

de óbitos – SVO no Ceará. **Métodos:** Trata-se de um estudo descritivo, transversal, quali-quantitativo, não experimental, retrospectivo e reprodutível. O serviço de verificação de óbitos Dr. Rocha Furtado de Fortaleza forneceu o arquivo de uma série histórica composta por 110 óbitos por dengue grave e síndrome do choque da dengue distribuído no período cronológico de 2005 a 2012. **Resultados:** Foram estudados 110 laudos de verificação de óbitos com os mais variados desfechos investigativos. Choque séptico e falência múltipla dos órgãos foram relatados em seis casos fatais. Os principais agentes etiológicos bacterianos isolados em hemocultura e cultura do líquor cefalorraquidiano foram *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus alfa hemolítico ssp* e *Streptococcus ssp*. Exames laboratoriais complementares confirmaram coinfeção entre o vírus da dengue e infecções bacterianas. A causa imediata do óbito mais frequente foi insuficiência respiratória aguda seguida de choque séptico. A causa antecedente foi edema agudo pulmonar e a causa básica foi dengue com complicações. **Conclusão:** A síndrome da resposta inflamatória sistêmica associada ao vírus da dengue causou uma variedade de insultos clínicos graves. A falência respiratória aguda foi responsável pela instalação de insuficiência respiratória aguda grave, considerada a causa imediata mais frequente de óbitos em 59,1% dos casos (n = 65), subsequente a edema e hemorragia intra-alveolar pulmonar maciça em 57,3% (n = 63) dos laudos de verificação de óbitos. Broncopneumonia com predominância de infiltrado alveolar sugerindo coinfeção por agentes bacterianos foi encontrada em 21,8% (n = 24) dos exames microscópicos. Pneumonia com infiltrado de padrão intersticial foi visualizada em 24,5% (n = 27) dos exames histopatológicos, corroborando com infecção respiratória provocada pelo vírus da dengue.

205. VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA: SINTOMATOLOGIA DOS CASOS CONFIRMADOS DE INFLUENZA NO ESTADO DO CEARÁ NO PERÍODO DE JANEIRO A JUNHO DE 2013

Patricia Oliveira Cavalcante^a, Amanda Sâmia Cavalcante Campos^b, Madalena Isabel Coelho Barroso^c, Daniele Rocha Queiroz Lemos^c, Dayane Moreira de Aquino^b, Renata Custodio de Oliveira^a, Katyuscia Moraes Barros^a, Pamela Nery do Lago^a

^a Universidade Estadual do Ceará (UECE), Fortaleza, CE, Brasil

^b Universidade de Fortaleza, Fortaleza, CE, Brasil

^c Secretaria da Saúde do Estado do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil

Objetivo: Descrever os sinais e sintomas dos casos confirmados de influenza no estado do Ceará. A influenza é uma infecção viral aguda do sistema respiratório, de elevada transmissibilidade e distribuição global. Essa doença pode se manifestar por meio de surtos anuais de magnitude variável. Nessa perspectiva, tornam-se fundamentais abordagens específicas e controle dessa doença. O modo de transmissão mais comum é a direta, que ocorre por meio de pequenas gotículas de aerossol expelidas pelo indivíduo infectado com o vírus. O quadro clínico se caracteriza por ter início abrupto, com febre de 38°C, tosse seca, dor na garganta, mialgia, dor de cabeça e prostração, com evolução autolimitada, de poucos dias. **Metodologia:** Este estudo se caracteriza como epidemiológico descritivo. As informações utilizadas foram fornecidas pela vigilância epidemiológica da Secretaria Estadual de Saúde do Estado do Ceará. A população do estudo foi de 330 casos notificados de suspeita de influenza. Do total de casos notificados, 30,3% (100/330) foram confirmados, tornando-se a amostra do estudo. O período de realização do estudo foi de janeiro a junho de 2013, ou seja, da 1ª semana epidemiológica até a 26ª semana. Foi elaborada uma planilha do Excel com os dados referentes aos casos de influenza e foi analisada a sintomatologia por sexo. **Resultados:** Até a 26ª semana foram notificados 330 casos suspeitos de influenza, dentre estes foram confirmados 100 (30,3%), nos quais 49% (49/100) foram hospitalizados com a forma grave da doença e 51% (51/100) dos casos foi de Síndrome Gripal (SG). Dentre os casos confirmados, a média de idade foi de 36 anos (intervalo: < 1 ano-95 anos), 61% (61/100) eram do sexo feminino, 64% (39/61) das mulheres estavam em idade fértil (10 a 49 anos) e destas 25,6% (10/39) eram gestantes. Além de febre, tosse e dispnéia, os sintomas mais frequentes foram coriza 59% (59/100), mialgia 55% (55/100) e dor na garganta 53% (53/100). A diarreia e conjuntivite foram mais frequentes no sexo masculino. As mulheres referiram outros sintomas com maior frequência, sendo a cefaleia o sintoma mais mencionado. **Discussão:** Sendo assim, verificamos que os sintomas mais frequentes foram

INFECÇÕES VIRAIS

204. INSUFICIÊNCIA RESPIRATÓRIA AGUDA GRAVE CAUSADA PELO VÍRUS DA DENGUE COMO CAUSA IMEDIATA DE MORTE CONFIRMADA PELO ANATOMOPATOLÓGICO

José Nivon Da Silva

UNICHRISTUS, Fortaleza, CE, Brasil

Objetivo: Descrever as causas de óbitos relacionadas à síndrome do desconforto respiratório agudo em decorrência de hemorragia alveolar pulmonar na etiopatogênese da febre hemorrágica da dengue e síndrome do choque da dengue e suas complicações através do exame anatomopatológico macro e microscópico em um serviço de verificação

febre, tosse, dispneia, coriza, mialgia e dor na garganta, que estão de acordo com a literatura. A diarreia e a conjuntivite foram mais frequentes no sexo masculino. Já as mulheres têm a cefaleia como sintoma mais frequente. **Conclusão:** A influenza é uma doença da atualidade, seus agravos são causas de graves complicações à saúde do paciente. Para poder realizar o cuidado do paciente, os profissionais de saúde têm que conhecer a doença, seus sinais e sintomas. Assim, torna-se de fundamental importância a vigilância epidemiológica e a notificação dos casos, para assim serem gerados os dados referentes aos pacientes com esta doença.

206. PERFIL DE SENSIBILIDADE DE EXAMES ESPECÍFICOS PARA DIAGNÓSTICO ANATOMOPATOLÓGICO DE DENGUE POST-MORTEN

José Nivon da Silva, Bruno Leite Cabral, Rodrigo Otávio Duarte

UNICHRISTUS, Fortaleza, CE, Brasil

Introdução: O isolamento do genoma viral por técnica de biologia molecular para a detecção de RNA e proteínas virais utilizando anticorpo monoclonal é considerado padrão-ouro. A captura de anticorpo IgM por ensaio imunoenzimático é o exame laboratorial de escolha após o quinto dia de doença, como resposta imune à primo-infecção, podendo ser detectado até o final do terceiro mês após a supressão da viremia. Inibição da hemaglutinação e ensaio imunoenzimático apresentam sensibilidade de 90 a 97% na fase aguda da doença. IgG antidengue surge 5 a 7 dias após o início da doença, e maiores títulos na terceira semana, diminuindo gradativamente, conservando uma memória imunológica ou cicatriz sorológica e imunidade soro-específica. É a principal técnica para o diagnóstico laboratorial da dengue, capaz de diferenciar entre infecção primária e secundária. O antígeno NS1 é detectado um dia antes do início dos sintomas até o quinto dia e sua sensibilidade é maior por volta do terceiro dia. Aminotransferases aumentadas, hemoconcentração e plaquetopenia são achados comuns no diagnóstico da dengue e suas complicações. **Métodos:** Trata-se de um estudo descritivo, transversal, qualitativo, não experimental, retrospectivo e reprodutível por outro pesquisador com interesse em ampliar os conhecimentos sobre a temática. O serviço de verificação de óbitos (SVO) de Fortaleza forneceu o arquivo de uma série histórica de óbitos por dengue grave e síndrome do choque da dengue, e a distribuição cronológica ocorreu no período de 2005 a 2012. **Resultados:** Os exames para diagnóstico de dengue em vísceras e tecidos pós-morte apresentaram perfil de sensibilidade heterogênea. Os métodos que empregam isolamento viral e sequenciamento genético podem apresentar sensibilidade reduzida ao exame pós-morte quando comparados ao uso in vivo. O tempo decorrido entre o óbito e o início da necropsia influencia diretamente na permanência de vírus vivos nos tecidos. Técnicas de biologia molecular pela PCR e isolamento viral apresentaram sensibilidade de 37,5 e 40% respectivamente. A detecção de anticorpos IgM apresentou sensibilidade de 49%, haja vista elevar-se a partir do sexto dia do início dos sintomas na primo-infecção, enquanto a gravidade da doença e o óbito podem ocorrer mais precocemente por volta do terceiro ao quinto dia. A sensibilidade da proteína não estrutural NS1 foi de 69%. A imuno-histoquímica foi o método de análise molecular de maior sensibilidade diagnóstica (97%) na identificação de antígenos do vírus da dengue em fragmentos de vísceras e tecidos de necropsias fixadas em formol incluídas em blocos de parafina, conjugada a enzima fosfatase alcalina. **Conclusão:** A técnica de imunohistoquímica é o melhor método de análise diagnóstica para detecção de antígenos do vírus da dengue em estudo de necropsia. No entanto a utilização dos outros métodos complementares corroboram a confirmação dos laudos de verificação de óbito pelo DENV.

207. PERFIL SOCIOEPIDEMIOLÓGICO DE PACIENTES COINFECTADOS COM VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA (HIV) E VÍRUS DA HEPATITE B (VHB) ATENDIDOS NO CENTRO DE HEMOTERAPIA E HEMATOLOGIA DO PARÁ - HEMOPA NO ANO DE 2011

Joyce dos Santos Freitas^a, Rubenilson Caldas Valois^b, Thalissa Chrystine Paixão Brito^b, Lorena de Souza Lima^b

^a Universidade Federal da Paraíba, Belém, PA, Brasil

^b Universidade da Amazônia, Belém, PA, Brasil

Objetivo: O vírus da imunodeficiência humana (HIV) é um fenômeno global instável e tem relação direta com o comportamento humano. O vírus da hepatite B (VHB) causa uma infecção grave e transmissível e cerca de 2 bilhões de pessoas já foram infectadas. A presença do VHB no portador do HIV reveste-se de importância clínica, pois a ocorrência desta coinfeção favorece um pior prognóstico, interferindo na terapêutica aplicada. O objetivo do estudo foi identificar o perfil socioepidemiológico de doadores de sangue coinfectados da Fundação HEMOPA no estado do Pará. **Material e métodos:** Utilizou-se um procedimento técnico documental, com registros pré-existent na Fundação HEMOPA. As fontes de informações foram fichas epidemiológicas de doadores de sangue. Os dados foram coletados nos meses de janeiro a março de 2013. Utilizou-se um questionário socioepidemiológico, investigando os principais fatores de risco para contaminação por HIV, VHB e HIV/VHB. Utilizou-se o programa Microsoft Office Excel®, em seguida o BioEstat® 5.0 para análise descritiva. Para análise foi utilizado o Teste qui-quadrado e Teste G. **Resultados:** Foram utilizadas fichas de doadores reagentes atendidos no período de janeiro de 2011 a dezembro de 2011. Neste período ocorreram 61.296 doações de sangue, sendo um total de 393 doadores reagentes para Anti-Hbc/HbsAg, 208 doadores reagentes para Anti-HIV e 8 doadores reagentes para coinfeção HIV/VHB. A média de idade dos sujeitos foi de 35,7 anos. Quanto ao estado civil, dos 8 coinfectados, 2 (25%) eram casados; apenas 1 (12,5%) era separado/divorciado, 2 (25%) eram solteiros, nenhum paciente coinfectado pertence ao grupo dos viúvos e 3 (37,5%) pertencem ao grupo de união estável. Não foi observada significância estatística para os outros fatores de risco estudados. **Discussão:** Dentre os fatores de risco, a faixa etária demonstrou-se altamente significativa para a infecção do VHB, HIV e Coinfeção HIV/VHB, assim como visto no estudo de Cruz; Shirassu; Martins (2009), onde o perfil epidemiológico dos pacientes com VHB em São Paulo tem prevalência em indivíduos na faixa etária de 30 a 39 anos (28,6%). O aumento verificado com a idade associa-se a comportamentos de risco. O estado civil também foi um fator de risco significativo para a infecção do HIV, VHB e Coinfeção HIV/VHB. Diferente da casuística encontrada na pesquisa de Souza et al. (2004), em que a população de infectados foi composta majoritariamente por indivíduos do sexo masculino (64,8%), com idades entre 25 e 44 anos (75,6%) e solteiros (37,4%). **Conclusões:** Faixa etária e estado civil se apresentaram como sendo fatores de risco relevantes para infecção pelo HIV, VHB e Coinfeção HIV/VHB. Sendo assim, observa-se a importância de medidas preventivas que minimizem a exposição desses indivíduos ao risco de infecção por estes vírus, sendo necessária a criação de políticas públicas e mecanismos de prevenção para conscientizar, orientar e educar a população.

208. CONSTRUÇÃO DE PLASMÍDEO RECOMBINANTE PARA UTILIZAÇÃO COMO CONTROLE POSITIVO DE PCR EM TEMPO REAL NO DIAGNÓSTICO DO VÍRUS LINFOTRÓPICO DE CÉLULAS T DE HUMANOS 1

Jurandy Junior Ferraz de Magalhães, Petrus Thiago Jorge Lopes da Silva, Pablo Ludwig Cavalcanti, Vanessa Teixeira, Paula Machado Ribeiro Magalhães, Patrícia Muniz Mendes Moura

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil

Introdução: O diagnóstico molecular da infecção causada pelo vírus linfotrópico de células T de humanos 1 (HTLV-1) realizado pela detecção do provírus em células brancas do sangue periférico consiste em um importante teste para confirmação de resultados obtidos por ensaios sorológicos, os quais apresentam elevados índices de resultados indeterminados e reações cruzadas. No diagnóstico molecular para de HTLV-1, faz-se necessário um controle positivo para conferir uma melhor confiabilidade sobre a sensibilidade do teste. Nesse contexto, plasmídeos recombinantes contendo sequências de DNA proviral do HTLV-1 poderiam ser empregados como controle positivo da reação, levando a uma melhor padronização da técnica. **Objetivos:** Construir um plasmídeo recombinante para ser usado como um controle positivo interno de um novo protocolo de PCR em tempo real para diagnóstico de HTLV-1 visando aprimorar o limite de detecção e sensibilidade do teste. **Material e métodos:** Foi utilizada a PCR em tempo real com o sistema TaqMan para amplificação de 108pb do gene pol do HTLV-1, que posteriormente foi subclonado em um plasmídeo comercial de acordo com o protocolo do fabricante (TA CloningR Kit with pCR™2.1

Vector). **Resultados:** 10 colônias bacterianas transformadas foram selecionadas para extração do plasmídeo e realização do PCR em tempo real. Dessas, 3 colônias mostraram amplificação da sequência pol do HTLV, que apresentou uma intensidade de fluorescência igual ou maior que o sinal da amostra de controle positivo. **Discussão:** A substituição de células infectadas com HTLV como controle interno por um plasmídeo recombinante é uma estratégia que melhora a sensibilidade, tendo em vista que há uma variação do número de cópias provirais integradas no genoma da célula infectada prejudicando a performance do limite de detecção do teste. **Conclusão:** Deste modo, este estudo desenvolveu um teste que acompanha melhor a definição de diagnóstico do paciente, assim como aprimorou a referida técnica pela construção e emprego de um plasmídeo como controle positivo.

209. VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA DA DENGUE NO ESTADO DO CEARÁ NO ANO DE 2013

Patricia Oliveira Cavalcante^a, Amanda Sâmia Cavalcante Campos^b, Macedonia Pinto dos Santos^c, Kiliana Nogueira Farias da Escóssia^c, Dayane Moreira de Aquino^b, Madalena Isabel Coelho Barroso^c, Daniele Rocha Queiroz Lemos^c, Katyuscia Morais Barros^a

^a Universidade Estadual do Ceará (UECE), Fortaleza, CE, Brasil

^b Universidade de Fortaleza, Fortaleza, CE, Brasil

^c Secretaria da Saúde do Estado do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil

Objetivo: Analisar os aspectos epidemiológicos da dengue no estado do Ceará no ano de 2013. A dengue é uma doença febril aguda, cujo agente etiológico é um vírus do gênero Flavivírus. São conhecidos atualmente quatro sorotipos, antigenicamente distintos: DEN 1, DEN 2, DEN 3 e DEN4. Clinicamente, as manifestações variam de uma síndrome viral, inespecífica e benigna, até um quadro grave e fatal de doença hemorrágica com choque. **Metodologia:** Este estudo se caracteriza como epidemiológico descritivo. Foram utilizadas informações contidas nas fichas de notificação compulsória da dengue, as quais foram fornecidas pela vigilância epidemiológica (VE) da Secretaria Estadual de Saúde do Estado do Ceará (SESA). Foram calculados os coeficientes de incidência por 100.000 habitantes para o período da 1ª semana epidemiológica até a 26ª semana do ano de 2013. A população utilizada foi obtida no Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Foi elaborada uma planilha do Excel com os dados referentes aos casos de dengue, utilizando-se a técnica de dupla verificação. **Resultados:** Foram notificados, 28.856 casos de dengue em 184(100%) municípios. Destes, 9.114 casos foram confirmados em 134(72,8%) municípios, ou seja, uma incidência de 105,90 por 100.000 habitantes. Em relação aos casos graves da doença notificados verificamos 59 casos (com 20 óbitos); 14 ainda estão sendo investigados 42 destes casos foram confirmados (18 com febre hemorrágica da dengue verificando-se 2 óbitos e 24 casos com dengue com complicação, com 5 óbitos). Foi observado que os DENV 1 e DENV 4 foram os vírus circulantes encontrados nos casos. Observou-se que a incidência (por 100000 habitantes) dos casos confirmados por faixa etária foi a seguinte: 116,9 para menores de 1 ano; 67,6 crianças entre 1 e 4 anos; 93,5 de 5 a 9 anos; 97,6 de 10 a 14 anos; 123,4 de 15 a 19 anos; 124,4 de 20 a 29 anos; 128,8 de 30 a 39 anos; 108,6 de 40 a 49 anos; 100,8 de 50 a 59 anos; 75,9 de 60 a 69 anos; 58,4 de 70 a 79 anos; e 46,1 com 80 ou mais. **Discussão:** Observamos que a dengue está bastante presente no Ceará, onde, dos 184 municípios deste estado, 134 têm casos confirmados de dengue, o que mostra a elevada incidência da doença no Ceará. Observou-se que os vírus circulantes são o DENV 1 e 4 e que a faixa etária mais acometida foi a compreendida de 30 a 39 anos. **Conclusão:** A vigilância epidemiológica é de fundamental importância para que se possa ver a evolução da doença, maneiras de preveni-la e controlá-la. A dengue é um problema de saúde pública, portanto, há a necessidade de se gerar dados com qualidade e agilidade para que demandem ações efetivas de prevenção e controle da doença.

210. MANIFESTAÇÕES NEUROLÓGICAS DE DENGUE EM PACIENTES DA REGIÃO CENTRO-OESTE DO BRASIL

Marianna Peres Tassara, Adriana Oliveira Guilarde, Benigno Rocha, Valéria Rezende Féres, Celina Turchi Martelli

Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (IPTSP), Goiânia, GO, Brasil

Dengue é a principal arbovirose no mundo, e constitui-se um grande problema de saúde pública. Sintomas neurológicos graves são pouco relatados. **Objetivo:** Descrever manifestações neurológicas encontradas em uma coorte de pacientes com dengue. **Materiais e métodos:** Pacientes recrutados em hospitais da cidade de Goiânia, de janeiro/ 2005 à julho/ 2006. Dados clínicos foram coletados de protocolo padronizado aplicados em pacientes com suspeita de dengue e presença de sinais neurológicos durante ou após 30 dias do curso da doença. A classificação de dengue foi feita de acordo com critérios da Organização Mundial de Saúde de 1999 e do Ministério da Saúde do Brasil. Os casos foram confirmados laboratorialmente por: (a) isolamento viral ou detecção de RNA por Multiplex-PCR ou PCR em tempo real ou (b) MAC-ELISA IgM. O líquido foi coletado quando não houve contra-indicação para o procedimento. Alteração neurológica foi definida como a presença de pelo menos um sinal/sintoma: parestesia, paresia ou plegia, alteração do nível de consciência (não justificada por hipotensão ou distúrbio hidroeletrólítico), hipertensão intracraniana, irritação meníngea ou convulsão. A análise estatística foi feita usando programa SPSS versão 16.0. **Resultados:** Dentre 710 casos suspeitos de dengue, 498 foram confirmados laboratorialmente. O sorotipo predominante foi o DEN-3. Foram classificados como dengue clássica: 242 (48,6%) pacientes, dengue com complicação: 145 (29,1%) e como Febre Hemorrágica da Dengue (FHD) 111 (22,3%). A incidência de manifestações neurológicas foi de 5,6% (28 /498). As manifestações neurológicas foram: parestesia- 19 (67%); convulsão 2 (7%); meningoencefalite- 2 (7%); encefalopatia- 5 (17%); paresia- 2 (7%) e meningismo- 2 (7%). Parestesia foi o sintoma mais frequente. Dentre os casos neurológicos 21% tinham FHD. A taxa de letalidade foi de 7% ou 2 casos, sendo um de meningoencefalite e outro de encefalopatia hepática com convulsão. **Discussão:** O DEN-3 tem sido o sorotipo mais relacionado à neurovirulência no mundo. Numa coorte brasileira que analisou as características da cefaleia da dengue de 18 pacientes, 13 fizeram PCR no líquido e 6 resultados foram positivos, com 5 casos de DEN-3 e só um DEN-1. Também nesta coorte o DEN- 3 foi o mais envolvido nas manifestações neurológicas. Poucos estudos na literatura relacionam o sorotipo às complicações neurológicas, provavelmente pelo fato de que muitos sintomas neurológicos são tardios, quando não se detecta viremia. **Conclusão:** A maior parte das manifestações neurológicas foram benignas, porém com potencial de gravidade, com casos de óbitos associados à neuropatia.

211. PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA DENGUE NO MUNICÍPIO DE SANTARÉM-PARÁ NO PERÍODO DE JANEIRO DE 2000 A AGOSTO DE 2012

Simone Aguiar da Silva Figueira, Franciane de Paula Fernandes, Fernanda Jaqueline dos Santos Nascimento, Geysiane Rocha da Silva, Ingrid da Silva Leite, Natália Miranda Monteiro, Paula Simone Barbosa Cardoso, Wagner de Sousa Almeida

Universidade do Estado do Pará, Santarém, PA, Brasil

Introdução: A dengue é uma arbovirose transmitida por mosquitos do gênero Aedes, especialmente pelo Aedes aegypti. É originário da África subsaariana e são conhecidos atualmente quatro sorotipos: DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4. A maior incidência da doença ocorre nas áreas urbanas, devido ao modo de vida da população e seus reflexos nos ambientes (Trabulsi, 2008). **Referencial teórico:** É uma doença febril aguda, de etiologia viral e de evolução benigna na forma clássica, e grave quando se apresenta na forma hemorrágica (Ministério da Saúde, 2002). A dengue pode se apresentar, clinicamente, de quatro formas diferentes: dengue clássica, dengue com complicações, febre hemorrágica da dengue e síndrome de choque da dengue (Toledo et al., 2006). **Objetivos:** Identificar o perfil histórico-epidemiológico dos casos de dengue em Santarém-Pará e descrever a caracterização dos casos de dengue pela faixa etária, pela zona mais afetada, classificar os casos de dengue de acordo com o sexo, conhecer o grau de complicação mais incidente e evolução do caso (cura ou óbito). **Metodologia:** Trata-se de um levantamento estatístico quantitativo de caráter retrospectivo, realizado em Santarém no período de janeiro de 2000 a agosto de 2012. A fonte de informações utilizada foi o Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN-Web). **Resultados:** Na análise retrospectiva do número de casos confirmados de dengue, entre 2000 e 2012, totalizaram-se 11157. Observou-se a ocorrência de picos de epidemia nos anos de 2001, 2002, 2008 e 2011; em 2001 foram notificados 5471 casos, em 2002, foram 1171 casos, em 2008 a dengue apresentou 1129 casos da doença e em 2011 apresentou 1281 casos. Quanto à forma clínica de dengue, a mais incidente em Santarém nos

treze anos pesquisados é a forma clássica (11086 casos), a segunda é a febre hemorrágica do dengue (33 casos), a terceira é a dengue com complicações (29 casos) e a menos incidente é a forma síndrome do choque do dengue (2 casos). De acordo com o SINAN, a faixa etária mais atingida é o adulto jovem de 20 a 39 anos (4487 casos) e a que apresentou menos casos foi a faixa de crianças com menos de 1 ano de idade (138 casos). Com relação à variável sexo, a dengue acometeu indivíduos de ambos os sexos, sendo 5856 casos em mulheres e 5301 casos em homens. Em relação à evolução do caso, 11138 casos de cura e 19 casos de óbito. **Considerações finais:** Após as análises das informações obtidas no SINAN, verificou-se que a dengue é uma doença de grande relevância no município. É imprescindível criar melhorias na qualidade das ações da vigilância epidemiológica e das políticas de saúde pública no controle da dengue, tendo a enfermagem um importante papel na execução e participação das intervenções que visem a minimizar os riscos à saúde da população.

212. ANÁLISE DOS GENES VP4, VP6 E VP7 DE ROTAVÍRUS DO TIPO G1 CIRCULANTES NA REGIÃO AMAZÔNICA

Fabiolla da Silva Santos, Caio Breno Gomes Vinente, Sylvania de Fátima dos Santos Guerra, Joana Darc Pereira Mascarenhas, Luana da Silva Soares Farias

Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil

Objetivo: Os rotavírus são responsáveis por cerca de 453.000 mortes anuais, envolvendo principalmente crianças menores de cinco anos residentes em países em desenvolvimento. A combinação G1P[8] representava o genótipo mais associado à diarreia por este agente e atualmente é importante componente das vacinas licenciadas. Tendo em vista tais aspectos, o presente estudo buscou analisar a variabilidade genética dos genes estruturais VP4, VP6 e VP7 dos rotavírus G1 circulantes na região Amazônica antes e após a implantação da vacina antirotavírus. **Material e métodos:** Foram selecionados 30 espécimes fecais obtidos de crianças com diarreia, oriundos de projetos de pesquisa em gastroenterites virais realizados no Instituto Evandro Chagas. Todas as amostras foram submetidas à técnica de reação em cadeia mediada pela polimerase precedida por transcrição reversa (RT-PCR) para amplificação parcial dos genes VP4, VP6 e VP7. Os produtos foram purificados e sequenciados a fim de obter as sequências nucleotídicas e comparadas com aquelas depositadas no banco de genes.

Resultados e Discussão: Foi possível obter o amplicon para os genes VP4 e VP7 em 100% das amostras. Um espécime não amplificou para o gene VP6. As amostras analisadas para o gene VP7 revelaram pertencer a três linhagens diferentes (1, 2 e 9) assim como no estudo realizado por Maranhão et al. (2012) no qual também foram encontradas as linhagens 1 e 2. Todos os espécimes coletados após a introdução da vacina agruparam na sublinhagem 1A. Elas exibiram similaridade nucleotídica entre si variando de 93% a 96%, e, quando comparadas com as amostras vacinais Rotarix® e Rota-teq®, a similaridade variou de 93 a 98% e 89 a 91%, respectivamente. Com relação ao gene VP4, 29 amostras foram identificadas como tipo P[8] (96%) e uma P[6] (4%), corroborando com dados da literatura, os quais demonstram que o tipo G1P[8] é o mais frequente entre as amostras de rotavírus circulantes em todo mundo (Santos & Hoshino, 2005; Leite et al. 2008). Todas as amostras caracterizadas para o gene VP6 pertenceram ao genótipo I1. **Conclusão:** Após a introdução da vacina não se observou a cocirculação de diferentes linhagens dos genes VP7 e VP4 e o genótipo G1-P[8]-I1 foi o mais prevalente, encontrado em 93% dos espécimes (28/30). Os rotavírus apresentam grande diversidade genética, logo, estudos realizados em torno desse patógeno são de grande importância para identificar variantes dentro dos seus genótipos. O monitoramento das amostras circulantes é essencial para avaliar os mecanismos de evolução associados ao genótipo G1, já que o mesmo é componente dos imunizantes utilizados em nosso país.

213. DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DOS GENÓTIPOS G E P DE ROTAVÍRUS CIRCULANTES EM PARAUPEBAS, SUDESTE DO PARÁ

Mayara Jane Miranda da Silva^a, Sylvania Fátima Santos Guerra^b, Alessilva Socorro Lima Oliveira^b, Luana Silva Soares^b, Ian Carlos Gomes Lima^b, Yvone Benchimol Gabbay^b, Alexandre da Costa Linhares^b, Joana D'arc Pereira Mascarenhas^b

^a Iniciação Científica, PIBIC/IEC/CNPq., Belém, PA, Brasil

^b Instituto Evandro Chagas/SVS/MS., Belém, PA, Brasil

Objetivos: Os rotavírus (RV) da espécie A são os principais responsáveis por gastroenterite aguda em crianças menores de 5 anos de idade, ocasionando, em escala global, mais de 450.000 mortes anualmente. O RV possui seu genoma dividido em 11 segmentos de RNA de fita dupla (dsRNA), que codificam 12 proteínas, sendo seis estruturais (VP1-VP4, VP6 e VP7) e seis não estruturais (NSP1-NSP6). As proteínas VP7 e VP4 compõem o capsídeo externo e designam os genótipos G e P, respectivamente, e até o momento foram descritos 27 tipos G e 37 tipos P. A classificação genotípica do RV frequentemente utilizada consiste na combinação binária dos genótipos G e P, sendo os mais frequentes: G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8] e G9P[8]. Em 2006 foi introduzida no programa nacional de imunizações do Brasil a vacina Rotarix™ (monovalente: G1P[8]). Entretanto, mesmo após a introdução desse imunizante, as infecções ocasionadas por RV continuam sendo um desafio à saúde pública. Desta forma, o objetivo do presente estudo foi fazer a detecção e caracterização genotípica de RV circulantes no município de Parauapebas-Pará. **Material e métodos:** Foram coletados 270 espécimes fecais de crianças com gastroenterite aguda no Hospital Yutaka Takeda, Hospital Municipal e Unidade de Saúde de Parauapebas, no período de maio de 2008 a julho de 2013. Essas amostras foram testadas inicialmente por imunocromatografia para a detecção do antígeno de rotavírus. Posteriormente, foi preparada uma suspensão fecal, seguida de extração do genoma viral, Eletroforese em Gel de Poliacrilamida (EGPA), Reação em Cadeia mediada pela Polimerase Precedida por Transcrição Reversa (RT-PCR) e nested-PCR. **Resultado e discussão:** Dos espécimes fecais analisados, 6,3% (17/270) apresentaram positividade para RV, e destes, 35,3% (6/17) foram obtidos de crianças menores de cinco anos, 41,2% (7/17) ocorreram em crianças com idade média de oito anos e houve ainda o registro de quatro (23,5%) casos em adultos. Dos espécimes positivos, 88,2% (15/17) apresentaram o eletroferotipo curto e 11,8% (2/17) longo. As amostras com perfil curto foram caracterizadas como genótipo G2P[4] e as com perfil longo como G1P[8]. Resultados descritos por Mascarenhas et al., (2010) na mesma região demonstraram maior positividade (12,4%), caracterizando-se 90% dos espécimes como G2P[4]. **Conclusão:** Os resultados evidenciam que o genótipo G2P[4] continua sendo o mais prevalente em Parauapebas, região sudeste do Pará. Tal genótipo vem sendo considerado o maior responsável pela maioria das infecções ocorridas na era pós-introdução da vacina. Devido a isso, estudos sobre a diversidade genética do RV com foco para outras regiões do estado são de grande importância, a fim de elucidar a epidemiologia molecular local, assim como detectar o aparecimento de possíveis novas variantes de RV que possam vir a influenciar nas estratégias vacinais ora vigentes.

214. VARIANTE B' DO VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA (HIV) NA PROGRESSÃO DA INFECÇÃO PELO HIV EM PACIENTES COINFECTADOS PELO VÍRUS DA HEPATITE B (VHB)

Viviam Milanez Massolini^a, Bruna Danieli Frazão^b, Natália Mirele Cantão^a, Lenice do Rosário de Souza^a, Giovanna Faria Silva^d, Maria Inês de Moura Campos Pardini^a, Rejane Maria Tommasini Grotto^a

^a Laboratório de Biologia Molecular – Hemocentro, HC, FMB, UNESP, Botucatu, SP, Brasil

^b Universidade Paulista (UNIP), Bauru, SP, Brasil

^c Departamento de Doenças Tropicais e Diagnóstico por Imagem, FMB, UNESP, Botucatu, SP, Brasil

^d Departamento de Clínica Médica, FMB, UNESP, Botucatu, SP, Brasil

Objetivos: A presença da coinfeção pelo HIV e VHB representa importante problema de saúde pública e conduz a um pior prognóstico para ambas as infecções. O prognóstico da infecção pelo HIV já foi relacionado à diversos fatores virais e do hospedeiro. No Brasil, a presença da variante B' do HIV-1, caracterizada pela sequência de aminoácidos GWG no arco da alça V3 da gp120 em substituição à sequência GPG do subtipo B, constitui um dos fatores virais relacionados a melhor prognóstico em mono infectados pelo HIV. No entanto, pouco se conhece sobre a presença desta variante em indivíduos coinfectados pelo VHB, bem como sua associação com a progressão da infecção pelo HIV nestes indivíduos. Desta forma, o objetivo deste estudo foi avaliar a correlação entre a presença da variante B' do HIV em pacientes coinfectados pelo

VHB e sua relação com a progressão da infecção pelo HIV. **Material e métodos:** Foram incluídas neste estudo 114 amostras de pacientes soropositivos para o HIV, as quais foram divididas em dois grupos: Monoinfectados HIV e Coinfectados HIV/VHB. RNA viral extraído de plasma foi utilizado para amplificação por RT-PCR e posterior sequenciamento da região C2-V3 da gp120 do HIV. As sequências obtidas foram utilizadas para inferência do fenótipo do arco da alça V3 utilizando ferramentas de bioinformática. Os dados referentes à progressão da infecção pelo HIV foram analisados utilizando os prontuários médicos dos pacientes. O teste Exato de Fisher foi utilizado para correlacionar as variáveis. **Resultados:** Os resultados obtidos quanto aos monoinfectados pelo HIV demonstraram que os pacientes com fenótipo GWG apresentam um maior tempo entre a infecção e desenvolvimento de AIDS. Os resultados quanto aos coinfectados HIV/VHB demonstraram que não houve diferença estatisticamente significativa ($p > 0,05$) quanto à progressão para AIDS entre as variantes com fenótipo GPG ou GWG. **Discussão:** Estudos já demonstraram que pacientes infectados com a variante B' do HIV apresentam um maior tempo entre a infecção e a progressão para AIDS, conduzindo então a um melhor prognóstico. Os resultados obtidos por este estudo demonstraram que este efeito "protetor" parece ser perdido com a presença do VHB. **Conclusão:** Os resultados demonstraram em caráter inédito que o fenótipo do arco da alça V3 da gp120 do HIV, GWG, não tem influência na progressão para AIDS em pacientes coinfectados HIV/VHB. Novos estudos devem ser conduzidos na tentativa de elucidar os mecanismos que possam estar envolvidos neste processo.

215. ANÁLISE MOLECULAR DOS GENES VP4, VP6 E VP7 DE ROTAVÍRUS DO TIPO G1 CIRCULANTES NA REGIÃO AMAZÔNICA

Fabiolla da Silva Santos, Caio Breno Gomes Vinente, Jainara Cristina dos Santos Alves, Sylvia de Fatima dos Santos Guerra, Joana Darc Pereira Mascarenhas, Luana da Silva Soares Farias

Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil

Objetivo: Os rotavírus são responsáveis por cerca de 453.000 mortes anuais, envolvendo principalmente crianças menores de cinco anos residentes em países em desenvolvimento. A combinação G1P[8] representava o genótipo mais associado à diarreia por este agente e atualmente é importante componente das vacinas licenciadas. Tendo em vista tais aspectos, o presente estudo buscou analisar a variabilidade genética dos genes estruturais VP4, VP6 e VP7 dos rotavírus G1 circulantes na região Amazônica antes e após a implantação da vacina antirrotavírus. **Material e métodos:** Foram selecionados 30 espécimes fecais obtidos de crianças com diarreia, oriundos de projetos de pesquisa em gastroenterites virais realizados no Instituto Evandro Chagas. Todas as amostras foram submetidas à técnica de reação em cadeia mediada pela polimerase precedida por transcrição reversa (RT-PCR) para amplificação parcial dos genes VP4, VP6 e VP7. Os produtos foram purificados e sequenciados a fim de obter as sequências nucleotídicas e comparadas com aquelas depositadas no banco de genes. **Resultados e discussão:** Foi possível obter o amplicon para os genes VP4 e VP7 em 100% das amostras. Um espécime não amplificou para o gene VP6. As amostras analisadas para o gene VP7 revelaram pertencer a três linhagens diferentes (1, 2 e 9) assim como no estudo realizado por Maranhão et al. (2012) no qual também foram encontradas as linhagens 1 e 2. Todos os espécimes coletados após a introdução da vacina agruparam na sublinhagem 1A. Elas exibiram similaridade nucleotídica entre si variando de 93% a 96%, e, quando comparadas com as amostras vacinais Rotarix® e Rota-teq®, a similaridade variou de 93 a 98% e 89 a 91%, respectivamente. Com relação ao gene VP4, 29 amostras foram identificadas como tipo P[8] (96%) e uma P[6] (4%), corroborando com dados da literatura, os quais demonstram que o tipo G1P[8] é o mais frequente entre as amostras de rotavírus circulantes em todo o mundo (Santos & Hoshino, 2005; Leite et al. 2008). Todas as amostras caracterizadas para o gene VP6 pertenceram ao genótipo I1. **Conclusão:** Após a introdução da vacina não se observou a cocirculação de diferentes linhagens dos genes VP7 e VP4 e o genótipo G1-P[8]-I1 foi o mais prevalente, encontrado em 93% dos espécimes (28/30). Os rotavírus apresentam grande diversidade genética, logo, estudos realizados em torno desse patógeno são de grande importância para identificar variantes dentro dos seus genótipos. O monitoramento das amostras circulantes é essencial para avaliar os mecanismos de evolução associados ao genótipo G1, já que o mesmo é componente dos imunizantes utilizados em nosso país.

216. ASPECTOS CLÍNICOS E EPIDEMIOLÓGICOS DA VARICELA EM PACIENTES ATENDIDOS NO HOSPITAL SÃO JOSÉ DE DOENÇAS INFECCIOSAS DE FORTALEZA-CE

Leandro Costa Lima, Hassã Pereira Lemos, Caroline Mary Gurgel Dias Florêncio, Fernanda Edna Araújo Moura

Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

A varicela é uma doença infecto-contagiosa aguda, de alta transmissibilidade, causada pelo vírus varicela-zóster, sendo usualmente diagnosticada na infância e considerada benigna, apesar de apresentar grande potencial de mortalidade e morbidade em indivíduos adultos ou com comorbidades. **Objetivo e métodos:** Descrever as características clínicas e epidemiológicas da varicela nos casos de internamento em Hospital de referência de Fortaleza-CE dos anos de 2009 a 2012. Em ficha padronizada, foram coletados dados da admissão, complicações, internamento e evolução dos pacientes. **Resultados:** Foram analisados no período de estudo 431 casos de varicela, sendo 95 em 2009, 76 em 2010, 154 em 2011 e 106 em 2012. Foi constatado que 72,16% dos casos foram procedentes de Fortaleza e 27,84% de outras cidades, com predomínio de cidades da região metropolitana. A varicela foi observada principalmente entre crianças de 0 a 9 anos, totalizando 64,5% dos casos, sendo afetadas predominantemente as crianças de 0 e 4 anos (47,56%), seguida pela faixa de 5 a 9 anos (16,94%). Os adultos (maiores de 18 anos) compuseram 21,35% dos casos estudados. O tempo de internamento variou de 1 a 42 dias, com média de 9,25 dias. O número de internamentos por varicela apresentou um padrão de sazonalidade no período estudado com pico entre setembro e dezembro e menor número de casos nos meses de abril e maio. Internações sem complicações representaram 20,65% dos casos, com predominância em adultos. As complicações predominantes em quase todas as faixas etárias da população de estudo foram as infecções de pele e partes moles, totalizando 57,77% de todas as complicações. Em pacientes acima dos 50 anos as principais complicações foram as pulmonares. Complicações neurológicas corresponderam a 4,87% dos casos analisados. Foram observados 14 casos (3,25%) que evoluíram para o óbito. Nestes, as principais complicações observadas foram as pulmonares que afetaram 10 dos 14 casos. Os óbitos foram mais frequentes na faixa etária de maiores de 21 anos que correspondeu a 1,86% dos casos analisados. A média do tempo de internamento dos óbitos foi de 5,7 dias, variando de 1 a 27 dias. **Discussão:** A varicela no Ceará comporta-se como uma virose própria da infância, ocorrendo, porém, em qualquer faixa etária. Apresenta distribuição durante todo o ano com pico de casos de internamento em período definido que coincide com estação seca do estado. As infecções de pele e partes moles predominam nas faixas etárias mais jovens, em desacordo com a literatura, e se apresentam como fatores de impacto no tratamento dos pacientes. As complicações pulmonares são mais relacionadas a pacientes adultos e têm grande importância nos casos que evoluem a óbito. **Conclusão:** Diante da caracterização do perfil clínico-epidemiológico da doença, com período e faixa etária de maior incidência definidos, a utilização da vacina apresenta-se como uma alternativa viável para a minimização dos efeitos de morbimortalidade da varicela.

217. DETECÇÃO DE ASTROVÍRUS EM AMOSTRAS FECAIS PROVENIENTES DE CRIANÇAS DE RIO BRANCO, ACRE

Tallyta Barros Medeiros, Luciana Damascena da Silva, Evandro Leite Rodrigues, Maria Silva Sousa de Lucena, Edvaldo Carlos Brito Loureiro, Mônica Cristina de Moraes Silva, Joana Darque Pereira Mascarenhas, Yvone Benchimol Gabby

Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil

Objetivo: Os astrovírus humanos (HAstVs) destacam-se como importante causa de gastroenterite aguda, já tendo sido descritos como responsáveis por surtos e hospitalizações, acometendo principalmente crianças menores de cinco anos de idade e idosos. O objetivo deste estudo foi detectar HAstVs em amostras de pacientes com até cinco anos de idade, no município de Rio Branco, estado do Acre. **Material e métodos:** Foram analisadas 503 amostras fecais de crianças atendidas nas Unidades de Pronto Atendimento dos Distritos I e II em Rio Branco, Acre, durante cinco viagens bimensais (janeiro, abril, junho, agosto e

novembro) realizadas no ano de 2012. Suspensões fecais a 10% foram preparadas em tampão Tris Ca++ pH 7,2. A extração do RNA foi realizada pelo método da sílica. O cDNA foi obtido por transcrição reversa com o uso de iniciador randômico, sendo posteriormente submetido a reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando os iniciadores Mon 269/ Mon 270. **Resultados:** Uma positividade de 4,8% (24/503) foi obtida para HAsTVs, sendo 6,1% (15/244) provenientes de crianças com diarreia e 3,5% (9/259) em menores assintomáticos. No entanto, os casos de diarreia que apresentaram resultados positivos para HAsTVs ocorreram somente nas três últimas viagens (10,8%- 15/139) e, no grupo assintomático, somente nas duas viagens finais (7,0%- 9/129), perfazendo uma positividade de 8,9% (24/268), considerando-se apenas estes intervalos de tempo. Análise dos sintomas clínicos também foi realizada só neste período, verificando-se que, além da diarreia, a febre e o vômito foram observados em 53,3% (8/15) e 13,3% (2/15) entre os casos positivos para HAsTVs e 36,3% (45/124) e 61,3% (76/124) nos negativos para este vírus, respectivamente. Com relação à distribuição mensal, os HAsTVs foram mais detectados em novembro (10,1%-11/109), sendo que sua maior frequência ocorreu entre crianças menores de seis meses (9%-9/99) de idade, seguido daquelas com 12 a 24 meses (4,8%-6/126). Das crianças acometidas por HAsTVs, 58,3% (14/24) tinham como abastecimento de água no domicílio a rede pública, 16,7% (4/24) poços artesanais, 16,7% (4/24) poços escavados/abertos e 8,3% (2/24) rio/igarapé/lago. Vale mencionar que 29,2% (7/24) das mesmas faziam ingestão de água sem nenhum tipo de tratamento. **Discussão:** Este estudo é pioneiro em Rio Branco e a positividade observada (4,8%) foi menor que a prevalência verificada em ambulatórios de Belém (14,7%-45/305) e São Paulo (28,2%-66/234). **Conclusão:** Os dados obtidos nesta pesquisa demonstram a circulação de HAsTVs no município de Rio Branco, Acre, e são importantes para subsidiar possíveis ações em saúde pública no estado.

