

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-1082^a) 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

do polimorfismo (-G1082A) IL-10 e a expressão de IL-10 na gravidade da fibrose periportal e a HDA.

Palavras-chave: Esquistossomose Fibrose periportal Hemorragia Digestiva Alta Interleucina-10 Polimorfismo genético

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103515>

BARTONELLA HENSELAE COMO UM POSSÍVEL GATILHO PARA REAÇÕES HANSÊNICAS CRÔNICAS TIPO 2

Luciene Silva dos Santos^{a,*},
Marina Rovani Drummond^a, Nathalia Lopes Iori^a,
Isabela Maria Bernardes Goulart^b,
Andrea Fernandes Eloy da Costa França^a,
Elemir Macedo de Souza^a,
Paulo Eduardo Neves Ferreira Velho^a

^a Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP),
Campinas, SP, Brasil;

^b Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia,
MG, Brasil

Introdução: A hanseníase é uma doença milenar relacionada à pobreza, pois certas condições das populações menos favorecidas aumentam consideravelmente a exposição ao *Mycobacterium leprae* e ao *Mycobacterium lepromatosis*. Antes, durante ou mesmo após o término do tratamento para hanseníase, aproximadamente 30-50% dos pacientes desenvolvem reações inflamatórias agudas a antígenos micobacterianos, frequentemente localizados nos nervos periféricos. Essas reações inflamatórias são responsáveis pela maioria das deficiências físicas relacionadas a doenças infecciosas. Quando os pacientes apresentam reações hansênicas subsequentes, ou seja, por mais de seis meses, são considerados reações crônicas, sendo comum o envolvimento neural. Nesses casos, é necessário investigar fatores que possam atuar como desencadeadores dessas reações, incluindo coinfeções, ainda que subclínicas. A imunidade mediada por células Th1 desempenha um papel importante na evolução das infecções bacterianas intracelulares e, portanto, na evolução da hanseníase e suas reações. Há evidências de que a imunidade mediada por células também está intimamente relacionada com a patogênese e controle da infecção por *Bartonella* spp.. Essas bactérias podem causar infecção assintomática e são responsáveis por doenças emergentes e reemergentes. A coinfeção por *B. henselae* em paciente com reação hansênica crônica acompanhado na UNICAMP já foi descrita. Neste paciente houve melhora completa das reações com o tratamento para *B. henselae*.

Objetivo: Avaliar a ocorrência de infecção por *Bartonella* sp. Em amostras de sangue de pacientes que tiveram episódios subintraentes de reações hansênicas tipo 2 por mais de seis meses, comparando-os com um grupo controle.

Métodos: Foram utilizados métodos microbiológicos e moleculares (PCR) em amostras de sangue de pacientes de dois centros de referência para o tratamento da hanseníase no sudeste do Brasil. A evolução de pacientes com DNA de *Bartonella* sp. Detectado em um dos centros também foi observado.

Resultados: Houve maior prevalência de infecção por *Bartonella henselae* em pacientes, 19/47 (40,4%), em comparação com o controle, 9/50 (18,0%), $p = 0,0149$. Cinco pacientes aceitaram o tratamento para coinfeção e todos apresentaram melhora das reações hansênicas com o tratamento da infecção por *B. henselae*.

Conclusão: Conclui-se que essas bactérias podem desencadear reações crônicas da hanseníase tipo 2 e devem ser investigadas nesses pacientes.

Palavras-chave: *Bartonella* Coinfeção Hanseníase Eritema Nodoso

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103516>

CORRELAÇÃO ENTRE DESMATAMENTO E INCIDÊNCIA DE CASOS AUTÓCTONES DE MALÁRIA EM MUNICÍPIOS DA AMAZÔNIA LEGAL NO PERÍODO ENTRE 2011 E 2021 – UMA ABORDAGEM ONE HEALTH

Gustavo Henrique Nicoletti Dalle Cort^{*},
Vitória de Conti Lopes,
Victor Henrique Dominiak Soares, Giulia Bowens,
Sonia Mara Raboni

Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil

Introdução: O aumento de casos de malária, mesmo com o desenvolvimento de tratamentos e testes diagnósticos rápidos, apresenta-se como um grande desafio para a saúde global. A malária é uma parasitose transmitida por mosquitos do gênero *Anopheles*, geralmente silvestres e usualmente encontrados em água parada e límpida. Alterações no ambiente podem forçar o mosquito a conviver com o ser humano, aumentando a incidência de malária. Estas alterações incluem o desmatamento, que sofreu aumento expressivo no Brasil entre o ano de 2011 e 2021. Como visto, a malária é uma doença com forte influência na saúde humana, ambiental e animal, tornando a abordagem de One Health (Saúde Única) ideal para este estudo. Portanto, nossos objetivos são acompanhar e comparar a evolução da incidência anual de casos de malária e a variação do desmatamento em municípios da Amazônia Legal entre 2011 e 2021.

Metodologia: Os dados sobre casos de malária no Brasil foram obtidos nos boletins epidemiológicos da Secretaria de Vigilância em Saúde, para cálculo da incidência de malária em cada local e período, a população de cada município foi obtida através das estimativas do Censo demográfico do Brasil de 2010 do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Dados sobre o desmatamento foram coletados do Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE), na plataforma TerraBrasilis. A partir da incidência da malária anual por município e dos números do desmatamento nos locais estudados, foi ajustado um modelo linear misto generalizado (GLMM) com efeitos fixos para o ano e a área desmatada e interceptos aleatórios para os municípios. O modelo foi ajustado com o pacote “GLMMadaptive” na versão 4.3.0 do software R. A variável dependente foi a incidência de malária e a distribuição usada foi a binomial negativa inflacionada de zeros. Foi realizado um teste de Kolmogorov-Smirnov para verificar a normalidade dos resíduos.