

EP-144

MORTALIDADE DECORRENTE DE LEISHMANIOSE NO PERÍODO DE 2014 A 2018

Talita Costa Barbosa, Lindemberg Barbosa Júnior, Jailson Rodrigo Oliveira, Raulcilaine Erica dos Santos, Gustavo Faleiro Barbosa, Larissa Toloy Bigaran, Aline Akemi Murata, Letícia Marin Mendes, Matheus Seiti Murata, Dora Inês Kozusny-Adreani

Universidade Brasil, Fernandópolis, SP, Brasil
Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campo Grande, MS, Brasil

Introdução: A leishmaniose é a única doença tropical negligenciada em crescimento, e o Brasil, o país no continente americano com maior número de casos de suas três formas: a leishmaniose cutânea, a mucocutânea e a visceral. A leishmaniose visceral é a forma mais grave das leishmanioses e é considerada uma doença emergente e negligenciada. A adaptação do vetor a ambientes urbanos, a dispersão parece ter atingido toda a extensão do território brasileiro, com registro do vetor e de casos caninos. A leishmaniose é um tipo de doença infecciosa causada por um protozoário do gênero *Leishmania* sendo considerada um parasita. Ela é transmitida por meio da picada do mosquito-palha em países de clima quente e úmido, como algumas regiões do Brasil. Há dois tipos que são a visceral e a cutânea. A forma visceral também conhecida como calazar, afeta órgãos das vísceras, e também tem manifestações clínicas tais como febre, tosse, dor abdominal, anemia, perda de peso, diarreia, fraqueza, hepatomegalia, esplenomegalia, edema de linfonodos. Enquanto a forma cutânea também conhecida como ferida brava, ou leishmaniose tegumentar, causa feridas na pele que podem evoluir para feridas nas mucosas como a boca e o nariz.

Objetivo: Analisar acerca da mortalidade por leishmaniose pelas diversas regiões do Brasil para o entendimento dessa patologia.

Metodologia: O estudo realizado foi uma pesquisa documental. Utilizou-se os dados estatísticos, do banco de dados do Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde (DATASUS), do período de 2014 a 2018, utilizando os filtros leishmaniose, região Norte, Nordeste, Sul, Sudeste e Centro-Oeste.

Resultados: As regiões que apresentaram maiores incidências foram a região Nordeste, seguida da região Sudeste, dentro do período de 2014 a 2018. O número total de casos foram de 1829. Dessa forma a porcentagem de óbitos representativa da região Nordeste foi de 57,84% do total de óbitos de todo o período. Na região Sudeste foi de 19,95%. O restante, correspondente a 22,21% representa as regiões Norte, Sul, Nordeste.

Discussão/Conclusão: Dessa maneira, de acordo com os resultados apresentados, conclui-se que a maior incidência de casos é na região Nordeste, seguida da região Sudeste. Tal fato pode estar intimamente relacionado as formas de prevenção, controle do patógeno e vetor. Com isso, faz-se importante realizar educação em saúde para que possa orientar acerca da

leishmaniose e assim conscientizar sobre a importância de prevenir essa doença.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101222>

ÁREA: HEPATITES VIRAIS

EP-145

ESTUDO DE ALELOS MUTADOS EM GENE QUE PARTICIPA DA PRODUÇÃO E SECREÇÃO DE LIPOPROTEÍNAS EM PORTADORES CRÔNICOS DO VÍRUS DA HEPATITE C

Thamiris Vaz Gago Prata, Fátima Mitiko Tengan, Bianca Peixoto Dantas, Arielle Karen da Silva Nunes, Caroline Manchiero, Mariana Cavaleiro Magri

Laboratórios de Investigação Médica (LIM 47), Hospital das Clínicas, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Ag. Financiadora: FAPESP

Nr. Processo: 2016/19690-5

Introdução: A OMS estima que cerca de 40% dos adultos estão acima do peso e 13% são obesos. O acúmulo excessivo de triglicerídeos nos hepatócitos (esteatose) entre esses indivíduos pode levar a uma alta lipotoxicidade hepática contribuindo para várias comorbidades, entre elas a doença hepática gordurosa não alcoólica e esteato-hepatite. Além disso, a presença da esteatose no fígado influencia na progressão da hepatite C crônica. Vários mecanismos podem estar envolvidos em alterações nos níveis de lipídeos plasmáticos e com esteatose associada ao HCV. O gene MTTP (proteína de transferência de triglicerídeo microsomal) está relacionado com a montagem e secreção de lipoproteínas, que pode ter sua função prejudicada pela presença de variantes genéticas.

