

foram selecionados todos os casos de HTLV notificados entre 2010 e 2019 no Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN).

**Resultados:** Evidenciou-se predominância de aumento no número de casos notificados por ano no período analisado, com exceção de 2011 e 2014 que apresentaram redução de 13,2% e 14,08%, respectivamente, em relação ao ano anterior. As notificações compreenderam 106 casos de infecção em 2010, 92 em 2011, 119 em 2012, 162 em 2013, 142 em 2014, 330 em 2015, 365 em 2016, 436 em 2017, 612 em 2018 e atingiu 682 em 2019. A cidade de Salvador (39,3%) registrou a maior prevalência do estado seguida por Vitória da Conquista (10%). Dos 3.452 casos registrados de todos os subtipos de infecções causadas pelo HTLV nesse período, 75,6% eram do sexo feminino, 44,6% eram pessoas de pele parda e 32,4% tinham idade entre 20 e 34 anos. Observou-se também que a confirmação diagnóstica pelo método laboratorial foi realizada em 49,7% dos casos e um elevado percentual de dados classificados como ignorado/branco em todas as variáveis analisadas.

**Conclusão:** A Bahia tem a maior taxa de infecção do vírus HTLV no Brasil, sendo a capital baiana, Salvador, que demonstra o maior predomínio de casos registrados, sendo o sexo feminino, a pele parda e os adultos jovens que não concluíram a educação básica são os grupos que apresentam as maiores prevalências do vírus, por conta da maior facilidade de transmissão sexual do HTLV-1 no sentido homem-mulher e o aumento de anticorpos anti-HTLV com o acréscimo da idade. Além disso, infere-se um número expressivo de ignorados/em branco que alerta para a necessidade de melhorias no manejo da população.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.101961>

EP 226

#### PREVALÊNCIA DA INFECÇÃO PELOS HTLV-1 E HTLV-2 EM COMUNIDADES QUILOMBOLAS DO ESTADO DO PARÁ

Wandrey Roberto dos Santos Brito <sup>a</sup>,  
Greice de Lemos Cardoso Costa <sup>b</sup>,  
Lourival Marques Roland Junior <sup>c</sup>,  
Felipe Teixeira Lopes <sup>a</sup>,  
Aline Cecy Rocha de Lima <sup>a</sup>,  
Sandra Souza Lima <sup>a</sup>,  
Keise Adrielle Santos Pereira <sup>a</sup>,  
Bernardo Cintra dos Santos <sup>a</sup>,  
Isabella Nogueira Abreu <sup>a</sup>,  
Carlos Neandro Cordeiro Lima <sup>a</sup>,  
Eduardo José Melo dos Santos <sup>c</sup>,  
Izaura Maria Vieira Cayres Vallinoto <sup>a</sup>,  
João Farias Guerreiro <sup>b</sup>,  
Antonio Carlos Rosário Vallinoto <sup>a</sup>

<sup>a</sup> Laboratório de Virologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil

<sup>b</sup> Laboratório de Genética Humana e Médica, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil

<sup>c</sup> Laboratório de Genética e Doenças Complexas, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil

**Introdução:** Os vírus T-linfotrópico humano 1 e 2 (HTLV-1 e HTLV-2) tiveram suas origens na África e se dispersaram para os demais continentes por meio dos fluxos migratórios humanos. Nas Américas foram introduzidos, principalmente, pelos ancestrais ameríndios e pelo tráfico de escravos vindo da África.

**Objetivo:** Descrever a prevalência do HTLV-1/2 e seus tipos, em comunidades quilombolas de cinco municípios do Estado do Pará.

