secundários, a partir da base de dados do Ministério da Saúde (DATASUS), Doenças e Agravos de Notificação – 2007 em diante (SINAN), avaliando o número de notificações da doença por Unidade federativa (UF) e a evolução para óbitos por agravo da doença em cada UF que notificou, utilizando os filtros: ano de notificação, UF de notificação e região de notificação entre os anos de 2019 a 2022. A TL foi calculada dividindo o número de óbitos pelo total de acometidos em cada ano.

Resultados: No total de casos dos 4 anos analisados, a região nordeste ocupou a terceira posição entre as cinco regiões do Brasil com maior número absoluto de casos, tendo de 2019 a 2022 um total de 2199 casos com uma TL de 13,82%. Em relação ao número absoluto de casos, Pernambuco (PE) concentrou a maior parte, que foi de 1011 infectados; enquanto Piauí (PI) mostrou o menor número de infectados, que foi de 38 casos. No período analisado, entre os estados nordestinos, Sergipe (SE) exibiu a maior TL com 21%, em contrapartida o Piauí (PI) apresentou 0% de TL. O estado da Paraíba (PB) teve a segunda menor TL, que foi de 5,71%. Já os demais estados mantiveram a TL entre 11% e 17% (Maranhão 11,36%; Ceará 12,37%; Alagoas 13,52%; Pernambuco 14,04%; Rio Grande do Norte 15%; Bahia 16,18%).

Conclusão: A partir dos dados apresentados é possível concluir que a letalidade da leptospirose varia dependendo do estado, uma vez que na mesma região do país, obteve-se taxas discrepantes que variaram de 0% a 21%. Embora PE tenha apresentado o maior número absoluto de casos, a sua TL não foi a maior.

Palavras-chave: Leptospirose Letalidade Nordeste

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103512

AVALIAÇÃO DO CONHECIMENTO DOS PROFISSIONAIS MÉDICOS SOBRE A FEBRE Q VISANDO CONTRIBUIÇÕES INTEGRATIVAS EM SAÚDE PÚBLICA

Igor Rosa Meurer[a,*], Marcio Roberto Silva[b], Ronald Kleinsorge Roland[c], José Otávio do Amaral Corrêa[d], Elaine Soares Coimbra[e]

[a] *Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[b] *Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[c] *Faculdade de Medicina, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[d] *Faculdade de Farmácia, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[e] *Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil*

Introdução/objetivo: A febre Q é uma zoonose negligenciada e subnotificada em muitos países. É causada pela bactéria Coxiella burnetii, que além de apresentar resistência e estabilidade ambiental, é um dos agentes mais infecciosos ao ser humano. Na fase crônica da doença podem ocorrer complicações graves e fatais. No Brasil, existem estudos que demonstram que o patógeno causador da febre Q apresenta circulação tanto em humanos, como em animais e alimentos. Assim, o presente estudo teve como objetivo avaliar o conhecimento dos profissionais médicos sobre a febre Q visando contribuições integrativas em saúde pública.

Métodos: Trata-se de um estudo transversal e quantitativo, com coleta de dados através de um questionário estruturado, aplicado de forma presencial em médicos de várias especialidades clínicas atuantes nos três níveis de atenção à saúde do município de Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil, entre os meses de março e agosto de 2022. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos do Hospital Universitário da Universidade Federal de Juiz de Fora (Número do Parecer: 5.277.686).

Resultados: Entre os 254 médicos incluídos no estudo, 236 (92,91%) desconheciam a febre Q. Apenas três (16,67%), dos 18 que acertaram pelo menos uma questão específica sobre a doença, tiveram um aproveitamento de mais que 50%. Foram observadas maiores taxas de acerto de pelo menos uma questão ($p < 0,0001$) nas especialidades clínicas mais relacionadas aos sinais clínicos e sintomas da febre Q e entre os do sexo masculino. Entre os seis infectologistas participantes, dois (33,33%) acertaram pelo menos uma questão específica. Destaca-se que 85,83% dos médicos consideram a febre Q uma doença negligenciada e subnotificada no Brasil.

