

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>