se o tratamento quimioterápico anti-TB padrão de acordo com as diretrizes atuais. Ambos os casos foram acompanhados por 6 meses, persistindo assintomáticos.

Comentários: Aqui, descrevemos dois casos únicos de TTB com quadro clínico diferente, bem como metodologia diagnósticas diferentes. Conforme exemplificado por nossos casos, a TTB pode se apresentar como uma variação de sinais e sintomas. TTB constitui diagnóstico diferencial de lesões nodulares e aumento testicular em imunossuprimidos.

Palavras-chave: Tuberculose Tuberculose genitourinária Tuberculose testicular HIV/AIDS

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103625

EPIDEMIOLOGIA DA TUBERCULOSE EM PERNAMBUCO: UM ESTUDO DESCRITIVO DE 2018 A 2022

Danielle Martiniano da Silva Rodrigues[a,*], Rayssa Maria Pastick Jares da Costa[a], Giovanna Gabriela Pedroza Rodrigues[b], Josefa Nayara dos Santos Nascimento[b], Kessia Kelly Batista da Silva[a], Milena Brandão de Lima[c], Nathyeli Oliveira do Nascimento[b], Renata Inglez de Souza Tejo[a], Jéssica Lopes Teixeira[c], Romário Martins Araújo[a], Bárbara Wanessa Delgado Abrantes[d], Haiana Charifker Schindler[a], Lilian Maria Lapa Montenegro[a]

[a] *Instituto Aggeu Magalhães (IAM-FIOCRUZ), Recife, PE, Brasil;*
[b] *Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;*
[c] *Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife, PE, Brasil;*
[d] *Centro Universitário Estácio do Recife, Recife, PE, Brasil*

Introdução/objetivo: A tuberculose (TB) é uma doença infecciosa causada pelo bacilo Mycobacterium tuberculose, que afeta os pulmões, mas pode se disseminar para os demais órgãos, causando a TB extrapulmonar (TBE). O Brasil está entre os 30 países com maior número de casos de tuberculose no mundo, mesmo sendo uma doença tratável. Dessa forma, o presente estudo objetivou analisar as características clínico-epidemiológicas da TB em Pernambuco (PE) entre os anos de 2018 e 2022.

Metodologia: Este é um estudo epidemiológico descritivo com abordagem quantitativa. Para coleta e análise dos dados, utilizou-se a base de dados do Sistema de Informação de Agravos de Notificação. A população foi constituída por 30.564 indivíduos, de idades variadas, notificados no sistema com TB no período de 2018 a 2022, residentes no estado de PE. A análise dos dados foi realizada através de cálculos de frequências absolutas e relativas das variáveis investigadas.

Resultados: De 2018 a 2022, foram diagnosticados 30.564 casos de TB em PE, sendo 2022 o ano com o maior número (4.986) de casos, principalmente na região metropolitana de Recife. A faixa etária com o maior percentual foi de adultos com idades entre 25 e 34 anos (24,27% dos casos). Predominando a escolaridade, de 5ª a 8ª série, com ensino fundamental incompleto. O sexo com maior frequência foi em homens (70,40%). Quanto à forma da TB, o maior percentual foi de TB pulmonar (TBP) (83,84%). Entre os casos de TB extrapulmonar (TBE), predominaram os tipos ganglionar (41,30%), pleural (29,80%), miliar (10,30%) e meningoencefálica (8,33%). Entre os pacientes diagnosticados com TB, 8,51% tinham HIV, 20,59% eram etilistas, 9,05% eram diabéticos, 15,06% eram usuários de drogas ilícitas e 22,98% eram tabagistas.

Conclusão: Em PE, houve um aumento no número de casos notificados de TB no ano de 2022 comparado aos anos anteriores. O período da pandemia de COVID-19 interferiu na continuidade do cuidado, prevenção e controle da TB. A maioria dos casos ocorreu em homens, jovens-adultos, com baixa escolaridade, sustentando a premissa de que TB atingem populações específicas em contexto de vulnerabilidade social, tendo grande influência dos Determinantes Sociais da Saúde. A maior frequência foi da TBP, que tem sua relevância na transmissão por se tratar de uma doença que se dissemina por via aérea. Além disso, uma parcela significativa dos pacientes tinham comorbidades como HIV, alcoolismo e diabetes, que precisam de melhor atendimento.