Conclusão: O quase total desconhecimento dos profissionais médicos em relação a febre Q reforça a necessidade de maior abordagem sobre essa zoonose nas Faculdades de Medicina, em Programas de Residência Médica e para os médicos em geral, demonstrando sua importância na prática clínica e na realização de diagnósticos diferenciais. Além disso, torna-se relevante a inclusão da febre Q na lista nacional de doenças de notificação compulsória permitindo um melhor conhecimento da situação epidemiológica no Brasil. Por fim, espera-se que ações efetivas de saúde pública sejam realizadas evitando o subdiagnóstico da febre Q, o desenvolvimento de casos graves e a possibilidade da ocorrência de surto da doença.

Palavras-chave: Febre Q Coxiella burnetii Saúde Pública

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103513

AVALIAÇÃO DO CONHECIMENTO DOS PROFISSIONAIS MÉDICOS SOBRE A SIGLA DTNS E A ABORDAGEM "ONE HEALTH" VISANDO UM DIAGNÓSTICO SITUACIONAL

Igor Rosa Meurer[a,*], Marcio Roberto Silva[b], Ronald Kleinsorge Roland[c], José Otávio do Amaral Corrêa[d], Elaine Soares Coimbra[e]

[a] *Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[b] *Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[c] *Faculdade de Medicina, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[d] *Faculdade de Farmácia, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil;*
[e] *Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil*

Introdução/objetivo: As Doenças Tropicais Negligenciadas (DTNs) têm grande impacto na saúde pública mundial e estão sendo abordadas e discutidas pela Organização Mundial da Saúde, juntamente com a Organização das Nações Unidas, por meio de um roteiro ambicioso focado no controle e eliminação dessas doenças até o ano de 2030. Esse roteiro enfatiza a necessidade de se realizar intervenções transversais holísticas no combate a essas doenças, incluindo aquelas de caráter zoonótico. Nesse contexto, a abordagem "One Health" ou Saúde Única se torna fundamental já que analisa as interações dos sistemas de saúde humana e animal em seu meio ambiente compartilhado, incluindo questões sociais e econômicas de forma ampla. Assim, o presente estudo teve como objetivo avaliar o conhecimento dos profissionais médicos sobre a sigla DTNs e a abordagem "One Health" visando um diagnóstico situacional.

Métodos: Trata-se de um estudo transversal e quantitativo, com coleta de dados através de um questionário estruturado, aplicado de forma presencial em médicos de várias especialidades clínicas atuantes nos três níveis de atenção à saúde do município de Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil, entre os meses de março e agosto de 2022. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos do Hospital Universitário da Universidade Federal de Juiz de Fora (Número do Parecer: 5.277.686).

Resultados: Entre os 254 médicos incluídos no estudo, 246 (96,85%) desconheciam a sigla DTNs. Foi solicitado para os 8 médicos que conheciam a sigla que citassem três exemplos de DTNs; como resultado, 1 (12,50%) descreveu corretamente duas doenças; 4 (50,00%) apenas uma doença e os outros 3 (37,50%) não descreveram nenhuma doença corretamente. Em relação a abordagem "One Health" 100% dos médicos responderam que não tinham conhecimento deste conceito.

Conclusão: O alto percentual de médicos que desconhecem a sigla DTNs e a abordagem "One Health" demonstra a necessidade de uma ação mais incisiva sobre o assunto entre os profissionais médicos, destacando sua importância na prática clínica, visando contribuições efetivas de saúde e bem-estar nas interfaces Humano-Animal-Meio ambiente. Por fim, ressalta-se que o conhecimento sobre essas duas temáticas é fundamental para que as estratégias de monitoramento, controle e prevenção das DTNs sejam realizadas de forma holística associando a saúde humana, animal e ambiental, em busca de melhores resultados em prol da saúde pública.

