

Resultados: As alterações identificadas no sêmen de pacientes infectados pelo ZIKV abrangem uma redução na contagem total de espermatozoides e um aumento nas anormalidades espermáticas. Essas mudanças sugerem danos diretos aos órgãos reprodutores masculinos, como testículos e epidídimo, os quais desempenham papéis cruciais na produção e maturação dos espermatozoides. Além disso, essas alterações podem afetar células essenciais envolvidas no processo de espermatogênese, como as células de Sertoli e Leydig. Ainda, aponta-se uma potencial indução de resposta autoimune contra os próprios espermatozoides, devido à supressão da imunotolerância fisiológica característica dos testículos. Essa condição pode resultar na formação de anticorpos antiespermatozoides (AAS), com consequente redução da fertilidade masculina.

Conclusão: A infecção pelo vírus Zika e sua influência na fertilidade masculina ainda é um campo de pesquisa emergente, compreender os mecanismos imunológicos envolvidos é essencial para desenvolver estratégias preventivas e terapêuticas. Os ensaios clínicos em curso sobre terapias antivirais e vacinas oferecem esperança para tratar não apenas os sintomas imediatos da infecção, mas também possíveis complicações, incluindo impactos na fertilidade masculina.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104167>

EP-257 - SURTO DE DENGUE NO BRASIL: ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE 2023 E 2024

Matheus Negri Boschiero,
Nathalia Mariana Sansone,
Fernando Augusto Marson

Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: Dengue é uma das arboviroses mais comuns do Brasil e América Latina. Historicamente, a dengue possui um caráter de surto epidemiológico cíclico na América, porém, nenhum surto foi tão grave quanto o de 2024.

Objetivo: Comparar os casos suspeitos de dengue (CSD) de 2023-2024 disponibilizados pelo Ministério da Saúde (MS) de acordo com o perfil epidemiológico da população.

Método: Estudo observacional dos dados de CSD das 52 semanas epidemiológicas (SE) de 2023 e das 11 SE de 2024 disponibilizados pelo MS. Marcadores avaliados: número de casos suspeitos e graves, incidência, número de óbitos, taxa de letalidade em casos confirmados e graves, sexo, raça e idade. Calculou-se o aumento relativo de casos suspeitos entre 2023-2024 e a diferença estatística no número de casos entre 2023-2024 por meio do teste X². Os dados foram apresentados com uso de Odds Ratio (OR) e intervalo de confiança de 95% (95%IC). O valor $P \leq 0,05$ foi considerado como nível de significância estatística.

Resultados: Em 2023, o Brasil registrou um total de 1.658.814 CSD, sendo que um total de 1.094 indivíduos morreram por dengue. As mulheres (53,9%) foram mais afetadas. Em relação à raça, os mais afetados foram os brancos (42,2%), seguidos pelos pardos (35,4%), negros (4,4%), asiáticos (1,6%) e indígenas (0,2%). Em 2024, foram notificados 1.978.372 CSD

apenas até a 11^a SE, sendo que 656 indivíduos morreram por dengue. O perfil epidemiológico de gênero foi semelhante ao de 2023, as mulheres (55,5%) também foram mais afetadas. Porém, a raça mais afetada foram os pardos (40,6%), seguidos por brancos (35,8%), negros (5,8%), asiáticos (1,3%) e indígenas (0,3%). Comparando os CSD notificados em 2023-2024, houve um aumento variando de 164% na 11^a SE e 726% na 8^a SE. Notificaram-se 20% mais casos durante as primeiras 11 SE de 2024 do que em todas as 52 SE de 2023. Foi descrito um perfil epidemiológico diferente em relação à raça entre 2023-2024 sendo que os indígenas (OR = 1,77 [IC95% = 1,70-1,85]), negros (OR = 1,56 [IC95% = 1,54-1,57]) e pardos (OR = 1,36 [IC95% = 1,35-1,36]) apresentaram maior probabilidade de ser um CSD em 2024 em comparação com 2023. Ademais, as mulheres também apresentaram maior chance de ser um CSD em 2024 (OR = 1,07 [IC95% = 1,06-1,07]).

Conclusão: Identificamos um perfil epidemiológico diferente em relação à raça entre 2023-2024, uma vez que os indígenas, os negros e os pardos tinham maior probabilidade de serem CSD em 2024 em comparação com 2023.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104168>

ÁREA: EPIDEMIAS E DOENÇAS EMERGENTES

EP-258 - SORO-PREVALÊNCIA DO HTLV-1 E -2 EM SERVIÇO DE REFERÊNCIA

Alice Tobal Verro, Milena Polotto de Santi,
Fernanda Modesto T. Binhardi,
Cássia Fernanda Estofotele

Hospital de Base (HB), Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP), São José do Rio Preto, SP, Brasil

Introdução: O HTLV-1 afeta cerca de 10 milhões de indivíduos em todo o mundo, sendo que o Brasil abriga aproximadamente 2,5 milhões de casos de HTLV-1 e -2. A infecção pelo HTLV-1 tem sido associada a uma ampla gama de doenças, incluindo leucemia de células T do adulto (LTA), bem como condições inflamatórias não neoplásicas, como uveíte, artrite reumatoide e síndrome de Sjögren. O conhecimento da prevalência de indivíduos soropositivos não apenas é uma estratégia de prevenção de transmissão, como também pode contribuir para monitoramento de manifestações clínicas.

Objetivo: O objetivo deste estudo foi elucidar a prevalência de HTLV-1 e HTLV-2 em São José do Rio Preto, São Paulo, Brasil, e fatores correlacionados.

Método: Este é um estudo transversal descritivo para investigar a prevalência do vírus HTLV na região de São José do Rio Preto, no período de março de 2015 a maio de 2023. Foram avaliadas 3.943 amostras de soro para presença de anticorpos contra o vírus HTLV. Dados demográficos e clínicos como sexo, idade, sorologia para hepatite B, hepatite C e HIV foram obtidos no banco de dados do Instituto Adolfo Lutz, informados no momento da admissão da amostra. Tais variáveis foram posteriormente submetidas à análise descritiva e inferencial. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o pacote de software SPSS Statistics.