

Isabel Guimarães, Livia Ramos Goes,
Juliana Domett Siqueira

Instituto Nacional de Câncer (INCA), Brasil

Introdução: A infecção pelo papilomavírus humano (HPV) está associada ao desenvolvimento de câncer nas regiões anogenital e de orofaringe. Pessoas que vivem com HIV apresentam maior risco de infecção por HPV, neoplasia intraepitelial e desenvolvimento de câncer. Os diferentes tipos de HPV podem ser classificados em alto e baixo risco, de acordo com seu potencial oncogênico. Estudos sugerem que o rastreamento do HPV cervical pode identificar mulheres em risco para desenvolvimento de câncer de canal anal. Avaliar se a infecção anal e cervical pelo HPV estão relacionadas e se a diversidade do HPV tem implicações na prevenção e rastreamento torna-se imperativo para o desenvolvimento de estratégias de prevenção e manejo do câncer de canal anal neste grupo suscetível.

Objetivo: O objetivo deste estudo foi caracterizar a diversidade do HPV no canal anal e no colo do útero de mulheres que vivem com HIV para melhor entender a dinâmica da infecção pelo HPV nestes dois sítios.

Método: Swabs anais e cervicais foram coletados de mulheres vivendo com HIV recrutadas em hospitais do Rio de Janeiro. A detecção e genotipagem do HPV foram realizadas utilizando o método de hibridização reversa com o kit multi HPV flow chip (XGEN, Mobius).

Resultados: Até o momento, 21 mulheres foram incluídas no estudo. Todas as amostras de colo do útero tiveram citologia negativa para presença de lesão intraepitelial. No canal anal, 80,9% das amostras apresentaram citologia normal, enquanto outras 3 apresentaram alguma alteração citológica. Das 42 amostras analisadas, 25 apresentaram HPV, sendo 9 de colo do útero e 16 de canal anal. Foram detectados 25 tipos diferentes de HPV, e o mais prevalente foi o HPV 61 (11,9%), seguido dos HPVs 6, 40, 58, 71 e 62/71 (7,14% cada). O HPV 16 foi identificado em duas amostras e o HPV 18 em apenas uma amostra, ambas de canal anal. A infecção múltipla por HPV foi observada em 3 amostras de colo do útero e 8 do canal anal. Os tipos de HPV encontrados foram divergentes entre as amostras do colo do útero e do canal anal da mesma mulher.

Conclusão: Estes resultados sugerem diferenças na susceptibilidade ao HPV entre os dois sítios anatômicos estudados e apoiam a necessidade de mais estudos para avaliar os tipos de HPV associados ao câncer de canal anal, e reforçam a importância do rastreamento desta neoplasia em mulheres vivendo com HIV.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103918>

OR-44 - PREDIÇÃO DE INFECÇÃO E REJEIÇÃO AGUDA PELO TESTE QUANTIFERON-MONITOR EM RECEPTORES DE TRANSPLANTE RENAL

Gisela Serra Rodrigues Costa,
José Otto Reusing Junior, Fabiana Agena,
Vanessa Vidotto Frade, Elias David-Neto,
Ligia Camera Pierrotti

Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da
Universidade de São Paulo (HCFMUSP), São Paulo,
SP, Brasil
DASA, Brasil

Introdução: Infecção pós-transplante é uma das principais complicações em transplante (Tx) de órgãos sólidos; portanto, o equilíbrio ideal entre imunossupressão adequada e reposta imune contra microrganismos tornou-se um grande desafio. Dentre as estratégias de avaliação do status imune do receptor, destaca-se a avaliação da imunidade celular inata e adaptativa após estímulo com antígenos, através da dosagem de interferon- γ (INF- γ) pelo teste QuantIFERON-Monitor (QFM).

Objetivo: Avaliar a associação do resultado do teste QFM com a ocorrência de infecção e rejeição aguda (AR) no primeiro ano pós Tx renal.

