fortuitum (n = 2), e apenas 1 das espécies: M. cosmeticum, M. celatum, M. lentiflavum, M. mucogenicum e M. scrofulaceum. Para avaliação do gene hsp65, foram testadas amostras em duplicata de culturas positivas para M. gordonae, M. kansasii, Complexo M. abscessus, Complexo M. tuberculosis cepa H37rv e Mycolicibacterium mucogenicum. Após as análises, todas as amostras apresentaram similaridade de 100% quando comparadas com sequências no GenBank®, com exceção da amostra de Mycolicibacterium mucogenicum que apresentou similaridade de 96%. Todavia, na avaliação interlaboratorial e na comparação com os resultados obtidos no MALDI-TOF a concordância obtida foi de 100%.

Conclusão: MNT são patógenos oportunistas e a identificação rápida e precisa a nível de espécie é uma etapa importante para o sucesso do tratamento. A utilização do gene hsp65 apresentou-se promissora, entretanto, demais espécies, sobretudo as mais prevalentes na nossa instituição, devem ser avaliadas visando a inclusão do ensaio no portfólio de exames.

Palavras-chave: Micobactérias não-tuberculosas Prevalência Sequenciamento Sanger Micobactéria Identificação

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103639

MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS: ÍNDICE DE POSITIVIDADE E OTIMIZAÇÃO DA ROTINA LABORATORIAL COM USO DE XPERT® MTB/RIF ULTRA

Juliana Bergmann*, William Latosinski Matos, Alessandra Helena da Silva Hellwig, Grazielle Motta Rodrigues, Viviane Horn de Melo, Luciana Giordani, Sofia Aquino Monteiro, Eduardo Wandame Gomez, Elisa Costabeber, Angela dos Santos Azevedo, Dariane Castro Pereira, Rodrigo Minuto Paiva, Afonso Luis Barth

Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Porto Alegre, RS, Brasil

Introdução/objetivo: Em 2022, segundo dados do Ministério da Saúde, cerca de 78 mil pessoas adoeceram por tuberculose (TB) no Brasil. A doença é causada por bactérias do Complexo Mycobacterium tuberculosis, altamente transmissível. O diagnóstico rápido de TB é fundamental para o evitar ou diminuir a transmissão inter pacientes e contaminações no ambiente hospitalar, bem como para o melhor prognóstico. Este estudo visou avaliar a positividade de TB e resistência à rifampicina, bem como comparar o turnaround time (TAT) para a liberação dos resultados, antes e após a implementação do sistema GeneXpert® (Cepheid, EUA), na rotina laboratorial de um hospital terciário do sul do Brasil.

Métodos: Estudo retrospectivo de Julho/2022 à Abril/2023. A pesquisa do complexo Mycobacterium tuberculosis (MTB) e a resistência à rifampicina (RIF) foi realizada através do kit Xpert® MTB/RIF Ultra (Cepheid, EUA). As amostras foram categorizadas em TB pulmonar e TB extrapulmonar. A análise do fluxo de trabalho foi realizada comparando os TATs dos testes realizados por qPCR, método in house (Julho/21 à Junho/22) e após a implementação do GeneXpert® (Julho/22 à Abril/23). A análise estatística foi realizada no software IMB® SPSS® (v. 25.0). Foi realizado o teste de Kolmogorov-Smirnov para determinar a normalidade de distribuição, seguido de Mann-Whitney para comparação entre medianas.

Resultados: Foram realizados 1.090 testes, com positividade de 7,7% (n = 84). Desconsiderando-se testes em duplicidade, foram testados 800 pacientes, dos quais 8,4% (n = 67) foram positivos. Categorizando os casos por sítio de infecção, a positividade em TB pulmonar foi 79,1% (n = 53/67), TB extrapulmonar foi 14,9% (n = 10/67) e TB pulmonar e extrapulmonar simultaneamente foi 6,0% (n = 4/67). A resistência à RIF foi detectada em 4,5% (n = 3/67) dos testes positivos. A mediana de TAT anterior e após a implementação do sistema GeneXpert® foi de 73,9h (IIQ: 48,9-115,3) e 6,3h (IIQ: 4,0-20,5), respectivamente. Ficou demonstrado uma redução significativa (p < 0,001) de 79,3% no TAT do teste de TB na rotina laboratorial.