Objetivo: Identificar variantes genéticas no gene MTTP em portadores crônicos do HCV atendidos no HCFMUSP e correlacionar com os níveis de lipídeos plasmáticos e os graus de esteatose hepática.

Metodologia: Foram analisados dados demográficos, clínicos, laboratoriais e histológicos de 236 portadores crônicos do HCV. A genotipagem de sete variantes genéticas no gene MTTP foi realizada utilizando a técnica de PCR-RFLP.

Resultados: A idade média foi de 55,5 anos, 56,4% eram mulheres e o IMC médio foi de 26,6, considerado sobrepeso. Os níveis de colesterol total foram considerados alterados em 23,7% dos pacientes (≥ 200 mg/dL), LDL em 16,1% (≥ 130 mg/dL), VLDL em 6,8% (≥ 40 mg/dL), HDL em 68,2% (≤ 60 mg/dL) e triglicerídeos em 6,4% (≥ 200 mg/dL). O estudo do fragmento hepático mostrou que 53% dos pacientes tinham algum grau de esteatose. As variantes genéticas estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg e estão descritas juntamente com as frequências dos alelos mutados: -164T/C (0,30), -400A/T (0,41), -493G/T (0,32), I128T (0,29), Q95H (0,08), Q244E (0,05) e H297Q (0,50). As variantes genéticas avaliadas não foram associadas, em três modelos genéticos, com alterações dos níveis de lipídeos ($p > 0,05$). As variantes também não apresentaram associação



significativa com a presença de esteatose ou com os seus diferentes graus ($p > 0,05$).

Discussão/Conclusão: Os dados encontrados sugerem que isoladamente as variantes no gene MTTP não influenciaram os níveis de lipídeos plasmáticos e a susceptibilidade à esteatose nos portadores crônicos do HCV. Estudos futuros combinando o efeito dessas variantes genéticas e de fatores virais são importantes para entender melhor suas contribuições para a esteatose hepática.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101223>

EP-146

INFECÇÃO PELO VÍRUS DA HEPATITE E ENTRE PACIENTES COM NÍVEIS ALTERADOS DE ALANINA AMINOTRANSFERASE EM DOIS HOSPITAIS DO ESTADO DE SÃO PAULO



Danielle Dias Conte, Nancy C.J Bellei, Luciano Kleber de Souza Luna, Amanda Passarini, Celso Francisco Hernandes Grana

Universidade Federal de São Paulo (Unifesp), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A infecção do vírus da hepatite E (VHE) acomete anualmente cerca de 20 milhões de pessoas no mundo, com 3 milhões de casos de infecção aguda e 56 mil mortes. A via de transmissão é fecal-oral, e há evidências de transmissão zoonótica. A infecção é assintomática em 50% dos casos, mas pode causar hepatite aguda autolimitada. A manifestação sintomática é comumente relatada em homens com mais de 50 anos. Em mulheres que adquirem o VHE durante a gravidez, 20% desenvolvem formas graves como hepatite fulminante. Há relatos de infecção crônica em imunocomprometidos, principalmente em transplantados de órgãos sólidos ou com doença hepática pré-existente. Estudos recentes demonstraram que nas infecções por VHE, sem outras hepatites virais, há uma elevação três vezes maior na taxa de alanina aminotransferase (ALT) em relação ao limite superior (56 UI/L). Essa elevação pode ser fator preditivo de infecção por VHE.

Objetivo: Investigar a infecção por VHE em pacientes do serviço de pronto atendimento (PA) dos hospitais São Paulo (HSP) e Beneficência Portuguesa (HBP), com ALT > 200 UI/L.

