

residentes da comunidade de baixa renda São João do Cazumbá em Feira de Santana - Bahia. Em suma, apresentou-se o projeto para a comunidade e foram recolhidas as assinaturas dos Termos de Assentimento do Menor e do Consentimento Livre e Esclarecido das famílias interessadas. Ainda foi realizado um questionário de dados de cada família, abrangendo: condições de moradia e saúde, ambiência residencial e contexto familiar. Após, foi armazenado em cooler as amostras de fezes entregues pelos pais e responsáveis. Por fim, utilizou-se recursos de um laboratório para análise dos parasitológicos de fezes e, com os resultados foi feito um levantamento das parasitoses mais prevalentes nessa comunidade infantil, para elaboração de panfletos educativos.

Resultados: Posterior a análise laboratorial, foi detectado, por ordem de mais prevalentes: *Ascaris lumbricoides*, *Giardia lamblia*, *Trichuris trichiura*, *Entamoeba histolytica*, *Ancilostomídeos*, *Taenia sp.* e *Enterobius vermicularis*. Com isso, estudantes de medicina elaboraram panfletos para promover uma conscientização dos habitantes dessa comunidade em relação a tais parasitoses. **CONCLUSÃO** Com a execução do projeto e após as análises laboratoriais, os panfletos elaborados foram de importância ímpar para a educação dessa parcela da população feirense, inclusive, porque foi realizado com olhar atento para os menores em idade escolar, possuindo grande interferência sobre o crescimento e estado nutricional desses.

Palavras-chave: Enteropatias Parasitárias, Pré-Escolar, Promoção da Saúde.

Conflitos de interesse: Não houve conflito de interesse.

Ética e financiamentos: Declarações de interesse: Nenhum.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104399>

POLYMORPHISMS IN THE CYP-450 GENE AND MALARIA: A GENOTYPIC AND PHENOTYPIC RELATIONSHIP WITH THERAPEUTIC FAILURE

Marcelo Cerilo-Filho ^a,
 Maria Naely Gomes Almeida ^b,
 Marrara Pereira Sampaio ^a,
 Dulce Jorge Viagem ^a, Rayanne Iane Correa ^b,
 Nathália Faria Reis ^a,
 Andréa Regina de Souza Baptista ^a,
 Ricardo Luiz Dantas Machado ^a

^a Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brazil

^b Centro de Investigação de Microrganismos, Niterói, RJ, Brazil

Introduction: Therapeutic failure in patients with malaria can occur due to various factors and polymorphisms in enzymes of the Cytochrome P450 (CYP450) family, responsible for around 90% of the metabolization of chloroquine and primaquine, can generate individuals who are low, intermediate or fast metabolizers of antimalarial drugs.

Objective: We evaluated the relationship between these polymorphisms and the biometalation of antimalarial drugs

worldwide through a systematic review using the PRISMA statement.

Methodology: The research question was structured in the PICO format (Population = people infected with *Plasmodium vivax*; Intervention = people without *vivax* malaria; Comparison = polymorphisms in the CPY450 gene; Outcome = biometabolization of antimalarial drugs is influenced by polymorphisms in the CYP450 gene). The investigation in the databases (Medline through Pubmed, Google scholar, Science direct and Scopus) was carried out by grouping descriptors (DECs/Mesh) with Boolean operators (AND/OR). Duplicate articles were excluded, as well as those with in vitro research, which did not meet the objective of the study and which, when applying the Joanna Briggs Institute questionnaire, had ≤ 50% "yes" answers.

Results: Of the 187,935 articles retrieved, only 12 were selected for this review, adding up to 2050 individuals. The majority (75%) of the articles reported an interaction between polymorphisms in the CYP2A6, CYP2D6, CYP2B6, CYP3A4 and CYP3A5 genes in individuals infected with *Plasmodium falciparum* and interference in drug metabolization. As for *Plasmodium vivax* (25%), the SNP in the CYP2D6 gene was the most frequently reported cause of therapeutic failure. As for the phenotype regarding biometabolization, 65% were normal, 25% low, 5% fast and 5% null metabolizers. **Conclusions:** It is important to develop measures aimed at profiling genetic biomarkers and their respective phenotypes in populations from endemic areas, in order to prevent relapses from *P. vivax* and treatment failure for both plasmodia; important for establishing malaria prevention and control measures.

Keywords: Molecular Epidemiology, Pharmacogenetics, *Plasmodium*, Public Health.

Conflicts of interest: There was no conflicts of interest.

Ethics and financing: Declarations of interest: None.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104400>

WORLDWIDE GENETIC POLYMORPHISM OF CIRCUMSPOROZOITE PROTEIN IN PLASMODIUM VIVAX SEQUENCES: A SYSTEMATIC REVIEW

Marrara Pereira Sampaio ^a,
 Marcelo Cerilo-Filho ^a, Yasmin de Goés ^b,
 Maria Naely Gomes Almeida ^b,
 Rayanne Iane Correa ^b, Nathália Faria Reis ^a,
 Andréa Regina de Souza Baptista ^a,
 Ricardo Luiz Dantas Machado ^a

^a Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brazil

^b Centro de Investigação de Microrganismos, Niterói, RJ, Brazil

The Circumsporozoite Protein of *Plasmodium vivax* (PvCSP) is an immunodominant antigen expressed on the surface of the sporozoite. PvCSP consists of a central repetitive region (CRR), capable of stimulating both T and B lymphocytes. The CRR is flanked by two non-repetitive regions, N-terminal (RI) and