**Métodos:** A amostra foi composta de 859 indivíduos, 525 (61.1%) mulheres e 334 (38.9%) homens, pertencentes a onze comunidades remanescentes de quilombos: Arimandeuá (n = 45), Aripijó (n = 31), Bacuri (n = 10), Cabanagem (n = 17) e São Benedito (n = 63), localizadas no município de Cametá; Itamoari (n = 109), Camiranga (n = 89) e Bela Aurora (n = 35), do município de Cachoeira do Piriá; Umarizal (n = 303), no município de Baião; Nova Jutáí (n = 137), município de Breu Branco; Poeirinha (n = 20), município de Bonito. Sangue venoso periférico (10 mL) foi coletado dos indivíduos, por um sistema de colheita à vácuo em tubo contendo EDTA como anticoagulante. O plasma foi separado da massa celular por centrifugação e junto à alíquota de leucócitos foi armazenado em -20° C até o momento do uso. A triagem sorológica foi realizada pelo método de ELISA (Murex HTLV I + II, DiaSorin). A confirmação da infecção e diferenciação do tipo viral foi realizada pelos métodos de Inno-LIA (Inno-LIA HTLV I/II Score Fujirebio) e qPCR (TaqMan, Applied Biosystems Step One Plus Real Time PCR).

**Resultados:** A infecção pelo HTLV-1 foi detectada em apenas um habitante (homem de 24 anos) de Itamoari (0,91%). Enquanto a infecção por HTLV-2 foi detectada em um indivíduo (homem com mais de 60 anos) de Arimandeuá (2,22%) e em dois (um homem e uma mulher com mais de 60 anos) de São Benedito (3,17%). As demais comunidades não apresentaram indivíduos soropositivos para HTLV-1/2.

**Conclusão:** A ocorrência do HTLV-1 na comunidade de Itamoari pode estar relacionada a sua origem africana. A ocorrência de infecção pelo HTLV-2 nos quilombos de Arimandeuá e São Benedito, pode ser reflexo de um contato destas populações com comunidades indígenas da região durante a formação dos quilombos, um aspecto sócio cultural bastante descrito na literatura. Em vista disso, mais estudos epidemiológicos acerca deste retrovírus são necessários para um melhor conhecimento acerca de sua distribuição nestas comunidades.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.101962>

EP 227

#### QUADRO EPIDEMIOLÓGICO DA SÍFILIS EM GESTANTES DA REGIÃO SUL E REGIÃO NORTE DO BRASIL DE 2012 A 2019 - PANORAMA DIAGNÓSTICO E REPERCUSSÕES

Simone Blythe Williams, Larissa Schneider, Aline Sauzem Milano, Ester Namie Hanai, Natâmy Nakano, Solena Ziemer Kusma

Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil

**Introdução/Objetivo:** A sífilis é uma doença curável causada pela bactéria *Treponema pallidum* de transmissão sexual, sanguínea ou vertical. Se não tratada na gravidez, é uma causa de morbidade, mortalidade e sífilis congênita. É um bom indicador de acesso à saúde ao demonstrar falhas de diagnóstico e tratamento durante o pré-natal. Na Portaria nº33 (14/07/2005), a sífilis em gestantes tornou-se um agravamento de notificação compulsória no Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN). Nos últimos anos, o Brasil apresenta um crescimento na taxa de sífilis congênita, sendo que em 2019 a detecção foi de 20,8/1.000 nascidos vivos. Esse aumento ocorreu na região Norte e Sul, com diferenças em relação ao momento do diagnóstico da sífilis materna. Frente a isso, buscamos comparar as regiões Sul e Norte do Brasil em relação aos casos de sífilis materna e congênita, além das medidas de realização de pré-natal e o momento de diagnóstico da sífilis na gestante.

**Métodos:** Trata-se de uma pesquisa quantitativa, retrospectiva, com coleta de dados no SINAN (Datasis). Extraíram-se informações referentes à incidência da sífilis gestacional e congênita de 2012 a 2019 em ambas regiões, além das taxas de diagnóstico da sífilis congênita segundo a realização do pré-natal e período do diagnóstico da sífilis materna e óbitos por sífilis congênita (<1 ano). A organização e análise dos dados foram realizadas no Microsoft Excel.

