

casos de VSR nos momentos iniciais da pandemia, enquanto que o inverso aconteceu com o da influenza, no qual a manifestação destes foi menor.

Conclusões: os agentes virais responsáveis por ITRI grave têm associações distintas com as características clínicas em crianças.

Palavras-chave: Crianças Epidemiologia Infecção do Trato Respiratório Inferior

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103462>

INTERNAÇÕES POR MENINGITE VIRAL NO BRASIL EM CRIANÇAS: ESTUDO ECOLÓGICO

Ana Clara Aragão Fernandes^{a,*},
Thaís Coutinho de Rezende^a, Brenda Luiza Carvalho^b,
Ticianne Nunes de Miranda Bento^a,
Francisco Carlos Brilhante Neto^a,
Fátima Ayrine Pereira Lima^a,
Joice Raquel Urbano do Nascimento^a

^a Universidade Potiguar (UnP), Natal, RN, Brasil;

^b Faculdade Maurício de Nassau, Aracaju, SE, Brasil

Introdução/objetivo: A meningite viral afeta principalmente crianças e o seu principal agente etiológico é o enterovírus. A prevalência aumenta no verão e no início do outono em climas temperados, mas tem alta incidência durante todo o ano em áreas tropicais e subtropicais, isto sugere variabilidade da incidência no Brasil. Este estudo tem o objetivo de analisar o perfil epidemiológico da meningite viral em crianças no Brasil.

Métodos: Estudo ecológico realizado por meio de dados extraídos do Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde (DATASUS) provenientes do Sistema de Informações Hospitalares do Sistema Único de Saúde (SIH/SUS) em todas as regiões brasileiras no período de 2012 a 2022. Os participantes foram crianças de ambos os sexos na faixa etária de 0 a 14 anos. As variáveis analisadas foram: faixa etária, número de internações por meningite viral conforme lista de morbidade CID-10, média de permanência, valor total por Autorização de Internação Hospitalar e taxa mortalidade segundo região. As variáveis foram analisadas por meio da estatística descritiva.

Resultados: No período analisado, foram registradas 17.674 internações por meningite viral em crianças no Brasil. A faixa etária com maior número de ocorrência foi de 1 a 4 anos com 5.535 internações em todo território nacional. A região Sudeste apresentou o maior número de internações, com 8.128 casos, seguida pela região Nordeste (4.092 casos), região Sul (3.552 casos), região Centro-Oeste (1.124 casos) e região Norte (778 casos). O valor total gasto com as internações foi de R\$ 17.737.448,97. A média de permanência hospitalar foi de 6,3 dias. A taxa de mortalidade global foi de 1,35%, sendo mais elevada na região Norte (4,88%) e região Centro-Oeste (1,6%), e mais baixa na região Sul (0,56%).

Conclusão: A análise epidemiológica das internações por meningite viral em crianças revelou uma carga significativa da doença no Brasil, corroborando o padrão epidemiológico visto na literatura. É fundamental implementar medidas de tratamento precoce para reduzir a morbidade e mortalidade

associadas à meningite viral. Além disso, estratégias de educação em saúde e conscientização da população sobre os sinais e sintomas da doença são essenciais para promover a busca por atendimento médico oportuno.

Palavras-chave: Epidemiologia Meningite Internações Brasil infantil

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103463>

INTERVENÇÃO COM VETORES GENETICAMENTE MODIFICADOS: IMPACTO NA DISSEMINAÇÃO DE DENGUE EM UM MUNICÍPIO PAULISTA

Verônica Silva Furlani^{a,*}, Bianca Missio Morgan^b,
João Paulo Galvão Nascimento^c,
Isabelly Costa de Lima^{a,d},
Maria Fernanda Campelo Apolonis^e,
Jean Rodrigo Santos^a,
Márcio Fabrício Falcão de Paula Filho^c,
Emerson Carraro^a

^a Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO),
Guarapuava PR, Brasil;

^b Universidad Sudamericana, Paraguai;

^c Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF),
Petrolina, PE, Brasil;

^d Faculdade Pernambucana de Saúde (FPS), Recife, PE,
Brasil;

