

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 logi, 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

o número de internações por pneumonia, na faixa etária de 0 a 9 anos, no período de 2009 a 2019 e a cobertura vacinal, por ano (2011 a 2019). Considerando a introdução da vacina em 2010 e o seu público alvo, serão analisados os dados de internação para a população de 0 a 9 anos para que, assim, possa ser identificada uma possível relação com a introdução desse esquema. As variáveis utilizadas foram: macrorregião geográfica, ano de atendimento e cobertura vacinal.

Resultados: Observa-se, entre os anos de 2009 e 2019, uma redução nas internações por pneumonia de 31,58% na região Norte, de 46,87% na região Nordeste, 43,87% na região Sudeste, 43,10% na região Sul, 42,36% na região Centro-Oeste e 43,05% no Brasil. Em comparação, evidencia-se uma cobertura vacinal total, entre os anos de 2011 e 2019, de 72,12% na região Norte, 80,97% na região Nordeste, 88,50% na região Sudeste, 89,81% na região Sul, 88,08% na região Centro-Oeste e 84,71% no Brasil.

Discussão/Conclusão: Foi identificada uma redução do número de internações pediátricas por pneumonia dentro das macrorregiões brasileiras, entre os anos de 2009 e 2019, principalmente após a inserção da vacina pneumocócica em 2010 e ampliação da cobertura vacinal total evidenciada ao longo dos anos analisados. Desse modo, é possível inferir uma relação entre a estratégia do programa vacinal com a redução do número de internações no Brasil, sugerindo eficácia vacinal na prevenção desse agravo.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101076>

OR-32

PROPORÇÃO DO USO DE SORO ANTIOFÍDICO NO BRASIL EM 2019



Victoria Silva Pinto, Carolina Martinho Cunha

Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil

Sessão: TEMAS LIVRES | Data: 03/12/2020 - Sala: 3 - Horário: 18:45-18:55

Introdução: No Brasil, de 2000 a 2018, foram registrados 500.901 acidentes ofídicos, resultando em 1991 óbitos. No país, as cobras de interesse médico são das famílias Viperidae e Elapidae, e os acidentes são classificados pelos gêneros:

botrópico, crotálico, laquético ou elapídico. A identificação da serpente e administração do soro apropriado são fundamentais na redução da morbimortalidade deste agravo.

Objetivo: Buscou-se analisar o perfil de uso dos soros anti-ofídicos no Brasil no último ano.

Metodologia: Estudo descritivo com dados secundários do TABNET/DATASUS, Sistema de Informação do Programa Nacional de Imunizações (SI-PNI). Pesquisou-se a quantidade de doses aplicadas, em imunobiológicos, dos soros: Anti-Bostrópico, Anti-Bostrópico Crotálico, Anti-Bostrópico Laquético, Anti-Crotálico, Anti-Elapídico. Não se considerou o Soro Anti-Laquético por não ter registro de uso em 2019. Calculou-se a proporção, em porcentagem, além de razão de doses aplicadas/população para cada Unidade da Federação (UF) e Brasil em 2019, último ano com registro completo.

Resultados: Houve maior uso do Soro Anti-Bostrópico no Brasil e na maioria das UF (72% em relação aos demais), exceto em Roraima e Distrito Federal, com maior uso do Soro Anti-Crotálico. A proporção de uso foi de 16% de Anti-Crotálico, 6% Anti-Bostrópico Laquético; 4% Anti-Bostrópico Crotálico; 2% Anti-Elapídico. A proporção de doses aplicadas de soro anti-ofídico na população do Brasil e de cada estado foi equivalente a 0% da população, para cada soro e para a soma de todos em 2019.

Discussão/Conclusão: O maior uso de soro anti-botrópico condiz com dados de acidentes por serpentes, que mostram que 80-90% são devido ao gênero *Bothrops* sp. A falta de dados do soro anti-laquético condiz com o fato de sua preparação isolada raramente estar disponível, sendo usada a associação com o anti-botrópico. Apesar de, proporcionalmente, o número de acidentes ofídicos não ser expressivo, observa-se ainda óbitos em função desses acidentes, evitáveis pelo reconhecimento adequado das cobras e pela rede antiveneno em crescimento no país. A proporção dos soro anti-ofídicos pode servir como medida indireta de monitoramento dos acidentes por serpentes e como base para valorização do uso racional de antivenenos. Além disso, pesquisas com dados mais recentes sobre o tema são necessárias.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101077>