

endêmico no Brasil, ocorreu em 2002 e, posteriormente, foi eliminado das Américas em 2016. Roraima enfrenta uma crescente imigração de venezuelanos, que fogem da atual crise econômica e política, a qual, por ser contínua e desordenada, corroborou uma emergência em saúde pública: um surto de sarampo no estado.

**Objetivo:** Analisar os dados epidemiológicos do surto de sarampo ocorrido em Roraima no primeiro semestre de 2018.

**Metodologia:** Estudo descritivo, quantitativo, com dados secundários do primeiro semestre de 2018 da Vigilância Epidemiológica estadual, referente à totalidade de casos notificados e confirmados. Avaliaram-se nacionalidade, etnia, sexo e faixa etária.

**Resultado:** Até 15 de junho de 2018, foram notificados 405 casos suspeitos de sarampo em Roraima, 198 (48,9%) foram confirmados laboratorialmente (IgM Reagente e/ou PCR positivo) e 35 (8,6%) descartados; 172 (42,5%) casos aguardam resultado laboratorial para definição diagnóstica. O genótipo viral era o D8, ou seja, o mesmo vírus circulante na Venezuela. Dos 198 casos confirmados, 109 (55,1%) eram do sexo masculino. Em relação à faixa etária, 36 pacientes (20,9%) eram menores de um ano, 40 (23,3%) de um a quatro anos, 33 (19,2%) de cinco a nove anos, 21 (12,2%) de 10 a 14 anos, 10 (5,8%) de 15 a 19 anos, 20 (11,6%) de 20 a 29 anos, 10 (5,8%) de 30 a 39 anos, um (0,6%) de 40 a 49 anos, um (0,6%) de 50 a 59 anos e nenhum acima dessa idade. No que diz respeito à nacionalidade, dos 198 casos confirmados, 63 (31,8%) são de nacionalidade brasileira, 133 (67,2%) venezuelana, um (0,5%) da Guiana Inglesa e um (0,5%) da Argentina. Em etnia indígena ou não, 84 (42,4%) casos notificados foram computados como de etnias indígenas e 114 (57,6%) como não indígenas.

**Discussão/conclusão:** O surto de sarampo vivido em Roraima foi importado do país vizinho, reconhecido pelo agente de genótipo D8, todavia hoje já há circulação do vírus entre brasileiros. Se a cobertura vacinal dos brasileiros estivesse dentro da meta preconizada pelo Ministério da Saúde, em torno de 95%, não haveria tal surto. Além de campanhas permanentes e incentivos de políticas públicas em saúde, são necessárias sensibilização e responsabilidade sanitária por parte da sociedade.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.039>

OR-39

### ELEVADA INCIDÊNCIA DE SÍNDROME COMPARTIMENTAL SECUNDÁRIA A ACIDENTE BOTRÓPICO

Lucas Liporoni Toffano, Luiz Otávio da Silva, Mario León Silva-Vergara

Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM), Uberaba, MG, Brasil

Data: 19/10/2018 - Sala: 2 - Horário: 16:10-16:20 - Forma de Apresentação: Apresentação oral

**Introdução:** Acidentes ofídicos constituem um problema de saúde pública e uma patologia ainda negligenciada no contexto médico. Segundo o Ministério da Saúde, cerca de 30.000 acidentes ofídicos ocorreram durante 2017, dos quais a maioria foi causada por serpentes do gênero *Bothrops*, seguido de

*Crotalus*. Esses acidentes cursam com alta morbidade, relacionada à espécie agressora e a seu tamanho e à demora na aplicação do soro, entre outros. Infecção secundária, insuficiência renal e síndrome compartimental são as principais complicações.

**Objetivo:** Avaliar o perfil clínico, epidemiológico e evolutivo dos pacientes vítimas de acidentes ofídicos em um hospital de ensino, com destaque para a síndrome compartimental.

**Metodologia:** Estudo clínico epidemiológico prospectivo feito durante atendimento na emergência e na enfermaria, com registro dos principais aspectos clínicos e evolutivos de pacientes.

