

Gerais nas 18 primeiras semanas epidemiológicas do ano de 2024.

Método: Este trabalho foi realizado a partir do levantamento de dados das 18 semanas epidemiológicas do ano de 2024 por meio do painel on-line de vigilância das arboviroses. Este painel é uma iniciativa da Coordenação Estadual de Vigilância das Arboviroses, e foi elaborado em parceria com as diretorias de Informações Epidemiológicas e de Vigilância de Condições Crônicas da Secretaria de Saúde do Estado de Minas Gerais, tendo como objetivo a divulgação pública dos casos, óbitos e incidência de dengue, chikungunya e zika no estado de Minas Gerais.

Resultados: Existem 1.241.639 casos prováveis de dengue no Estado. Do total de 566.590 casos confirmados, 70.329 (12,41%) apresentavam algum tipo de comorbidade, com destaque para hipertensão e diabetes, sendo as faixas etárias mais afetadas a de 50 a 59 anos (população feminina) e 60 a 69 anos (população masculina). A maioria dos casos confirmados, 496.261 (87,59%) não apresentava comorbidades, com a faixa etária predominante de 20 a 29 anos em ambos os sexos. Do total de 518.007 de resultados laboratoriais liberados, 171.916 tiveram exames positivos e 333.095 negativos (positividade de 33,2). Dos exames, 48.029 foram realizados por biologia molecular (positividade de 17,4%), 34.373 IgM (positividade de 45,5%) e 3.497 IgG (44,5% de positividade). Foram confirmados 333 óbitos e existem 775 em investigação. Destes óbitos, 13,30% eram mulheres e 11,82% de homens, ambos na faixa etária de 70 a 79 anos. A letalidade foi de 3,57%, com 9.322 casos graves ou com sinais de alarme.

Conclusão: O estudo fornece uma análise ampla do cenário da dengue no estado de Minas Gerais nas primeiras 18 semanas epidemiológicas de 2024, confirmando uma alta incidência de casos confirmados e óbitos na população idosa. Medidas de controle e prevenção do agravo, associadas à incorporação da vacina contra a dengue, capacitação aos profissionais de saúde e atividades de educação em saúde são capazes de contribuir para a redução da hospitalização, incidência e óbitos pela doença.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104257>

EP-355 - SEQUENCIAMENTO POR METAGENÔMICA DO VÍRUS DA DENGUE EM PACIENTES DE UM HOSPITAL ERCIÁRIO

Renato de Mello Ruiz, Roberta Cardoso Petroni, Marcio Anunciação Menezes, Alexandre Hideaki Takara, Anelise da Silva Santos, Amanda Souza Santana, Erick Gustavo Dorlass, Rubia Anita Ferraz Santana, João Renato Rebello Pinho, Andre Mario Doi

Hospital Israelita Albert Einstein, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: O vírus da dengue (DENV) é um vírus RNA de sentido positivo pertencente ao gênero Orthoflavivirus, transmitido principalmente pelos mosquitos do gênero *Aedes*. Existem quatro sorotipos de DENV (DENV1, DENV2, DENV3 e

DENV4), cada um com antigenicidade e filogenia distintas. Todos os quatro sorotipos podem causar uma doença com sintomas semelhantes, assim como outras arboviroses. Recentemente, tornaram-se disponíveis ensaios comerciais de qPCR para a detecção do DENV, bem como métodos multiplexados que permitem a detecção simultânea com outros arbovírus como Chikungunya e Zika. Esses métodos apresentam excelente sensibilidade e especificidade diagnóstica, melhorando significativamente a capacidade de diagnóstico. No Brasil, até o mês de maio, foram registrados 4.603.825 casos prováveis de dengue, com 2.451 desses casos evoluindo para óbito. Este número alarmante ressalta a importância de um monitoramento eficaz e contínuo. O monitoramento dos genótipos dos vírus circulantes por sequenciamento é importante por vários motivos, como: variantes patogênicas, levantamento epidemiológico da doença e surgimento de novas linhagens.

Objetivo: O presente estudo analisou por Metagenômica de RNA o genoma do vírus da Dengue de cinco pacientes, dos quais quatro estavam internados no nosso serviço.

Método: Os pacientes foram diagnosticados através de qPCR e sorologia. Após a extração de RNA, essas amostras foram submetidas a amplificação randômica, preparo de bibliotecas e sequenciamento de nova geração (NGS). Para as análises de Bioinformática um pipeline próprio foi aplicado para categorizar os sorotipos e genótipos.

Resultados: Dos cinco pacientes sequenciados, quatro foram identificados como DENV1 - Genótipo V com uma média de cobertura horizontal de 86,2%; e o quinto caso identificado com DENV2 - Genótipo II (Cosmopolitan) apresentando cobertura horizontal de 67%.

Conclusão: Os nossos dados são corroborados com base nas análises durante o surto, sobre a predominância dos sorotipos de DENV1 e DENV2. O vírus DENV2 - Genótipo II (Cosmopolitan) é um genótipo emergente, sendo sequenciado pela primeira vez no ano de 2022. Com relação a baixa cobertura horizontal apresentada pelo sorotipo DENV2 - Genótipo II (Cosmopolitan), pode ser explicada pela baixa carga viral. O monitoramento epidemiológico dos sorotipos de Dengue se faz necessário para acompanhamento da doença, bem como avaliar possíveis novos surtos por outros sorotipos.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104258>

EP-356 - PERFIL EPIDEMIOLÓGICO E DEMOGRÁFICO DOS CASOS DE DENGUE NO MUNICÍPIO DE CAMPINAS-SP: DE 2023 A MAIO DE 2024

Kethlen Torres Cavinato, Stephanie Souza Firmo, Mario Gabriel Costa, Camilly Souza Silveira, Jonathan Linhares Pedrosa, Nayalla Jales Pedrosa, Nick Guimarães Botelho, Gabriel Vargas Chaves, Helena Francisco Fernandes, Hanna Twanny Ataulo

Universidade Nove de Julho (UNINOVE), São Paulo, SP, Brasil