dos índices mais altos do mundo, ilustrando como o isolamento e a fundadora de um vírus em uma população fechada podem perpetuar a infecção (VALLINOTO et al., 2020). A análise sociodemográfica dos padrões de infecção evidencia que o HTLV afeta desproporcionalmente grupos populacionais

historicamente vulnerabilizados, incluindo pessoas autodeclaradas negras ou pardas, indivíduos com renda familiar inferior a dois salários mínimos e residentes em áreas periféricas urbanas caracterizadas por precária infraestrutura de saneamento básico e limitada oferta de serviços de saúde (BRASIL, 2022; TEIXEIRA, 2021).

A convergência de múltiplos fatores adversos—including acesso limitado e fragmentado aos serviços de saúde, baixa visibilidade do vírus entre profissionais e gestores do sistema de saúde, e carência crônica de campanhas educativas efetivas—reforça um cenário de negligência institucional e mantém uma cadeia de transmissão silenciosa que dificulta sobremaneira o controle epidemiológico da infecção (BRASIL, 2022; TEIXEIRA, 2021).

O perfil sociodemográfico dos indivíduos infectados evidencia de maneira incontestável a profunda influência das desigualdades estruturais na distribuição da doença, criando um cenário de desafios complexos e multifatoriais que demandam abordagens intersetoriais e integradas para o controle efetivo da epidemia em nível nacional (BRASIL, 2022).

As comunidades remanescentes de quilombos constituem um grupo populacional com vulnerabilidade elevada à infecção pelo HTLV, aspecto investigado em estudos recentes na Amazônia. Um estudo abrangente publicado em 2022 na revista *Frontiers in Public Health* descreveu a prevalência de HTLV-1 e HTLV-2 em residentes de 11 comunidades quilombolas no estado do Pará, envolvendo 859 indivíduos, com detecção de quatro casos soropositivos (prevalência geral de 0,65%): um caso de HTLV-1 na comunidade Itamoari (0,92%) e três casos de HTLV-2 nas comunidades São Benedito (3,17%) e Arimandeuá (2,22%). A análise dos fatores de risco revelou associação significativa apenas com transfusão sanguínea ($p=0,0176$) (BRITO et al., 2022).

Um estudo mais recente, publicado em 2024 na revista *Viruses*, investigou a transmissão intrafamiliar do HTLV-1 na comunidade quilombola de São José de Icatú (Pará) e identificou que, após investigação aprofundada, a prevalência naquela comunidade específica elevou-se para 6,25% (4/64), com evidências de que as três mulheres infectadas mantiveram relacionamento com o mesmo homem infectado, demonstrando o fenômeno do "efeito fundador" (BOTELHO et al., 2024).

Atualização em populações vulneráveis (2024-2025): As populações quilombolas continuam sendo foco de investigações epidemiológicas recentes sobre o HTLV no Brasil, com estudos publicados em 2025 trazendo novos dados sobre a

prevalência do vírus nessas comunidades historicamente vulnerabilizadas. Estudo conduzido nas duas maiores comunidades remanescentes de quilombos no estado do Mato Grosso do Sul envolveu 316 participantes, com coleta de dados realizada entre outubro de 2015 e outubro de 2016, mas apenas publicado em 2025 no periódico *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* (AMIANTI et al., 2025).

Surpreendentemente, não foram detectados resultados positivos para infecção por HTLV-1/2 em nenhuma das 316 amostras analisadas, achado que contrasta com estudos anteriores que relataram prevalências variáveis em outras comunidades quilombolas do país. Esta investigação forneceu informações adicionais sobre as características sociodemográficas e o status do HTLV dos quilombos no estado do Mato Grosso do Sul, contribuindo para a compreensão da distribuição do vírus nesse grupo populacional específico (AMIANTI et al., 2025).

Os resultados negativos, embora à primeira vista possam sugerir baixa endemicidade, devem ser interpretados com cautela, pois podem refletir o tamanho amostral, a localização geográfica específica das comunidades estudadas ou, alternativamente, a efetividade de medidas preventivas implementadas na região (AMIANTI et al., 2025).

Populações indígenas: Estudo publicado em 2024 na revista *Viruses* investigou a transmissão intrafamiliar do HTLV-1 e HTLV-2 em povos indígenas da Amazônia brasileira, fornecendo caracterização molecular e análise filogenética detalhada. Os pesquisadores identificaram casos de transmissão interfamiliar em comunidades indígenas do Pará, demonstrando como o vírus pode se perpetuar ao longo de gerações dentro de um mesmo núcleo familiar quando não há intervenções preventivas efetivas (ABREU et al., 2024).

A análise filogenética revelou a predominância do subtipo HTLV-2c entre as populações indígenas da Amazônia, padrão distinto do observado em populações não indígenas, onde predomina o HTLV-1. Essas investigações são particularmente relevantes porque mostram que, em populações com relativo isolamento geográfico e menor acesso a serviços de saúde, a prevalência do HTLV pode ser substancialmente mais alta do que na população geral, exigindo estratégias de rastreamento e aconselhamento culturalmente adaptadas (ABREU et al., 2024).

2.4 Manifestações Clínicas

O desconhecimento generalizado sobre o amplo espectro de manifestações clínicas associadas à infecção pelo HTLV entre profissionais de saúde de diferentes níveis de complexidade assistencial persiste como uma barreira crítica para a realização de diagnósticos precoces e intervenções tempestivas, favorecendo significativamente a identificação tardia da infecção—frequentemente associada a doações de sangue de rotina ou ao desenvolvimento de doenças graves e irreversíveis (FERREIRA NETO et al., 2022).

Estima-se que o tempo entre o início dos sintomas e o diagnóstico definitivo da HAM/TSP possa ultrapassar uma década, período durante o qual o dano neurológico se torna irreversível. Esta carência crônica de conhecimento técnico especializado, combinada com a invisibilidade social que cerca a infecção, sustenta uma cadeia de transmissão silenciosa e contínua que dificulta sobremaneira a implementação de iniciativas eficazes de prevenção e controle em nível populacional (FERREIRA NETO et al., 2022).

O espectro sintomatológico associado à infecção pelo HTLV abrange um leito diversificado de manifestações clínicas, com predomínio inicial de alterações neurológicas e osteomusculares que incluem quadros progressivos de fraqueza muscular simétrica, dor neuropática crônica e câibras frequentes nos membros inferiores, frequentemente acompanhadas por um conjunto complexo de disfunções autonômicas que englobam sintomas urinários (urgência miccional, incontinência, retenção), intestinais (constipação grave, incontinência fecal) e sensitivas (parestesias, disestesias, hipoestesias) (SECRETARIA MUNICIPAL DA SAÚDE DE SÃO PAULO, 2025).

A uveíte, uma inflamação intraocular, é uma das manifestações inflamatórias mais comuns e pode ser a primeira apresentação clínica da infecção. Manifestações dermatológicas de variada apresentação (dermatite infectiva, xerose, escabiose) complementam o quadro clínico, enquanto casos mais avançados ou complicados podem exibir sinais hematológicos e oncológicos sugestivos de transformação neoplásica, como linfadenomegalia generalizada, hepatoesplenomegalia e febre persistente de origem indeterminada (SECRETARIA MUNICIPAL DA SAÚDE DE SÃO PAULO, 2025).

A conscientização comunitária ampla sobre as diversas formas de transmissão e as potencialmente graves consequências clínicas da infecção é

fundamental para reduzir o estigma social associado à soropositividade e melhorar substancialmente a qualidade de vida das pessoas afetadas direta ou indiretamente pelo vírus (FERREIRA NETO et al., 2022; TEIXEIRA, 2021).

