

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

^a Instituto Aggeu Magalhães (IAM - FIOCRUZ/PE), Recife, PE, Brasil;

^b Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;

^c Centro Universitário Estácio do Recife, Recife, PE, Brasil;

^d Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife, PE, Brasil

Introdução/objetivo: A tuberculose (TB) é uma doença causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) que permanece como uma das principais causas de doença e morte na população. Apenas 5%-15% dos indivíduos infectados desenvolvem a forma ativa da doença, indicando que a resposta à exposição ao bacilo pode variar entre os indivíduos. O reconhecimento de microorganismos pelas células apresentadoras de antígenos (APC) é mediado pelos receptores Toll-Like, sendo o Toll-Like 4 um dos principais responsáveis pelo reconhecimento do Mtb. Diversos estudos demonstraram que o componente genético do hospedeiro desempenha um papel importante na relação hospedeiro-bacilo. As variantes genéticas rs4986790 e rs4986791 do receptor Toll-like 4 têm sido associadas à susceptibilidade à TB em diferentes grupos étnicos. O presente trabalho propõe investigar uma possível associação de variantes do gene do TLR4 com a susceptibilidade a tuberculose pulmonar ativa em pacientes oriundos da cidade do Recife/PE.

Metodologia: O estudo foi desenvolvido no Instituto Aggeu Magalhães (FioCruz Pernambuco), em associação com os principais serviços de referência para tratamento e diagnóstico da tuberculose do SUS Pernambuco, estando a provado no comitê de ética em pesquisa da instituição principal (CAAE: 48498821.2.0000.5190). Foram coletadas amostras de sangue periférico de pacientes com TB pulmonar ativa (N = 81) e indivíduos controle (N=83). As amostras foram submetidas à extração de DNA genômico e, posteriormente, foram realizados os ensaios de PCR e Sequenciamento para avaliação das variantes genéticas propostas (rs4986790 e rs4986791). Resultados: Observou-se uma predominância dos genótipos selvagens das variantes rs4986790 e rs4986791 (AA e CC, respectivamente), não sendo observada associação ($p > 0,05$). As análises no modelo alélico indicaram o alelo mutante (T) na variante rs4986791 demonstrou associação com a tuberculose pulmonar ($p = 0,04$; OR = 0,12; IC = 0,01 – 0,99), estando de acordo com os resultados obtidos na literatura. Não foi observada associação na variante rs4986790.

Conclusão: A presença do alelo mutante (T) na variante rs4986791 demonstrou associação com o desenvolvimento da tuberculose pulmonar, indicando que existe potencial num estudo mais profundo dessa variante. Além do exposto, os

dados desse estudo são importantes na caracterização dessas variantes nessa parcela da população brasileira.

Palavras-chave: Receptor Tool-like 4 Tuberculose Pulmonar Variantes Genéticas

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103608>

AValiação DA TUBERCULOSE COMO FATOR DE RISCO PARA A LETALIDADE DA COVID-19 EM SÃO PAULO, BRASIL

Igor Carmo Borges*, Alessandra Luna-Muschi,
Ester Cerdeira Sabino, Silvia Figueiredo Costa

Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A COVID-19 e a tuberculose (TB) são duas crises de saúde globais. Nosso objetivo foi avaliar se a TB está associada à letalidade da COVID-19.

Metodologia: Nesta coorte retrospectiva foram usados dados de dois bancos de dados do estado de São Paulo, Brasil: SIVEP-Gripe (de abril de 2020 a dezembro de 2020) e TBWEB (de janeiro de 2010 a dezembro de 2020). Todos os casos de síndrome do desconforto respiratório agudo (SDRA) e todos os casos de TB do estado de São Paulo são registrados no SIVEP-Gripe e no TBWEB, respectivamente. Excluímos os casos de SDRA que não foram causados pela COVID-19, os não hospitalizados e os pacientes com idade inferior a 15 anos. A vulnerabilidade social foi avaliada usando a pontuação IPVS, que estima o grau de vulnerabilidade com base no endereço do paciente (pontuação 1 = menos vulnerável; pontuação 7 = mais vulnerável). Uma análise de regressão logística multivariada avaliou a associação entre TB e letalidade da COVID-19.