^e Universidade Salvador (UNIFACS), Salvador, BA, Brasil

Introdução/objetivo: Arboviroses são enfermidades cujo vetor *Aedes aegypti* contribui nas epidemias emergentes de dengue, otomastose e zika vírus. A dengue é sazonal, com pico nos meses de outubro a maio, sendo estratégia epidemiológica o controle do vetor. Dentre os planos, tem-se praticado a soltura de mosquitos geneticamente modificados como combate vetorial. Assim, esse estudo avaliou a incidência de casos de dengue antes e depois da primeira intervenção com mosquitos *Aedes aegypti* transgênicos OX513A no município de Piracicaba, São Paulo, Brasil.

Métodos: Estudo ecológico com dados do Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde e Sistema de Informação de Agravos de Notificação, em Piracicaba, no sexênio de 2012 a 2018, com mediana na soltura do vetor transgênico em abril de 2015. Incluíram-se ambos os sexos, de todas as idades e critério de confirmação o diagnóstico de dengue por exames laboratoriais ou clínico-epidemiológico. Informações foram tabuladas e submetidas ao teste de Shapiro-Wilk para verificar a normalidade. Dados não paramétricos foram analisados com o teste de Friedman, já os paramétricos utilizaram ANOVA de medidas repetidas seguida por post hoc de Tukey. Análises estatísticas utilizaram o software Jamovi versão 2.2.5.

Resultados: No período, foram notificados 12.858 casos. A análise revelou que 74,8% deles ocorreram antes do mosquito transgênico e, após, 3.234 foram registrados, exibindo uma distribuição não normal, apontada pelo teste de Shapiro-Wilk ($p < 0,005$). O teste de Friedman apresentou valor de $p = 0,05$, evidenciando diferenças entre os casos de dengue antes e depois da intervenção. Relativo aos dados associados ao sexo

e critério de confirmação, não houve diferença nos seletores. Todavia, o teste de Tukey revelou que os números de casos foram maiores na faixa etária de 20 a 59 anos em comparação com as demais ($p < 0,05$).

Conclusão: Consoante à análise, os casos de dengue reduziram após abril de 2015. Ademais, a relação da faixa etária mais afetada corrobora com a análise literária de que são as mais ativas socialmente. Outrossim, a não correlação entre sexo e idade infere que a dengue não possui perfis de infecção, mesmo com medidas de combate, todos estão expostos. Em síntese, a intervenção contribuiu para a redução de casos, todavia seriam necessários mais estudos para atribuir sua eficácia. Logo, há lacunas para futuras investigações do desempenho isolado de mosquitos transgênicos.

Palavras-chave: arbovirose dengue organismos transgênicos

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103464>

INVESTIGAÇÃO DE PARECHOVIRUS, AICHIVIRUS E COSAVIRUS EM AMOSTRAS DE GASTROENTERITE AGUDA NA REGIÃO NORTE E NORDESTE DO BRASIL

Ana Luiza da Mota Raminho^{a,*},
Daniele Ferreira Bezerra^b,
Wanderley Dias das Chagas Junior^c,
James Lima Ferreira^c, Raiana Scerni Machado^d,
Fernando Neto Tavares^c

^a Centro Universitário Metropolitano da Amazônia (UNIFAMAZ), Belém, PA, Brasil;

^b Universidade da Amazônia (UNAMA), Belém, PA, Brasil;

^c Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil;

^d Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introdução/objetivos: As gastroenterites agudas (GEA) são doenças que se constituem como a segunda maior causa de morte em crianças de todo mundo, especialmente em crianças menores de cinco anos, ocorrendo principalmente em países de baixa e média renda. Os agentes virais como rotavírus e norovírus têm sido demonstrados como as causas mais frequentes, no entanto alguns membros da família Picornaviridae também foram associados à diarreia em humanos. Diante disto, objetivou-se a realização da vigilância expandida dos picornavírus em amostras fecais de crianças com quadro de gastroenterite aguda em estados da região Norte e Nordeste do Brasil entre os anos de 2020 e 2021.

