

tratamento adequado com o objetivo de reduzir o número de casos.

Palavras-chave: Sífilis, Sífilis em Adultos, Sífilis Adquirida.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103780>

CASOS DE MALÁRIA EM GOIÁS NO ANO DE 2023: UMA ANÁLISE EPIDEMIOLÓGICA

Breno Bueno Junqueira^a,
Antonio Sérgio Mathias^b

^a Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia
Universidade Católica de Goiás (PUC-Goiás),
Goiânia, GO, Brasil

^b Complexo Hospitalar Heliópolis, São Paulo, SP,
Brasil

Introdução: A malária é uma doença que ocorre principalmente em áreas tropicais e subtropicais do globo terrestre - regiões de países em desenvolvimento. A protozoose é transmitida por meio da picada do mosquito *Anopheles* infectado pelo *Plasmodium* spp. No Brasil, as infecções são mais frequentes na região amazônica - em áreas rurais ou indígenas. Os sintomas comuns são: febre intensa, calafrios, cefaleia, sudorese, mialgia, náusea e emese. O Brasil registrou 142.522 casos confirmados em 2023. A letalidade da doença é diferente entre as regiões, sendo 23,5 vezes maior na região extra-amazônica, em detrimento da dificuldade da suspeição do diagnóstico - fato que torna um grande problema de saúde pública.

Objetivo: Traçar o perfil epidemiológico dos casos de malária em Goiás - uma região extra-amazônica.

Metodologia: Trata-se de estudo retrospectivo de análise epidemiológica dos casos de malária em Goiás, no ano de 2023, disponibilizados pelos Sivep-Malária/SVSA/MS, Sinan/SVSA/MS e E-SUS-VS, do Ministério da Saúde.

Resultados: Em 2023, do total de casos confirmados de malária registrados no país, 141.935 casos ocorreram na região amazônica e 587 casos na extra-amazônica. O estado de Goiás representa 17,5% (103) dos casos extra-amazônicos, atrás apenas de São Paulo com 17,9%. Desse percentual em Goiás, 76,7% eram do sexo masculino e 23,3% eram do sexo feminino. Quanto à raça, 73,8% identificaram-se como pardos. Dos 103 casos, 54,4% eram na faixa etária entre 20 e 39 anos e 32,0% eram entre 40 e 59 anos. Quanto à ocupação no momento da infecção, 28,1% relatam que estavam viajando, 25,2% eram garimpeiros. Do total de casos em Goiás, 74,8% referiram ter se infectado na região amazônica, 18,4% em outros países, 6,8% na região extra-amazônica. Sobre o agente etiológico, 83,5% eram de *Plasmodium* não *falciparum*, 16,5% eram de *Plasmodium falciparum* + mista.

Conclusões: Frente aos casos de malária confirmados em Goiás, nota-se um predomínio epidemiológico em pessoas do sexo masculino, entre 20 e 39 anos, da raça parda, que estavam à viagem ou trabalhando como garimpeiro, na região Amazônica. O agente etiológico mais frequente é o *Plasmodium* não *falciparum*. Ademais, a subnotificação é uma realidade, pois o diagnóstico inadequado, além do acesso limitado

aos testes de diagnósticos, podem restringir a real situação epidemiológica dos casos de malária no país. No momento da confecção do estudo, ainda não havia dados de letalidade disponíveis para a consulta do ano de 2023.

Palavras-chave: Malária, Infecção Malárica, Infecções por Protozoários.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103781>

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA DENGUE GRAVE EM PACIENTES PEDIÁTRICOS BRASILEIROS NOS ÚLTIMOS 5 ANOS

Guilherme Souza Rocha,
Vanessa Dourado Matos,
Talitha Araújo Veloso Faria

Centro Universitário Atenas (UniAtenas), Campus
Paracatu, Paracatu, MG, Brasil

Introdução: A dengue é uma arbovirose que tem como principal vetor o mosquito *Aedes aegypti* e atinge toda população brasileira. Dentre os grupos vulneráveis à doença estão crianças e adolescentes, nos quais foi registrado um aumento expressivo no número de casos das formas graves nos últimos anos pós pandemia de Covid-19.

