

OR-25

AVALIAÇÃO DO IMPACTO DE DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE COMUNICAÇÃO NA DECISÃO DE TOMAR VACINAS - ESTUDO DEBRA

Vivian Iida Avelino-Silva, Ricardo Vasconcelos, Maria Eduarda Muniz Soares, Sofia Natalia Ferreira-Silva, Luiz Fujita Junior, Tainah Medeiros Matos, Carolina Alves Barbieri, Marcia Thereza Couto

Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A hesitação a vacinas, definida como a relutância ou recusa em tomar vacinas apesar de sua disponibilidade, é uma das principais ameaças à saúde global na atualidade. Estratégias de comunicação para melhorar a adesão a vacinas recomendadas são urgentemente necessárias.

Objetivo: Avaliar o efeito de diferentes estratégias de comunicação sobre a intenção de receber vacina contra uma doença fictícia.

Método: Utilizamos um questionário de autopreenchimento divulgado por redes sociais. Os participantes foram alocados randomicamente em 4 grupos, com “exposição” a notícias com conteúdos distintos: 1) notícia com foco em informações sobre a doença; 2) notícia com foco em informações sobre a doença, com relato de caso; 3) notícia com foco em informações sobre a vacina; 4) notícia com foco em informações sobre a vacina, com relato de caso. Comparamos as porcentagens de participantes que declararam ter intenção de tomar a nova vacina em cada grupo, bem como as porcentagens de participantes que declararam ter intenção de administrar a vacina a seu(s) filho(s), utilizando o teste qui-quadrado.

Resultados: Entre agosto/2021 e janeiro/2022, 6769 participantes forneceram consentimento, dentre os quais 5233 inseriram dados demográficos básicos e foram incluídos no estudo; 790 declaram ser pais ou responsáveis legais por uma criança com até 5 anos. Os participantes eram em sua maioria brancos (79%) e com alta escolaridade. Não encontramos diferenças estatisticamente significantes entre os grupos em relação a variáveis sociodemográficas. Embora a maioria dos participantes tenha declarado intenção de tomar a vacina, a porcentagem foi maior entre participantes expostos à notícia com foco em informações sobre a vacina e com relato de caso incluído na notícia (91%, IC 95% 89-92%) e menor no grupo exposto à notícia com foco em informações sobre a doença sem o relato de caso (84%, IC 95% 82-86%). Em relação à intenção de vacinar seu(s) filho(s), a porcentagem foi novamente maior entre participantes expostos à notícia com foco em informações sobre a vacina e com relato, porém sem diferenças estatisticamente significantes entre os grupos ($p=0,061$).

Conclusão: Nossos resultados sugerem que notícias com enfoque em informações sobre a vacina e com relato de uma pessoa acometida pela doença têm maior eficácia em promover a vacinação. Estratégias efetivas de comunicação são

ferramentas potenciais para mitigar a hesitação vacinal e seus impactos.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102415>

ÁREA: INFECÇÃO RELACIONADA À ASSISTÊNCIA À SAÚDE - IRAS

OR-26

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA TUBERCULOSE NO BRASIL EM 2021

Ana Flávia de Mesquita Matos, Giovanna Panegassi Peres, Julia Gória Ferraz, Maria Stella Amorim Zöllner

Universidade de Taubaté (UNITAU), Taubaté, SP, Brasil

Introdução: A tuberculose é uma doença infectocontagiosa causada por *Mycobacterium tuberculosis* e configura-se como um importante problema de saúde pública mundial pelo grande número de casos novos e percentual inadequado de sucesso de tratamento. O Brasil tem altas taxas de incidência de tuberculose, sendo considerado prioritário para o controle da doença no mundo pela Organização Mundial de Saúde (OMS).

Objetivo: Assim, propõe-se analisar o perfil epidemiológico da tuberculose no Brasil no ano de 2021.

Método: Trata-se de um estudo epidemiológico descritivo observacional, baseado em dados provenientes dos Boletins Epidemiológicos de Tuberculose da Secretaria de Vigilância em Saúde, oriundos do Sistema de Informações de Agravos de Notificações do Sistema Único de Saúde (SINAN/DATA-SUS). As variáveis coletadas foram o número de novos casos de infecção por tuberculose no ano de 2021 e os números de cura e abandono do tratamento totais e de acordo com as 5 regiões do país.

Resultados: Constataram-se 68271 novos casos de tuberculose no ano de 2021, sendo a tuberculose pulmonar responsável por 87,49% deles, não evidenciando uma queda significativa quando comparado com o ano de 2020, no qual constatarem-se 66819 novos casos de tuberculose. Também foi observado um predomínio da infecção por tuberculose em homens, correspondendo a 68,65% dos novos casos. Ademais, constatou-se que a região Sudeste apresentou a maior porcentagem de novos casos confirmados (46,27%) e a região Centro-Oeste obteve a menor porcentagem de novos casos (4,44%). Foi verificado que a porcentagem de cura foi de 65,4% e a taxa de abandono do tratamento foi de 12,1%. Constataram-se 4543 óbitos por tuberculose em 2021, os quais ocorreram predominantemente na faixa etária dos 15 aos 59 anos (59,43%). Ademais, vale salientar que, devido à subnotificação de dados devido à pandemia de COVID-19, esses valores podem ser ainda maiores e mais preocupantes.