Métodos: Para isso, foram utilizadas suspensões fecais provenientes de crianças com quadro de gastroenterite aguda e encaminhadas ao Laboratório de Enterovírus do Instituto Evandro Chagas através das redes de vigilância de rotavírus e póliovírus nos anos de 2020 e 2021. Para detecção foi realizada a extração do RNA viral utilizando o QIAmp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN), posteriormente foi realizada a reação de RT-qPCR utilizando o kit comercial GoTaq Probe 1-Step RT-qPCR System (Promega) e oligonucleotídeos e sondas específicos para detecção de Parechovirus, Aichivirus e Cosavirus. Foram analisadas 419 amostras de suspensão fecal, nas quais 31,7% (133) foram positivas para parechovirus (HpeV), aichivírus (AiV) e cosavírus (CosV).

Resultados: Com isso, foi observado à prevalência dos CosV, os quais estavam presentes em 57,1% (76/133) das amostras, seguido pelo HpeV com 37% (49/133) e por fim os AiV com 6% (8/133). Foram identificadas 18 codeteções entre os vírus investigados, sendo possível observar de HpeV com CosV em 13 amostras, duas codeteções entre AiV e CosV e três codeteções entre os três vírus investigados.

Conclusão: Diante do exposto, conclui-se que é importante a vigilância desses vírus para fomentar estudos que visem comprovar sua atuação e comportamento como agentes causadores de gastroenterite, visto que sua prevalência em amostras vem se tornando cada vez mais prevalente e a escassez de estudos no mundo e no Brasil com esse objetivo acabam postergando esses resultados, por isso torna-se de extrema importância à continuidade dessa pesquisa nas regiões norte e nordeste, por conta de sua alta prevalência, para saber sua atuação e comportamento como agentes gastroentéricos.

Palavras-chave: Picornavírus RT-qPCR Vigilância

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103465>

INVESTIGAÇÃO SOROLÓGICA PARA AS ARBOVIROSES EM ÁREAS DE EXPLORAÇÃO MINERAL NO ESTADO DO PARÁ

Letícia Françadas Mercês*, Camille Ferreira de Oliveira,
Franko de Arruda e Silva, Walter Felix Franco Neto,
Liliane Leal das Chagas, Éder Barros dos Santos,
Milene Silveira Ferreira, Lívia Caricio Martins

Seção de Arbovirologia e Febres Hemorrágicas, Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil

Introdução: O estado do Pará vem sofrendo grandes transformações ambientais, dentre elas a exploração mineral e o desmatamento, o que aumenta o risco de infecção humana por arbovírus. Assim, objetiva-se demonstrar, através da presença de anticorpos IgM e IgG a possível circulação de arbovírus em residentes e trabalhadores oriundos dos municípios de Parauapebas, no período de 2021 a 2022.

Métodos: Foram analisados 532 soros humanos pelo teste de Inibição da Hemaglutinação (IH) para 17 tipos diferentes de arbovírus (Eastern equine encephalitis otma, Western equine encephalitis otma, Mayaro otma, Mucambo otma, Chikungunya otma, Orthobunyavirus taciaumaense, Orthoflavivirus nilense, Orthoflavivirus flavi cepa selvagem e cepa vacinal (17D), Orthoflavivirus denguei sorotipos 1, 2, 3 e 4, Orthoflavivirus zikaense, Orthoflavivirus louisense, Rocio otma, Orthoflavivirus ilheusense e Orthobunyavirus oropoucheense). A partir dos resultados obtido no teste de IH foram realizada a captura de IgM pelo método de ELISA (MAC-ELISA) em 89 amostras para Mayaro otma, 90 Chikungunya otma, 504 Orthoflavivirus denguei, 504 Orthoflavivirus nilense, 504 Orthoflavivirus louisense, 504 Orthoflavivirus zikaense e 51 Orthobunyavirus oropoucheense.

Resultados: Dentre as 532 amostras testadas por IH, 513 (96,43%) apresentaram anticorpos totais. 511 (96,05%) foram positivas para Orthoflavivirus, 101 (18,98%) Alphavirus, 56 (10,53%) Orthobunyavirus. Reação simultânea foi observado em 138 (25,94%) amostras e anticorpos para FAV (vacinal-