

panfêmico foi observado apenas após a viagem e em 29 apenas antes da viagem.

Conclusão: Apesar de antes da viagem clones pandêmicos já serem detectados na microbiota de viajantes, as viagens podem causar impacto na circulação de clones de alto risco ao redor do planeta. Para conhecer melhor a dinâmica de aquisição desses clones planejamos expandir a investigação do número de clones estudados e selecionar amostras para sequenciamento de genoma completo.

Palavras-chave: Clones pandêmicos *Escherichia coli* Viajantes ESBL

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103543>

INFECÇÃO POR BARTONELLA SPP. EM PACIENTES COM REAÇÕES HANSÊNICAS TIPO 1 POR MAIS DE SEIS MESES

Luciene Silva dos Santos^{a,*}, Lais Bomediano Souza^a,
Andrea Fernandes Eloy da Costa França^a,
Isabela Maria Bernardes Goulart^b,
Marina Rovani Drummond^a,
Paulo Eduardo Neves Ferreira Velho^a

^a Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP),
Campinas, SP, Brasil;

^b Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia,
MG, Brasil

Introdução: As reações hansênicas são fenômenos agudos e comumente autolimitados, apresentando uma exacerbação inflamatória do hospedeiro aos antígenos dos agentes hansênicos, *Mycobacterium leprae* e *Mycobacterium lepromatosis*. Essas reações podem ser classificadas como tipo 1 (RT1) – geralmente chamadas de reações reversas – e tipo 2 (RT2), muitas vezes expressas clinicamente como eritema nodoso hansênico (ENH). Clinicamente, os RT1 surgem com novas lesões cutâneas e/ou agravamento das pré-existentes, agravamento do quadro neurológico sensitivo e motor, intensificação da dor em nervos periféricos e/ou edema de pés e mãos. A RT1, assim como a RT2, pode ser desencadeada por diversos fatores: vacinas, gravidez, puerpério, quimioterapia, infestações e infecções. Assim, infecções – mesmo que assintomáticas – devem ser investigadas como fatores de risco para o desenvolvimento, agravamento ou manutenção de RT1. Estudos recentes associaram a infecção por *Bartonella henselae* com RT2 crônico.

Objetivo: Avaliar a ocorrência de *Bartonella* spp. Detecção em pacientes com RT1 há mais de seis meses e comparar a prevalência com o estudo análogo em pacientes com RT2.

Métodos: Foram utilizados métodos microbiológicos e moleculares para detectar o DNA de *Bartonella henselae* em pacientes com RT1 há mais de seis meses, acompanhados no Centro de Referência Nacional em Dermatologia Sanitária e Hanseníase do Hospital de Clínicas da Universidade Federal de Uberlândia.

Resultados: O DNA de *B. henselae* foi detectado em seis dos 14 pacientes (42,9%) do grupo de estudo. Todos os pacientes com detecção de DNA nas reações apresentaram pelo menos uma reação espécie-específica para *B. henselae*. Foi possível obter isolados de dois pacientes.

Conclusão: As reações hansênicas são muitas vezes difíceis de controlar. Encontrar o fator desencadeante ou mantenedor das reações é muito importante para minimizar a morbidade dos pacientes e prevenir sequelas, tão comuns e graves, em pacientes com neurite reacional tanto de RT1 quanto de RT2. Com base neste estudo piloto, é possível concluir que pacientes com RT1 há mais de seis meses têm detecção de DNA de *B. henselae* na mesma proporção que pacientes com RT2 crônico. Assim, todos os pacientes com reações hansênicas crônicas devem ser investigados quanto à infecção por essas bactérias.