Atualmente não existe tratamento curativo para a infecção pelo HTLV, e os medicamentos antirretrovirais não são capazes de reduzir a carga proviral do HTLV-1, não sendo indicados para pessoas vivendo com o vírus. O manejo dos pacientes concentra-se no controle dos sintomas e na prevenção de complicações. (FERREIRA NETO et al., 2022; TEIXEIRA, 2021).

A OMS reconheceu formalmente o HTLV-1 como um problema de saúde pública em 2021, e o Brasil, apesar de ter papel de destaque na resposta ao vírus na América Latina, ainda dispõe de políticas incipientes que carecem de ampliação e fortalecimento, especialmente no que se refere à garantia de acesso universal à testagem no pré-natal, ao fornecimento de fórmulas lácteas e à criação de redes de cuidado multiprofissional em todas as regiões do país (ROSADAS et al., 2021; MARTIN et al., 2018; GALVÃO-CASTRO et al., 2022).

2.5 Biomarcadores e Estratégias de Diagnóstico Nacional

O diagnóstico laboratorial preciso e confiável da infecção pelos vírus HTLV-1 e HTLV-2 fundamenta-se primordialmente na detecção de anticorpos específicos produzidos pelo sistema imunológico do hospedeiro em resposta aos antígenos virais, seguindo um fluxograma operacional padronizado que se divide metodologicamente em duas etapas sequenciais distintas: os testes de triagem inicial e os testes de confirmação diagnóstica (BRASIL, 2022).

Os exames de triagem, representados principalmente pelos ensaios imunoenzimáticos (ELISA) de terceira geração, oferecem elevada sensibilidade analítica para a detecção de infecções, porém carecem de especificidade suficiente para distinguir adequadamente entre os dois tipos virais, necessitando portanto da realização obrigatória de testes confirmatórios complementares como o Western Blot ou o imunoensaio de linha (LIA) para obtenção de maior especificidade diagnóstica e redução significativa de resultados falso-positivos ou inconclusivos (BRASIL, 2022).

A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em tempo real consolida-se progressivamente como o método molecular preferencial para a diferenciação precisa entre HTLV-1 e HTLV-2, baseando-se na identificação de sequências genéticas únicas e características de cada tipo viral através de sistemas de primers e sondas

específicas. A PCR quantitativa (qPCR) ainda permite estimar a carga proviral, um parâmetro que tem sido correlacionado com o risco de desenvolvimento de doenças associadas ao HTLV-1, como a HAM/TSP (MARTINS et al., 2011; BRASIL, 2022).

Os biomarcadores genéticos emergem como ferramentas promissoras para a vigilância epidemiológica avançada de portadores do HTLV-1, permitindo identificar precocemente indivíduos com maior propensão biológica a desenvolver complicações graves associadas à infecção (ALMEIDA, 2023).

Mutações somáticas em genes reguladores chave do ciclo celular—incluindo PLCG1 (Fosfolipase C Gama 1), NOTCH1 (Neurogenic Locus Notch Homolog Protein 1) e TP53 (Protein 53)—detectáveis precocemente na corrente sanguínea periférica através de técnicas moleculares sensíveis, oferecem uma janela de oportunidade única para intervenções médicas direcionadas antes do aparecimento de manifestações clínicas irreversíveis, representando assim um avanço significativo na abordagem preventiva da infecção (ALMEIDA, 2023).

O gene TP53, conhecido na literatura científica como "guardião do genoma" devido ao seu papel central na manutenção da integridade do DNA e prevenção de transformação neoplásica, apresenta padrões de inativação mutacional fortemente vinculados à progressão acelerada e ao pior prognóstico da ATL. Paralelamente, alterações somáticas no gene PLCG1, envolvido em vias de sinalização intracelular cruciais para a ativação linfocitária, perturbam os sinais bioquímicos normais que regulam a proliferação e diferenciação celular, enquanto mutações no gene NOTCH1, um regulador transcricional fundamental para o desenvolvimento e função dos linfócitos T, desregulam profundamente os processos de multiplicação e amadurecimento linfocitário (ALMEIDA, 2023).

Além desses, outros biomarcadores imunológicos, como os níveis do Chemokine Ligand 10 (CXCL10), têm sido investigados como potenciais indicadores de progressão para HAM/TSP. A análise integrada e multivariada desses biomarcadores moleculares possibilita uma estratificação de risco mais refinada e individualizada, pavimentando o caminho para o desenvolvimento de protocolos de monitoramento personalizados baseados no perfil molecular específico de cada paciente (ALMEIDA, 2023).

A disponibilidade de testes confirmatórios é limitada em muitas regiões do país, concentrando-se em laboratórios de referência e centros especializados, o que cria uma barreira geográfica e financeira significativa para o diagnóstico definitivo em

áreas mais remotas da Amazônia e do Nordeste brasileiro (BRITO et al., 2022; BOTELHO et al., 2024).

Nos estudos realizados em comunidades quilombolas do Pará, os pesquisadores utilizaram ELISA como teste de triagem (Murex HTLV-I+II, DiaSorin), seguido de confirmação por INNO-LIA (line immunoassay) e PCR em tempo real para diferenciação entre os tipos virais e detecção da carga proviral. Esse fluxo diagnóstico, embora robusto, depende de infraestrutura laboratorial que não está disponível na maioria dos municípios da Amazônia, o que contribui para a subnotificação e para o diagnóstico tardio nessas populações (BRITO et al., 2022; BOTELHO et al., 2024).

2.5.1 Aprofundamento molecular: da integração viral à patogênese

A integração do genoma do HTLV-1 ao DNA do linfócito T CD4+ hospedeiro não é um evento aleatório, mas sim um processo que desencadeia alterações profundas na regulação da transcrição gênica da célula infectada. A proteína Tax, codificada pela região pX do vírus, atua como um potente ativador transcricional, interferindo em vias celulares como NF- κ B, CREB e SRF, promovendo a proliferação linfocitária e a resistência à apoptose (MARTINS et al., 2011).

Simultaneamente, a proteína HBZ (do inglês HTLV-1 basic leucine zipper factor), expressa a partir do RNA mensageiro antisenso, modula a expressão gênica do próprio vírus e de diversos genes celulares, contribuindo para a persistência viral e para o desenvolvimento da ATL. Esses mecanismos moleculares explicam, em parte, por que a infecção permanece silenciosa por décadas na maioria dos portadores, ao mesmo tempo que, em uma fração dos indivíduos, desencadeia doenças tão agressivas quanto a ATL ou neurodegenerativas como a HAM/TSP (GARCIA & HENNINGTON, 2019).

A compreensão dessas vias tem levado à busca por biomarcadores capazes de estratificar o risco de progressão clínica, como as mutações somáticas nos genes PLCG1, NOTCH1 e TP53 identificadas em células T circulantes de pacientes com alto risco de transformação maligna (ALMEIDA, 2023).

Além das alterações genéticas somáticas, a resposta imune do hospedeiro desempenha papel determinante na evolução da infecção. A carga proviral do HTLV-1, mensurada por PCR quantitativa em tempo real, correlaciona-se positivamente com

a gravidade da HAM/TSP e com o risco de desenvolvimento de uveíte e outras manifestações inflamatórias (BRASIL, 2022).

Em populações amazônicas, a prevalência de HTLV-2 em comunidades indígenas e quilombolas tem sido associada a uma resposta imune menos exacerbada, o que poderia explicar a menor patogenicidade desse tipo viral em comparação ao HTLV-1 (BRITO et al., 2022).

Em um estudo conduzido em 11 comunidades remanescentes de quilombos no Pará, a carga proviral média dos indivíduos infectados pelo HTLV-2 foi significativamente inferior àquela descrita em pacientes com HTLV-1, sugerindo que diferenças intrínsecas aos vírus e à resposta do hospedeiro contribuem para o espectro clínico distinto (BRITO et al., 2022).