Resultados: No período de nove meses, 178.444 casos de COVID-19 foram incluídos no estudo. Destes, 155.419 (87%) casos tiveram COVID-19 confirmada por meio de testes de RT-PCR ou antígeno. A maioria dos casos foi hospitalizada na região metropolitana de São Paulo (58%), e julho de 2020 foi o mês mais frequente de início dos sintomas (14%). A idade média foi de 60 anos, 56% eram do sexo masculino e 21% eram negros. A maioria dos participantes (41%) foi classificada como tendo uma pontuação IPVS de 2. No geral, 45% não tinham nenhuma doença prévia, 31% tinham uma, 18% tinham duas e 6% tinham três ou mais doenças prévias. A TB foi detectada em 675 (0,4%) casos, dos quais TB e COVID-19 estavam presentes concomitantemente em 213 (32%) casos e a TB antes da COVID-19 em 462 (68%) casos. A apresentação mais comum da TB foi o acometimento pulmonar (521/675 [77%]). Houve 49.387 óbitos (28%) na população do estudo. Na análise de regressão múltipla, a TB atual (OR = 1,8; IC95% 1,2-2,7) e a TB prévia (OR = 1,4; IC95% 1,1-1,8) foram fatores de risco independentes para a letalidade da COVID-19. Idade mais avançada, sexo masculino, raça negra, maior número de doenças prévias, pontuação IPVS mais alta, região de hospitalização e início dos sintomas durante os primeiros meses da pandemia também foram fatores de risco independentes para a letalidade da COVID-19.

Conclusão: A TB prévia ou concomitante é um fator de risco independente para a letalidade da COVID-19.

Palavras-chave: COVID-19 Tuberculose Mortalidade

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103609>

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO DO TESTE RÁPIDO MOLECULAR GENEXPERT MTB/RIF EM AMOSTRAS DE TUBERCULOSE EXTRAPULMONAR

Renata Inglez de Souza Tejo*,
Lilian Maria Lapa Montenegro,
Wlisses Henrique Veloso de Carvalho Silva,
Jéssica Lopes Teixeira,
Nathly Oliveira do Nascimento,
Milena Brandão de Lima,
Danielle Martiniano da Silva Rodrigues,
Romário Martins Araújo,
Rayssa Maria Pastick Jares da Costa,
Bárbara Wanessa Delgado Abrantes,
Josefa Nayara dos Santos Nascimento,
Kessia Kelly Batista da Silva,
Haiana Charifker Schindler

FIOCRUZ, Recife, PE, Brasil

Introdução: A Tuberculose (TB) é uma doença infectocontagiosa que tem como agente etiológico o *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), bacilo que acomete principalmente os pulmões, causando a tuberculose pulmonar (TBP); porém o bacilo pode se disseminar e infectar outros sítios causando a tuberculose extrapulmonar (TBE). A cultura bacteriana é o padrão ouro para o diagnóstico da TB, porém além de ser um procedimento lento, no caso de amostras de TBE ocorre um aumento na taxa de contaminação. O GeneXpert Mtb/RIF é uma técnica capaz de detectar o Mtb em até 2h, porém é validada apenas em amostras respiratórias. Por este motivo, o objetivo do presente trabalho é avaliar o desempenho do teste rápido molecular GeneXpert Mtb/RIF em amostras de TBE.

Métodos: As amostras de sangue e urina foram obtidas em frascos estéreis e as demais amostras de biópsia e líquidos biológicos foram obtidas por procedimentos cirúrgicos realizados em hospitais de Pernambuco. Foram feitas curvas de diluição para avaliar o limite de detecção da técnica nas amostras variadas. Na avaliação do desempenho do teste foram utilizadas 80 amostras, sendo 40 com diagnóstico fechado para TBE e 40 para outra doença que não TB e em seguida foram comparados os resultados com o padrão de referência composto.