Conclusão: Dessa forma, por meio do levantamento desses dados conclui-se que há necessidade de fortalecimento da capacidade dos sistemas de Vigilância Epidemiológica com relação às estratégias de saúde, além da identificação dos

fatores de risco e de investimento em recursos midiáticos que informem a população acerca das formas de transmissão da tuberculose e dos fatores de risco que predispõem a essa patologia, conferindo mecanismos efetivos e aplicáveis de prevenção e assistência, para que assim seja possível uma redução consistente do número de casos dessas infecções.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102416>

ÁREA: ARBOVIROSES

OR-27

PREVALÊNCIA E CUSTOS DIRETOS RELACIONADOS AO MANEJO DA DENGUE NA SAÚDE PRIVADA DO BRASIL

Denise Alves Abud, Claudia Yang Santos, Abner Lobao Neto, Juliana Tosta Senra, Suely Tuboi

Takeda Pharmaceuticals Brazil, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: Existe uma relação entre baixo nível sócio econômico e elevado risco de dengue. O sistema Brasileiro de Saúde Suplementar atende cerca de 25% da população do país. Essa parte da população tem um nível social mais elevado e apesar da crescente participação como sistema complementar de saúde, dados de hospitalizações por dengue no setor privado são raros.

Objetivo: Avaliar a prevalência e custos do manejo da dengue em usuários do sistema de saúde suplementar de uma base de dados de 14 operadoras de saúde do Brasil.

Método: Estudo observacional, retrospectivo com base de dados secundária. Foram selecionados casos de dengue com CID-10 A90 ou A91 de janeiro de 2015 a dezembro de 2020. Casos com CID-10 de doenças com diagnóstico similar a dengue até 3 semanas após foram excluídos. A prevalência foi calculada dividindo-se o número de casos pela população de usuários do ano. Os custos foram corrigidos pela inflação de dezembro de 2021 e avaliados por medidas de tendência central e dispersão.

Resultados: Foram incluídos 63.882 beneficiários distintos e um total de 64.186 casos, sendo que o ano com maior prevalência foi 2015 (1,6% dos pacientes que utilizou o plano de saúde). Houve também um aumento de casos em 2016 e 2019. A mediana de tempo de internação foi 4 dias (IIQ 3 – 5) e o custo mediano por internação variou de R\$2.712,78 em 2015 a R\$3.887,61 em 2020. A maioria dos casos utilizou o pronto-socorro como entrada e o custo mediano de pronto socorro variou de R\$545,58 em 2015 a R\$659,33 em 2017.

Conclusão: O aumento de casos em 2015, 2016 e 2019 foi consistente com o panorama epidemiológico do país. Esses dados de vida real evidenciam que existem outros fatores além do socioeconômico no risco da doença e que houve um aumento do custo do manejo da dengue no sistema privado ao longo dos anos. Esses dados podem auxiliar em estudos de saúde e economia que visem estimar o impacto de medidas

de prevenção e controle. Ag. Financiadora: Takeda Pharmaceuticals Brazil.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102417>

OR-28

SEQUENCIAMENTO DO GENOMA COMPLETO DO VÍRUS DA DENGUE SOROTIPO 1 CIRCULANTES EM ARARAQUARA-SP

Caio Santos de Souza, Giovana Santos Caleiro, Alvina Clara Felix, Anderson Vicente de Paula, Ingra Morales Claro, Jaqueline Goes de Jesus, Walter M. Figueiredo, Andreia C. Ribeiro, Ester C. Sabino, Camila M. Romano

Instituto de Medicina Tropical, Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: O vírus da dengue (DENV) é o arbovírus de maior relevância global. Classificado como flavivírus, família Flaviviridae, é um vírus de RNA fita simples e sentido positivo. O DENV é o agente etiológico da febre da dengue, apresentação sintomática caracterizada por febre, cefaléia, mialgia, artralgia e náusea. O DENV é dividido em 4 sorotipos, geneticamente semelhantes e antigenicamente distintos. A infecção por um sorotipo confere imunidade prolongada a este mesmo sorotipo mas temporária contra os demais sorotipos. Por isso, em regiões endêmicas a substituição de sorotipos ocorre de maneira cíclica, em média a cada 4 anos. Este padrão de substituição ocorre em diversos lugares do mundo, porém, mais raramente, um mesmo sorotipo se mantém numa população por mais tempo, fenômeno observado por nós no município de Araraquara-SP. Araraquara é um município de média endemicidade para DENV, e entre 2010 e 2018, o DENV1 foi predominante até que fosse substituído pelo DENV2.

Objetivo: Caracterizar geneticamente as cepas circulantes de DENV1 em Araraquara, de 2015 a 2021, usando sequenciamento do genoma parcial e completo. Com isso, explorar os fatores genéticos e filogenéticos relacionados a esses vírus.

Método: Foram selecionadas 90 amostras de plasma positivas para DENV-1, obtidas de uma coorte de indivíduos de 02-16 anos, acompanhada de 2014 até 2021. RNA foi extraído utilizando o kit comercial RNA viral mini kit 250 (QIAGEN, ALEMANHA) e a viabilidade do material genético viral foi verificada a partir do teste qPCR, genérico para os 4 sorotipos. Os genomas completos foram sequenciados por método de nova geração, com o MinION (Oxford Nanopore, Inglaterra). O sequenciamento somente do envelope foi feito por método Sanger. As análises genéticas e filogenéticas foram feitas utilizando os softwares CLC genomics workbench, mafft e IQTREE2.

Resultados: Um total de 22 genomas completos e parciais foram obtidos. Na filogenia, os vírus de Araraquara não formam clados monofiléticos, e entre 2015 e 2021, 3 diferentes sub-linhagens do genótipo V circularam no município, pertencentes às linhagens 1 e 2 (L1 e L2)