Objetivo: Analisar o perfil epidemiológico da dengue hemorrágica em pacientes pediátricos, conforme a delimitação temporal.

Metodologia: Estudo epidemiológico descritivo do tipo Ecológico, com dados disponibilizados no Sistema de Informações Hospitalares do SUS (SIH/SUS), sobre a epidemiologia das internações por febre hemorrágica pelo vírus da dengue em pacientes menores de 14 anos de idade, no período de 2019-2023. Foram analisadas as variáveis: Internação, Taxa de mortalidade, óbitos e valor médio por internação que ocorreram no período entre 2019-2023, confrontados, posteriormente, com os dados obtidos no primeiro ano e nos 2 anos finais do período observado.

Resultados: No Brasil entre 2019-2023 foram registradas 2575 internações por febre hemorrágica pelo vírus da dengue em crianças de até 14 anos de idade. A região Nordeste foi a que mais registrou casos (42,9%), seguida da região Sudeste (23,06%), Centro-Oeste (21,39%), Norte (7,33%) e Sul (5,2%). No ano de 2019 (período pré pandemia) foram registradas 802 internações. Nos anos 2020-2021, períodos de maior relevância da crise sanitária, foram registrados 280 e 339 respectivamente. Contudo, nos dois anos seguintes foi observado um aumento das internações, registrando 1.155 casos, correspondente à 44,83% dos registros nos 5 anos analisados. A taxa de mortalidade foi de 1,75% correspondendo a 45 óbitos, entre 2019-2023. No período de 2022-2023, registraram-se 19 óbitos, dos quais 36,8% foram catalogados na região Nordeste. O valor médio por internação foi de R\$695,16, variando entre R\$474,66 (região Sul) e R\$869,44 (região Centro-Oeste).

Conclusão: Conclui-se que no ano de 2019, período pré pandemia, os casos de dengue grave na população pediátrica eram consideráveis. Em 2020-2021, durante a pandemia de Covid-19, observou-se uma redução no registro de formas

graves da dengue e entre 2022-2023, devido ao fim do caráter emergencial pandêmico, nota-se um aumento da ocorrência de complicações nessa população específica. Isso reflete a necessidade do fortalecimento de medidas profiláticas, bem como a sensibilização da população sobre essa importância.

Palavras-chave: Dengue virus, Dengue Hemorrhagic Fever, Pediatric Dengue, Brazil.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103782>

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA DENGUE NO CENTRO-OESTE: DA ENDEMIA À EPIDEMIA

Manuela Zaidan Rodrigues,
Larissa Bevilaqua Sampaio Contreiras,
Leandra Lucas Nogueira,
Katharina Rezende Esterl,
Maria Eduarda Barbosa de Sousa,
Júlia Anastácio Furtado, Lucas Fruet Sperandio,
Pedro Paulo Cruz de Oliveira Silva,
Melissa Gomes Carvalho,
Letícia Olivier Sudbrack

Graduação em Medicina, Universidade Católica de Brasília, Brasília, DF, Brasil

Introdução: A dengue é uma arbovirose de incidência crescente em países de clima tropical, sendo no Brasil uma doença endêmica. Existem quatro sorotipos do vírus causador da dengue em humanos: DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4. O acompanhamento do número de casos durante os períodos do ano nas regiões é de suma importância para a elaboração de estratégias de controle.

Objetivo: Revisar e analisar os números de casos ao longo dos meses, sorotipos mais prevalentes e o desfecho das notificações de dengue nos últimos 5 anos na Região Centro-Oeste (CO).

Metodologia: Trata-se de um estudo transversal de análise de dados do DATASUS. Limitou-se a busca para o período de 2019 a março de 2024. Foram avaliados os casos de dengue notificados na região CO do Brasil, o estado, os sorotipos, o mês, hospitalizações e óbitos.