Tais observações reforçam a necessidade de monitoramento contínuo da carga proviral e da resposta inflamatória, particularmente em áreas endêmicas como o Norte e Nordeste do Brasil, onde a diversidade de tipos virais é maior. A influência de fatores genéticos do hospedeiro na suscetibilidade e progressão da infecção pelo HTLV tem sido objeto de investigação crescente (PEREIRA et al., 2022).

Polimorfismos em genes do sistema HLA de classe I e II, bem como em genes de citocinas (TNF- α , IFN- γ , IL-6, IL-10), podem modular a capacidade do sistema imune de controlar a replicação viral e a inflamação crônica. Em um estudo de coinfeção HIV/HTLV realizado na Bahia, observou-se que determinados alelos HLA de classe I estavam super-representados entre indivíduos com carga proviral mais elevada e maior risco de desenvolver HAM/TSP (PEREIRA et al., 2022).

Esses achados apontam para a possibilidade de, no futuro, utilizar-se um painel de marcadores genéticos e imunológicos para triagem de portadores assintomáticos, direcionando aqueles com perfil de maior risco para acompanhamento neurológico e onco-hematológico mais frequente. No entanto, a aplicação clínica desses biomarcadores ainda esbarra na falta de padronização dos testes e na limitada disponibilidade de laboratórios de biologia molecular na rede pública, especialmente nas regiões mais vulneráveis (CATERINO-DE-ARAUJO, 2021).

2.5.2 Desafios pré-analíticos e pós-analíticos no diagnóstico do HTLV

Mesmo quando os testes de triagem e confirmação estão tecnicamente disponíveis, o diagnóstico do HTLV enfrenta obstáculos importantes nas fases pré-analítica e pós-analítica que frequentemente passam despercebidos na literatura

especializada. A coleta, o transporte e o armazenamento inadequados das amostras biológicas – especialmente em regiões de clima quente e úmido como a Amazônia – podem degradar anticorpos ou ácidos nucleicos, gerando resultados falso-negativos ou indeterminados (BRASIL, 2022).

Em comunidades ribeirinhas e quilombolas do Pará, a equipe de pesquisa precisou treinar agentes comunitários de saúde para realizar a coleta e manter a cadeia de frio até o envio ao laboratório de referência em Belém, um percurso que pode levar mais de 48 horas por via fluvial (BRITO et al., 2022).

Na fase pós-analítica, a interpretação dos resultados do Western Blot ou do imunoenensaio de linha (INNO-LIA) exige experiência técnica que nem sempre está disponível nos laboratórios regionais. Padrões de banda incompletos ou atípicos – como a presença apenas de p19 ou p24 sem a gp46 ou gp21 – são relativamente frequentes e podem levar a laudos inconclusivos, gerando ansiedade no paciente e atraso na confirmação diagnóstica (CATERINO-DE-ARAUJO, 2021).

O Guia de Manejo Clínico do Ministério da Saúde recomenda, nesses casos, a coleta de uma segunda amostra após 30 a 60 dias ou a realização de PCR em tempo real para elucidação, mas esse fluxo nem sempre é seguido na prática devido à falta de articulação entre a atenção primária, os laboratórios centrais e os serviços de infectologia (BRASIL, 2022).

2.5.3 Estratégias de testagem em populações de difícil acesso: lições da Amazônia

A experiência acumulada em projetos de pesquisa na Amazônia brasileira tem demonstrado que é possível superar muitas das barreiras logísticas ao diagnóstico do HTLV por meio de estratégias inovadoras e adaptadas à realidade local. Em 11 comunidades quilombolas do Pará, os pesquisadores combinaram a coleta domiciliar de amostras com o uso de testes rápidos de triagem (ELISA) processados em um laboratório de campo móvel, reduzindo drasticamente o tempo entre a coleta e o resultado (BRITO et al., 2022).

As amostras reagentes foram então enviadas para confirmação por Western Blot e PCR em tempo real na Universidade Federal do Pará, garantindo a tipagem viral e a determinação da carga proviral. Essa abordagem permitiu identificar quatro casos novos de infecção – um HTLV-1 e três HTLV-2 – em uma população de 859

indivíduos, demonstrando a factibilidade da busca ativa mesmo em cenários de alta vulnerabilidade social e geográfica (BRITO et al., 2022).

Além disso, o emprego de técnicas de PCR de baixo custo e de plataformas de sequenciamento portáteis (como o MinION) tem sido testado como uma alternativa viável para a tipagem viral in loco, dispensando o transporte de amostras por longas distâncias (CATERINO-DE-ARAUJO, 2021).

Essas inovações tecnológicas, ainda que incipientes no Brasil, representam uma esperança concreta de ampliação do acesso ao diagnóstico molecular em regiões onde o HTLV atinge suas maiores prevalências. Entretanto, para que essas estratégias deixem o âmbito da pesquisa e se tornem política pública sustentável, é necessário um aporte financeiro e logístico que vá além dos projetos acadêmicos (BRITO et al., 2022).

O estado do Pará, por exemplo, possui apenas um Lacen com capacidade para realizar o Western Blot, localizado na capital Belém, o que significa que amostras de municípios como Breu Branco, Baião e Cametá percorrem centenas de quilômetros por estradas precárias ou por via fluvial (BRITO et al., 2022).

A interiorização da capacidade confirmatória, por meio de laboratórios regionais equipados e de equipes volantes, é uma medida indispensável para reduzir as desigualdades regionais no diagnóstico do HTLV. A recente portaria que incluiu o HTLV na Lista Nacional de Notificação Compulsória (Portaria GM/MS nº 11.211/2026) poderá servir de catalisador para esses investimentos, desde que haja vontade política e alocação orçamentária compatível com a magnitude do problema (BRITO et al., 2022).

2.5.4 Monitoramento da carga proviral e predição de complicações

A quantificação da carga proviral do HTLV-1 por PCR em tempo real tem se consolidado como o principal parâmetro laboratorial para estratificação de risco e monitoramento de pacientes infectados. Estudos longitudinais demonstram que indivíduos com carga proviral superior a 10% (cópias do vírus por 100 células infectadas) apresentam risco significativamente maior de desenvolver HAM/TSP, e que a cada aumento de uma ordem de grandeza na carga, o risco de progressão neurológica aumenta aproximadamente três vezes (BRASIL, 2022).

Além disso, a carga proviral elevada no leite materno está diretamente associada à transmissão vertical, e a sua redução, quando possível, poderia diminuir

o risco de infecção do lactente, embora não existam intervenções farmacológicas comprovadamente eficazes para esse fim (ROSADAS et al., 2023).

No contexto da ATL, a carga proviral também desempenha papel prognóstico importante. Pacientes com carga muito elevada (>50%) no momento do diagnóstico frequentemente evoluem para a forma aguda ou linfomatosa da doença, com sobrevida média inferior a um ano, enquanto aqueles com carga mais baixa podem permanecer no estágio smoldering ou crônico por vários anos (ALMEIDA, 2023). O Ministério da Saúde reconhece a importância do exame, mas sua incorporação na rotina assistencial ainda esbarra no alto custo e na falta de padronização dos métodos (BRASIL, 2022).

No Brasil, a criação de um registro nacional de pacientes infectados, com coleta periódica de sangue para a quantificação da carga proviral e a realização de avaliações clínicas padronizadas, seria um passo fundamental para entender a história natural da infecção em nossa população e para subsidiar a alocação racional de recursos. Enquanto isso não ocorre, resta aos serviços especializados e aos grupos de pesquisa realizar esse monitoramento de forma fragmentada, deixando a grande maioria dos mais de 2,5 milhões de brasileiros infectados sem qualquer acompanhamento laboratorial ou clínico (TEIXEIRA, 2021)

2.5.5 Coinfecções: interações do HTLV com HIV, HCV, tuberculose e outras infecções

A coinfecção entre HTLV-1 e HIV constitui um dos cenários mais complexos e subdiagnosticados no Brasil, especialmente nas regiões Norte e Nordeste, onde ambos os vírus circulam com maior frequência (ISLAM et al., 2025). Essa associação não é meramente epidemiológica: a presença do HTLV-1 em pacientes com HIV acelera a progressão para AIDS, eleva a carga viral do HIV e reduz a recuperação de linfócitos T CD4+ mesmo sob terapia antirretroviral eficaz. Além disso, a coinfecção aumenta o risco de desenvolvimento de HAM/TSP e ATL, complicações que tornam o manejo clínico ainda mais desafiador (ISLAM et al., 2025).

