

são superior e inferior, respectivamente, às incidências do ESP. As tendências observadas podem ser explicadas pela intensificação das medidas de prevenção da hepatite A e aumento no número de diagnósticos de hepatite C no país. Entretanto, as estratégias de prevenção necessitam ser fortalecidas para atingir a meta de eliminação em 2030.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101050>

OR-06

VIGILÂNCIA LABORATORIAL PÓS-MORTE REALIZADA PELO INSTITUTO ADOLFO LUTZ ENTRE 2009 E 2011, EM CASOS DE ÓBITO NÃO ESCLARECIDO DO ESTADO DE SÃO PAULO



Jéssica de Brito F. Nascimento, Leonardo José Tadeu de Araújo, Lídia Midori Kimura, Camila Santos da Silva Ferreira, Ketlyn Bolsachini Figueiredo, Juliana Mariotti Guerra, Juliana Possatto Fernandes Takahashi

Instituto Adolfo Lutz (IAL), São Paulo, SP, Brasil

Sessão: TEMAS LIVRES | Data: 01/12/2020 - Sala: 2 - Horário: 18:25-18:35

Introdução: A vigilância pós-morte contribui para a compreensão da dinâmica das doenças infecciosas emergentes e reemergentes e fornece subsídios para a vigilância e monitoramento epidemiológico dessas doenças.

Objetivo: O estudo teve como objetivo realizar um levantamento das doenças infecciosas identificadas nos casos de óbitos não esclarecidos, encaminhados para diagnóstico no Núcleo de Anatomia Patológica do Centro de Patologia entre 2009 e 2011.

Metodologia: Este foi um estudo retrospectivo, conduzido no Centro de Patologia do IAL, que analisou casos com entrada entre 2009 e 2011, provenientes do estado de São Paulo. Foram coletados os dados demográficos e resultados laboratoriais dos pacientes. Todos os procedimentos foram aprovados pelo comitê de ética institucional (CAAEE 96138818.0.0000.0059).

Resultados: Identificamos 1048 casos de óbito não esclarecidos e em apenas 442 casos (42%) foi possível a identificação de um agente etiológico. Dentre esses, o sexo feminino foi predominante (n=275; 62,2%). As infecções bacterianas foram maioria (n=218; 49,3%), com destaque para leptospirose (n=63; 29%), seguida das infecções virais (n=209; 47,2%), sendo o vírus H1N1 o mais comum (n=80; 38,27%), e das infecções por leishmania spp. (n=10; 2%) e cryptococcus spp. (n=5; 1%). A ferramenta de diagnóstico mais utilizada foi a PCR (n=193; 43%), seguida pela imuno-histoquímica (n=163; 36,8%) e ELISA (n=50; 11,2%).

Discussão/Conclusão: O diagnóstico laboratorial realizado em material parafinado e formalizado ainda é um grande desafio, devido às suas características. A identificação de um possível agente etiológico se inicia na análise anatomopatológica, porém são necessárias outras técnicas mais sensíveis e específicas. Destacamos a relevância da investigação laboratorial pós-morte para o esclarecimento de infecções e uma lacuna na vigilância de óbitos de etiologia desconhecida. É de relevante a implantação de novos métodos, na tentativa de

aumentar o número de óbitos esclarecidos e melhorar o monitoramento epidemiológico de doenças infecciosas no estado de São Paulo.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101051>

OR-07

ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS NOS GENES IL17A E TGFB1 COM PARÂMETROS CLÍNICO-LABORATORIAIS DE PACIENTES COM LEISHMANIOSE VISCERAL



Amanda Aparecida Silva de Aguiar, Airton Lúcio Silva, Felipe Antonio Bassoli Neves, Anderson Ricardo Peres Brito, Claudio Ramos Santos, Rafaela Tiemi Harakawa, Luiz Euribel Prestes Carneiro, Eliana Peresi-Lordelo

Universidade do Oeste Paulista (Unoeste), Presidente Prudente, SP, Brasil

Ag. Financiadora: APEC - UNOESTE

Nr. Processo: 2892/2888

Sessão: TEMAS LIVRES | Data: 01/12/2020 - Sala: 2 - Horário: 18:35-18:45

Introdução: A leishmaniose visceral (LV) é uma doença de ampla distribuição mundial e, a resposta imune protetora está associada à produção de citocinas inflamatórias, como a IL-17A. Em contrapartida, a suscetibilidade está relacionada com a indução de citocinas antiinflamatórias, como o TGF- β . Polimorfismos gênicos de base única (SNP) presentes nos genes das citocinas podem influenciar na produção da respectiva citocina, entretanto poucos trabalhos têm avaliado sua associação com os aspectos clínico-laboratoriais da LV.

Objetivo: Avaliar a associação de SNPs no gene da IL17A e do TGFB1 com parâmetros clínicos e laboratoriais de pacientes com LV.

Metodologia: Foram estudados 29 pacientes com LV, 18 homens (50,78 + 17,1 anos) e 11 mulheres (44,27 + 20,79 anos), atendidos no Ambulatório de Infectologia do Hospital Regional de Presidente Prudente, com diagnóstico comprovado por quadro clínico-epidemiológico e/ou diagnóstico imunológico (ELISA ou IFI). Todos os pacientes foram tratados e considerados curados para a doença. Foram estudados os SNPs IL17A (rs7747909) e TGFB1 (rs1800470) genotipados através da técnica de discriminação alélica por PCR em tempo real. Os dados clínicos e laboratoriais foram obtidos através do levantamento de prontuário. Foi utilizado o teste de Fisher para a associação dos genótipos com os dados clínicos e o teste de Mann-Whitney para a associação com os dados laboratoriais. Este trabalho foi aprovado pelo CEP (CAAEE:50446115.0.0000.5515/50411715.0.0000.5515).

Resultados: A distribuição dos genótipos do SNP IL17A (rs7747909) foi GG (n=17), AG (n=10) e AA (n=2) e do TGFB1 (rs1800470) foi CC (n=8), CT (n=10) e TT (n=9). A associação dos genótipos com as manifestações clínicas (febre, esplenomegalia, hepatomegalia e perda de peso) não demonstrou diferença para os SNPs avaliados. Os pacientes com LV apresentaram a média da contagem global de leucócitos (3,39 \pm 3,79 K/ul) abaixo dos valores de referência e, quando distribuídos segundo o genótipo, pacientes com