Palavras-chave: Tuberculose Epidemiologia Pernambuco

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103626

EXPLORANDO MECANISMOS GENÉTICOS E EPIGENÉTICOS NA HANSENÍASE PARA A IDENTIFICAÇÃO DE NOVOS BIOMARCADORES

Miguel Ángel Cáceres Durán[a,*], Giordano Bruno Soares Souza[a], Leandro Magalhães[a], Pablo Pinto[a], Tatiane Piedade de Souza[a], Angélica Gobbo[b], Cláudio Guedes Salgado[b], Ândrea Ribeiro-dos-Santos[a]

[a] *Laboratório de Genética Humana e Médica (LGHM), Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil;*
[b] *Laboratório de Dermato-Imunologia (LDI), Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil*

Introdução/objetivos: A hanseníase é uma doença infecciosa crônica causada pelo Mycobacterium leprae, que pode resultar em deficiências físicas permanentes se não for diagnosticada precocemente. A doença constitui um importante problema de saúde pública em função do seu diagnóstico tardio. Portanto, os objetivos deste estudo foram validar através de RT-qPCR um conjunto de nove miRNAs que foram identificados como desregulados em um miRnoma previamente realizado por nosso grupo de pesquisa e caracterizar o perfil de expressão global de genes em pacientes e contatos domiciliares, a fim de identificar potenciais biomarcadores de diagnóstico para doença.

Métodos: Foi extraído o RNA de amostras de sangue de pacientes com hanseníase (LP) antes do início da poliquimioterapia na URE Dr. Marcello Candia, Marituba, PA, y de contatos domiciliares não consanguíneos e sem a doença (non-LP). Na validação foram usadas 108 amostras (33 TT, 26 LL e 49

non-LP) e foi caracterizada através de RT-qPCR. No transcriptoma foram sequenciadas 37 amostras (11 TT, 7 LL e 19 non-LP) em um NextSeq 500 (Illumina) de acordo com as instruções do fabricante. Todas as analises bioinformáticas foram conduzidas em R e para cada conjunto de dados foram analisados os contrastes entre todas as combinações dos grupos de amostras.

Resultados: miR-144-5p, miR-20a-5p, miR-1291, miR-106b-5p e miR-16-5p mostraram-se diferencialmente expressos nas distintas comparações realizadas. Além disso, vários miRNAs apresentaram expressão diferenciada por sexo, sendo a primeira vez que esta característica é descrita em LP, sugerindo um marcador diferenciado para homens (miR-1291). No transcriptoma, seis genes hiperexpressos (SHISA7, MARCHF8, FOXO3, TSPAN5, WINK1 e RPIA) e dois hipoexpressos (RBBP4P2 e PSAT1) foram capazes de discriminar com alta precisão os grupos LP e não-LP (AUC ≥ 0,85). As análises de enriquecimento revelaram vias e processos importantes no desenvolvimento da doença, como apoptose, autofagia, mitofagia e ferroptose, mecanismos celulares importantes na defesa contra M. leprae. Vias que compreendem a diferenciação de células mieloides, o metabolismo de vitamina D e outras relacionadas ao sistema imune também se mostraram enriquecidas.

Conclusão: Novos genes e miRNAs foram identificados como possíveis biomarcadores de diagnóstico, com capacidade de diferenciar pacientes de contatos domiciliares, o que é essencial na prevenção da progressão da doença, assim como na redução de sua transmissão.