Resultados: Nas curvas de diluição, todos os tipos de amostras foram analisadas e apresentaram um limite de detecção de até 10ag. Das 40 amostras clínicas de pacientes TBE analisadas, 6 destas eram amostra de sangue, 10 biópsias, 23 amostras de urina e 1 amostra de LCR. 1 urina e 3 amostras de sangue apresentaram traços de Mtb e 36 amostras apresentaram Mtb detectado, confirmando o diagnóstico fechado pelo padrão de referência composto. As 40 amostras de pacientes não TB apresentaram resultado negativo no GeneXpert Mtb/RIF. Ao serem analisados os resultados, foi possível observar concordância do GeneXpert com os métodos diagnósticos utilizados no padrão de referência composto, apresentando uma sensibilidade e especificidade de 100%.

Conclusão: Foi observado que o método demonstrou excelente capacidade de detecção em amostras TBE, com um limite de detecção de 10ag, podendo detectar fragmentos de DNA na amostra, além da capacidade de detecção do complexo em amostras de sangue. A via hematogênica é uma das principais vias de disseminação do bacilo, a utilização de sangue para o diagnóstico de paciente com TBE facilita e acelera o diagnóstico da doença, evitando a submissão do paciente a métodos invasivos.

Palavras-chave: Tuberculose Tuberculose Extrapulmonar Diagnóstico Teste Rápido Molecular GeneXpert

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103610>

AVALIAÇÃO DO EFEITO DO COVID-19 SOBRE AS REAÇÕES HANSÊNICAS EM PESSOAS ACOMETIDAS POR HANSENÍASE

Marayah Sampaio Ruas da Fonseca^{a,*},
Anna Maria Sales^b, Verônica Schmitz Pereira^b,
Ximena Illarramendi^b

^a Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro (UNIRIO),
Rio de Janeiro, RJ, Brasil;

^b Ambulatório Souza Araújo, Laboratório de Hanseníase,
Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz. Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introdução/objetivos: A hanseníase (MH) é doença infecciosa crônica envolvendo nervos e pele e o curso clínico pode ser complicado por episódios imunoinflamatórios chamados reações, que podem ser nas formas de Reação Reversa (RR), Eritema Nodoso Hansênico (ENH) ou neurite. O aumento de citocinas pró-inflamatórias que ocorre amplifica o comprometimento sistêmico e o dano nos nervos periféricos, podendo piorar incapacidades físicas e produzir sequelas. Já foi reportado que pacientes com COVID-19 apresentam tempestade de citocinas e alterações imunes. Os efeitos da COVID-19 nos indivíduos acometidos por MH ainda são pouco conhecidos, mas há expectativa de piora ou aumento da frequência das reações como consequências da associação das infecções. Portanto, o objetivo é avaliar o impacto da pandemia de SARS-CoV2 sobre a frequência e características das reações em pessoas com MH.

Métodos: Estudo primário observacional quantitativo analítico longitudinal desenvolvido no Ambulatório Souza Araújo, centro de referência em hanseníase no Rio de Janeiro, após aprovação pelo sistema CEP/Conep (CAAE. 52863621.9.0000.5248). Os dados foram coletados a partir dos prontuários de pacientes registrados com hanseníase entre 2019 a 2020 diagnosticados com formas clínicas borderline ou lepromatosa (LL). Foi gerado banco de dados em RedCap e realizado análises estatísticas descritivas e bivariadas no software R e Jamovi, considerando intervalo de confiança de 95%.

Resultados preliminares: Dos 81 prontuários revisados, foram excluídos 10 por serem casos de abandono do tratamento (4), recidiva (5) e 1 óbito. Os 71 indivíduos eram em sua maioria do sexo masculino, pardos (59% e 61%, respectivamente), com idade entre 13-82 anos. Trinta (42%) casos foram diagnosticados com forma LL, 34 (48%) algum grau de incapacidade física e 16 (23%) com baciloscopia=0. Dos 43 (61%) pacientes que tiveram reação, em 36 (84%) foi crônica e 25