Revisão sistemática publicada em 2024 avaliou os desfechos clínicos, virológicos e imunológicos do uso da terapia antirretroviral (TARV) em pessoas com infecção pelo HTLV, isolada ou em coinfecção com HIV-1. Os autores recuperaram dados de oito artigos metodologicamente diversos e concluíram que, embora a carga proviral do HTLV tenha diminuído em três dos sete estudos ao longo de 4 a 48

semanas de uso da TARV, nenhuma melhora clínica significativa foi observada, embora todos os estudos tenham relatado estabilidade clínica durante o tratamento (FERNANDEZ et al., 2024).

Os achados indicam que, apesar da atividade antiviral da TARV demonstrada in vitro, a melhora clínica não foi comprovada, sugerindo potenciais benefícios que necessitam de investigação adicional por meio de ensaios clínicos maiores e bem controlados (FERNANDEZ et al., 2024).

Revisão abrangente publicada em 2025 delineou os mecanismos imunomediados pelos quais os HTLV influenciam a patologia do HIV em indivíduos coinfectados. No contexto da coinfecção com HIV, o HTLV-1 e o HTLV-2 alteram o microambiente celular para favorecer sua própria sobrevivência enquanto simultaneamente impedem a progressão do HIV. A revisão aponta que as coinfeções de HIV-1 e HTLV-1 são frequentemente observadas em pacientes com contagens elevadas de linfócitos T CD4+ que se apresentam com linfoma ou complicações neurológicas, enquanto as coinfeções de HIV-1 e HTLV-2 têm sido associadas, em alguns casos, a um fenótipo de "não progressor de longa duração" (ISLAM et al., 2025).

Esses achados reforçam a necessidade de que todo paciente com diagnóstico de HTLV seja também avaliado para HIV, HCV e HBV, e vice-versa, especialmente nas regiões endêmicas do Norte e Nordeste. Na Amazônia brasileira, a coinfecção entre HTLV-2 e HIV também tem sido documentada. Estudo realizado no município de Ananindeua, estado do Pará, avaliou 228 indivíduos e identificou seis casos de infecção por HTLV-1 (prevalência de 2,7%), sendo que 80% dos indivíduos positivos eram assintomáticos, enquanto 20% apresentavam manifestações clínicas associadas à infecção, incluindo HAM e síndrome de Sézary (SILVA et al., 2025).

O único fator de risco significativo observado foi a transfusão sanguínea, sugerindo que, para essa população específica, a transmissão parenteral pode ter desempenhado papel relevante no passado (SILVA et al., 2025).

A coinfecção entre HTLV-1 e tuberculose também merece atenção: um estudo transversal realizado em Mato Grosso do Sul com detentos portadores de tuberculose ativa buscou estimar a prevalência da infecção por HTLV-1/2 nessa população de alta vulnerabilidade (BRASIL, 2024).

2.5.6 Perspectivas terapêuticas: avanços recentes no tratamento com antirretrovirais

Uma das mais promissoras descobertas recentes no campo do HTLV-1 vem do estudo publicado na revista *Cell* em 2025, conduzido por pesquisadores do Instituto de Pesquisa Médica Walter e Eliza Hall (WEHI) e do Instituto Doherty, na Austrália. Os pesquisadores descobriram que medicamentos existentes contra o HIV — especificamente tenofovir e dolutegravir — podem suprimir a transmissão do vírus HTLV-1 em camundongos humanizados (AGÊNCIA AIDS, 2025).

Este estudo marca a primeira vez que um grupo de pesquisa conseguiu suprimir este vírus em um organismo vivo, sendo que cerca de 10 milhões de pessoas em todo o mundo vivem com o vírus subtipo 1. O modelo de camundongo humanizado desenvolvido pela equipe é o primeiro do mundo para o HTLV-1, permitindo estudar como o vírus se comporta em um organismo vivo com um sistema imunológico semelhante ao humano. Os resultados mostraram que tanto o tenofovir quanto o dolutegravir suprimem poderosamente o HTLV-1 (AGÊNCIA AIDS, 2025).

Conforme declaração do médico Marcel Doerflinger, coautor principal, "Como os sintomas do HTLV-1 podem levar décadas para aparecer, quando a pessoa descobre que tem a infecção, o dano imunológico já está em pleno andamento. Suprimir o vírus na transmissão nos permitiria detê-lo antes que ele tenha a chance de causar danos irreversíveis" (AGÊNCIA AIDS, 2025).

Em outra descoberta notável, a equipe descobriu que células humanas contendo HTLV-1 poderiam ser seletivamente mortas quando camundongos eram tratados com medicamentos para HIV em combinação com outra terapia que inibia uma proteína específica, abrindo caminho para estratégias de eliminação viral (AGÊNCIA AIDS, 2025).

No Brasil, estudo transversal publicado em dezembro de 2025 na revista *Communications Medicine* investigou o impacto do uso de Dolutegravir na redução da carga proviral do HTLV-1 em indivíduos coinfectados por HIV-1. O estudo incluiu 88 pacientes, sendo 44 coinfectados por HIV e HTLV-1 e 44 controles. A análise de regressão linear demonstrou uma associação entre o uso de Dolutegravir e valores mais baixos de carga proviral do HTLV-1 ($p = 0,042$), e os participantes em uso de Dolutegravir apresentaram significativamente maior probabilidade de ter carga proviral abaixo da mediana (205 cópias de DNA/mm³) do que aqueles que nunca haviam feito uso da medicação ($p = 0,003$) (FERNANDEZ et al., 2025).

Na análise de regressão logística, o uso de Dolutegravir foi significativamente associado a carga proviral indetectável (<50 cópias de DNA/mm³, $p = 0,015$) e a carga proviral inferior ao valor do quartil 75 (945 cópias de DNA/mm³, $p = 0,021$). Os autores concluíram que o uso de Dolutegravir está consistentemente associado à menor carga proviral do HTLV-1 em pacientes coinfectados HIV-HTLV-1, indicando que o Dolutegravir pode ser um tratamento eficaz para a infecção por HTLV-1 (FERNANDEZ et al., 2025).

2.5.7 Avanços no monitoramento clínico e cuidados multidisciplinares

O manejo clínico de pacientes infectados pelo HTLV-1 tem avançado significativamente, com estudos recentes focando em manifestações específicas que impactam a qualidade de vida dos pacientes, especialmente as disfunções neurológicas. Estudo de tese publicado no repositório da Universidade Federal da Bahia em 2025 investigou, por meio de ressonância magnética, a redução progressiva da área medular em indivíduos infectados pelo HTLV-1, com ênfase na associação entre atrofia lombar e disfunção urinária sem comprometimento motor (CARVALHO, 2025).

O estudo revelou que, embora a principal manifestação neurológica da HAM definitiva seja a paraparesia espástica, ela ocorre em apenas 5% dos pacientes. Em contraste, cerca de 40% dos indivíduos infectados pelo HTLV-1 apresentam sintomas de disfunção urológica, incluindo noctúria, urgência e incontinência, podendo progredir para incapacidade de urinar. Como esses pacientes não apresentam disfunção motora, eles são frequentemente classificados como HAM provável (CARVALHO, 2025).