218. RINOVÍRUS HUMANOS NAS PNEUMONIAS EM CRIANÇAS DE FORTALEZA-CEARÁ

Caroline Mary Gurgel Dias Florêncio^a, Alice Araújo Alves^b, Crister José Ocadaque^b, Fernanda Edna Araújo Moura^a

^a Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

^b Faculdade de Tecnologia Intensiva, Fortaleza, CE, Brasil

Objetivos: 1) Descrever a prevalência dos HRV em pneumonias infantis; 2) Descrever a presença ou não de sazonalidade do HRV; 3) identificar quais os fatores de risco e comorbidades estão relacionados à presença do HRV. **Materiais e métodos:** Aspirados nasofaríngeos foram coletados de crianças com pneumonia atendidas no Hospital Infantil Albert Sabin no período de janeiro de 2011 a outubro de 2012 e submetidos à triagem por imunofluorescência indireta para sete vírus (vírus sincicial respiratório, adenovírus, influenza A e B e parainfluenza 1, 2 e 3). As amostras negativas para este teste foram selecionadas para a reação de Real time- PCR para detecção do HRV. **Resultados:** Um total de 522 aspirados de nasofaringe foram coletados; destes, 425 amostras (81,4%) foram submetidas ao Real- time PCR, sendo o HRV detectado em 142 amostras (33,41%) durante todo o ano, sendo os meses de março e abril os de maior circulação, mas sem correlação com as chuvas. Observou-se que pacientes asmáticos apresentaram sibilância com a detecção do HRV ($p = 0,035$). **Discussão:** O organismo imaturo das crianças as torna vulneráveis às pneumonias e à exacerbação da asma pelos HRV (Jartti et al., 2009). A ausência de sintomatologia específica e de testes diagnósticos práticos para este vírus (Silva, 2012) faz desta doença um desafio em pediatria resultando em medidas equivocadas. Nossos dados mostram que o HRV é detectado durante todo o ano, cocirculando com outros vírus principalmente no período chuvoso. Através do conhecimento da epidemiologia do vírus é possível sugerir a etiologia da doença. A facilidade da transmissão faz com que a presença de familiar com IRA no domicílio seja um importante fator de risco para as crianças (Goya e Ferrari, 2005) como confirmado neste estudo ($p = 0,036$) e estes pacientes sendo asmáticos infectados mostraram exacerbação deste quadro (Jackson, 2010; Gern, 2010) agravando o seu estado clínico geral quando já acometidos pela pneumonia (Miller, 2007). Esse fato faz deste vírus um importante patógeno para a saúde pública (Landa-Cardena, 2012). **Conclusão:** A detecção de HRS em um número significativo de pneumonias negativas para os vírus pesquisados pela imunofluorescência amplia a participação desses agentes na etiologia de infecções respiratórias.

219. CARACTERÍSTICAS CLÍNICO-EPIDEMIOLÓGICAS DE INFECÇÕES POR DENGUE NO ESTADO DO CEARÁ ENTRE 2007 E 2012

Nathalia Ribeiro Pinho de Sousa, Saulo Aires Oliveira

Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

O dengue constitui uma endemia em ascensão no Brasil com frequentes surtos epidêmicos. O estado do Ceará é uma das áreas mais importantes em termos de número de casos notificados dessa patologia. Objetiva-se analisar as características clínico-epidemiológicas dos casos de dengue, verificando os sinais mais comuns encontrados em pacientes com tal morbidade e relatando os grupos de indivíduos com maior relevância na epidemiologia da dengue, no período de 2007 a 2012. Foi realizado um estudo transversal descritivo sobre as características clínico-epidemiológicas dos casos notificados de dengue no período de 2007 a 2012, no estado do Ceará. Utilizou-se como base as variáveis: sexo, faixa etária, classificação final da doença, grau da Febre Hemorrágica da Dengue (FHD), ocorrência de complicações, evolução do agravamento e método diagnóstico. Os dados de notificação foram adquiridos a partir do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN Net). No período analisado foram notificados 227.042 casos de dengue. O método mais usado para diagnóstico foi o clínico-epidemiológico (62%; $n = 141697$), seguido do laboratorial (30%; $n = 68461$). 128965 casos eram do sexo feminino, o que corresponde a 57%. A faixa etária com maior prevalência de casos foi 20-39 anos (37%; $n = 84969$). Dentre os pacientes, 91% ($n = 207316$) apresentaram a forma clássica da dengue, 0,5% ($n = 1190$) tiveram complicações, sendo as plaquetas $< 50.000/mm^3$ e derrames cavitários as mais relevantes, e 0,5% ($n = 1130$) apresentaram FHD, sendo grau II o mais recorrente. 194864 (86%) casos evoluíram para cura e 212 (0,09%) evoluíram para óbito. Em estudo de Vasconcelos et al. (1998), no tocante ao sexo e idade, não houve correlação estatisticamente significativa nos resultados observados em infecção por dengue em Fortaleza, mostrando que o risco independe desses dois fatores. Em relação à apresentação dos casos, a maioria caracteriza-se pela forma mais branda da patologia (dengue clássica), sendo casos de FHD os principais responsáveis pelos óbitos, principalmente os que apresentam complicações como plaquetopenia severa e derrames cavitários. Estes resultados estão em conformidade com a literatura brasileira, o que sugere que existe necessidade de atenção especial para pacientes que apresentam tais sintomas. Quanto ao diagnóstico, Barros et al. (2008) mostraram que, mesmo em surtos de dengue, é fundamental que sejam realizados testes laboratoriais específicos para confirmação da doença, como sorologia para IgM em pacientes com clínica indicativa. Assim, percebe-se a necessidade de se atribuir atenção diferenciada a pacientes com dengue, visto que a implementação de procedimentos corretos em relação a esses pacientes diminui a taxa de complicações dos quadros e mortalidade por dengue. Quanto às informações apresentadas neste estudo, houve convergência com outros achados brasileiros, embora haja diferenças relativas ao período entomológico e epidemiológico sobre o qual cada estudo foi conduzido.

220. ACIDENTE VASCULAR CEREBRAL ISQUÊMICO E SÍNDROME DO ANTICORPO ANTIFOSFOLÍPIDE ASSOCIADO À VARICELA EM CRIANÇA

Mirella Alves Cunha, Lúcia Andrade, Jaques Sztajnbock

Instituto de Infectologia Emílio Ribas, São Paulo, SP, Brasil

Objetivos: Relatar caso clínico de varicela, associada à vasculite do SNC e fenômeno trombótico. **Material e métodos:** Descrição de caso clínico. **Resultados:** Relato de caso. Paciente do sexo feminino, três anos, natural e procedente de São Paulo/SP. Após 11 dias da admissão, a criança começou a apresentar lesões vesiculares, predominando em tronco e face, que evoluíram para crostas. Após seis dias, evoluiu com queda do estado geral e sonolência. Manteve os mesmos sintomas, até que, após dois dias, teve episódio de crise convulsiva tônico-clônica generalizada. Evoluiu com nova crise convulsiva no dia da admissão. Ao exame, apresentava-se sonolenta, pupilas isocóricas e fotorreagentes, sem sinais de irritação meníngea ou sinais déficits focais, Glasgow pediátrico 13. Sem demais alterações no exame físico. TC de crânio da entrada com descrição de lesão hipotenuante temporal direita com efeito expansivo regional. Exame do LCR: límpido; células: $9/mm^3$ (linfomono: 89%; Polimorfo: 11%); hemácias: $5/mm^3$, proteínas totais: 49 mg/dL, glicose: 50 mg/dL. Ressonância

evidenciou lesões em córtex e substância branca subcortical de giro frontal superior e lobos temporal e frontal à direita. Angiorressonância sem alterações. Anticorpos anticardiolipina IgM e IgG reagentes. Foi tratada com aciclovir durante 21 dias com melhora do quadro, tendo alta assintomática. **Discussão:** O vírus Varicella-Zóster (VZV) pode estar relacionado a várias apresentações clínicas de comprometimento do sistema nervoso central (SNC), incluindo vasculopatia de grandes e pequenos vasos, com apresentação de acidente vascular cerebral (ou síndrome like). A infecção pelo vírus Varicella-zóster está envolvida com várias complicações neurológicas, incluindo ataxia pós-infecciosa, mielite, encefalite e acidente vascular cerebral. Eventos trombóticos, como púrpura fulminans, também têm sido relatados em crianças previamente hígidas, que desenvolvem varicela e apresentam deficiência transitória de proteína S ou presença de anticoagulante lúpico. Neste relato, a paciente apresentou rebaixamento do nível de consciência associado a imagem de tomografia e ressonância sugestivas de lesão isquêmica. Apresentou ainda anticorpos anticardiolipina-reagentes. Apesar de não termos os valores do exame após o evento infeccioso, aventamos que esta seja uma alteração transitória que contribuiu para o evento trombótico, caracterizando a síndrome do anticorpo antifosfolípido. Aventamos ainda que a vasculopatia relacionada ao VZV pode ter contribuído para a apresentação clínica. A presença de estenose à angiografia é útil no diagnóstico de vasculopatia relacionada ao vírus Varicella-zóster. Porém, a ausência deste achado, como no exame da paciente, não exclui o diagnóstico, uma vez que somente pequenas artérias podem estar envolvidas e a oclusão pode não ser demonstrada. **Conclusão:** Eventos vasculares em crianças podem estar relacionados ao VZV, ocorrendo em situações protrombóticas transitórias.

221. SÍNDROME HEMOFAGOCÍTICA (HLH) ASSOCIADA À INFECÇÃO POR CMV EM PACIENTE COM AIDS EM TRATAMENTO PARA NEUROTOXOPLASMOSE

Mirella Alves Cunha^a, Francisco Tomaz Medeiros Oliveira^a, Lúcia Andrade^a, Jaques Sztajnbock^a

^a Instituto de Infectologia Emilio Ribas, São Paulo, SP, Brasil

^b Hospital Beneficência Portuguesa, São Paulo, SP, Brasil

Objetivos: Relatamos um caso de Síndrome hemofagocítica associada a AIDS e infecção pelo CMV, em paciente com neurotoxoplasmose. **Material e métodos:** Descrição de caso clínico. **Resultados: Relato de caso:** Paciente masculino, AIDS de longa data em tratamento irregular, apresentava à admissão hemiplegia direita e sonolência. TC de Crânio mostrou hemorragia intraparenquimatosa encefálica. Adotado tratamento conservador, evoluiu internado em enfermaria com oscilação do nível de consciência. Optou-se por iniciar tratamento empírico para neurotoxoplasmose, com melhora clínica e radiológica e normalização do nível de consciência. Durante evolução, verificou-se pancitopenia. Apresentava ainda hepatoesplenomegalia, hiperferritinemia, hipertrigliceridemia, hemofagocitose medular com aumento do número de macrófagos, febre, o que caracteriza síndrome hemofagocítica. Sorologia CMV IgM+. Iniciou tratamento com Ganciclovir, apresentando melhora progressiva. Evoluiu estável e recebeu alta com manutenção da hemiplegia à direita e em processo de reabilitação neurofuncional. **Discussão:** A Síndrome hemofagocítica (HLH) é caracterizada por desregulação da atividade de células natural-killer, que resulta em hemofagocitose descontrolada e produção exagerada de citocinas. Pode ser primária ou secundária, associada a doenças autoimunes, neoplasias e infecções. Das etiologias virais, a mais frequente é a infecção pelo vírus Epstein-barr, mas outros vírus herpes também podem estar relacionados. Apesar de geralmente não ser possível desvincular as doenças oportunistas, a infecção pelo HIV por si só tem sido relacionada a HLH. O paciente do caso apresentava infecção pelo HIV com alta viremia, o que pode ter contribuído para a apresentação clínica/laboratorial da síndrome. No caso em questão, o desenvolvimento da síndrome hemofagocítica concomitante à positividade da sorologia (IgM) para CMV (negativa na internação hospitalar) e a resposta terapêutica ao Ganciclovir nos permitem atribuir à infecção pelo CMV o quadro de HLH. O tratamento da síndrome geralmente envolve terapia imunossupressora, incluindo dexametasona, ciclosporina e etoposídeo. Nos relatos associados ao CMV, o tratamento específico com antivirais geralmente é curativo. Neste caso relatado, também houve melhora completa clínica e laboratorial após tratamento com Ganciclovir. **Conclusão:** Deve-se

estar atento para a ocorrência de síndrome hemofagocítica em pacientes com infecção pelo HIV, especialmente na vigência de outros processos infecciosos, como infecção pelo CMV. Identificar e tratar a doença de base é fundamental para o desfecho positivo do caso.

222. CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DO GENE QUE CODIFICA PARA A PROTEÍNA ESTRUTURAL VP2 DE RV-A DOS GENÓTIPOS G2 E G9, ANTERIORES E POSTERIORES À INTRODUÇÃO DA VACINA ORAL DE ROTAVÍRUS HUMANO (VORH) PELO PROGRAMA NACIONAL DE IMUNIZAÇÕES (PNI) NO BRASIL.

Josué de Souza Pinto Filho^a, Sylvania de Fátima dos Santos Guerra^b, Alessilva do Socorro Lima Oliveira^b, Mayara Jane Miranda Silva^a, Luana da Silva Soares^b, Yvone Benchimol Gabbay^b, Alexandre da Costa Linhares^b, Joana Pereira Mascarenhas^b

^a Iniciação Científica, PIBIC/IEC/CNPq., Belém, PA, Brasil

^b Instituto Evandro Chagas/SVS/MS., Belém, PA, Brasil

Objetivo: O rotavírus (RV) é o principal agente causador de diarreia aguda em crianças menores de 5 anos de idade, ocasionando aproximadamente 450.000 mortes anuais. Sua estrutura é composta por 12 proteínas: 6 estruturais (VP1-VP4, VP6-VP7) e 6 não estruturais (NSP1-NSP6). A proteína VP2 está em maior quantidade no core viral, possui 9 genótipos (C1-C9) e participa do processo de replicação do vírus, mantendo ligação tanto com a VP1 quanto com a VP3. Os genótipos G2 e G9 da VP7 são os mais prevalentes na região norte, demonstrando assim a importância de um contínuo monitoramento dos mesmos. O objetivo do presente estudo foi determinar e caracterizar os genótipos da VP2 associados aos genótipos G2 e G9 de RV-A. **Material e métodos:** Foram selecionadas amostras do genótipo G2 e G9 obtidas antes e após a introdução da vacina oral de rotavírus humano (VORH) pelo Programa Nacional de Imunizações (PNI). Foi extraído o dsRNA de 37 amostras, sendo 21 do genótipo G9 e 16 G2, sendo posteriormente submetidas à técnica de Reação em Cadeia Mediada pela Polimerase precedida por transcrição reversa (RT-PCR). Os produtos obtidos foram purificados e sequenciados, comparando-se as sequências obtidas com outras de VP2 disponíveis no Banco de Genes, seguido de análise filogenética no programa MEGA5. **Resultados:** A análise filogenética foi realizada em 37 amostras, sendo 21 do genótipo G9 e 16 do G2. Todas as amostras G2 agruparam no genótipo C2 de VP2 com grau de similaridade entre 100% e 90%, apresentando bootstrap de 100%, enquanto que, entre as amostras G9, 2 agruparam no genótipo C2 e 19 foram similares ao genótipo C1 com similaridade entre 100% a 89,3% e bootstrap de 99%. As amostras dos períodos pré e pós-vacinal agruparam nos mesmos genótipos. **Discussão:** No presente estudo observou-se que as amostras agruparam nos genótipos C1 e C2 da VP2, estando as amostras G2 agrupadas no genótipo C2, como descrito por Ghosh et al (2011) e Maestri et al. (2012), estudos estes que relataram o agrupamento de amostras G2P[4] no genótipo C2 da VP2. Já para o genótipo G9, 19 amostras agruparam no genótipo C1, assim como nos estudos desenvolvidos por Than et al. (2013) e Nyaga et al. (2013) que observaram resultados semelhantes. Contudo, duas amostras de G9, associadas ao P[4], agruparam na linhagem C2, genótipo este mais comum para RV tipo G2P[4], sendo tal resultado já observado por Nyaga et al. (2013) com o genótipo G9P[6]. **Conclusão:** Estudos envolvendo a caracterização molecular de RV-A são importantes, tanto para o monitoramento de amostras circulantes quanto para identificar a presença de novos genótipos ou variantes genéticas, principalmente no cenário pós-implantação da vacina, o qual pode sofrer interferências em longo prazo devido a tal diversidade.

223. PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA DENGUE EM UM MUNICÍPIO DO ALTO SERTÃO PARAIBANO NO PRIMEIRO SEMESTRE DE 2013

Carina Maria Rabelo de Almeida^a, Gabriela de Brito Cândido Gomes^a, Djanino Fernandes da Silva^a, Francisco Bruno Santana da Costa^a, Zildete Vieira Pedrosa Gomes^a, Emmanuelle Lira Cariry^a, Roseanny Marques de Queiroga^b, Eduardo Matheus de Oliveira Távora^a

^a Universidade Federal de Campina Grande, Cajazeiras, PB, Brasil

^b Faculdade Santa Maria, Cajazeiras, PB, Brasil

Justificativa e objetivo: A dengue, doença febril causada por um vírus do gênero *Flavivirus* e transmitida através do *Aedes aegypti*, representa um desafio para a saúde pública. Esta pesquisa tem por objetivo identificar o perfil epidemiológico dessa virose durante o primeiro semestre de 2013 em Cajazeiras, um dos municípios prioritários do Estado para o Programa Nacional de Controle da Dengue. **Metodologia:** Trata-se de um estudo epidemiológico do tipo descritivo retrospectivo, tendo como base as notificações de dengue no período de janeiro a junho de 2013 no município de Cajazeiras, localizado no alto sertão paraibano. Os dados foram obtidos no Sinan Net, conforme as variáveis município de residência, mês de notificação, sexo, faixa etária, IgM, classificação e critério de encerramento. Para tabulação e mapeamento de dados foram utilizados os programas TabWin e Excel. A análise dos dados foi realizada segundo estatística descritiva simples. **Resultados:** Foram notificados 604 casos, destes 10,4% ocorridos em Janeiro, 30,1% em Fevereiro, 27% em Março, 18% em Abril, 12% em Maio e 2% em Junho. A frequência por faixa etária varia significativamente: 0-14 anos (4,8%); 15-19 anos (13,4%); 20-34 anos (41,7%); 35-49 anos (23,7%); 50-64 anos (12,4%); 65-79 anos (3,2%). Quanto ao tipo, 75,9% casos foram classificados como dengue clássica e 0,16% como febre hemorrágica da dengue. Referente ao critério de encerramento, 66,2% foram encerrados como clínico epidemiológico e 12,41% como laboratorial. Casos inconclusivos e descartados totalizaram 24% das notificações no período estudado. **Discussão:** Observa-se que a dengue apresenta um padrão sazonal de maior incidência nos meses de elevado índice pluviométrico e de altas temperaturas, conforme constatado em Fevereiro (30,1%), Março (27%) e Abril (18%). A frequência de notificações nas faixas etárias de 0-14 anos e 15-19 anos é relativamente baixa e pode ser atribuída à subnotificação, visto que em faixas etárias pediátricas há imprecisão no diagnóstico diferencial entre dengue e outras viroses. Percebeu-se elevação exponencial do número de notificações nos 6 primeiros meses de 2013, em comparação com o biênio 2011-2012, no qual foram notificados 110 casos. Tal aumento ocorreu após capacitação dos profissionais de saúde em manejo clínico e classificação de risco para a dengue, possibilitando melhor condução diagnóstica e terapêutica. O critério clínico epidemiológico se sobressaiu em virtude da inviabilidade de realizar sorologia pelo tempo de início dos sintomas na ocasião do atendimento, sendo a investigação encerrada com base na identificação de áreas de maior foco de vetores através do índice de infestação predial. **Conclusão:** As observações colhidas podem ser úteis na elaboração de estratégias de enfrentamento, controle e planejamento no município estudado. Salienta-se a necessidade de implementar medidas em educação continuada visando uma assistência de qualidade e conhecimento da epidemiologia loco-regional.

224. PERFIL CLÍNICO E EPIDEMIOLÓGICO DE CRIANÇAS E ADOLESCENTES INTERNADOS COM SUSPEITA DE DENGUE EM HOSPITAL DE REFERÊNCIA DO CEARÁ NO ANO DE 2008

Roberto da Justa Pires Neto, Eloilda Maria de Aguiar Silva, João Gabriel Colares Silveira, Roberto César de Carvalho Filho, Antônio Carlos de Carvalho Monteiro, Beatrice Cavalcanti Seabra, Giselle Vasconcelos Liberato, Wallace William da Silva Meireles

Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

Objetivos: A partir de 2003, o Brasil passou a conviver com casos mais graves da dengue acometendo crianças e adolescentes. Esta mudança de perfil epidemiológico e clínico da dengue em nosso país tem representado um desafio aos profissionais de saúde que atendem pacientes principalmente nas unidades de emergência. O objetivo deste trabalho é analisar as características clínicas e epidemiológicas dos casos de dengue acometendo crianças e adolescentes atendidos em emergência e submetidos à internação em hospital de referência em doenças infecciosas do Estado do Ceará. **Material e métodos:** Ao todo foram internados 213 casos de crianças e adolescentes (< 18 anos) com suspeita de dengue, em 2008, no Hospital São José de Doenças Infecciosas. Este estudo retrospectivo analisou, através de revisão de prontuários, os 100 primeiros casos suspeitos de dengue acometendo crianças e adolescentes internados no HSJ no ano de 2008. **Resultados:** Somente 95 prontuários foram analisados. Quatro prontuários não foram localizados e em uma das internações a suspeita inicial de dengue não se confirmou. A maioria dos pacientes era do sexo feminino (59/95) e oriunda de Redenção (21/95), Fortaleza (17/95), Aracoiaba (15/95) ou Caucaia (9/95). Quarenta e nove pacientes foram admitidos com suspeita de febre hemorrágica do dengue (FHD); no

entanto, o número de pacientes diagnosticados com FHD subiu para 68 durante o período de internação. Os sintomas e sinais mais frequentes à admissão foram: febre (95/95), vômito (81/95), dor abdominal (81/95), rash (72/95), sangramento (68/95), cefaleia (65/95), adinamia (56/95), mialgia (55/95), derrame pleural (37/95), ascite (33/95), edema (29/95), diarreia (25/95) e hepatomegalia (19/95). Prova do laço foi realizada em 23 pacientes (24,2%), sendo que em 15 o exame foi positivo. Transfusão de hemoderivados foi realizada em 9 pacientes. Oito pacientes necessitaram de cuidados em unidade de terapia intensiva (UTI). Confirmação sorológica de dengue (IgM positivo) foi obtida de 60 pacientes. Em relação ao desfecho, 93 receberam alta e 2 foram transferidos para outro hospital. **Discussão:** Observa-se que predominaram as internações de pacientes do sexo feminino, sendo a maior parte dos casos composta por pacientes não oriundos da capital cearense. Quanto à classificação do tipo de dengue, houve destaque para FHD (71,57%). Não ocorreram óbitos. **Conclusão:** Este trabalho evidencia a importância do atendimento especializado para casos de dengue grave envolvendo crianças e adolescentes em unidade de referência.

225. MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF DENGUE VIRUS TYPE 1 IN RIBEIRÃO PRETO IN 2011-2012 BASED ON SEQUENCE OF THE E PROTEIN GENE

Adriana Moreira Soares, Alberto Anastacio Amarilla, Victor Hugo Aquino

Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

Introduction: Dengue is the most important mosquito-borne viral disease worldwide. Dengue virus (DENV) is a member of the genus *Flavivirus* and family *Flaviviridae*. DENV includes four antigenically related viruses named dengue virus type 1 to 4 (DENV 1-4). Each of the four serotypes is able to cause disease with a full spectrum of clinical manifestation. DENV-1 is composed of five genotypes: genotype I is represented by viruses of Taiwan and Thailand; genotype II is represented by viruses of Thailand; genotype III is represented by strains of Malaysia; genotype IV is represented by viruses of Southeast Asia, South Pacific and Australia and genotype V is represented by viruses of America, Africa and Southeast Asia. Considering that Ribeirão Preto is an endemic city for this disease, it is of great importance to monitor the circulating viruses, which would allow the identification of new serotypes or subtypes that could be related to most severe cases of the disease. Phylogenetic analysis also allows a better assessment of the pattern of migration and evolution of these viruses. **Objective:** The objective of this study was to study the molecular epidemiology of DENV-1 in Ribeirão Preto in 2011 and 2012 based on sequence of the E protein gene. **Methods:** In this study, eight dengue viruses isolated in Ribeirão Preto in 2011 and 2012 using C6/36 cells were analyzed. The isolations were confirmed by real-time RT-PCR and by indirect immunofluorescence using monoclonal antibody. The E protein gene of the viruses was amplified by RT-PCR, purified and sequenced. Sequences were analyzed and aligned with the BioEdit and the MEGA 5.05 softwares. Based on the alignment, a phylogenetic tree was constructed using the Neighbor-joining method. **Results:** The phylogenetic analysis showed that DENV-1 isolated in Ribeirão Preto corresponds to genotype V of DENV-1. **Conclusion:** They are closely related to other Brazilian DENV-1 isolates.

226. ANÁLISE CLÍNICO-EPIDEMIOLÓGICA DE CRIANÇAS DE 0 A 5 ANOS COM GASTROENTERITE POR ROTAVÍRUS NO MUNICÍPIO DE RIO BRANCO, ESTADO DO ACRE

Mayara Annanda Oliveira Neves, Mônica Cristina de Moraes Silva, Edvaldo Carlos Brito Loureiro, Yvone Benchimol Gabbay, Rita Uchoa Silva, Luana da Silva Soares, Luciana Damascena da Silva, Joana D'arc Pereira Mascarenhas

Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil

Objetivos: Em 2005, um surto de doença diarreica aguda (DDA) foi registrado no estado do Acre, com 28.682 casos notificados em um período de 10 meses, a maioria na capital Rio Branco, sendo 18.738 casos (65,3%) na faixa etária de crianças menores de 5 anos. Do total de 902 amostras de fezes coletadas, 74,9% foram positivas para rotavírus (RV). O objetivo do presente estudo foi detectar e analisar o perfil clínico-epidemiológico da infecção por RV em crianças com idade inferior a 5

anos no município de Rio Branco, Acre. **Material e métodos:** Mediante assinatura do termo de consentimento livre e esclarecido, espécimes fecais foram coletados de crianças menores de cinco anos no ano de 2012, sintomáticos ou não para gastroenterite, provenientes da Unidade Ambulatorial. A investigação do perfil clínico-epidemiológico foi realizada com base em um questionário respondido pelos pais seguido de identificação de RV pelo teste de imunocromatografia. **Resultados:** Uma positividade de 11,72% (60/512) foi observada para RV, sendo que dos casos positivos, 21 (35%) foram do gênero feminino e 39 (65%) masculino, 43 (71,7%) possuíam renda mensal inferior a dois salários e 11 (18,3%) praticavam aleitamento materno. Com relação à faixa etária, 53,3% (32/60) tinham entre 6 e 24 meses, sendo um total de 52 (86,4%) crianças vacinadas pela vacina oral de rotavírus humano (VORH). Destas, 15 (25%) receberam apenas 1 dose. Quanto aos aspectos clínicos, 41 (68,3%) relataram febre, 33 (55%) vômito e 60 (100%) apresentaram diarreia com mais de 3 episódios/dia. **Discussão:** Apesar da diminuição das taxas de mortalidade infantil, as DDA continuam constituindo um grave problema de saúde pública nos países onde existem desigualdades na distribuição de renda, na qualidade da assistência nos serviços de saúde à população e das condições precárias nas áreas habitacionais e sanitárias. No estudo, baseado nas amostras positivas, os dados relacionados à faixa etária foram concordantes com a maioria das pesquisas, que afirmam que é na faixa entre 6 e 24 meses que se observa maior infecção por RV. Um total de 86,4% das crianças vacinadas apresentaram DDA por RV. Este fato pode estar relacionado à presença de cepas circulantes não atingidas pela VORH e/ou possivelmente devido à imunização incompleta, já que estudos comprovam que a vacina é eficaz na prevenção de doença por RV da cepa G1, mostrando que há proteção cruzada para outras cepas (G2, G3, G4 e G9). **Conclusão:** Várias características epidemiológicas e clínicas associadas ao RV concluem que o uso da vacinação como a intervenção de saúde pública primária é de fundamental importância. Contudo, definir a etiologia e o comportamento deste agravo na população infantil é essencial haja vista a construção de indicadores epidemiológicos que possibilitem a implementação de políticas públicas que contemplem essa população.

227. VACINA ORAL DE ROTAVÍRUS HUMANO (ROTARIX™) EM CRIANÇAS DE 0 A 5 ANOS NO MUNICÍPIO DE RIO BRANCO, ACRE: ANÁLISE DOS DADOS VACINAIS

Mayara Annanda Oliveira Neves, Mônica Cristina de Moraes Silva, Edvaldo Carlos Brito Loureiro, Yvone Benchimol Gabbay, Euzeni Costa de Menezes; Luana da Silva Soares, Izabel Carvalho Rodrigues, Joana D'arc Pereira Mascarenhas

Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil

Objetivos: Em 2005, um surto de doença diarreica aguda (DDA) foi registrado no estado do Acre, a maioria na capital Rio Branco, com 18.738 casos (65,3%) na faixa etária inferior a 5 anos. Em março de 2006 foi introduzido no calendário básico de imunizações do Brasil a vacina oral de rotavírus humano (VORH). Tal vacina é monovalente, composta por cepa de rotavírus humano G1P[8] (Rotarix™), a qual obteve resultados satisfatórios contra gastroenterite grave e hospitalização por rotavírus (RV). Desta forma, o objetivo do estudo foi avaliar qual o panorama atual dos casos de DDA por RV após a implantação da vacina Rotarix™ no município de Rio Branco, Acre. **Materiais e métodos:** Trata-se de um estudo epidemiológico, observacional analítico, baseado na análise dos dados vacinais, referentes à VORH. Mediante assinatura do termo de consentimento livre e esclarecido foi submetido um questionário aos responsáveis pelos menores durante um estudo realizado no município de Rio Branco, Acre, no ano de 2012. Durante o período do estudo foram coletados materiais de 512 crianças de 0-5 anos, sintomáticos ou não para gastroenterite. Para a pesquisa do agente etiológico nos casos diarreicos foi utilizado o teste de imunocromatografia. **Resultados:** A análise das 512 fichas clínicas-epidemiológicas demonstra que 440 (86%) crianças receberam a vacina e 72 (14%) não haviam sido vacinadas. Dentre as vacinadas, 75 (16,7%) receberam apenas 1 dose, não completando o esquema vacinal. Com relação à faixa etária, 229 (44,7%) tinham entre 6 e 24 meses. Deste total, 60 (11,7%) crianças foram infectadas por RV, sendo 52 vacinadas, porém, 15 destas crianças receberam apenas 1 dose. **Discussão:** Sabe-se que, como para qualquer vacina, uma resposta imune protetora pode não ser induzida em todos os vacinados, especialmen-

te devido à imunização incompleta prevista para aplicação de duas doses. Um total de 86,4% das crianças vacinadas apresentaram DDA por RV. Este fato pode estar relacionado à presença de cepas circulantes não atingidas pela VORH e/ou possivelmente devido à imunização incompleta, já que estudos comprovam que a vacina é eficaz na prevenção de doença por RV da cepa G1, mostrando que há proteção cruzada para outras cepas (G2, G3, G4 e G9). Vale ressaltar que todos os pacientes eram procedentes da unidade ambulatorial. **Conclusão:** Diante da relevância epidemiológica da rotavírus, a introdução da vacina foi uma aquisição extremamente importante no calendário vacinal, sendo um grande avanço no sentido de prevenir as doenças diarreicas graves em nosso país. Desde 2006, após o elevado número de casos no surto ocorrido em 2005 em Rio Branco/Acre, a vacina apresentou-se como a única estratégia de combate no que diz respeito ao declínio substancial de novas infecções, ressaltando o seu potencial para salvar vidas.