Palavras-chave: *Bartonella* Coinfecção Hanseníase

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103544>

INFLUÊNCIA DO POLIMORFISMO (-G308A) TNF-A EM ESQUISTOSSOMÓTICOS NO SEGUIMENTO DOS DIÂMETROS DO BAÇO E VEIA PORTA, 2 ANOS APÓS TRATAMENTO ESPECÍFICO

Thaysa Carolina Gonçalves Silva^{a,*},
Aline de Melo Silva^b, Ana Risoflora Alves de Azevedo^b,
Elker Lene Santos de Lima^c,
Maria Tereza Cartaxo Muniz^d,
Amanda Gabriela da Silva^a,
Caroline Louise Diniz Pereira^a,
Ana Lúcia Coutinho Domingues^a,
Edmundo Pessoa de Almeida Lopes^a,
Paula Carolina Valença Silva^b

^a Programa de Pós Graduação em Medicina Tropical,
Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE,
Brasil;

^b Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE,
Brasil;

^c Laboratório de Biologia Molecular, Centro de
Oncohematologia Pediátrica, Hospital Universitário
Oswaldo Cruz, Universidade de Pernambuco (UPE), Recife,
PE, Brasil;

^d Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade de
Pernambuco (UPE), Recife, PE, Brasil

Introdução/objetivo: O aumento dos diâmetros do baço e veia porta são sinais de hipertensão portal, que ocorre em esquistossomóticos com fibrose periportal (FPP) avançada. As variantes genotípicas do gene Fator de Necrose Tumoral (TNF- α) estão associadas com casos mais graves de FPP, sendo assim, o objetivo deste estudo foi investigar associação entre o polimorfismo genético (-G308A) TNF- α e os diâmetro do baço e de veia porta antes do primeiro tratamento específico para Esquistossomose Mansonii e durante os 2 anos subsequentes, em indivíduos com Esquistossomose Mansonii atendidos no ambulatório de Gastroenterologia no Hospital das Clínicas de Pernambuco.

Métodos: Trata-se de uma coorte retrospectiva, onde foram arrolados 124 indivíduos infectados com *Schistosoma mansoni*, com idade igual ou maior de 18 anos, todos avaliados por Ultrassonografia (US) de abdome, pelo mesmo examinador, para presença de FPP. Os pacientes procedentes de Pernambuco, endêmico para Esquistossomose Mansonii e

divididos em dois grupos clínicos: expostos (71 pacientes com genótipo GA ou AA (-308) TNF- α) e não expostos (53 pacientes com o genótipo GG (-308) TNF- α). Foram analisados os fatores clínicos diâmetro de baço e veia porta antes do primeiro tratamento e durante 2 anos subsequentes. A exposição principal foi o polimorfismo (-G308A) TNF- α que foi detectado pela Análise de polimorfismo de fragmentos de restrição utilizando a reação em cadeia da polimerase (PCR-RFLP). Utilizou-se como parâmetro para determinar o padrão da FPP a classificação de Niamey, ao passo que o diâmetro da veia porta e do baço longitudinal foram considerados normais quando ≤ 12 mm e ≤ 13 cm, respectivamente. Foram calculadas medidas de Risco Relativo (RR) bruto por meio de análises bivariadas pelo software EpiInfo versão 7.0.

Resultados: Não houve associação estatisticamente significativa entre o polimorfismo (-G308A) TNF- α e as alterações de medida de baço e veia porta nesta coorte que acompanhou indivíduos acometidos com Esquistossomose Mansonii do pré-tratamento até 2 anos subsequentes.

Conclusão: Serão necessários novos estudos, com amostras maiores, para investigar o real impacto deste polimorfismo em alterar a hipertensão portal em esquistossomóticos.

Palavras-chave: Esquistossomose TNF- α Polimorfismo

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103545>

ISOLAMENTO DE AMOSTRAS DO COMPLEXO CORYNEBACTERIUM DIPHTHERIAE POTENCIALMENTE TOXINOGÊNICAS DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19 NO BRASIL: UM ALERTA À VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA BRASILEIRA

Lincoln de Oliveira Sant'Anna^{a,*},
Max Roberto Batista de Araújo^b,
Tayná do Carmo Sant'Anna Cardoso^a,
Fernanda Diniz Prates^b, Mariana da Cruz Mota^a,
Mireille Ângela Bernardes Sousa^b,
Paula Marcele Afonso Pereira Ribeiro^a,
Ana Luiza de Mattos-Guaraldi^a,
Louisy Sanches dos Santos^a