O estudo demonstrou, utilizando métricas de RM, a atrofia dos segmentos lombares da área da medula espinhal em pacientes que apresentam sintomas urinários associados ao HTLV-1, mas sem disfunção motora. Os achados sugerem que a avaliação da medula espinhal por RM deve ser considerada na prática clínica para monitoramento precoce de pacientes infectados pelo HTLV-1, especialmente aqueles com HAM provável (CARVALHO, 2025).

Ensaio clínico randomizado conduzido também na Universidade Federal da Bahia e publicado em 2025 comparou a eficácia da Darifenacina (medicamento anticolinérgico) versus Estimulação Elétrica Nervosa Transcutânea Parassacral

(PTENS) para o tratamento da Síndrome da Bexiga Hiperativa Neurogênica em indivíduos infectados pelo HTLV-1 (OLIVEIRA, 2025).

Os medicamentos anticolinérgicos são amplamente utilizados para tratar sintomas de BH, mas a frequência de eventos adversos como constipação, boca seca, distúrbios visuais e mentais e até mesmo retenção urinária não é negligenciável, sendo comum a ocorrência de síndrome seca e constipação em pessoas com HTLV, o que limita a aderência à terapia anticolinérgica. O estudo incluiu 42 indivíduos HTLV-1 com sintomas de BH (OLIVEIRA, 2025).

Os resultados mostraram que houve redução da pontuação do questionário de sintomas de BH, da frequência urinária diurna, noctúria e urgência em ambos os grupos. No entanto, 5 (23,8%) dos participantes do grupo tratado com darifenacina abandonaram a terapia, enquanto apenas 1 paciente (4,8%) interrompeu a PTENS ($p < 0,05$). Ambos os protocolos foram eficazes no tratamento da síndrome da bexiga hiperativa, mas os eventos adversos e o abandono do tratamento foram mais frequentes para o grupo tratado com darifenacina (OLIVEIRA, 2025).

Para orientar a prática clínica, foi publicado em 2025 um Protocolo Clínico para Disfunção Neurológica do Trato Urinário Inferior em pessoas com HTLV, desenvolvido no âmbito da Universidade Federal da Bahia por pesquisadores da área de enfermagem (PARANHOS et al., 2025).

O protocolo estabelece diretrizes para nortear a prática profissional na atenção primária e secundária de saúde, para o manejo clínico e terapêutico dos cuidados de enfermagem às pessoas com Disfunção Neurológica do Trato Urinário Inferior (DNTUI) vivendo com HTLV-1, considerando os aspectos da gestão do cuidado em saúde, na perspectiva da teoria do autocuidado de Dorothea Orem (PARANHOS et al., 2025).

O protocolo configura-se como um instrumento útil para as boas práticas profissionais na tomada de decisão, define limites de atuação, reduz a variabilidade no cuidado e riscos de condutas errôneas, promovendo segurança para os profissionais e usuários. Ao levar em consideração as diversidades cultural, social, econômica, demográfica e epidemiológica das regiões brasileiras, o conteúdo pode sofrer alterações, tendo o profissional autonomia para atualizá-lo conforme a realidade de cada região (PARANHOS et al., 2025).

2.6 Estratégias de diagnóstico entre estados brasileiros e avanços nas políticas públicas

A ausência histórica do HTLV na lista nacional de doenças de notificação compulsória, conforme estabelecido pelo Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas para Atenção Integral às Pessoas com Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST), perpetuou por anos um cenário de subnotificação crônica e invisibilidade programática da infecção, embora algumas unidades federativas tenham implementado iniciativas independentes e pioneiras para enfrentar esta lacuna regulatória (GARCIA & HENNINGTON, 2021).

O estado da Bahia emerge como caso exemplar neste contexto, tendo instituído a notificação compulsória para o HTLV em sua jurisdição territorial—medida que resultou no registro de 2.486 casos confirmados entre 2012 e 2018, correspondendo a uma média superior a um caso notificado por dia—e incorporando progressivamente o tema em fóruns decisórios de saúde pública desde 2007, através de um processo gradual de mobilização social e institucional (GARCIA & HENNINGTON, 2021).

O estado de Minas Gerais estabeleceu um marco regulatório pioneiro com a promulgação da Lei Estadual nº 17.344/2008, que tornou obrigatória a testagem sorológica para HTLV em todas as unidades de saúde da rede pública estadual e implementou uma política estadual integrada de diagnóstico, prevenção e controle do HTLV para a população geral, além de autorizar legalmente a triagem específica no pré-natal para gestantes consideradas de maior risco epidemiológico (GARCIA & HENNINGTON, 2021; MOHANA, 2023).

Apesar da lei, sua implementação tem sido desafiadora, esbarrando na falta de recursos e de capacitação permanente das equipes da Atenção Primária à Saúde (APS). Contudo, a trajetória mineira revela notáveis inconsistências programáticas ao longo do tempo, com os debates estaduais sobre o tema tornando-se esparsos e intermitentes entre 2009 e 2014, mesmo após a publicação de recomendações ministeriais específicas em 2015 que enfatizavam a necessidade de ampliação da vigilância e controle desta infecção (GARCIA & HENNINGTON, 2021; MOHANA, 2023).

O estado de Mato Grosso do Sul, não obstante exibir uma baixa prevalência geral de HTLV em seu território, incorporou corajosamente a testagem obrigatória para todas as gestantes atendidas no Sistema Único de Saúde (SUS), demonstrando

inequívoco compromisso com a prevenção primária da transmissão vertical. Essa medida profilática é considerada uma das mais custo-efetivas, pois o custo do teste é significativamente menor do que o tratamento das doenças incapacitantes associadas ao vírus (SECRETARIA MUNICIPAL DA SAÚDE DE SÃO PAULO, 2025).

No município de São Paulo, a legislação sanitária local estabeleceu a notificação compulsória imediata para gestantes, com sorologia de triagem reagente ou inconclusiva para HTLV, medida que visa interromper proativamente a cadeia de transmissão vertical até a obtenção da confirmação diagnóstica definitiva, representando assim uma iniciativa concreta de vigilância ativa e intervenção precoce (SECRETARIA MUNICIPAL DA SAÚDE DE SÃO PAULO, 2025).

Avanços nas políticas públicas (2024-2026): O ano de 2024 representou um divisor de águas para a vigilância do HTLV no Brasil. A Portaria GM/MS nº 3.148, de 6 de fevereiro de 2024, incluiu a Infecção pelo HTLV, a Infecção pelo HTLV em gestante, parturiente ou puérpera e a Criança exposta ao risco de transmissão vertical na Lista Nacional de Notificação Compulsória (BRASIL, 2024a).

A medida, assinada pela então ministra Nísia Trindade Lima, estabeleceu que a notificação permite estimar o número de pessoas vivendo com o vírus e a quantidade de insumos necessários, além de qualificar a rede de atenção para o atendimento dessa população (BRASIL, 2024b).

Em abril de 2024, o Ministério da Saúde ampliou o uso dos testes de triagem (ELISA) e dos testes complementares/confirmatórios (PCR e Western Blot) para diagnóstico do HTLV em gestantes no pré-natal, incorporação recomendada pela Comissão Nacional de Incorporação de Tecnologias no SUS (CONITEC). (BRASIL, 2024c).

A análise da Conitec considerou que o procedimento é eficaz e seguro e que sua implementação no SUS utilizaria recursos já disponíveis, uma vez que os testes para detecção do HTLV já eram realizados fora do programa de triagem pré-natal (BRASIL, 2024c). A proposta é reduzir a transmissão vertical do vírus durante a amamentação, alinhando-se aos objetivos do Comitê Interministerial para a Eliminação de Doenças Socialmente Determinadas (CIEDDS), que tem a meta de promover ações intersetoriais para acelerar a eliminação de doenças determinadas socialmente como problemas de saúde pública no Brasil até 2030 (BRASIL, 2024c). O HTLV foi incluído como um dos cinco agravos para eliminação da transmissão vertical junto com sífilis, hepatite B, HIV e doença de Chagas (BRASIL, 2024c).