228. RELATO DE CASO: INFECÇÃO CONGÊNITA POR DENGUE EM GRAVIDEZ GEMELAR

Soraya de Paula Almeida Rezende^a, Erval Antonio de Rezende^b, Fabiana Cardoso Ferreira^a, Danielle Souza de Andrade^a, Samoel Queiroz Machado Filho^a, Sayonara Machado de Jesus^a, Gabriela Freitas Garcia^a, Rebeca Coelho Lichotti^a

^a Universidade Iguazu (UNIG), Itaperuna, RJ, Brasil

^b Hospital São Vicente de Paulo, Bom Jesus do Itabapoana, RJ, Brasil

A dengue é uma doença aguda transmitida por um vírus da família Flaviviridae, cujo vetor é o *Aedes aegypti*. Os sintomas na gestante e no recém-nascido variam: em geral, febre e trombocitopenia. O presente trabalho descreve uma paciente, C.O.A., 32 anos, sexo feminino, admitida com quadro de febre hemorrágica. Ao exame, hipocorada (+/4+), desidratada, febril, com petéquias em abdômen, prurido, gengivorragia. Exames laboratoriais: Leucócitos 2.870/uL, plaquetas 11.000/mm³, hematócrito 33%, ureia 11,7 mg/dL, creatinina 0,9 mg/dL. Exame obstétrico: gestação 4 parto 1 aborto 1, gestação de 36 semanas e cinco dias, batimentos cardíacos fetais primeiro gemelar - 144bpm, batimentos cardíacos fetais segundo gemelar - 136bpm. Paciente encaminhada ao centro de terapia intensiva, onde foi submetida a sucessivas transfusões de plaquetas devido à queda significativa destas (5.000/mm³). No quarto dia de internação apresentou crises convulsivas e evolução para parto vaginal. Sorologia para dengue confirmada. Recém-nascidos encaminhados para unidade de terapia intensiva neonatal. Primeiro gemelar: sexo feminino 2125g, 47 cm, Apgar 1'5, 5'8. Plaquetas 201.000/mm³ ao nascer, permanecendo acima da média. Alta após 12 dias. Segundo gemelar: sexo masculino, 1535g, 44 cm, Apgar 1'7, 5'9. Plaquetas 103.000/mm³, evoluindo com plaquetopenia 43.000/mm³, e posteriormente atingindo 117.000/mm³. Alta após 16 dias. Na puerpera, novos exames revelaram: leucócitos 7.500/uL, hematócrito 26%, plaquetas 185.000/mm³, ureia 15,8 mg/dL, creatinina 0,7 mg/dL, e após 10 dias evoluiu com alta médica. O principal resultado encontrado foi a identificação viral de dengue congênita confirmada em ambos gemelares. Este resultado mostra que com o aumento do número de casos de dengue, as gestantes tornam-se mais suscetíveis à infecção. A conduta mais adequada quando há suspeita diagnóstica de dengue na gravidez é a conservadora, não antecipando o parto. Na presença do parto iminente, o recém-nascido deve ser cuidadosamente acompanhado em sua evolução clínica até a segunda semana de vida.

229. IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ADENOVÍRUS ISOLADOS DE CASOS DE PARALISIA FLÁCIDA AGUDA, OCORRIDOS NA REGIÃO NORTE DO BRASIL, RECEBIDOS NO INSTITUTO EVANDRO CHAGAS/SVS NO PERÍODO DE 1998 A 2012

Jainara Cristina dos Santos Alves, Jessylene de Almeida Ferreira, Ana Lucia Monteiro Wanzeller, Edivaldo Costa Sousa Junior, Mirleide Cordeiro dos Santos, Alexandre da Costa Linhares, Fernando Neto Tavares

Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil

Objetivo: O presente estudo teve como objetivo a identificação e caracterização molecular de Adenovírus isolados de casos de paralisia flácida aguda (PFA) ocorridos na região norte do Brasil. **Material e métodos:** Foram recebidas 1398 amostras fecais no Laboratório de Enterovírus do Instituto Evandro Chagas (IEC), provenientes de casos de paralisias flácidas agudas que ocorreram no norte Brasil, durante o período de 1998 a 2012. Desse total, 19 apresentaram efeito citopático característico de adenovírus em cultivos de células HEp2-C (Carcinoma Epidermóide de Laringe Humana) e L20B (Células de rim murino modificada, com receptor para poliovírus), utilizadas na Rede Nacional de Vigilância para poliovírus no IEC. As amostras isoladas foram analisadas por técnicas de biologia molecular que compreenderam três etapas principais: a) extração do ADN viral do sobrenadante celular pelo kit QIAamp DNA Stool Mini kit (QIAGEN), de acordo com o protocolo descrito pelo fabricante; b) detecção do ADN viral pela técnica de reação em cadeia mediada pela polimerase em tempo real (qPCR); c) sequenciamento parcial do gene codificador da proteína hexon de superfície. **Resultados:** Dos 19 casos positivos em cultivos celulares caracterizados por células arredondadas que se iniciam com formação de "cachos" celulares e avançando com uma retração da monocamada que em seguida se destacam da superfície da cultura, 14 foram confirmadas por qPCR, sendo que 5 não se confirmaram no tempo real. Após o sequenciamento foi possível caracterizar uma amostra como HAdF-41; 3 como HAdA-31e 10 da espécie C, sendo (3 HAdC-5 e 7 HAdC-6). As amostras positivas são provenientes dos estados do Pará (7/14-50%), Amazonas (06/14-42,8%) e Acre (01/14-7,2%), não sendo detectadas amostras positivas nos demais estados da região norte. As crianças menores de 5 anos foram as mais acometidas, com uma positividade de 92,8% (13/14). O sexo masculino predominou apresentando 8 casos (57.1%); quanto ao feminino 6 (42.9%). Os resultados encontrados demonstram uma possível participação dos adenovírus na etiologia dos casos de PFA. **Discussão:** O isolamento de um adenovírus em amostras fecais pode não ser uma forte evidência a respeito de sua participação em um dado episódio clínico, no entanto é possível o envolvimento de outros agentes virais, principalmente nas regiões onde o poliovírus foi erradicado, com a capacidade de invadir e replicar em células da SNC e causar PFA. Nossos resultados, combinados com outros dados publicados recentemente a respeito da participação de adenovírus em doenças que envolvem o SNC, sugerem que esses agentes podem estar envolvidos na etiologia dos casos PFA. **Conclusão:** Nossos achados sugerem a possível associação dos adenovírus na etiologia de doenças paralíticas, entretanto estudos adicionais são necessários.

230. AVALIAÇÃO DA UTILIDADE DA PROVA DO LAÇO EM PACIENTES COM SUSPEITA DE DENGUE ATENDIDOS EM UM HOSPITAL TERCIÁRIO DE FORTALEZA- CEARÁ

Camilla Mendes Tavares, Ana Luiza Mapurunga Goncalves, Marcelle Noronha Nigri, Thais Pinheiro Honorato, Karla Loreto, Luís Lopes Sombra Neto, Danielle Malta Lima

Universidade de Fortaleza, Fortaleza, CE, Brasil

A dengue clássica (DC) caracteriza-se por ser uma enfermidade febril aguda benigna e autolimitada, podendo durar de 2 a 10 dias, em média 5 dias. A primeira manifestação clínica é a febre de intensidade variável, que geralmente é alta e está associada a cefaleia, dor retro-orbitária, mialgia, artralgia, prostração e exantema. Podem também ocorrer manifestações digestivas, como vômitos e dor abdominal. A suspeita das formas hemorrágicas geralmente ocorre entre o quarto e o sexto dia de doença, quando os sinais de alerta se manifestam, como: dor abdominal, queda da pressão arterial, tonturas, sangramento entre outros. Para que ocorra a confirmação da dengue hemorrágica/síndrome de choque do dengue (FHD/SCD) é necessário que haja febre de sete dias ou menos, com tendências a manifestações hemorrágicas associadas à trombocitopenia ($< 100.000/mm^3$). A dengue com complicações (DCC) é definida como todo caso grave que não se enquadra nos critérios da OMS de FHD e quando a classificação de DC é insatisfatória. A prova do laço (PL) é utilizada na prática clínica como um dos elementos de triagem na suspeita de dengue. A PL positiva é uma manifestação frequente nos casos de dengue, principalmente nas formas graves e, apesar de não ser específica, serve como alerta para o risco de evolução da doença. **Objetivos:** Avaliar a utilidade da prova do laço no diagnóstico de pacientes com suspeita clínica de dengue. **Material e métodos:** Estudo observacional, descritivo e retrospectivo. Foram revisados 130 prontuários

de pacientes internados no Hospital São José de Doenças Infecciosas em Fortaleza no ano de 2007. Para análise dos dados foram utilizados os programas Microsoft Excel 2010 e o Epi Info. **Resultados:** Dos 130 pacientes avaliados no estudo, em 65.2% não foi realizada a prova do laço, 13.9% apresentaram resultado negativo e 20.9% positivo. Dos pacientes classificados como DC, 60.7% não realizaram o teste, 14.3% apresentaram resultado negativo e 25% resultado positivo. Dos pacientes classificados como DCC, 50% não realizaram a prova do laço, 33.3% apresentaram resultado negativo e 16.7% positivo. Em relação aos pacientes que foram classificados como FHD, 73.2% dos pacientes não realizaram o teste, 12.7% apresentaram resultado negativo e 14.1% positivo. **Discussão:** Ao analisar os resultados, é notável a predominância de pacientes em que a prova do laço não foi realizada e, comparando a classificação do caso de dengue com os resultados do teste, observou-se que todos os grupos (DC, FHD e DCC) apresentaram positividade semelhante. Dessa forma, os resultados do estudo assemelham-se aos encontrados por Oliveira, Éveny Cristine Luna de et al. (2009) em que o método não foi realizado em todos os pacientes e que também apresentou uma baixa positividade. **Conclusão:** Portanto, é necessário que sejam realizadas mais pesquisas na busca de novos testes, métodos e sintomas que melhorem a avaliação e a conduta dos casos suspeitos.

231. CARACTERIZAÇÃO DOS GENES CODIFICADORES DA HEMAGLUTININA E PB2 DO VÍRUS INFLUENZA A (H1N1) PANDÊMICO ISOLADO NA MESORREGIÃO METROPOLITANA DE BELÉM

Jessylene de Almeida Ferreira^a, Deimy Lima Ferreira^a, Edivaldo Costa Sousa^a, Mirleide Cordeiro dos Santos^a, Luana Soares Barba-gelata^a, Jainara Cristina dos Santos Alves^a, Rita Medeiros^b, Wyllor Alencar de Mello^a

^a Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil

^b Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil

A recente pandemia de gripe de 2009/2010 causada pelo vírus A (H1N1) pandêmico mostrou um perfil de gravidade diferente da gripe sazonal, pois um percentual considerável de casos graves e fatais ocorreu em indivíduos adultos jovens, sem comorbidade. A virulência dos vírus Influenza A (H1N1) pandêmico resulta de interações proteicas complexas e depende essencialmente de alguns genes virais. O objetivo deste estudo foi caracterizar os genes codificadores da hemaglutinina (H1) e polimerase básica 2 (PB2) do vírus Influenza A (H1N1) pandêmico mediante a obtenção de cepas provenientes de pacientes com gripe procedente da mesorregião metropolitana de Belém-PA. O tamanho amostral foi constituído de 87 amostras aleatórias de ambos os sexos de 0 a 96 anos, com síndrome respiratória aguda grave (SRAG) sem nenhuma comorbidade relatada, no período de maio de 2009 a agosto de 2010. As amostras foram isoladas em cultura de célula MDCK e analisadas por técnicas de biologia molecular que compreenderam três etapas principais: a) extração do RNA viral (RNAv) a partir do sobrenadante celular; b) amplificação do RNAv pela técnica de Reação em Cadeia mediada pela Polimerase precedida de Transcrição Reversa (RT-PCR); c) sequenciamento completo dos genes codificadores da H1 e PB2. Das 87 cepas amplificadas pelo RT-PCR, em 82 tornou-se possível a obtenção e análise de sequências para o gene HA, enquanto que de 81 amostras virais obteve-se sequências para o gene PB2. A análise comparativa das sequências obtidas com a sequência da cepa vacinal (A/California/07/2009(H1N1)) revelou substituições aminoácídicas na HA (P83S; D97N; S203T; D222G; Q293H e I321V) e na PB2 (K340N; K526R e M631L), no entanto sem associação a hospitalização. Ao nível de substituição na HA, a D97N isolada ou associada com a S203T foi detectada com mais frequência na primeira onda. Já ao nível da PB2 a substituição K526R foi mais encontrada em cepas que circularam na primeira onda, enquanto que, a M631L foi mais evidenciada na segunda. A substituição D222G na HA só foi encontrada em casos de óbitos. Por fim, observou-se uma tendência de alterações nos sítios antigênicos da HA. Sendo assim, a contínua vigilância genética e antigênica do vírus Influenza A (H1N1) pdm em circulação, bem como o compartilhamento de informações é de extrema importância para a melhor recomendação possível para os vírus que entram na composição vacinal evitando assim maior risco de epidemias severas no futuro.