Conclusão: Observou-se um alto índice de positividade de TB pulmonar, sendo detectado casos positivos para sítios simultâneos. Ainda, a implementação da plataforma GeneXpert® impactou positivamente na rotina laboratorial, reduzindo o tempo de resposta na liberação de resultados que, por sua vez, contribui significativamente para as medidas de controle de infecção hospitalar e no prognóstico da doença.

Palavras-chave: Tuberculose , C. M. tuberculosis resistência à RIF , Teste rápido molecular

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103640

O IMPACTO DAS MOVIMENTAÇÕES DE PRIVADOS DE LIBERDADE NA OCORRÊNCIA DE TUBERCULOSE EM UNIDADES PRISIONAIS DE MATO GROSSO DO SUL

Gabriela Felix Chaves Ferreira[a,*], Everton Ferreira Lemos[b], Julio Henrique Rosa Croda[c], Mariana Garcia Croda[a]

[a] *Faculdade de Medicina (FAMED), Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campo Grande, MS, Brasil;*
[b] *Curso de Medicina, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Campo Grande, MS, Brasil;*
[c] *Fundação Oswaldo Cruz – Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil*

Introdução/objetivo: A tuberculose (TB) é uma doença infecciosa de grande impacto no Brasil e no mundo. A População Privada de Liberdade (PPL) compõe uma das subpopulações de alto risco para a infecção, cuja incidência, no Brasil, chega a ser 100 vezes maior que na população em geral. O presente estudo tem por objetivo analisar o impacto das movimentações da PPL na ocorrência da tuberculose em Mato Grosso do Sul.

Métodos: Trata-se de um estudo observacional, do tipo ecológico. Foram analisados três bases de dados, a saber: 1) Relação de pacientes com TB ativa dentro do sistema prisional de Mato Grosso do Sul, de janeiro de 2014 a maio de 2019 (N = 411), dados obtidos de um amplo projeto "The spatial scale of M. tuberculosis transmission in high-incidence environments". 2) Consulta manual de movimentações de encarceramento em registros individuais no Sistema Integrado (SIAPEN), sendo localizados as movimentações dos

pacientes dentro da prisão de 334/411(81,26%). As informações foram registradas no RedCap®. 3) Levantamento da proporção de novos casos por ano, na plataforma Integrada de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde.

Resultados: Foi obtido um total de 7291 movimentos de 2014 a dezembro de 2018. O maior pico de movimentações foi registrado no ano de 2015 (1560), que coincide com o aumento significativo da proporção de novos casos de TB, no mesmo ano (19,07%), comparado a 2014 (7,23%). Observou-se uma queda no número analisado, durante anos subsequentes, seguido de novo aumento do número de movimentos, no ano de 2018 (1511). Quanto à proporção de novos casos de TB entre a PPL, observou-se uma relativa estabilidade entre 2015 e 2017, seguido de um aumento expressivo em 2018 (30,17%). Diante disso, é possível que haja uma relação entre o aumento de novos casos de TB entre PPL, nos anos de 2015 e 2018, comparado ao aumento do número de movimentos dos indivíduos no sistema prisional nesse mesmo período.

Conclusão: São necessários novos estudos sobre a capacidade de disseminação espacial do M. tuberculosis no sistema prisional para se estabelecer o real impacto da movimentação do preso na transmissão da doença. Entretanto, as informações obtidas pelo presente estudo, evidenciam a relação entre as expressivas movimentações dos PPL no sistema prisional e o aumento de casos novos de TB entre essa mesma população. Esses achados, podem contribuir para um levantamento de hipóteses sobre o extravasamento da tuberculose devido à ampla rede de contatos.