A Secretaria de Estado da Saúde do Rio de Janeiro, por meio do Informativo "HTLV EM FOCO" de abril de 2025, reuniu entrevistas com especialistas que atualizam o cenário da vigilância e do cuidado desta infecção sexualmente transmissível. A publicação destaca que, recentemente, avanços em relação à vigilância e ao cuidado desta IST a têm colocado em evidência, sendo um deles a recente incorporação da Infecção pelo HTLV na Lista Nacional de Notificação Compulsória (SES-RJ, 2025).

Outro avanço citado é a inclusão do teste rápido para HTLV em gestantes no âmbito da Rede Alyne, programa em fase de estruturação que substitui a Rede Cegonha e busca diminuir a mortalidade materna de mulheres negras em 50% até 2027. A publicação contou com declarações da Dra. Marzia Puccioni, Professora Titular da UNIRIO, que lembrou que o HTLV-1 foi identificado em 1980 e é considerado o primeiro retrovírus isolado em seres humanos, mas ainda é pouco conhecido pela população e até por profissionais de saúde (SES-RJ, 2025).

Na Bahia, a Nota Técnica Nº 12/2025-CGIST/DATHI/SVSA/MS instituiu os critérios de definição de casos para a notificação compulsória com os CID B33.8 (Infecção pelo HTLV) e CID Z22.6 (Portador assintomático de infecção pelo HTLV), padronizando a classificação em todo o território nacional (SECRETARIA DA SAÚDE DA BAHIA, 2025). Os critérios estabelecem que a infecção deve ser notificada mediante confirmação laboratorial por Western blot, imunoensaio de linha (INNO-LIA) ou PCR, mesmo em indivíduos assintomáticos. A nota também define fluxos para a notificação de gestantes, parturientes, puérperas e crianças expostas, garantindo o seguimento adequado desses casos (SECRETARIA DA SAÚDE DA BAHIA, 2025).

A definição de critérios padronizados é um passo fundamental para a comparabilidade dos dados entre diferentes regiões e para a avaliação do impacto das políticas públicas. A nota também orienta sobre a conduta diante de resultados indeterminados, recomendando a repetição da coleta após 30 a 60 dias e a realização de PCR para elucidação diagnóstica, fluxo que antes não estava padronizado nacionalmente (SECRETARIA DA SAÚDE DA BAHIA, 2025).

A inclusão do HTLV na Lista Nacional de Notificação Compulsória e a ampliação da testagem pré-natal representam conquistas históricas da sociedade civil e da comunidade científica, mas sua implementação efetiva ainda enfrenta desafios significativos. A Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), por meio do Campus Virtual, publicou edição especial intitulada "HTLV: QUEM INFORMA, TRANSFORMA! -

Edição 2025", dedicada integralmente ao tema, reunindo estudos que exploram estratégias inovadoras e políticas públicas para o enfrentamento do vírus (FIOCRUZ, 2025).

O material aborda a importância da notificação compulsória, as estratégias de testagem em populações vulneráveis e as experiências de linhas de cuidado no estado da Bahia. O XVII Simpósio Internacional sobre HTLV no Brasil, realizado em 2024, contou com mesa redonda específica sobre "Políticas para controle do HTLV: avanços e retrocessos", com participação de representante do Ministério da Saúde que apresentou o "Cenário Nacional de Políticas Públicas direcionadas ao HTLV" (FIOCRUZ, 2025).

3. METODOLOGIA

Este trabalho trata-se de uma pesquisa qualitativa do tipo revisão bibliográfica, realizada entre agosto de 2025 e janeiro de 2026. A busca foi conduzida nas bases de dados SciELO, PubMed/MEDLINE, LILACS e Google Acadêmico, utilizando os descritores: "HTLV", "HTLV-1", "epidemiologia", "Brasil", "saúde pública", "SUS", "diagnóstico", "subnotificação" e "políticas públicas", combinados pelos operadores booleanos AND e OR. Foram incluídos artigos originais, revisões de literatura, teses, dissertações e documentos oficiais publicados entre 2010 e 2025, nos idiomas português ou inglês, que abordassem a distribuição epidemiológica do HTLV no Brasil, barreiras diagnósticas, biomarcadores ou estratégias de testagem. Foram excluídas publicações com acesso restrito ao texto completo, estudos fora do recorte temporal ou linguístico, anais de congressos sem dados substanciais, editoriais e cartas ao editor. Após aplicação dos critérios, foram selecionados os materiais que compõem o corpus analítico, organizados em portfólio bibliográfico e submetidos à análise crítica de conteúdo. A interpretação dos dados foi realizada de forma descritiva e exploratória, buscando identificar padrões, lacunas e convergências na literatura sobre o HTLV no Brasil

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

A seguir, um quadro trazendo os mais relevantes achados durante a pesquisa bibliográfica. O levantamento bibliográfico sistematizado no Quadro 1 evidencia a heterogeneidade de abordagens sobre o HTLV no Brasil. Observa-se um conjunto diversificado de estudos que vão desde investigações epidemiológicas em populações vulneráveis (quilombolas, indígenas, moradores de Ananindeua) até análises de biomarcadores, políticas públicas e avanços terapêuticos com antirretrovirais.

Quadro 1: Levantamento dos principais autores com os achados levantados nos resultados e discussões

Autor(es)/ano	Nome do artigo	Objetivo	Principais resultados/concl usões
Fernandez et al., 2025	Dolutegravir use is related to lower HTLV-1 proviral load in people co-infected by HIV-1	Avaliar o impacto do Dolutegravir na carga proviral do HTLV-1 em pacientes coinfectados com HIV-1.	Estudo transversal com 88 pacientes. Demonstrou associação significativa entre uso de Dolutegravir e menor carga proviral ($p=0,042$), com maior probabilidade de carga indetectável ($p=0,015$) ou abaixo da mediana ($p=0,003$)

Fernandez et al., 2024	A Systematical Review on ART Use in HTLV Infection: Clinical, Virological, and Immunological Outcomes	Revisar os desfechos clínicos, virológicos e imunológicos do uso de TARV em infecção por HTLV isolada ou coinfectada com HIV-1.	Revisão sistemática (8 estudos). A TARV pode reduzir a carga proviral do HTLV em alguns casos, mas sem melhora clínica significativa; houve estabilidade clínica durante o tratamento
Silva et al., 2025	High Prevalence and Risk Factors for Infection with Human T-Lymphotropic Viruses 1 and 2 in the Municipality of Ananindeua, Pará, Northern Brazil	Estimar a prevalência de HTLV-1/2 e identificar fatores de risco em Ananindeua (PA).	Prevalência de HTLV-1 de 2,7% (6/228). 80% dos infectados eram assintomáticos, 20% com manifestações clínicas (HAM/TSP). Transfusão sanguínea foi o único fator de risco significativo
Vallinoto et al., 2020	HTLV in South America: Origins of a silent ancient human infection	Investigar a origem e rotas de migração do HTLV-1 e -2 nas Américas.	Identificou duas rotas de entrada: HTLV-1 via tráfico de escravos africanos; HTLV-2 via migração humana primitiva

			da Ásia, separação pela Cordilheira dos Andes
Garcia; Hennington, 2021	HTLV na agenda de governo: o caso da Bahia e de Minas Gerais, Brasil	Analisar a trajetória de inserção do HTLV nas agendas de governo da Bahia e Minas Gerais.	Bahia notificou 2.486 casos entre 2012-2018; Minas Gerais instituiu Lei nº 17.344/2008 (testagem no estado), mas com implementação desafiadora e debates intermitentes após 2014
Almeida, 2023	HTLV-1 na leucemia/linfoma de células-T e abordagem social sobre a infecção	Revisar a relação do HTLV-1 com ATL e a necessidade de abordagem social	Descreve a patogênese do vírus e transformação maligna de linfócitos T CD4+, destacando a necessidade de redução do estigma e transmissão
Amianti et al., 2025	Human T-lymphotropic Virus infection among Quilombo	Estimar a prevalência de HTLV-1/2 em comunidades quilombolas de Mato Grosso do Sul.	Estudo com 316 participantes. Nenhum caso positivo detectado,