**Resultados:** No Norte, quando comparado ao Brasil e ao Sul, tanto taxas de sífilis em gestante (18,9%, 20,8%, 23,7% em 2012, 2019, respectivamente), quanto congênita (7%, 8,2%, 8,3%), foram menores de 2012 a 2019. No Sul, 86% das mães com crianças com sífilis congênita fizeram pré-natal. Desses casos, em 71%, o diagnóstico da sífilis materna foi durante o pré-natal. Por outro lado, no Norte, 80% das mulheres com crianças com sífilis congênita fizeram pré-natal, porém somente em 43% a detecção da sífilis materna foi durante o pré-natal. A mortalidade por sífilis congênita em menores de um ano é maior no Norte (5,6%) do que no Sul (4,5%).

**Conclusão:** Os dados sugerem que o diagnóstico e o tratamento são realizados de modo precário no Norte, enfatizando a necessidade de profissionais treinados. Supõe-se que a notificação seja inadequada. Segundo o Ministério da Saúde, a triagem da sífilis gestacional deve ser solicitada já na primeira consulta de pré-natal no primeiro trimestre e repetido no terceiro trimestre.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.101963>

EP 228

## RASTREIO DO VÍRUS OROPOUCHE NO ESTADO DE GOIÁS

Diego Michel Fernandes da Silva,  
Juliana Santana de Curcio,  
Yllana Cândida Durães Moura,

Marco Tulio A. Garcia-zapata,  
Carlos Eduardo Anunção,  
Elisângela de Paula Silveira Lacerda

Unidade Sentinela, Centro de Referência em Medicina Internacional e de Viagem, Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, GO, Brasil

**Introdução:** São conhecidos como arbovírus, os patógenos capazes de infectar vertebrados e invertebrados, através da picada de um vetor artrópode (Casseb et al., 2013). Entre os anos de 1961 até 2019, na América Latina a estimativa é que ocorreram cerca de mais de 500 mil casos de febre de Oropouche, sendo que 99,76% dos casos ocorreram no Brasil. O vírus Oropouche pertencente à família Bunyviridae é transmitido pelo mosquito *Culicoides parvulus* (de Melo, 2020). O primeiro isolamento no Brasil ocorreu em 1960 do sangue de uma preguiça (*Bradypus tridactylus*) (Azevedo et al., 2007). Devido à grande semelhança do VORO com outras arboviroses como a Dengue, as infecções hemorrágicas são muito similares, o que dificulta o diagnóstico nos hospitais, o que afeta a notificação epidemiológica (Mor, 2021). Em consequência do grande número de subnotificações, ainda não há abordagens preventivas específicas contra o vírus (Pinheiro et al., 1982). O objetivo desse artigo foi rastrear a presença do vírus Oropouche no estado de Goiás, e mapear as regiões mais afetadas.

**Metodologia:** Trata-se de um estudo laboratorial com pacientes do CAIS Jardim Novo Mundo em Goiânia, Goiás, que apresentavam sintomas característicos à infecção por arbovírus. Para a pesquisa, foram feitas coletas de soro de 155 pacientes de 2017 a 2020. Das 155 amostras, 79 foram submetidas a extração do RNA viral, utilizando o kit MagMAX Viral/Pathogen Nucleic Acid Isolation seguindo as orientações do fabricante. Depois de obter o RNA viral foi realizado a RT-qPCR. As sequências dos oligonucleotídeos e sondas para identificação do vírus Oropouche foram adquiridas pela empresa IDT (Integrated DNA Technologies, Coralville, IA, USA).

**Resultados:** O presente estudo está em andamento, foram realizadas as extrações de RNA de 79 amostras de soro de pacientes com suspeita de infecção por arboviroses, após a extração foi realizada a RT-qPCR. O resultado da PCR mostrou amplificação em todas as amostras utilizando o controle endógeno RNase P humana, porém nenhuma amostra positiva para o vírus Oropouche foi identificada até o momento.

**Conclusão:** O rastreamento do vírus na região central do Brasil possibilita a investigação dos genótipos circulantes, e a divulgação desses dados na literatura será de grande impacto devido a sua baixa notificação no país e pelo fato de que a febre de Oropouche é a segunda doença febril mais incidente no Brasil.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.101964>