Palavras-chave: Doenças Tropicais Negligenciadas One Health Saúde Pública

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103514

AVALIAÇÃO DO POLIMORFISMO PROMOTOR (G-1082ª) NO GENE INTERLEUCINA-10 (IL-10) EM PACIENTES COM ANTECEDENTES DE HEMORRAGIA DIGESTIVA ALTA ESQUISTOSSOMÓTICA EM PERNAMBUCO

Thaysa Carolina Gonçalves Silva[a,*],
Ana Risoflora Alves de Azevedo[b],
Maria Clara Silva Bezerrab Aline de Melo Silva[b],
Lucas Emanuel de Vasconcelos Cândido[b],
Elker Lene Santos de Lima[c],
Maria Tereza Cartaxo Muniz[d],
Amanda Gabriela da Silva[a],
Caroline Louise Diniz Pereira[a],
Ana Lúcia Coutinho Domingues[a],
Edmundo Pessoa de Almeida Lopes[a],
Paula Carolina Valença Silva[b]

[a] *Programa de Pós Graduação em Medicina Tropical, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;*
[b] *Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;*
[c] *Laboratório de Biologia Molecular, Centro de Oncohematologia Pediátrica, Hospital Universitário Oswaldo Cruz, Universidade de Pernambuco (UPE), Recife, PE, Brasil;*
[d] *Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade de Pernambuco (UPE), Recife, PE, Brasil*

Introdução/objetivo: O padrão de Fibrose Periportal (FPP) é um dos indicadores de morbidade da infecção por Schistosoma mansoni e pode levar à hipertensão portal com a formação de varizes esofagogástricas que, ao romperem, causam Hemorragia Digestiva Alta (HDA). As variantes genotípicas do gene da Interleucina-10 (IL-10) podem estar envolvidas nos mecanismos moleculares da fibrose periportal e possivelmente na ocorrência de HDA em esquistossomóticos. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a associação do polimorfismo da região promotora (-G1082A) do gene IL-10 e suas dosagens séricas com o antecedente de HDA em pacientes esquistossomóticos em Pernambuco.

Métodos: Estudo transversal, retrospectivo, com 124 pacientes com S. mansoni atendidos no Ambulatório de Gastroenterologia do Hospital das Clínicas da Universidade Federal de Pernambuco (HC-UFPE), nos anos de 2012 e 2013. Foi utilizado o banco de dados imunogenéticos do grupo de pesquisa "Esquistossomose Clínica e Experimental" para consulta dos genótipos e concentrações séricas da IL-10. O polimorfismo (−G1082A) do gene IL-10 foi determinado por Reação em Cadeia de Polimerase Alelo-Específico. Os níveis séricos de IL-10 foram medidos por ensaio imunoenzimático comercial (ELISA) (Biosource; Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA), de acordo com as instruções do fabricante. A análise estatística foi executada no software Epi-Info versão 3.5.5 e foram calculadas as Razões de Prevalência brutas, considerando-se $p < 0,05$ para significância estatística.

Resultados: Não houve evidência de associação entre o polimorfismo (−G1082A) IL-10 e o antecedente de HDA (RP = 0,795, IC 95% = [0,577-1,085] e p = 0,210). Não houve evidência de associação entre os níveis séricos médios de IL-10 e a HDA (RP = 1,393, IC 95% = [0,778-2,495] e p=0,371). Não houve evidência de associação entre os níveis séricos médios de IL-10 e o polimorfismo (−G1082A) IL-10 (RP = 1,180, IC 95% = [0,669-2,082] e p = 0,831).

Conclusão: Os resultados sugerem que o polimorfismo (-G1082A) IL-10 e os níveis séricos de IL-10 não estiveram associados a HDA nesta população. São necessários novos estudos, com amostras maiores, para avaliar os polimorfismos e os níveis séricos de IL-10, e analisar melhor o impacto