

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 11ª 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 11ª SE e 726% na 8ª 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.

Resultados: Das 3.943 amostras testadas, 52 positivas para HTLV, 31 foram reagentes para HLTV-1 (59,62%), 15 para HTLV-2 (28,85%) e 6 resultaram indeterminadas (11,54%). Os pacientes sororreagentes eram predominantemente adultos (98,08%), com média de idade de 48 anos (\pm 10,31 anos), variando de 1 a 68 anos, e em sua maioria do sexo masculino (67,31%; $p=0,013$). Apenas 10 destas amostras reagentes (19,2%; $p < 0,001$) não estavam coinfectadas com HIV. Além disso, 22 amostras foram positivas para hepatite C ($p=0,267$) e 5 foram reagentes para hepatite B ($p < 0,001$).

Conclusão: Nota-se que dentre as amostras testadas para HTLV, a grande maioria havia sido solicitada justamente para pacientes já com infecção pelo HIV, demonstrando que a infecção por HTLV é lembrada apenas em grupos específicos. Os achados desse estudo demonstram a fragilidade do conhecimento e do monitoramento das infecções pelo HTLV na população em geral.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104169>

EP-259 - CARACTERÍSTICAS EPIDEMIOLÓGICAS E CLÍNICAS DOS CASOS DE MPOX NO BRASIL: ESTUDO DESCRITIVO DOS BOLETINS EPIDEMIOLÓGICOS DO MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022-2023

Tiago Mouallem Rennó,
Luiz Fernando de Freitas Rodrigues,
Samuel Oliveira Costa, Renato Augusto Passos
Faculdade de Medicina de Itajubá (FMIT), Itajubá,
MG, Brasil

Introdução: A monkeypox (MPOX) é uma doença causada por um Poxvírus zoonótico que pertence ao gênero Orthopoxvirus e é transmitida por via respiratória ou dérmica. Suas principais manifestações estão relacionadas a erupções, febre e lesões genitais, com o diagnóstico através da história clínica, exame físico e para a confirmação, um swab de secreção de vesícula ou crosta de erupção cutânea. Não há um tratamento específico para a doença, porém alguns antivirais usados na varíola foram empregados, como o Tecovirimat (TPOXX[®]), Cidofovir (Vistide[®]) e Brincidofovir (Tembexa[®]).

Objetivo: Apresentar uma revisão descritiva da incidência de MPOX em âmbito nacional no período de maio de 2022 até agosto de 2023.

Método: Estudo descritivo e de série temporal da incidência de monkeypox, realizado por meio da análise de 24 boletins epidemiológicos divulgados pelo Ministério da Saúde. Os dados foram obtidos no sítio eletrônico do referido órgão. As variáveis analisadas incluíram a região de residência, faixa etária, estados, municípios, sexo de nascimento, raça/cor, sintomas, imunossupressão, tipo de amostra para análise laboratorial, exames diagnósticos realizados, gestantes, óbitos e hospitalizações.

Resultados: Os resultados demonstraram a predominância dos casos em homens, especialmente aqueles que se identificaram como homossexuais, em comparação com um número muito menor de mulheres com a mesma identificação. A faixa

etária mais afetada foi entre os 30 a 39 anos. Os sintomas mais comuns incluíram erupções cutâneas, febre, lesões genitais e cefaleia. Houve maior concentração de casos na Região Sudeste do Brasil, com destaque para o estado de São Paulo. O uso de swab das secreções de vesículas e crostas de erupções cutâneas foi predominante para as análises laboratoriais. Foi observada uma alta prevalência de casos em pacientes que vivem com HIV, principalmente entre homens jovens. Um total de 16 óbitos por MPOX ocorreram no Brasil, com a maioria no Rio de Janeiro.

Conclusão: A pesquisa fornece uma análise abrangente da situação da Monkeypox no Brasil, destacando os principais aspectos epidemiológicos e desafios relacionados ao controle da doença.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104170>

EP-261 - ESTIMATIVA DE PREVALÊNCIA E TENDÊNCIA TEMPORAL DE PERFIS SUGESTIVOS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE A METICILINA DA COMUNIDADE (CA-MRSA) EM SÃO PAULO DE 2011 A 2019

Aline Santos Ibanes, Thaís F.T. Resende,
Ana Sílvia S. Marinonio,
Jussimara M. Nurmberger, Fernanda M. Inoue,
Thaina A.D. Passos, Daniela T. Costa-Nobre,
Sergio Tufik, Carlos Kiffer

Escola Paulista de Medicina (EPM), Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A prevalência de infecções causadas por CA-MRSA tem aumentado globalmente. No Brasil, sua epidemiologia ainda é pouco conhecida. Estudos genotípicos já demonstraram correlação entre perfis de sensibilidade e tipos de cassetes cromossômicos associados a CA-MRSA (SCCmec tipos IV ou V). Perfis fenotípicos podem auxiliar como marcadores sugestivos de CA-MRSA em estudos epidemiológicos.

Objetivo: Estimar a prevalência e a tendência temporal de perfis sugestivos de CA-MRSA no Estado de São Paulo, Brasil, entre 2011 e 2019.

Método: Análise retrospectiva em base de dados de laboratório clínico entre 2011 e 2019, com isolados em cultura de Staphylococcus aureus (SA) únicos por paciente, identificados em amostras clínicas de rotina e com antibiograma (método conforme rotina e padronizado por BrCAST do respectivo ano). A sensibilidade a clindamicina (CLI), ciprofloxacino (CIP) e Sulfametoxazol/trimetoprim (TMP-SMX) com resistência concomitante a oxacilina (OXA) foram usados como perfis sugestivos de CA-MRSA. As taxas de OXA-R com CLI-S ou CIP-S ou TMP-SMX-S foram calculadas utilizando o número total de isolados para cada antibiótico por ano. A tendência temporal foi estimada utilizando-se o modelo Prais-Winsten, expresso por annual percent change (APC) com intervalo de confiança (95% CI).

Resultados: No total, 50,858 isolados de SA foram identificados entre 2011 e 2019 (22,346 (42.8%) hemoculturas, 6,820 (13.1%) uroculturas e 23,058 (44.1%) de outros materiais).