Método: Coorte prospectiva de receptores de Tx renal que receberam terapia de indução com timoglobulina (ATG) no período agosto de 2018 a agosto de 2019. O teste QFM foi coletado no momento imediato pré-Tx (d0), 30 (d30), 90 (d90) e 180 (d180) dias pós-Tx, e avaliado como variável contínua em mediana de produção de INF- γ . Infecções foram diferenciadas em infecções graves (com necessidade de internação hospitalar), oportunistas, bacterianas e eventos clinicamente significativos por citomegalovírus. AR foi definida por biópsia renal ou registro de tratamento com pulsoterapia ou ATG.

Resultados: Obteve-se 68 receptores e foram observadas 99 infecções em 50 receptores e 16 AR em 16 receptores no período de seguimento. A incidência acumulada de infecção foi 73,5% (IC95% 54,6-96,9%) e densidade de incidência de 4,4 infecções por 1000 transplantes-dias (IC95% 3,2-5,7) no primeiro ano pós-Tx; e incidência acumulada de AR foi 23,5% (IC95% 13-38%) e densidade de incidência de 0,77 por 1000 transplantes-dias (IC95% 0,44-1,26). A cinética dos valores de INF- γ evidenciou queda no d30 pós-transplante ($p < 0,001$) com recuperação de valores ao longo do tempo. Houve associação estatisticamente significativa entre mediana do teste QFM coletado em d0 e ocorrência de infecção grave no período de 30 a 90 dias pós-Tx ($p = 0,018$) e infecção bacteriana no período de 30 a 180 dias ($p = 0,025$) e entre mediana de QFM coletado em d30 para infecção oportunista no período de 30 a 180 dias pós-Tx. Além disso, houve associação entre mediana de QFM em d0 e ocorrência de AR no primeiro ano pós-Tx ($p = 0,014$).

Conclusão: Evidencia-se alta densidade de incidência de infecções no primeiro ano pós-Tx. Além disso, associação estatisticamente significativa entre teste QFM coletado no momento pré-Tx e em 30 dias pós-Tx e a ocorrência de rejeição aguda e infecções bacterianas, graves e oportunistas no primeiro ano pós-Tx em receptores induzidos com ATG.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103919>

OR-45 - MYCOBACTERIUM KANSASII EM PACIENTES COM CÂNCER: SÉRIE COM 15 CASOS

William Kazunori Sekiguchi,
Adriana S.G.K. Magri, Raquel K.D.L. Ito,
Odéli N.E. Sejas, Karim Y. Ibrahim,
Edson Abdala, Patricia R. Bonazzi

Instituto do Câncer do Estado de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: *Mycobacterium kansasii* é considerada uma das Micobactérias não tuberculosas (MNT) mais patogênicas e a segunda espécie mais descrita na América do Sul. Casos têm sido descritos em pacientes oncológicos, mas fatores de risco, apresentação clínica e evolução da doença não estão bem estabelecidos na literatura.

Objetivo: Descrever a epidemiologia, apresentação clínica e evolução dos casos de *M. kansasii* em pacientes com câncer.

Método: Estudo retrospectivo, em que foram identificados pacientes, do Instituto do Câncer do Estado de São Paulo, com cultura para MNT positiva, realizada no período de janeiro de 2011 a setembro de 2023. Dentre estas, os casos de *M. kansasii* foram selecionados e classificados de acordo com o critério diagnóstico da Sociedade Americana de Doenças Infecciosas (IDSA). As variáveis avaliadas foram: idade, sexo, doença oncológica, sítio de infecção, comorbidades, tratamento e evolução.

Resultados: Sessenta e sete pacientes com cultura positiva para MNT foram identificados. *M. kansasii* foi a espécie mais comum, com 19 casos (28%), seguida por *M. gordonae* (13 casos: 19%). Quatro casos de *M. kansasii* não fecharam critério para infecção. Foram avaliados, 15 pacientes. A média de idade foi 61 anos e 60% foram homens. Doença pulmonar foi a apresentação clínica mais comum (11 casos), com o agente identificado em 2 amostras de escarro ou uma, de lavado broncoalveolar. Em 1 paciente, houve o crescimento de *M. kansasii* em cultura de sangue e linfonodo. Onze ocorreram em pacientes com tumor sólido (73%) e 4 em oncohematológicos. Câncer de laringe foi a neoplasia mais frequente, com 3 casos (20%). Tabagismo esteve presente em 10 pacientes (67%) e etilismo, em 4 (27%). Seis pacientes não foram tratados, mas 3 destes, foram diagnosticados “post-mortem”. Outros 6, foram tratados com 4 drogas. Óbito ocorreu em 75% dos pacientes oncohematológicos e 18% dos tumores sólidos.