232. SARAMPO EM MUNICÍPIO DE PERNAMBUCO: RELATO DE CASO

Marcos Jonathan Lino dos Santos, Georgeta Gertrudes de Oliveira Mendes Cahu, Natália Regina Souza da Silva

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil

Objetivos: Este estudo objetivou relatar um caso de sarampo ocorrido em criança residente em município do estado de Pernambuco, sem história de contato prévio com estrangeiros. **Material e métodos:** No dia 26 de abril de 2013 a vigilância epidemiológica foi acionada a fim de investigar um caso suspeito de sarampo. O paciente apresentava toda a sintomatologia da doença, caracterizando-o como um caso suspeito. Verificou-se a ausência de contato com estrangeiros ou viajantes recentes de países com circulação do vírus. O diagnóstico foi baseado na sorologia por ensaio imunoenzimático (enzyme-linked immunosorbent assay – ELISA) para detecção de IgM e IgG específicas. **Resultados:** J. D. D. L. S., 1 ano, gênero masculino, residente de Vitória de Santo Antão, estado de Pernambuco, Brasil; apresentou febre há 7 dias, exantema 4 dias após a febre, coriza e edema de face com olhos vermelhos (conjuntivite) e diarreia. O exantema apresentou característica de aparecimento céfalo-caudal. A criança teve uma hipótese diagnóstica inicial de virose, dengue e sarampo. O menor apresentou registro de vacinação (tríplice viral – caxumba, rubéola e sarampo) datado do dia 18 de abril de 2013. Em relação à sorologia, o paciente apresentou IgM – reagente e IgG – não reagente. O tratamento foi sintomático para febre e o exantema, acompanhado de hidratação venosa. O paciente recebeu alta após o quadro clínico ser estabilizado, com recomendação de isolamento por 7 dias. Para em seguida, a equipe da vigilância epidemiológica realizou o bloqueio vacinal, preconizado pelo Ministério da Saúde. **Discussão:** O presente relato é um início de transmissão autóctone do vírus do sarampo no estado de Pernambuco, uma vez que, em 2008, Oliveira e colaboradores (2008) ratificaram a interrupção da transmissão no estado. A clínica da infecção aguda do sarampo apresentou-se bastante característica da doença, como o exantema com aparecimento céfalo-caudal, visto que foi administrado o imunobiológico, sendo que a vacina é composta por vírus atenuado, durante o período de incubação da doença. Baseado nas hipóteses de diagnóstico relatadas no presente caso, é importante que seja realizado o diagnóstico diferencial nos casos das doenças exantemáticas, já que as manifestações clínicas são muito semelhantes. **Conclusão:** Após o início de transmissão autóctone do vírus do sarampo é necessária exaustiva investigação do caso relatado e dos possíveis casos que venham a surgir, sendo implementadas as medidas de controle.

233. CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE CEPAS DO VÍRUS INFLUENZA A (H1N1)PDM09 CIRCULANTES EM CIDADES DAS REGIÕES NORTE E NORDESTE DO BRASIL

Mirleide Cordeiro dos Santos^a, Jessylene de Almeida Ferreira^a, Edivaldo Costa Sousa Júnior^a, Luana Soares Barbagelata^a, Deimy Lima Ferreira^a, Jainara Cristina dos Santos Alves^a, Rita Catarina Medeiros Sousa^b, Wyller Alencar de Mello^a

^a Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil

^b Núcleo de Medicina Tropical Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil

Objetivo: Os vírus Influenza continuam sendo os principais agentes causadores de infecção do trato respiratório. Investigações conduzidas em todo o mundo têm demonstrado a importância das constantes modificações sofridas pelos vírus Influenza, implicadas na ocorrência de epidemias anuais. O constante monitoramento de mutações associadas à variabilidade das cepas de vírus Influenza desempenha importante papel na obtenção de dados que subsidiam intervenções de prevenção e controle de infecções por este patógeno. Neste contexto o presente estudo teve como objetivo monitorar a evolução genética do vírus Influenza A (H1N1) pdm09 detectado durante o período pós-pandêmico. **Materiais e métodos:** Foram analisadas 42 amostras (secreção respiratória) de pacientes com sinais e sintomas de SRAG (Síndrome Respiratória Aguda Grave) provenientes dos Estados do Acre, Amapá, Ceará, Maranhão, Pará, Pernambuco e Rio Grande do Norte, no período de janeiro de 2012 a abril de 2013. Tais amostras foram analisadas por técnicas de biologia molecular que compreenderam três etapas principais: a) extração do RNA viral (RNAv) a partir do espécime clínico

utilizando-se o PureLink™ Viral RNA/DNA Mini Kit (Invitrogen Life Technologies), seguindo as orientações do fabricante; b) amplificação do RNAv pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase precedida de Transcrição Reversa (RT-PCR) utilizando-se SuperScript III™ One-step RT-PCR with Platinum Taq® (Invitrogen Life Technologies) e c) sequenciamento do gene codificador da glicoproteína de superfície hemaglutinina (HA). **Resultados:** A análise comparativa das sequências obtidas com a sequência da cepa vacinal A/California/07/2009 (H1N1) revelou as seguintes substituições aminoacídicas na HA: P83S, D97N, S185T, S203T, R205K, I216V, V249L, I321 e E374K. A análise filogenética demonstrou que 05 cepas virais pertenciam ao clado 10 e que as demais que circularam em 2012 e 2013 pertenciam ao clado 11. **Discussão:** O presente estudo demonstrou que cepas do vírus Influenza A (H1N1) pdm09 circulantes nos anos de 2012/2013 apresentaram substituições aminoacídicas, com ênfase em epítomos antigenicamente importantes da molécula da HA. Tais mutações podem comprometer o reconhecimento de anticorpos tanto entre os indivíduos vacinados quanto naqueles que experimentaram uma infecção natural pela mesma espécie viral. Além da evasão imunológica, essas substituições também contribuem para a evolução viral, o que pode ter impacto tanto no perfil de transmissibilidade como de virulência. **Conclusões:** A evolução gradual do vírus Influenza A (H1N1) pdm requer monitoramento viral contínuo para a avaliação e vigilância capazes de controlar epidemias severas no futuro.

234. A APLICAÇÃO DA PROVA DO LAÇO E CONTAGEM DE LEUCÓCITOS NOS PACIENTES COM SÍNDROME FEBRIL AGUDA

Almira Monteiro Gomes, Laiane Melo Bezerra, Marilucia Gomes, Dyana Alves, Danielle Malta Lima, Jeova Keny Colares

Sao José, Fortaleza, CE, Brasil

O objetivo deste estudo foi avaliar a utilização da prova do laço e a leucopenia (contagem de glóbulos brancos < 5.000/mm³) para distinguir dengue de outras doenças febris. Foram recrutados 93 pacientes atendidos no Hospital São José de Doenças Infecciosas (HSJ) e Hospital Nossa Senhora da Conceição (HDNSC) no período de janeiro a dezembro de 2010, sendo que 86 preencheram os critérios de inclusão. Os participantes foram testados para dengue e leptospirose. Quarenta e oito (55,8%) foram positivos para dengue por pelo menos uma das técnicas: imunocromatografia NS1 (16%), RT-PCR (19%), ELISA IgM (44%), imunocromatografia IgM (42%) e ELISA NS1 (27%). Dos trinta e oito pacientes que foram negativos para dengue, um paciente evoluiu ao óbito (necropsia negada pela família) e oito foram diagnosticados como: 3 tiveram diagnóstico confirmado de leptospirose; 1 leucemia; 1 infecção urinária; 1 meningite viral; 1 púrpura trombocitopenia idiopática (PTI); 1 pancitopenia à esclarecer. Dois pacientes tiveram diagnóstico confirmado simultaneamente para leptospirose e dengue. Trinta e três por cento dos casos de dengue confirmados em laboratório tiveram a prova do laço positiva versus 10,5% dos pacientes sem dengue. A leucopenia foi observada em 36 pacientes (75%) dos pacientes com dengue versus 42% sem dengue. A presença de uma prova do laço positiva e leucopenia concomitantemente identificou corretamente 25% dos pacientes de dengue versus 2,6% de outras doenças febris. Ressaltamos a importância da combinação de dois testes de fácil execução para distinguir dengue de outras doenças febris com sintomas semelhantes.

235. INCIDÊNCIA DO HERPES VÍRUS SIMPLES TIPO 2 (HVS-2) EM SANGUE DE CORDÃO UMBILICAL DE NEONATOS ATENDIDOS UM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO

Emiliana Claro Avila^a, Fabiana Finger-Jardim^a, Laryssa Hanauer^b, Fabiana Nunes Germano^c, Vanusa Pousada da Hora^a, Carla Vitola Gonçalves^b, Marcelo Alves Soares^c, Ana Maria Barral de Martinez^a

^a Laboratório de Biologia Molecular, PPG, Ciências da Saúde/FAMED, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, Brasil¹

^b Curso de Medicina, Universidade Federal do Rio Grande (FURG), Rio Grande, RS, Brasil

^c Divisão de Genética do Instituto Nacional do Câncer-INCA, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Objetivo: Estimar a incidência do HVS-2 no sangue do cordão umbilical de neonatos atendidos no Centro Obstétrico do Hospital Universitário (HU) da Universidade Federal do Rio Grande (FURG). **Material e métodos:** O estudo transversal foi realizado entre setembro de 2011 e setembro de 2012, contou com amostragem por conveniência e foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa na Área da Saúde (CEPAS) da FURG. Foram obtidas amostras de 20 mL de sangue a partir de cada cordão umbilical, armazenadas em tubo com EDTA e estocadas a 4°C até a extração do DNA. Foi realizada nested PCR (aninhada) adaptada a partir dos protocolos de Aurelius et al. (1991 e 1993) e Schmutzhard et al. (2004) para a verificação da presença do HVS-2. Os prontuários das parturientes e dos neonatos foram revisados a fim de buscar informações clínicas. **Resultados:** Participaram da pesquisa 184 neonatos. A idade gestacional média foi de 39,01 semanas (DP = 1,6), 93 (50,5%) neonatos eram do sexo feminino e o peso médio foi de 3,152 Kg (DP = 651,918 Kg). O Índice de Apgar (no 5º minuto) demonstrou em 82,6% (n = 152) valor de 8 a 10, o qual não sugere asfixia e em 5,0% (n=10) valor entre 0 e 2, o que indica asfixia grave. A incidência do HVS-2 no sangue do cordão umbilical foi de 1,1% (n=2). Nesses dois casos as parturientes eram primíparas e não tinham histórico de aborto. Os neonatos não apresentaram alterações clínicas sugestivas de herpes mediante exame físico na sala de parto e na sexta hora após o nascimento, exame neurológico normal e Índice de Apgar de 9. Um deles apresentou eritema tóxico na face e membros inferiores no quarto dia de vida. **Discussão:** O estudo revelou que houve incidência de HVS-2 no sangue do cordão umbilical dos neonatos. Hoppen et al. (2001) também identificaram a presença do HVS-2 em amostra semelhante de um neonato que apresentou infecção herpética diagnosticada intraútero, indicando a possibilidade dessa via de infecção. Porém, há carência de estudos relacionados a esse tema, especialmente nos países em desenvolvimento (WHO, 2011). Nenhum dos neonatos com PCR positiva para HVS-2 apresentou alterações clínicas sugestivas da infecção, contudo um deles apresentou eritema tóxico na face e membros inferiores quatro dias após o nascimento. De acordo com Kimberlin (2007), outras condições podem imitar a infecção por HVS neonatal, as quais incluem distúrbios cutâneos não infecciosos, como eritema tóxico do recém-nascido. **Conclusão:** Encontrou-se uma baixa incidência de HVS-2, porém presente. Ainda, existem poucos dados relacionados ao herpes neonatal, o que dificulta a elaboração de estratégias efetivas de prevenção de sua transmissão vertical. Estudos sobre a epidemiologia da infecção podem auxiliar no manejo clínico das parturientes e neonatos, sendo fundamental para prevenir e tratar a infecção pelo HVS-2.

236. ASSOCIAÇÃO ENTRE A OCORRÊNCIA DO HERPES VÍRUS EM TECIDO PLACENTÁRIO E O TEMPO DE RUPTURA DE MEMBRANAS

Fabiana Finger-Jardim^a, Emiliana Claro Avila^a, Laryssa Hanauer^b, Fabiana Nunes Germano^c, Vanusa Pousada da Hora^a, Carla Vitola Gonçalves^b, Marcelo Alves Soares^d, Ana Maria Barral de Martinez^a

^a Laboratório de Biologia Molecular, PPG, Ciências da Saúde/FAMED, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, Brasil

^b Curso de Medicina, Universidade Federal do Rio Grande (FURG), Rio Grande, RS, Brasil

^c Divisão de Genética do Instituto Nacional do Câncer-INCA, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

^d Divisão de Genética da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Objetivo: O vírus herpes simples tipo 2 (HSV-2) é uma das infecções mais prevalentes no mundo e acredita-se que ele seja o principal responsável pelo herpes neonatal. A transmissão do HSV-2 ao recém-nascido pode ocasionar uma série de complicações e pode estar relacionada à ruptura prematura de membranas. Desse modo, objetivou-se analisar a associação entre a ocorrência do HSV-2 na placenta e o tempo de ruptura de membranas. **Material e métodos:** Realizou-se um estudo transversal, através de biópsias da placenta de 201 parturientes atendidas no Centro Obstétrico do HU/FURG. A coleta das amostras foi realizada de 09/2011 a 09/2012, em amostragem realizada por conveniência. As biópsias coletadas foram colocadas individualmente em microtubos contendo 300 microlitros

de solução tampão T.E. (Tris-HCl 10 mM pH 8,0; EDTA 1 mM) (Rombaldi et al., 2008); depois foi realizada a extração do DNA a partir do kit comercial Purelink Genomic DNA kit (Life Technologies). A identificação do HSV-2 foi realizada a partir de uma PCR aninhada (nested PCR) adaptada do protocolo Aurelius et al. (1991 e 1993) e Schmutzhard et al. (2004). Os antecedentes obstétricos foram obtidos através da análise dos prontuários. A análise estatística foi realizada através do software SPSS para Windows versão 12.0. Foram utilizados o teste qui-quadrado, a razão de prevalência e a análise multivariada com regressão de Poisson. O estudo foi aprovado pelo CEPAS/FURG (nº 54 / 2011). **Resultados:** O HSV-2 foi identificado em 18 (9,0%) placentas e o tempo de ruptura de membranas maior ou igual a 360 minutos foi associado a um risco quase quatro vezes maior de infecção placentária pelo HSV-2 (IC de 95% 0,93 - 5,66, p = 0,01). Após a realização da análise multivariada, o tempo menor que 360 minutos foi identificado como fator independente de proteção (IC de 95% 0,07 - 0,86, p = 0,02). **Discussão:** As gestantes com tempo de ruptura de membranas maior ou igual a 360 minutos tiveram um risco quase quatro vezes maior de ter o HSV-2 na placenta. A invasão de microrganismos da cavidade amniótica ocorre em aproximadamente um terço dos pacientes com ruptura prematura de membranas (Romero et al., 1992), sendo essa relacionada à infecção perinatal (Mercer, 2003; Jaiyeoba et al., 2012). Em um estudo realizado por Mark et al. (2006) onde 91 casos de herpes neonatal foram identificados, a ruptura prematura de membranas também foi associada à infecção neonatal. Esses estudos corroboram a presente pesquisa, demonstrando a importância da ruptura de membranas na infecção placentária pelo HSV-2 e possível transmissão vertical desse vírus. **Conclusão:** Conhecer os fatores associados à transmissão do HSV-2 pode auxiliar a elaboração de estratégias efetivas de prevenção desse vírus. Nesse contexto, a ruptura prematura de membranas deve ser considerada nas estratégias de prevenção da transmissão vertical do HSV-2.