**Resultado:** De fevereiro a agosto de 2018, foram atendidos 40 pacientes vítimas de acidente ofídico, dos quais 30 (75%) eram masculinos, com média de 43 anos, e a maioria procedente de municípios do Triângulo Mineiro. Desses, 34 (85%) foram por serpentes do gênero *Bothrops* e seis (15%) por *Crotalus*. O tempo médio entre a ocorrência do acidente e a aplicação do soro antiofídico foi de 6,3 horas. Dos 34 acidentes botrópicos, 11 (32%) foram considerados leves, 14 (41%) moderados e nove (27%) graves, enquanto que os crotálicos foram moderados e graves em igual proporção. Todas as complicações estiveram associadas a acidentes botrópicos e entre elas a infecção secundária ocorreu em 20 (50%) casos, insuficiência renal em quatro (10%) e síndrome compartimental em seis (15%). Desses últimos, quatro eram homens e dois, mulheres; quatro ocorreram no membro superior e dois no membro inferior. Quanto à gravidade, houve igual proporção entre moderado e grave. Não houve atraso quanto à fasciotomia.

**Discussão/conclusão:** Esta casuística corresponde principalmente aos dois primeiros meses do estudo, quando a incidência sazonal desses acidentes é muito maior. Destaca-se a proporção elevada de síndrome compartimental, uma complicação raramente vista na instituição, que atende em média 150 acidentes ofídicos por ano. Pela distribuição geográfica, sabe-se que *Bothrops jararaca* é a espécie predominante na região e poucos casos com essa complicação ocorreram ao longo dos últimos 20 anos, o que sugere a possibilidade de outra espécie, como *Bothrops moojeni*, ter ingressado na região.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.040>

OR-40

### TESTE DE WESTERN BLOTTING COMO AUXÍLIO DIAGNÓSTICO NA BORRELIOSSE BRASILEIRA

Virginia Lucia Nazario Bonoldi, Leandro Lara do Prado, Patricia Antônia Estima Abreu, Rosa Maria Rodrigues Pereira

Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HCFMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Fapesp

Nº. Processo: 2017/12778-7

Data: 19/10/2018 - Sala: 2 - Horário: 16:20-16:30 - Forma de Apresentação: Apresentação oral

**Introdução:** Borreliose brasileira (BB) é uma zoonose infecciosa transmitida por carrapatos que mimetiza a doença de



Lyme do Hemisfério Norte. Apresenta manifestações clínicas sistêmicas e eritema migratório (EM), lesão de pele patognomônica. O agente etiológico difere das borrelias descritas e não é cultivável em meio BSK. O Western Blotting (WB) é preconizado para diagnóstico com o uso como antígeno de bactéria nativa e bandas (kDa) de proteínas específicas na interpretação do mesmo. No Brasil, empregamos extrato da *Borrelia burgdorferi* (Bb) de origem americana e a interpretação do resultado é pelo número de bandas para IgG ou IgM, resulta em baixa especificidade. A identificação de proteínas da Bb reconhecidas por anticorpos de pacientes diagnosticados clinicamente com BB (EM, manifestações sistêmicas e história recente de picada) aumentaria a especificidade do teste.

**Objetivo:** Tornar o WB para BB mais específico para auxiliar na prática clínica.

**Metodologia:** Trinta doentes com BB foram selecionados. Vinte casos com febre maculosa (n=5), chikungunya (n=5), doença neurológica (n=5) e pessoas saudáveis (n=5) compuseram o grupo controle. As proteínas da Bb foram separadas em gel à 10% SDS-PAGE e transferidas para membrana de nitrocelulose (NC). As tiras de NC foram incubadas com cada soro e com anticorpos secundários anti-IgG ou IgM conjugados à fosfatase alcalina. Como controles positivos foram usados soro policlonal de coelho imunizado com Bb e soros americanos IgG ou IgM positivos.