Conclusão: Em nossa série, *M. kansasii* foi a MNT mais prevalente. Fatores de risco descritos na literatura como: tabagismo, etilismo, tuberculose prévia, câncer de laringe e esôfago, foram encontrados. Doença disseminada foi incomum e ocorreu em paciente com neoplasia hematológica. A mortalidade é elevada e o diagnóstico foi “post-mortem” em 3 casos, reforçando a importância da suspeita clínica e do aprimoramento dos métodos diagnósticos.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103920>

ÁREA: INFECTOLOGIA CLÍNICA

OR-46 - ASSOCIAÇÃO ENTRE GENES DE VIRULÊNCIA DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS E MARCADORES CLÍNICOS DE GRAVIDADE

Alessandra Luna-Muschi, Igor C. Borges,
Ana Carolina Mamana, Marina Farrel Cortês,
Valquiria Reis de Souza,
Lucas Henrique de Castro Ah-Ti,

Joyce Vanessa da Silva Fonseca,
Ana Paula Marchi,
Nilson Antonio da Rocha Coimbra,
Silvia F. Costa

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

Introdução: A gravidade da tuberculose depende da interação entre a resposta imune do hospedeiro e a virulência do *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb). Pouco se conhece sobre a associação entre a caracterização genotípica e os aspectos clínicos da doença.

Objetivo: Determinar os fatores de virulência micobacterianos associados a tuberculose disseminada, extrapulmonar e a forma pulmonar cavitária de isolados de pacientes com tuberculose ativa atendidos no HC-FMUSP de 2014 a 2020.

Método: Análise de amostras de conveniência de isolados de Mtb de pacientes com diagnóstico de tuberculose ativa. Os prontuários clínicos foram consultados para avaliar os dados demográficos, clínicos e desfecho. Os isolados de Mtb foram sequenciados pela plataforma Ion Torrent. A árvore filogenética baseada nos polimorfismos de nucleotídeo único do coregenoma foi construída com o método de máxima virossimilhança pelo programa REALPHY. Além disso, os linhagens e sublinhagens dos isolados foram determinados utilizando TB profiler. A presença dos genes de virulência foi avaliada através do programa Virulence Factor Database (VFDB) e confirmada por curadoria manual. Os genes com variabilidade > 5% foram incluídos na análise bivariada com qui quadrado para avaliar a associação com a forma disseminada, acometimento extrapulmonar e pulmonar cavitária.

Resultados: No total, 141 isolados clínicos de Mtb foram sequenciados, 65% foram de pacientes de sexo masculino, a mediana de idade foi de 44 anos e 36% (n=50) foram imunocomprometidos. A forma pulmonar localizada foi a mais comum (65%, n=91), seguida da forma disseminada (26%, n=37) e extrapulmonar localizada (9%, n=13). A maioria dos isolados pertenceram a linhagem euroamericana (99%, n=140), predominantemente da sublinhagem LAM. Na árvore filogenética, não evidenciamos cluster de acordo com as formas clínicas avaliadas. Foram analisados 69 genes de virulência, 84% (n=58) foram constitucionais do Mtb por estar presentes em 100% das amostras. Cinco genes *mbtB*, *EspB*, *PPE*, *espK* e *plcD* tiveram variabilidade > 5% entre as amostras. Não observamos associação entre os genes avaliados e a presença de tuberculose com acometimento extrapulmonar, forma disseminada ou pulmonar cavitária.

Conclusão: Não encontramos associação entre os genes de virulência analisados e a gravidade da tuberculose. A avaliação do genoma completo de Mtb pode completar a presente análise.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103921>