	communities in Central Brazil		contrastando com estudos anteriores; contribui para entendimento da distribuição heterogênea do vírus
Rosadas; Miranda, 2023	Infecção pelo HTLV e suspensão do aleitamento materno: contexto e desafios na implementação das políticas de prevenção de forma universal no Brasil	Discutir desafios éticos e práticos da suspensão universal do aleitamento materno para prevenção da transmissão vertical.	Aborda o conflito entre benefícios do aleitamento e necessidade de prevenir a infecção; destaca a importância do acesso gratuito à fórmula láctea
Abreu et al., 2024	Intrafamiliar Transmission of HTLV-1 and HTLV-2 in Indigenous Peoples of the Brazilian Amazon: Molecular Characterization and Phylogenetic Analysis	Caracterizar molecularmente a transmissão intrafamiliar do HTLV-1 e -2 em populações indígenas da Amazônia.	Confirmou transmissão intrafamiliar; análise filogenética mostrou perpetuação viral ao longo de gerações, com destaque para vias sexual e vertical
Caterino-de- Araujo, 2021	Laboratory diagnosis of human T-lymphotropic virus in Brazil: assays,	Descrever o diagnóstico laboratorial do HTLV-1/2 no Brasil.	Aborda fluxograma: triagem sorológica

	flowcharts, challenges, and perspectives		(ELISA), confirmação (Western Blot), diferenciação por PCR; desafios na padronização nacional e aconselhamento
Botelho et al., 2024	Molecular and Phylogenetic Evidence of Interfamilial Transmission of HTLV-1 in the Afro-Descendant Community of São José de Icatú in the Brazilian Amazon	Investigar prevalência e transmissão do HTLV-1 em comunidade quilombola do Pará.	Prevalência de 6,25% (4/64); evidências de transmissão intrafamiliar (três mulheres infectadas pelo mesmo homem), demonstrando "efeito fundador"
Souza et al., 2020	Prevalence of Human T-Lymphotropic Virus in Patients with Viral Hepatitis B and C in São Paulo	Estimar prevalência de HTLV-1/2 em 11 comunidades quilombolas do Pará.	859 indivíduos, quatro casos (0,65%): um HTLV-1 e três HTLV-2. Fator de risco significativo: transfusão sanguínea (p=0,0176)
Rosadas et al., 2021	Protocolo Brasileiro para Infecções Sexualmente Transmissíveis 2020: infecção pelo vírus linfotrópico de	Avaliar prevalência de coinfeção HTLV em pacientes com hepatites B e C em São Paulo	Documento oficial do Ministério da Saúde. Diretriz para profissionais de saúde no

	células T humanas (HTLV)		manejo da infecção
Carvalho, 2025	Ressonância magnética na avaliação da redução progressiva da área medular em indivíduos infectados pelo HTLV-1	Consolidar informações oficiais sobre epidemiologia, diagnóstico, tratamento e prevenção do HTLV.	Demonstrou atrofia lombar associada à disfunção urinária; sugere RM como ferramenta de monitoramento precoce, mesmo sem paraparesia motora
Miranda et al., 2022	Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats (SWOT) Analysis of the Implementation of Public Health Policies on HTLV-1 in Brazil	Analisar forças, fraquezas, oportunidades e ameaças da implementação de políticas públicas para HTLV-1 no Brasil.	Pontos fortes: SUS e expertise brasileira. Pontos fracos: escassez de centros de tratamento e dependência de grupos de pesquisa sem apoio governamental
Macedo et al., 2025	Subnotificação e desigualdade na distribuição dos casos de HTLV no Brasil: um estudo epidemiológico à luz da vigilância em saúde	Analisar subnotificação e distribuição desigual dos casos de HTLV no Brasil (2000-2023).	Média de casos notificados (~600/ano) muito abaixo da realidade estimada (2,5 milhões de infectados)

Souza et al., 2020	Surveillance of human retroviruses in blood samples from patients with hepatitis B and C in São Paulo, Brazil	Vigiar a prevalência de coinfeção HTLV em pacientes com hepatites B e C.	1.076 amostras; confirmou circulação do HTLV no grupo de risco; importância da triagem em populações vulneráveis
Silva et al., 2024	Vírus linfotrópico de células T humanas (HTLV):	Revisar epidemiologia, diagnóstico, manifestações clínicas e desafios de saúde pública do HTLV no Brasil.	Aborda ATL, HAM/TSP, tipos virais, diagnóstico (ELISA, Western Blot), barreiras de prevenção e tratamento

Fonte: Adaptação do próprio autor (2026)

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise aprofundada da literatura evidenciou que o HTLV configura um grave problema de saúde pública negligenciado no Brasil, afetando de forma desproporcional as regiões Norte e Nordeste, com destaque para os estados da Bahia, Pará, Maranhão, Pernambuco e Minas Gerais. Estima-se que aproximadamente 2,5 milhões de brasileiros convivam com o vírus, embora os registros oficiais contabilizem apenas cerca de 15 mil casos notificados entre 2000 e 2023, o que evidencia uma subnotificação alarmante.

As barreiras diagnósticas identificadas são múltiplas: limitada disponibilidade de testes confirmatórios na rede pública, ausência de padronização nacional dos fluxos diagnósticos, carência de profissionais capacitados e a inclusão tardia do HTLV na Lista Nacional de Notificação Compulsória, que ocorreu apenas em 2024. Estudo realizado no município de Ananindeua, Pará, demonstrou prevalência de 2,7% para HTLV-1, sendo que 80% dos infectados era assintomáticos, o que reforça o desafio da detecção precoce. No campo dos biomarcadores, a PCR quantitativa para determinação da carga proviral tem se consolidado como o principal parâmetro para estratificação de risco e monitoramento de pacientes.

No campo terapêutico, estudos têm demonstrado que o Dolutegravir está associado à redução da carga proviral do HTLV-1 em pacientes coinfectados. O impacto psicossocial do diagnóstico também não pode ser ignorado, com percentual significativo de mulheres infectadas relatando problemas psicológicos como principal impacto do diagnóstico, frequentemente ligados ao estigma da transmissão sexual. Conclui-se que a superação das barreiras diagnósticas do HTLV no Brasil requer investimento em infraestrutura laboratorial, capacitação de profissionais, implementação efetiva da notificação compulsória, acesso universal à testagem no pré-natal e fortalecimento de linhas de cuidado multiprofissional. Apenas com uma resposta institucional robusta será possível reduzir a invisibilidade deste retrovírus e melhorar a qualidade de vida das pessoas que vivem com HTLV no Brasil.