**Resultado:** Anticorpos de doentes com BB reconheceram 20 bandas para IgG (17, 18, 21, 26, 31, 34, 37, 38, 41, 43, 46, 50, 56, 60, 66, 68, 74, 80, 95, 110kDa) e 13 bandas para IgM (18, 22, 26, 31, 34, 35, 41, 46, 49, 52, 66, 78, 95 kDa). Observou-se reatividade cruzada contra 17, 18, 21, 26, 56, 68 e 74kDa para IgG e 18, 34 e 52kDa para IgM. O soro policlonal IgG reconheceu as bandas 14, 22, 32, 41, 46, 68 e 95kDa. O soro IgG americano reagiu contra 18, 21, 28, 30, 39, 41, 45, 58, 66 e 93kDa e o IgM contra 12, 17, 23, 26, 31, 34, 41, 46, 66, e 95kDa. Ao analisar a frequência da reatividade humoral do grupo BB e comparar com o grupo controle, identificamos especificidade para as bandas IgG: 31, 41, 46, 60, 80, 95 e 110kDa e para as bandas IgM: 26, 31, 34, 41, 46 e 95kDa.

**Discussão/conclusão:** Na ausência do antígeno autóctone, a seleção dos pesos moleculares específicos para BB aprimora o WB. Estudos futuros de sensibilidade e especificidade oferecerão maior acurácia.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.041>

Área: MICROBIOLOGIA/IRAS

Sessão: MICROBIOLOGIA/Iras

OR-41

#### DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA DE FATORES DE VIRULÊNCIA DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS ISOLADOS DE INDIVÍDUOS DIABÉTICOS INSULINO-DEPENDENTES



Nathalia Bibiana Teixeira, Matheus Cristovam Souza, Thais Aline Monteiro Pereira, Bibiana Prada de C. Colenci, Carlos Magno C. Branco Fortaleza, Maria Lourdes R.S. Cunha

Faculdade de Medicina de Botucatu, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Botucatu, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Capes

Nº. Processo: -

Data: 19/10/2018 - Sala: 3 - Horário: 15:40-15:50 - Forma de Apresentação: Apresentação oral

**Introdução:** *Staphylococcus aureus* é comumente relacionado a quadros infecciosos graves tanto em infecções hospitalares quanto nas adquiridas na comunidade, além de ser capaz de colonizar indivíduos saudáveis. Indivíduos diabéticos, em especial aqueles que fazem uso diário de insulina, são considerados grupos de risco para infecções graves.

**Objetivo:** Analisar o potencial patogênico de isolados de *S. aureus* sensíveis e resistentes à meticilina (MSSA e MRSA) através da detecção dos genes das enterotoxinas (sea, seb e sec-1), toxina da síndrome do choque tóxico (tst), leucocidina de Panton-Valentine (pvl), hemolisinas alfa e delta (hla e hld), toxinas esfoliativas (eta, etb) e biofilme (operon icaADBC).

**Metodologia:** Foram estudadas 102 amostras de *S. aureus* obtidas a partir da coleta de swab nasal e orofaríngeo de 279 indivíduos diabéticos insulino-dependentes do município de Botucatu, SP. As colônias foram isoladas em Ágar Baird-Parker, meio seletivo para *Staphylococcus spp.*, identificadas e submetidas às reações de Polymerase Chain Reaction (PCR) para detecção do gene de resistência à meticilina (mecA) e dos genes de virulência descritos acima.

**Resultado:** Dos 102 isolados de *S. aureus*, 13 apresentavam o gene mecA, eram, portanto, MRSA. Quanto à análise dos fatores de virulência, no geral notou-se que 62,7% (64) dos isolados carregavam pelo menos um dos três genes das enterotoxinas testadas (sea, seb e sec-1), 10,7% (11) carregavam o gene tst da síndrome do choque tóxico e apenas uma amostra foi positiva para o gene eta das esfoliatinas. Para as hemolisinas, a análise revelou que 80,4% (82) das amostras tinham ambos os genes testados (hla e hld). Apenas 6,9% (sete) das amostras tinham o operon ica completo (icaADBC) para produção de biofilme, embora 92,1% (94) tivessem os genes icaA e icaD, simultaneamente. Nenhuma das amostras de *S. aureus* do estudo carregava o gene etb ou pvl. Em relação às amostras de MRSA, observou-se que 92,3% (12) tinham os genes icaA e icaD do biofilme, 53,8% (sete) foram positivas para o gene da enterotoxina A (sea), 84,6% carregavam o gene hla e 92,3% (12) carregavam o gene hld.

**Discussão/conclusão:** A análise do perfil de virulência demonstrou o alto grau de patogenicidade dos isolados resistentes (MRSA) e dos sensíveis (MSSA) carregados pelos