C-terminal (RII), which play important roles in parasite invasion and motility, both in the vector and the human host. Due to its highly immunogenic regions, PvCSP is considered one of the main candidates for a malaria vaccine. However, the genetic diversity of PvCSP poses a challenge for immunobiological research. This study aimed to evaluate the presence of polymorphisms in the VK210, VK247, and *P. vivax*-like variants of PvCSP worldwide through a systematic review. Genetic diversity of PvCSP from different regions of the world was investigated using nucleotide sequences retrieved from GenBank and analyzed for polymorphisms in RI, RII, and CRR using Mega4 software. Out of 709 sequences analyzed, VK210 (n = 591) was the most prevalent worldwide, followed by VK247 (n = 116) and *P. vivax*-like (n = 2). Polymorphisms in RI were observed only for VK210, in isolates from Myanmar (n = 4) and India (n = 12). Isolates from Brazil (n = 4), Myanmar (n = 29), Vanuatu (n = 10), Cambodia (n = 21), Colombia (n = 2), Papua New Guinea (n = 11), Sudan (n = 30), and India (n = 5) showed polymorphisms resulting in the insertion of an Alanine after RI, which was not observed in Iran (n = 45), South Korea (n = 2), Mexico (n = 11), Nicaragua (n = 4), Pakistan (n = 32), and Greece (n = 1). In the CRR, VK210 presented more polymorphisms (n = 217) than VK247 (n = 36), and no polymorphisms were found for *P. vivax*-like. Region II of PvCSP also showed genetic variations in the global population, generating different patterns of insertion and deletion of the ANK-KAEDA octapeptide for VK210 isolates from Myanmar (n = 16), Cambodia (n = 4), South Korea (n = 2), Mexico (n = 7), Pakistan (n = 32), Greece (n = 1), but not observed in Brazil, Colombia, Nicaragua, Papua New Guinea, Vanuatu, and Sudan. For VK247, isolates from Cambodia were the only ones that did not show insertion of the ANKKAGDA octapeptide. No variation was observed for *P. vivax*-like. These data reflect the complexity in developing an anti-sporozoite vaccine against *P. vivax*, as the analyzed sequences present different polymorphisms causing synonymous and non-synonymous nucleotide variations, especially in the CRR.

Keywords: Epidemiology, Vivax Malaria, Genetic polymorphism, Vaccine.

Conflicts of interest: There was no conflicts of interest.

Ethics and financing: Declarations of interest: None.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104401>

DOENÇAS EMERGENTES E REEMERGENTES

ANÁLISE DO PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DAS INTERNAÇÕES POR FEBRE AMARELA NO PAÍS ENTRE 2019 E 2023

Tamara Oliveira Vieira,
Marco Túlio Soares Menezes,
Daniele Bianca Reis Gomes,
Larissa Vitória Bizerril Sá da Silva,
Luna Barreiro Nunes

Universidade Federal de Roraima (UFRR), Boa Vista,
RR, Brasil

Introdução: A febre amarela é uma doença infecciosa febril aguda, com apresentação clínica variável. Atualmente, no Brasil, o ciclo da doença é silvestre, transmitida pelos mosquitos *Haemagogus* e *Sabethes*. Apesar de possuir vacina disponível, essencial para o controle da infecção, pelo elevado potencial de letalidade, o país ainda convive com casos registrados em humanos, com exemplo de Roraima, que teve um óbito registrado em 2023, o primeiro em 16 anos. Assim, o objetivo deste estudo é analisar o perfil epidemiológico dos casos de febre amarela entre os anos de 2019 a 2023.

Materiais e métodos: Estudo ecológico, realizado com dados do Sistema de Informações Hospitalares do SUS (SIH-SUS), do Departamento de Informática do SUS (DATASUS), no período de 2019 a 2023. As variáveis foram: unidades da federação, faixa etária, sexo e cor.

Resultados: No período analisado, os dados de internação demonstram cerca de 249 casos notificados, com uma média simples de 49,8 casos/ano. Na prevalência por região, o Nordeste apresentou-se como o maior detentor, com 106 casos (42,57%), seguido pelas regiões Sudeste (83; 33,33%) e Sul (47; 18,87%), respectivamente. Os menores índices foram encontrados na região Centro-oeste, com 8 casos (3,21%) e na região Norte (5; 2%). A respeito da faixa etária, a maior incidência foi entre 40-49 anos, com 39 casos (15,66%), o que pode se supor maior exposição pela produtividade relacionada à idade. O sexo masculino foi mais acometido pela enfermidade, com 165 casos (66,26%), o que pode ser associado pela exposição ocupacional, como o trabalho em áreas rurais, mais suscetíveis à infecção. A cor parda foi a mais prevalente, com 120 casos (48,19%). Por fim, na análise das unidades da federação, o estado de Pernambuco apresentou-se com o maior número de notificações, com 88 (35,34%) casos, seguido por São Paulo (54; 21,68%) e Santa Catarina (32; 12,85%).

Conclusões: O perfil epidemiológico das internações de pacientes por febre amarela está concentrado na região Nordeste, com índice mais expressivo na faixa etária de 40-49 anos, sendo a idade de 39 anos a mais frequente. Ademais, o sexo masculino foi o mais afetado e a cor parda a mais relacionada a hospitalização. Dessa forma, com o fito de atenuar esse cenário, é essencial a manutenção das campanhas de vacinação como controle e prevenção, ações de educação em saúde com a finalidade de incentivar a proteção individual em regiões mais afetadas, assim como as ações de controle vetorial.

Palavras-chave: Febre Amarela, Doenças Transmissíveis, Prevalência.

Conflitos de interesse: Não houve conflito de interesse.

Ética e financiamentos: Declarações de interesse: Nenhum (por todos os autores).

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104402>