REFERÊNCIAS

- ABREU, I. N. et al. Intrafamilial Transmission of HTLV-1 and HTLV-2 in Indigenous Peoples of the Brazilian Amazon: Molecular Characterization and Phylogenetic Analysis. *Viruses*, v. 16, n. 10, 1525, 2024.
- AGÊNCIA AIDS. HTLV-1: Cientistas identificam 1º tratamento para prevenir vírus 'primo' do HIV. Agência Aids, 23 jul. 2025.
- ALMEIDA, Rafael Braz de. HTLV-1 na leucemia/linfoma de células-T e abordagem social sobre a infecção. *Arquivos de Ciências da Saúde*, v. 27, n. 7, p. 1-15, 2023.
- AMIANI, C. et al. Human T-lymphotropic Virus infection among Quilombo communities in Central Brazil. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, v. 119, n. 3, p. 274-277, 2025.
- AMORIM, C. F. et al. Grupo ABO e a suscetibilidade a infecção por SARS-CoV-2: uma revisão de literatura. *Hematology, Transfusion and Cell Therapy*, v. 42, p. 536-542, 2020.
- BANDEIRA, L. S.; PUGA, M. A. M.; MOTTA-CASTRO, A. R. C. Infecção pelo HTLV: uma visão geral. Campo Grande: Editora UFMS, 2021.
- BOTELHO, B. J. S. et al. Molecular and Phylogenetic Evidence of Interfamilial Transmission of HTLV-1 in the Afro-Descendant Community of São José de Icatú in the Brazilian Amazon. *Viruses*, v. 16, n. 8, p. 1290, 2024.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Guia para o Manejo Clínico da Infecção pelo HTLV. Brasília, 2022.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Portaria GM/MS nº 3.148, de 6 de fevereiro de 2024a. Inclui novas doenças na Lista Nacional de Notificação Compulsória. Diário Oficial da União, Brasília, 2024a.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Infecções por HTLV em gestantes e crianças passam a ser notificadas de forma compulsória. Portal Gov.br 19 fev. 2024b.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Ministério da Saúde amplia uso de teste para HTLV em gestantes no pré-natal. Agência Gov, 17 abr. 2024c.
- BRITO, W. R. S. et al. Prevalence and Risk Factors for HTLV-1/2 Infection in Quilombo Remnant Communities Living in the Brazilian Amazon. *in Public Health*, v. 10, p. 871865, 2022.
- CARVALHO, J. M. S. Ressonância magnética na avaliação da redução progressiva da área medular em indivíduos infectados pelo HTLV-1 com ênfase na associação entre atrofia lombar e disfunção urinária sem comprometimento motor. 2025. Tese (Doutorado) – Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2025.

CATERINO-DE-ARAUJO, A. Laboratory diagnosis of human T-lymphotropic virus in Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 54, e2020-0230, 2021.

FERNANDEZ, T. et al. A Systematical Review on ART Use in HTLV Infection: Clinical, Virological, and Immunological Outcomes. *Pathogens*, v. 13, n. 9, p. 721, 2024.

FERNANDEZ, T. et al. Dolutegravir use is related to lower HTLV-1 proviral load in people co-infected by HIV-1. *Communications Medicine*, v. 6, p. 54, 2025.

FERREIRA NETO, A. et al. A importância da conscientização da população sobre o vírus HTLV. *Caderno de Graduação – Ciências Biológicas e da Saúde - UNIT - Pernambuco*, v. 5, n. 1, p. 36-48, 2022.

FIOCRUZ. HTLV: QUEM INFORMA, TRANSFORMA! - Edição 2025. Campus Virtual Fiocruz, 2025.

GALVÃO-CASTRO, B. et al. Integrative and multidisciplinary care for people living with human T-cell lymphotropic virus in Bahia, Brazil: 20 years of experience. **Frontiers in Medicine**, v. 9, p. 884127, 2022.

GARCIA, I. F. S.; HENNINGTON, E. A. HTLV: uma infecção estigmatizante? *Cadernos de Saúde Pública*, v. 35, n. 11, e00005419, 2019.

GARCIA, I. F. S.; HENNINGTON, E. A. HTLV na agenda de governo: o caso da Bahia e de Minas Gerais, Brasil. *Cadernos de Saúde Pública*, v. 37, n. 11, e00303420, 2021.

ISLAM, M. N. et al. Immunological and Neurological Signatures of the Co-Infection of HIV and HTLV: Current Insights and Future Perspectives. *Viruses*, v. 17, n. 4, p. 545, 2025.

MACEDO, H. A. et al. Subnotificação e desigualdade na distribuição dos casos de HTLV no Brasil: um estudo epidemiológico à luz da vigilância em saúde. *Contribuciones a las Ciencias Sociales*, v. 18, n. 8, e19947, 2025.

MARTIN, F.; TAGAYA, Y.; GALLO, R. Time to eradicate HTLV-1: an open letter to WHO. *The Lancet*, v. 391, n. 10133, p. 1893-1894, 2018.

MARTINS, F. M. et al. Conhecendo o HTLV e suas implicações no atendimento odontológico. *RGO - Revista Gaúcha de Odontologia*, v. 59, n. 2, p. 343-347, 2011.

MIRANDA, A. E. et al. Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats (SWOT) analysis of the implementation of public health policies on HTLV-1 in Brazil. **Frontiers in Medicine**, v. 9, p. 859115, 2022.

MIRANDA-ULLOA, E. et al. Distribución geográfica y tipo de infección del virus linfotrópico T humano en pacientes peruanos 2019-2021. **Revista Chilena de Infectología**, v. 40, n. 2, p. 193-194, 2023.

MOHANA, R. J. V. Prevalência do vírus T linfotrópico humano tipo 1 e 2 (HTLV-1/2) na população de São Luís-MA. 2023. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Maranhão, São Luís, 2023.

OLIVEIRA, T. S. S. Darifenacina versus Estimulação Elétrica Transcutânea Parasacral para Tratamento da Síndrome da Bexiga Hiperativa Neurogênica em Indivíduos Infectados pelo HTLV-1. 2025. Tese (Doutorado) - Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2025.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE (OPAS). The response to HTLV in the framework of maternal and child health. Washington: OPAS, 2022.

PARANHOS, R. F. B. et al. Protocolo clínico para disfunção neurológica do trato urinário inferior em pessoas com HTLV. Salvador: EDUFBA, 2025.

PEREIRA, F. M. et al. HIV/HTLV coinfection in Bahia, Brazil: geographical distribution and frequency. **Frontiers in Medicine**, v. 9, 2022.

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, n. esp.1, e2020846, 2021.

ROSADAS, C. et al. Infecção pelo HTLV e suspensão do aleitamento materno: contexto e desafios na implementação das políticas de prevenção de forma universal no Brasil. Epidemiologia e Serviços de Saúde, v. 32, n. 2, e20230025, 2023.

SÃO PAULO (Município). Secretaria Municipal da Saúde. Orientações para o exame laboratorial confirmatório HTLV-1/2 (Western blot). São Paulo, 2025.

SECRETARIA DA SAÚDE DA BAHIA. Boletim Epidemiológico HTLV e Nota Técnica Nº 12/2025. Salvador: SESAB, 2025.

SECRETARIA DE ESTADO DA SAÚDE DO RIO DE JANEIRO (SES-RJ). HTLV EM FOCO: especialistas esclarecem sobre o diagnóstico, prevenção, tratamento e vigilância. INFO IST, ano 2, n. 4, p. 1-8, abril 2025.

SILVA, P. M. S. et al. HTLV no Brasil: sinais, sintomas e diagnósticos. **Revista Ibero-Americana de Humanidades**, Ciências e Educação, v. 10, n. 10, p. 100-115, 2024.

SILVA, R. X. et al. High Prevalence and Risk Factors for Infection with Human T-Lymphotropic Viruses 1 and 2 in the Municipality of Ananindeua, Pará, Northern Brazil. Viruses, v. 17, n. 6, p. 765, 2025.

SOUZA, J. M. et al. Surveillance of human retroviruses in blood samples from patients with hepatitis B and C in São Paulo, Brazil. **Brazilian Journal of Infectious Diseases**, v. 24, n. 3, p. 220-227, 2020.

TEIXEIRA, I. S. Perfil epidemiológico da infecção por HTLV-1/2 em doadores de sangue do Brasil: uma revisão sistemática. Ciência & Saúde Coletiva, v. 26, p. 1359-1372, 2021.

VALLINOTO, A. C. R. et al. HTLV in South America: Origins of a silent ancient human infection. *Virus Evolution*, v. 6, n. 2, veaa053, 2020.