Palavras-chave: tuberculose prisões movimentações

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103641

O SOM DO RNA SILENCIOSO: O PAPEL DOS LNCRNAS NA INTERAÇÃO TUBERCULOSE-DIABETES

Caian L. Vinhaes*, Eduardo R. Fukutani, Mariana Araujo-Pereira, Artur T.L. Queiroz, Bruno B. Andrade

Multinational Organization Network Sponsoring Translational and Epidemiological Research Initiative, Salvador, BA, Brasil

Introdução: A tuberculose (TB) é uma das principais causas de morte no mundo, e o Diabetes Mellitus (DM) é uma das principais comorbidades associadas à doença. O DM afeta a resposta inflamatória crônica associada à TB, aumentando o risco de TB ativa e afetando a resposta ao tratamento. Aqui, avaliamos a dinâmica da expressão de RNA longo não codificante (lncRNA) e sua associação com TB e DM.

Métodos: Dados de expressão gênica de TB, DM, TB/DM e controles saudáveis (HC) de 4 países foram obtidos. A expressão de RNAs não codificadores (ncRNA) foi recuperada e a análise de expressão diferencial foi realizada em dados brasileiros, comparando tanto TB quanto TB/DM com HC. Os ncRNAs (lncRNAs e miRNAs) expressos diferencialmente foram usados como entrada para um algoritmo de redução de dimensionalidade, para selecionar os ncRNAs mais informativos. A precisão dos lncRNA foi validada em amostras da Índia, Romênia e África do Sul. Para identificar as possíveis vias reguladas por esses lncRNAs, foi realizada uma análise de correlação entre os lncRNAs mais informativos e todos os genes. Os genes mais correlacionados foram usados na análise de enriquecimento.

Resultados: Após redução da dimensão, identificamos 103 ncRNAs expressos diferencialmente na comparação TB e TB/DM. Destes, 5 lncRNAs: ADM-DT, LINC02009, LINC02471, SOX2-OT e GK-AS1. A análise de validação mostrou que os lncRNAs apresentaram acurácia moderada para classificar o DM de HC, com uma AUC de 0,652 (C.I. 0,44∼0,86). No entanto, eles tiveram precisão substancial ao discriminar TB de HC com AUC de 0,91 (C.I. 0,82∼0,99) e AUC de 0,98 (C.I. 0,95∼1,00) para TB/DM de HC. A análise de correlação para identificar os genes potencialmente associados identificou caminhos semelhantes no Brasil e na Índia para ambas as condições de TB e TB/DM. As vias identificadas estavam relacionadas à sinalização de interleucina e interferon, cascatas de receptores Toll-like, cascatas de receptores Toll-like, degranulação de neutrófilos e via de infecção.

Conclusão: Apesar da escassez de informações sobre suas funções biológicas na literatura, os 5 lncRNAs mais informativos foram fortemente correlacionados com genes associados a vias relacionadas à regulação da resposta imune contra TB. Os genes fortemente correlacionados eram de vias relacionadas ao controle da TB, sugerindo papel importante dos lncRNA na regulação da resposta inflamatória na TB.

Palavras-chave: Tuberculosi Diabetes lncRNA Inflamação

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103642

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA TUBERCULOSE GENITURINÁRIO NO BRASIL, ENTRE 2004 E 2023

Gabriel von Flach Sarmento[a,*], Guilherme von Flach Sarmento[b], Plácido Natanael de Lima Neto[a], Beatriz Silva de Marco[a], Victor de Oliveira Alvim Albergaria[a], Alice Sarno Menezes[a], Gabriela Loula Dourado do Nascimento[a], Davi Domingos dos Santos Ferreira[a]

[a] *Escola Bahiana de Medicina e Saúde Pública (EBMSP), Salvador, BA, Brasil;*
[b] *Universidade Salvador (UNIFACS), Salvador, BA, Brasil*

Introdução: A Tuberculose (TB) é uma patologia granulomatosa crônica, apresentando como principal agente etiológico o Mycobacterium tuberculosis. Ela é considerada como a principal doença infecciosa causadora de óbitos em todo o globo. Apesar de seu principal sítio de infecção ser o pulmão, o trato geniturinário (TGU) pode ser acometido pela infecção. Por conta de sua importância, faz-se necessário compreender as características dos pacientes que são acometidos pela patologia.

Objetivos: Analisar as internações por TB do TGU, além de caracterizar o perfil epidemiológico dos afetados, no Brasil, entre 2004 e 2023.

Metodologia: Um estudo descritivo, ecológico e quantitativo com dados do departamento de informática do SUS