^a Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil;

^b Instituto Hermes Pardini S.A., Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introdução/objetivo: A difteria é uma toxinfecção aguda que se apresenta na forma respiratória e/ou cutânea, e que pode ser fatal devido à ação da toxina diftérica (TD). O principal agente etiológico é *Corynebacterium diphtheriae*, mas espécies filogeneticamente relacionadas (*Corynebacterium ulcerans*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium belfantii*, *Corynebacterium rouxii* e *Corynebacterium silvaticum*), que compõem o complexo *C. diphtheriae*, apresentam o potencial de produzir a TD e, assim, de causar a doença. Importante salientar que amostras atoxinogênicas deste complexo podem a qualquer momento passar a produzir a TD e que algumas destas espécies são patógenos de animais, incluindo animais de companhia, apresentando potencial de transmissão zoonótica. A difteria já foi responsável por muitas epidemias e seu controle foi possível

com a introdução da vacinação com o toxóide diftérico na década de 70. Nos últimos anos, surtos foram reportados na República Dominicana, Haiti e Venezuela. Em decorrência da queda da cobertura vacinal contra a difteria e com o avanço da pandemia da COVID-19, em 2021, a Organização Pan-Americana de Saúde e a Organização Mundial de Saúde (OPAS/OMS) reiteraram aos Estados Membros que a vacinação e a vigilância epidemiológica desta doença não fossem interrompidas, e salientaram que um estoque de antitoxina diftérica fosse mantido para controle de possíveis surtos. Neste contexto, este trabalho visa reportar o isolamento, durante o período pandêmico, de amostras do complexo *C. diphtheriae* a partir de espécimes clínicos de humanos e animais de companhia coletados em diversos estados brasileiros.

Métodos: Os isolados, inicialmente processados por um laboratório particular de abrangência nacional, foram enviados para o Laboratório de Difteria e Corinebactérias de Importância Clínica da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (LDCIC/UERJ), para confirmação da identificação e investigação da toxigenicidade pela técnica de mPCR.

Resultados: Ao todo, 20 amostras foram isoladas de material clínico, sendo 13 de origem humana e 7 de animal. Os isolados foram identificados como *C. diphtheriae* (n = 10) e *C. ulcerans* (n = 10) e caracterizados como atoxinogênicos.

Conclusão: Este estudo reforça que as principais espécies de *Corynebacterium* potencialmente toxigenicas encontram-se em circulação no Brasil. Assim, enfatizamos que a vigilância epidemiológica da difteria seja contínua e que reservas da antitoxina diftérica sejam mantidas.

Palavras-chave: Difteria Vigilância epidemiológica Complexo *C. diphtheriae*

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103546>

ITINERÁRIO TERAPÊUTICO DE PESSOAS COM DOENÇA DE CHAGAS

Gilmar Santos Oliveira Junior^{*},
Jorgana Fernanda de Souza Soares

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

Introdução: A doença de Chagas é um problema de saúde pública em especial de regiões pobres da América Latina, mesmo que movimentos migratórios de áreas endêmicas para regiões ricas, urbanas e desenvolvidas otimizem um desafio no seu combate, sendo preciso uma rede de atendimento capaz de identificar e dar suporte para estes pacientes. Assim, entender como foi constituído o itinerário terapêutico dessas pessoas, enquanto a trajetória percorrida para obter cuidados terapêuticos se torna importante. Deste modo, o objetivo do presente estudo foi identificar os caminhos percorridos em busca do acesso ao cuidado e as possíveis características e contextos que influenciaram essa trajetória entre pessoas acometidas por doença de Chagas.

Métodos: trata-se de estudo qualitativo descritivo com 15 pessoas atendidas no complexo-HUPES. A coleta de dados se deu por entrevistas semiestruturadas e gravadas. A análise de dados foi realizada por meio da técnica de análise de conteúdo.