Metodologia: No total, 400 pacientes (200 de cada PA) foram testados para VHE por real-time RT-PCR (RT-qPCR), a partir de amostras de soro. Entre esses pacientes, 90 (45 de cada PA) foram selecionados aleatoriamente para a detecção de anticorpos IgM anti-VHE por ELISA. Além disso, os 200 pacientes do HSP foram investigados para a presença de IgM anti-hepatite A (VHA), B (VHB), e C (IgG-VHC) por ELISA.

Resultados: A idade dos pacientes variou de 0,8 a 91 anos (média = 46,29 ± 24,47, mediana = 48) e em relação ao sexo 51,25% eram homens. Nos testes de VHE por RT-qPCR, 16 pacientes foram positivos (4,1%), sendo 9 do HSP e 7 do HBP. No teste ELISA de IgM anti-VHE, 2 pacientes do HBP foram reagentes (2,22%). Nesses últimos, os valores de ALT foram de 1505 e 3831 UI/L, um paciente masculino de 77 anos, e um feminino de 39 anos, respectivamente. Nos RT-qPCR positivos, a média de ALT foi de 441,87 UI/L (variação de 299 a 698). Nos 200 paci-

entes do HSP, foram reagentes para VHA, B, e C, 9%, 4,5%, e 3,5%, respectivamente. Dois pacientes RT-qPCR positivos para VHE foram reagentes para VHA e B, separadamente.

Discussão/Conclusão: A hepatite E continua subnotificada e negligenciada no Brasil, prejudicando principalmente a parcela da população sem acesso a saneamento básico. Dessa forma, é importante estabelecer um diagnóstico de rotina de VHE que possibilite a intervenção precoce e melhorar o prognóstico dos pacientes.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101224>

EP-147

CARACTERIZAÇÃO DE MUTAÇÕES DE RESISTÊNCIA PRIMÁRIA PARA AS DROGAS ANTIVIRAIS DE AÇÃO DIRETA (DAA) PARA O VÍRUS DA HEPATITE C



Ana Paula de T. Santos, Vanessa Cristina M. Silva, Maria Cassia J. Mendes-Correa, Marcilio Figueiredo Lemos, Fernanda de Mello Malta, Rúbia Anita F. Santana, Gregório Tadeu F. Dastoli, Vanessa Fusco D. de Castro, João Renato R. Pinho, Regina Célia Moreira

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

Introdução: A hepatite C constitui grave problema de saúde pública em todo mundo. Estima-se que, atualmente, em todo o mundo, cerca de 71 milhões de indivíduos estejam infectados por esse vírus. Na atualidade destacam-se os inibidores de polimerase (NS5B) e de NS5A, como classes de medicamentos utilizados no tratamento, e todos esses estão disponíveis no SUS. O alto nível de replicação do HCV e sua falta de mecanismos de correção pós transcricionais resultam na rápida emergência de variantes virais no nível de quasispécies, determinando não somente polimorfismos virais, bem como variantes que albergam substituições associadas à resistência e/ou redução de suscetibilidade aos novos antivirais. A região com maior barreira genética é a NS5B, porém estudos devem ser realizados para avaliar a população de nosso país.

Objetivo: Mapear os polimorfismos e mutações de resistência às novas drogas destinadas ao tratamento da hepatite C crônica, disponíveis em diferentes centros de referência para tratamento da hepatite C e acompanhados laboratorialmente pelo Instituto Adolfo Lutz em São Paulo.

Metodologia: Foram analisadas amostras de soro de pacientes que realizaram os testes de carga viral de rotina no laboratório de hepatites do Instituto Adolfo Lutz, sendo analisadas as regiões NS5A e NS5B de 996 amostras do GT1a e 1b.

Resultados: Para a região NS5A GT1, a prevalência de mutações de resistência foi de 4,5%, sendo as principais RAS encontradas: Y93H, L31M, Q30R e Y93N. Para todos os medicamentos analisados para a região NS5B não foram observadas substituições de resistência.

Discussão/Conclusão: Os achados do estudo são importantes para as avaliações clínicas, econômicas e para novas propostas de retratamento da hepatite C crônica em nosso meio.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2020.101225>