Palavras-chave: Hanseníase Biomarcador Expressão diferencial microRNA

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103627

FATORES DE RISCO, CLÍNICA E EPIDEMIOLOGIA DE PACIENTES COM MICOBACTÉRIAS NÃO TUBERCULOSAS ATENDIDOS EM UM HOSPITAL DE REFERÊNCIA DO CEARÁ: ANÁLISE DE 6 ANOS

Pedro Ítalo Oliveira Gomes[a,*], Karene Ferreira Cavalcante[b], Clarissa Perdigão Mello[c], Leonardo Nogueira Meireles[a], Zayra Hellen de Abreu Alexandre[a], Bruno Pinheiro Aquino[a], Liliane Nogueira Granjeiro[a], Terezinha do Menino Jesus Silva Leitão[a], Yolanda de Barros Lima Morano[c], Tânia Mara Silva Coelho[d], Evelyne Santana Girão[a], Silvia Figueiredo Costa[c], Lauro Vieira Perdigão Neto[a]

[a] *Hospital São José de Doenças Infecciosas (HSJ), Fortaleza, CE, Brasil;*
[b] *Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil;*
[c] *Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil;*
[d] *Secretaria de Saúde do Estado do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil*

Introdução/objetivo: As micobactérias não tuberculosas (MNT) são um problema de saúde pública emergente. Comumente ocorrem em pacientes com fatores de risco como imunossupressão e doença pulmonar. O diagnóstico pode ser realizado através da cultura para micobactérias e métodos moleculares. Há muitas lacunas sobre o entendimento genotípico, fenotípico e clínico-epidemiológico envolvendo esses agentes. O objetivo deste trabalho foi descrever características clínicas e epidemiológicas e aspectos microbiológicos de pacientes com MNT em um hospital terciário de doenças infecciosas.

Métodos: Coorte retrospectiva de pacientes com isolamento de MNT em pelo menos uma amostra clínica. O período estudado foi de janeiro de 2017 a dezembro de 2022. Foram analisados dados demográficos, clínicos, microbiológicos, desfecho de tratamento e mortalidade dos pacientes. Para amostras de escarro, o isolamento em duas amostras em dias diferentes de coleta foi o critério utilizado. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital São José de Doenças Infecciosas (CAAE: 65373822.0.0000.5044/2022)

Resultados: Foram analisados 71 pacientes: 40 (56%) do sexo masculino e 28 PVHA (39%), com 109 amostras clínicas. Um total de 50 casos de doença por MNT foram diagnosticados por critérios clínicos e microbiológicos, com predomínio de forma pulmonar (n = 35/50; 70%), seguido de cutânea (n=8/50; 16%) e disseminada (n = 7/50; 14%). Os demais não obedeceram critérios microbiológicos para a doença por MNT. O principal fator de risco para forma pulmonar encontrado foi doença pulmonar prévia, para cutânea a realização de procedimentos cirúrgicos ou estéticos, e todos os pacientes com forma disseminada são PVHA. Houve diversidade de espécies encontradas, com predomínio de espécies dos Complexo Mycobacterium avium (para formas pulmonares e disseminadas), e Mycobacterium abscessus (para forma cutânea). Houve pacientes com Tuberculose (TB) pulmonar ativa coinfectados por MNT (n = 4/14; 29%). A mortalidade geral foi de 28% (n=20/71), e em sete pacientes o diagnóstico só foi realizado após o óbito.

Conclusão: Houve correlação entre PVHA e MNT, além de pacientes com doença pulmonar, inclusive TB ativa. Diante da diversidade ecológica, a identificação das espécies e a agilidade no diagnóstico podem ser estratégias para diminuir a mortalidade e garantir tratamento adequado.

Palavras-chave: Micobactérias não tuberculosas Mycobacterium avium Mycobacterium abscessos

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103628

HANSENÍASE: PERFIL DE UMA DÉCADA DE INTERNAÇÕES NO BRASIL

Ramon Reis Silva[*], Fernanda Prohmann Villas Boas, Carlito Lopes Nascimento Sobrinho

Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, Brasil

Introdução/objetivo: A Hanseníase é uma doença infecto-contagiosa com capacidade de causar danos irreversíveis, tanto biológicos, como sociais, sendo de notificação compulsória no Brasil. O objetivo desse estudo foi caracterizar os indivíduos internados, as internações e a Taxa de Mortalidade