

o valor de D' variou de 0,043-0,979, sendo que três pares apresentaram forte DL ($D' \geq 0,936$). A frequência dos alelos mutados foi maior do que 5%. As variantes -164T/C e I128T no gene MTTP foram associadas com níveis elevados de insulina em pacientes com hepatite C crônica nos três diferentes modelos genéticos estudados ($p < 0,05$). Entretanto, nas variantes -400A/T, -493G/T e Q244E não foram encontradas essa associação. Em relação a variante Q95H, foi observada uma associação com os níveis de insulina nos modelos co-dominante e dominante ($p = 0,011$ e $p = 0,014$, respectivamente), enquanto a variante H297Q somente no modelo dominante ($p = 0,049$).

Discussão/Conclusão: A presença de alelos mutados foi associada a níveis séricos elevados de insulina em quatro variantes genéticas (-164T/C, I128T, Q95H e H297Q) no gene MTTP em pacientes com hepatite C crônica, podendo vir a contribuir para uma melhor compreensão do desenvolvimento de resistência à insulina.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101074>

OR-30

ESTUDO DE POLIMORFISMOS NOS GENES CXCL9-11 NA FIBROSE HEPÁTICA ENTRE PACIENTES COM HEPATITE C CRÔNICA



Mariana Cavalheiro Magr, Caroline Manchiero, Arielle Karen da Silva Nunes, Maria Stella Montanha Alvare, Anny Ayumi Iogi, Grayce Mendes Alves, Bianca Peixoto Dantas, Thamiris Vaz Gago Prata, Fátima Mitiko Tengan

Laboratório de Hepatologia por Vírus (LIM47), Hospital das Clínicas, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Sessão: TEMAS LIVRES | Data: 03/12/2020 - Sala: 3 - Horário: 18:25-18:35

Introdução: Vários fatores estão associados à progressão crônica da hepatite C e ao dano hepático: comorbidades, estilo de vida e fatores patogênicos, incluindo resposta imunológica, apoptose e hereditariedade. Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) nos genes PNPLA3 e TM6SF2 são fatores de risco genético mais amplamente estudados, enquanto as quimiocinas CXCL9, CXCL10 e CXCL11 produzidas por hepatócitos durante a infecção são menos. Os genes CXCL9-11 estão em um grupo de várias quimiocinas CXC no cromossomo 4 humano e SNPs nesses genes já foram associados à gravidade de algumas infecções, como tuberculose, hepatite B, malária e doença de Chagas.

Objetivo: Nosso objetivo foi avaliar a influência dos SNPs rs10336 no gene CXCL9, rs3921 no gene CXCL10 e rs4619915 no gene CXCL11 na fibrose hepática quando analisados em conjunto com os SNPs rs738409 no gene PNPLA3 e rs58542926 no gene TM6SF2.

Metodologia: O estudo incluiu 219 pacientes com hepatite C crônica atendidos no Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo. A genotipagem dos SNPs foi realizada por PCR em tempo real. A associação

entre os SNPs e a fibrose avançada (F3 e F4, determinado por avaliação histológica de biópsia hepática de acordo com a classificação METAVIR) foi testada em modelo genético recessivo por meio de análises univariada e multivariada.

Resultados: A média de idade de todos os pacientes foi de 55,3 anos e 57,1% eram do sexo feminino. Todos os SNPs tinham uma frequência alélica mínima $>5\%$, e o rs10336 no gene CXCL9, rs3921 no gene CXCL10 e rs4619915 no gene CXCL11 estavam em alto desequilíbrio de ligação ($D' \geq 0,84$). Na análise multivariada observamos que sexo masculino ($p = 0,000$), idade avançada ($p = 0,025$), atividade inflamatória moderada a intensa ($p = 0,002$), esteatose hepática moderada a acentuada ($p = 0,026$) e o genótipo CT do SNP rs58542926 no gene TM6SF2 ($p = 0,014$) apresentaram associação significativa com fibrose avançada.

Discussão/Conclusão: Os resultados sugerem que os SNPs rs10336 no gene CXCL9, rs3921 no gene CXCL10 e rs4619915 no gene CXCL11, bem como o SNP rs738409 no gene PNPLA3, não influenciaram a fibrose hepática em uma população brasileira de pacientes com hepatite C crônica. No entanto, o genótipo CT do SNP rs58542926 no gene TM6SF2 teve uma associação significativa com fibrose avançada.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101075>

ÁREA: IMUNIZAÇÕES

OR-31

COMPARAÇÃO DESCRITIVA DOS ÍNDICES DE COBERTURA VACINAL E INTERNAÇÕES POR PNEUMONIA EM REGIÕES DO BRASIL



Giovanna Carvalho Sousa, Gustavo Bomfim Barreto, Gustavo Ferreira Lopes, Ana Carolina Pachêco de Menezes Rios, Raissa Barreto Lima, Amanda Silva Vilas Boas, Isadora Abreu Oliveira, Fernanda Baratto, Martha Mattos de Bitencourt, Maristela Rodrigues Sestelo

Escola Bahiana de Medicina e Saúde Pública, Salvador, BA, Brasil

Sessão: TEMAS LIVRES | Data: 03/12/2020 - Sala: 3 - Horário: 18:35-18:45

Introdução: A pneumonia é uma importante causa de morbimortalidade no Brasil e no mundo, acarretando um elevado número de internações e de óbitos. Diante desse cenário, em 2010, foi introduzida no calendário vacinal brasileiro a vacina para prevenção desse agravo, em esquema de três doses e reforço aos 12 meses de vida. Nesse sentido, torna-se fundamental analisar o impacto da introdução dessa vacina, com progressiva ampliação da sua cobertura vacinal, nas diversas macrorregiões brasileiras, no número de internações por pneumonia.

Objetivo: Comparar os índices de cobertura da vacina pneumocócica com o número de internações por pneumonia na faixa etária de 0 a 9 anos por macrorregião brasileira.

Metodologia: Trata-se de um estudo transversal, retrospectivo e quantitativo, realizado a partir de dados secundários do Sistema de Informações Hospitalares do SUS e Sistema de Informação do Programa Nacional de Imunizações sobre