Resultados: Durante o período de 2019 a 2024, ocorreram 1.276.647 notificações de dengue na região CO do Brasil. Os sorotipos mais prevalentes foram DENV-1 (57%) e DENV-2 (42,5%). Em 2022, havia sido registrado o maior número de casos notificados totalizando 341.205. No entanto, no primeiro bimestre de 2024 registrou-se 198.511 casos, superando em 335% o mesmo período em 2022 (59.171) e ainda resultando em um recorde de 8.965 hospitalizações. O estado mais afetado foi Goiás (218.555; 46,9%) e o mês de maior ocorrência foi fevereiro (250.778; 19,6%), correspondendo ao período pós-chuva na maioria dos estados. Apesar disso, a maioria dos casos (99,8%) evoluiu para a cura, embora 882 óbitos tenham sido registrados até o momento.

Conclusões: O aumento expressivo de casos em 2024 caracteriza uma epidemia ao superar o número de casos esperados (endêmico) para o período. A alta taxa de hospitalização está relacionada ao maior número de casos registrados no

período e à ausência de vacinação da população até 2024. O número de casos e sorotipos prevalentes são importantes para a tomada de decisões e políticas públicas para o enfrentamento de epidemias. Apesar da introdução da vacina QDenga no SUS em 2024 não foi possível impedir a epidemia pelo momento tardio em que foi distribuída em relação ao momento de maior ocorrência da doença e pela sua baixa capacidade de produção, o que restringiu sua disponibilidade. Destaca-se a importância da conscientização e educação sobre medidas a serem instituídas para redução de criadouros de mosquitos, importância da vacinação, bem como incentivo para produção nacional em grande escala de vacinas quadrivalentes.

Palavras-chave: Dengue, Perfil epidemiológico, Epidemia.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103783>

AÇÃO DO LOQS2 COMO BARREIRA DE TRANSMISSÃO DA DENGUE: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Agnes Natália da Silva Gomes

Curso de Medicina da Universidade de Rio Verde, Campus Goiânia, Goiânia, GO, Brasil

Introdução: A dengue, doença infecciosa de vírus de RNA, é transmitida pela fêmea de mosquitos do gênero *Aedes*. Afetando principalmente populações de países tropicais, a doença atingiu cerca de 2.956.988 pessoas nos primeiros três meses e meio de 2024 no Brasil. A urgência de medidas pioneiras de controle da transmissão da doença, somada a novas tecnologias, faz com que a expressão de proteínas de RNA em etapas tardias do desenvolvimento do mosquito seja realidade.

Objetivo: Identificar a influência da proteína Loqs2 no controle do vírus da dengue (DENV).

Metodologia: Para esta revisão narrativa, foram lidos 10 artigos das bases de dados SciELO, PubMed e Medline com os descritores “dengue”, “Loqs 2” e “controle”, conectados por “and”. Bases teóricas lançadas anteriormente ao ano de 2009 e que fugiam ao tema foram excluídas.

Resultados: Estudos apontam que um dos principais meios de defesa antiviral em insetos é feito pela pequena via de RNA interferência (siRNA). Para entender o processo, tem-se que o RNA de fita dupla do vírus é processado pela enzima Dicer-2 em siRNA e é carregado na proteína nuclease Argonaute-2, que forma o complexo silenciador induzido por RNA (RISC). Este quebra os RNAs virais complementares, inibindo a replicação viral. As proteínas Loquacious (Loqs) e R2D2 estão no mesmo genoma, possuem funções distintas e têm importante papel na síntese e no carregamento de pequenos siRNA para RISC. Loqs 2, uma proteína ligadora de RNA de fita dupla específica para mosquitos do gênero *Aedes*, está envolvida no controle de infecção pelo DENV. Localizada no núcleo das células específicas de estágio e de tecido presentes nos mosquitos *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*, a proteína está principalmente em tecidos reprodutivos e embriões em fase inicial. À medida que o mosquito evolui, sua expressão diminui, já que não se