237. CARACTERIZAÇÃO DE CEPAS DO VÍRUS INFLUENZA B CIRCULANTES EM CIDADES DAS REGIÕES NORTE E NORDESTE DO BRASIL NO PERÍODO DE JANEIRO A ABRIL DE 2013.

Luana Soares Barbagelata^a, Mirleide Cordeiro dos Santos^a, Jessylene de Almeida Ferreira^a, Edivaldo Costa Sousa Júnior^a, Edna Maria Acuná Filizzola^a, Jainara Cristina dos Santos Alves^a, Wyller Alencar de Mello^a, Rita Medeiros^b

^a Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil

^b Núcleo de Medicina Tropical da Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil

A gripe ou influenza é uma doença respiratória infectocontagiosa que se manifesta em todas as faixas etárias e sexos. A doença pode ser causada por três tipos de vírus: vírus Influenza A, B e C que pertencem à família Orthomyxoviridae. Em humanos os tipos A e B são os que apresentam maior importância clínica. Dessa forma, a vacina contra a gripe é composta de duas cepas do tipo A e uma do tipo B. Atualmente, circulam no mundo duas linhagens distintas antigênica e geneticamente de vírus Influenza B, dificultando assim a escolha da cepa que deverá compor a vacina, reforçando a necessidade da vigilância deste agente. Visando verificar o padrão de circulação e caracterizar geneticamente cepas do vírus Influenza B circulantes nas regiões norte e nordeste do Brasil, no período de janeiro a abril de 2013 foram colhidos 780 espécimes clínicos (aspirado de nasofaringe ou swab combinado) de pacientes com sinais e/ou sintomas de IRA (Infecção Respiratória Aguda) nos estados do Acre, Amapá, Amazonas, Ceará, Pará, Paraíba, Pernambuco, Rio Grande do Norte e Roraima. As amostras foram analisadas por técnicas de biologia molecular que consistem em 3 etapas principais: a) extração do RNA viral (RNAv) a partir da amostra utilizando-se o PureLink™ Viral RNA/DNA Mini Kit (Invitrogen Life Technologies), seguindo as orientações do fabricante; b) amplificação do RNAv pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase precedida de Transcrição Reversa (RT-PCR) utilizando-se SuperScript III™ One-step RT-PCR with Platinum Taq® (Invitrogen Life Technologies) e c) sequenciamento parcial do gene codificador da glicoproteína de superfície hemaglutinina (HA). Das 780 amostras analisadas, 73 (9,3%) foram positivas para o vírus Influenza B. A análise genética demonstrou um padrão misto de circulação viral nos

estados do Acre, Ceará, Pará e Pernambuco com cepas geneticamente relacionadas tanto à cepa de referência B/Wisconsin/01/2010 que está contida na vacina deste ano, quanto à B/Brisbane/60/2008, com predominância da segunda. Nos estados do Amazonas, Roraima, Amapá e Paraíba verificou-se a circulação de cepas relacionadas exclusivamente a B/Brisbane/60/2008 e no Rio Grande do Norte, associadas geneticamente a B/Wisconsin/01/2010. De acordo com os dados obtidos, verificou-se heterogeneidade de circulação de cepas do vírus Influenza B em estados do norte e nordeste do Brasil, algumas não compatíveis com a cepa vacinal de 2013. Além disso, a campanha nacional de vacinação no início em abril não foi adequada para a região de estudo, uma vez que a circulação viral foi anterior ao período da referida campanha. A vacinação contra a gripe constitui-se em ferramenta importante e essencial à prevenção da doença. Contudo, a não compatibilidade da composição vacinal com as cepas circulantes, assim como a não adequação do calendário vacinal às especificidades sazonais nas diversas regiões brasileiras podem contribuir para a não redução das complicações decorrentes da gripe no país.

238. CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DO VIRUS BK EM INFECÇÕES DE SISTEMA NERVOSO CENTRAL

Maria Cristina Domingues Fink^a, Laura Masami Sumita^a, Cynthia Motta Canto^a, Camila Malta Romano^a, Augusto Penalva Oliveira^a, Jose E. Vidal^b

^a Instituto de Medicina Tropical da Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

^b Instituto de Infectologia Emilio Ribas, São Paulo, SP, Brasil

Objetivo: O vírus BK, também conhecido como Polyomavirus *hominis* 1, é amplamente distribuído na população humana. A reativação do vírus está associada a diversos quadros clínicos tais como nefropatias e nefrite intersticial em receptores de transplante renal e cistite hemorrágica em receptores de células tronco-hematopoiéticas. Recentemente o vírus BK foi sugerido como um agente patogênico oportunista emergente do sistema nervoso central, mas não se sabe se linhagens específicas estão associadas com o caráter neurotrópico do vírus. O objetivo é identificar os genótipos do vírus BK presentes em sistema nervoso central de pacientes imunocomprometidos. **Métodos:** A presença do poliovírus BK foi investigada em amostras de líquor de pacientes com AIDS, transplante renal e transplante de medula com manifestações neurológicas através de PCR em tempo real. Foram utilizados primers complementares ao Ag T. As amostras positivas foram submetidas a nova PCR com primers complementares ao gene VP1 do vírus BK para caracterização genotípica e análise filogenética. **Resultados:** 85 amostras de líquor foram avaliadas. O DNA do poliovírus BK foi identificado em 20 amostras (23,5%). A análise filogenética demonstrou a presença do genótipo 1 em 55% das amostras (11/20) e o genótipo 3 em 45% (9/20). Não foram identificados outros genótipos do vírus BK. **Discussão:** Poucos estudos têm investigado a presença do vírus BK em diferentes quadros neurológicos. O encontro do genótipo 1 do vírus BK, nesses quadros, reflete o genótipo circulante na população geral, tendo em vista que é o genótipo mais prevalente nos diferentes continentes. Por outro lado o genótipo 3, encontrado em 45% das amostras, é raramente descrito na população geral. **Conclusão:** Nossos dados sugerem que os genótipos 1 e 3 do vírus BK possuem maior neurotropismo em comparação aos outros genótipos do vírus.

239. ENVOLVIMENTO RENAL EM PACIENTES COM RAIVA HUMANA

Camilla Neves Jacinto, Paulo Caminha de Carvalho Junior, Valdenor Neves Feitosa Junior, Yago Sucupira Amaral, Lucas Nascimento Meneses, Leonardo Duarte Sobreira Luna, Anna Tereza Bezerra de Menezes Fernandes, Elizabeth de Francesco Daher

Faculdade de Medicina, Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

Objetivos: Avaliar alterações na função e na morfologia renal em pacientes com Raiva Humana internados em hospital de referência para doenças infecciosas. **Materiais e métodos:** Foi realizado estudo retrospectivo incluindo pacientes com diagnóstico de Raiva Humana admi-

tidos no Hospital São José de Doenças Infecciosas, no período de 1992 a 2011, em Fortaleza, Ceará. A avaliação histopatológica foi realizada em 9 pacientes do estudo, a partir do laudo de autópsia. **Resultados:** Foram incluídos 21 pacientes, com média de idade de 19 ± 21 anos (3-81anos), sendo 71,4% do sexo masculino. Mordedura por cães correspondeu a 85,7% dos casos. A média do tempo entre o acidente e a admissão hospitalar foi de 48±28 dias. Todos os pacientes foram a óbito com tempo de internação hospitalar variando de 1 a 17 dias (média 4,19±4 dias). Os principais sinais e sintomas observados foram febre (85,7%), hidrofobia (85,7%), irritabilidade (76,2%), aerofobia (52,4%), dispneia (47,6%), sialorreia (33,3%), hipoestesia local (33,3%), oligúria (28,6%), faringite (23,8%), cefaleia (19%), midríase (9,5%) e dor cervical (9,5%). Os exames laboratoriais na admissão mostraram hemoglobina 12,7 ± 3 g/dL, hematócrito 37,7 ± 7,19%, leucócitos 11617 ± 3306/mm³, linfócitos 19,5 ± 9,3%, ureia 67,8 ± 57,7 mg/dL, creatinina 1,33 ± 0,8 mg/dL, sódio 140 ± 8 mEq/L e potássio 3,8 ± 0,7 mEq/L. Em cinco de treze pacientes (38,5%) foi encontrada evidência de Lesão Renal Aguda (LRA), definida como creatinina ≥ 1,4 mg/dL. A autópsia foi realizada em 9 pacientes e os achados no tecido renal foram congestão glomerular leve a moderada e congestão capilar peritubular leve a intensa. Necrose tubular aguda foi encontrada em dois casos. **Discussão:** O envolvimento de órgãos extraneurais na Raiva Humana já foi previamente descrito, porém, o envolvimento renal nesta doença não foi bem demonstrado na literatura. O presente estudo mostra possível evidência de envolvimento renal na raiva humana, o que, principalmente após os recentes casos de sucesso terapêutico de pacientes com essa patologia, merece melhor investigação. A análise post-mortem dos rins mostrou alterações inespecíficas. O reduzido número de autópsias foi uma restrição de nossa pesquisa, no entanto. **Conclusões:** Instabilidade hemodinâmica, causada por disfunção autonômica, hidrofobia e desidratação, pode ser aventada como principal fator relacionado ao potencial desenvolvimento de LRA na raiva humana, mas dano renal causado diretamente pelo vírus não deve ser descartado.

240. PREVALÊNCIA DA INFECÇÃO PELO VIRUS EPSTEIN-BARR POR IMUNOISTOQUÍMICA EM LINFOMAS DE HODGKIN EM TRÊS INSTITUIÇÕES DE SAÚDE EM MANAUS-AM

Seiarameri Lana Viola Oliveira^a, Renata Silva Galvão^b, Raisal Caranhas Feitosa^a, Andreza Luiza Fernandes^b, Luiz Carlos Lima Ferreira^b

^a Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM, Brasil

^b Fundação de Medicina Tropical Heitor Vieira Dourado, Manaus, AM, Brasil

Objetivos: Obter a frequência do vírus Epstein-Barr (EBV) em casos de Linfoma Hodgkin (LH) na cidade de Manaus (Amazonas), bem como determinar as características histológicas e clínico-epidemiológicas dos casos de Linfoma Hodgkin EBV-positivos. **Metodologia:** Trata-se de um estudo retrospectivo de uma série de casos de pacientes diagnosticados com LH em Manaus-AM com histopatológicos emitidos entre anos de 2000 a 2012 na Fundação de Medicina Tropical do Amazonas, no Laboratório de Anatomopatologia da Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Amazonas e no Laboratório Reunidos. Foi realizada a técnica de imunistoquímica (anticorpo anti-LMP1 BIOCARE MEDICAL; Kit MACH 4 Universal Polímero – HRP com Betazoid DAB) em tecido tumoral de blocos parafinados. A análise estatística foi realizada através de testes qui-quadrado e Fisher e valores de $p < 0,05$ estatisticamente significantes. **Resultados:** Foram analisadas as amostras de 60 pacientes, 73 blocos parafinados diagnosticados com LH oriundos das três instituições. Houve maior número de pacientes do sexo masculino (65,78%). A idade variou entre 5 a 72 anos, com média de 24,81 anos e predominância de crianças e adolescentes (47,17%). O subtipo histológico mais frequente foi esclerose nodular (EN) 27/60; 45%, seguido por celularidade mista (CM) 24/60; 40%, depleção linfocitária (DL) 5/60; 8,33%, predomínio linfocítico nodular (PL) 4/60; 6,67%. Pelo método de imunistoquímica detectou-se a proteína latente de membrana 1 (LMP-1) indicadora da infecção pelo vírus em 50% das amostras. Nestes casos houve predominância do sexo masculino (80%, $p = 0,0149$) e na faixa etária de crianças e adolescentes (46,67%). Neste método, também houve maior associação do EBV com subtipo CM 16/24; 66,67%, sendo menor nos subtipos EN e DL (37,04% e 25%, respectivamente; $p = 0,128$). **Discussão:** O EBV tem sido associado a diversos tipos de cânceres, dentre eles o Linfoma Hodgkin, com taxas de detecção em tecido

tumoral que variam de acordo com o subtipo histológico, região geográfica e idade do paciente. O subtipo Esclerose Nodular é o mais frequente em países desenvolvidos e algumas regiões do Brasil, mas a associação com o EBV é maior no subtipo Celularidade mista, este mais prevalente em países em desenvolvimento. A prevalência da associação entre EBV e LH encontrada neste estudo (50%) foi semelhante à de estudos realizados em outros estados brasileiros com mesmo padrão socioeconômico. Houve maior associação em pacientes jovens, sexo masculino e no subtipo CM. **Conclusão:** A frequência da detecção indica importante associação entre o EBV e o LH em Manaus, especialmente em crianças e adolescentes, sexo masculino e no subtipo CM, sem associação significativa com subtipos histológicos e idade. Os resultados obtidos em conjunto com novas pesquisas poderão proporcionar dados epidemiológicos e científicos para estudos prognósticos em nossas região e elaboração de possíveis medidas terapêuticas ou preventivas em relação à infecção pelo EBV.

241. PREVALÊNCIA DE ROTAVÍRUS EM CRIANÇAS MENORES DE CINCO ANOS ATENDIDAS COM DIARREIA EM HOSPITAL SENTINELA DE SERGIPE

Nayane Santiago Barreto, Marco Aurélio de Oliveira Góes, Thialla Andrade Carvalho, Paulo Henrique Santos Andrade

Universidade Federal de Sergipe, Aracaju, SE, Brasil

Objetivos: As doenças diarreicas agudas (DDA) estão entre as afecções mais comuns em crianças. O rotavírus é reconhecido como um dos mais importantes agentes virais associados à DDA. Portanto, este trabalho tem como objetivo identificar a prevalência desse agente em crianças menores de cinco anos atendidas em um hospital de urgência de Sergipe. **Material e métodos:** Estudo transversal retrospectivo descritivo, a partir dos dados do Sistema Nacional de Agravos e Notificação (SINAN). A amostra constitui-se de 957 crianças menores de cinco anos atendidas com quadros de DDA no Hospital de Urgência de Sergipe (HUSE), no período de 2008 a 2012. Esses casos foram notificados pela vigilância epidemiológica do hospital, através da busca ativa diária. Os dados das crianças com diarreia foram coletados, conforme ficha de investigação do Sinan para rotavírus. **Resultados:** Dos 957 casos de diarreia aguda, 191 tiveram como fator etiológico o rotavírus (20%), sendo que em 2% desses casos houve presença concomitante de outros vírus nas amostras. As crianças mais afetadas foram as menores de 1 ano (45,5%), do sexo masculino (56%). Em relação à presença de sintomas, o principal sintoma observado foi a diarreia, presente em 99% dos casos, seguido de vômitos (82%), febre (74%) e em menor percentual a melena (7,8%). Quanto à vacinação dos casos confirmados, 65% tinham se vacinado, 20% não tinham se vacinado e para o restante esse item não foi preenchido. Sobre a distribuição mensal dos casos, os meses com maior número de casos confirmados foram julho e agosto, ambos com 29 casos (15% para cada mês) e setembro com 38 casos (20%). **Discussão:** No presente trabalho, tanto a prevalência do rotavírus de 20% quanto a maior ocorrência em menores de 1 ano estão em consonância com diversos estudos. Conforme outros estudos observou-se que as crianças do sexo masculino são as mais afetadas. Houve um percentual elevado de crianças vacinadas que tiveram diarreia por rotavírus, mostrando que outros fatores podem interferir na efetividade da vacina, como estado nutricional, infecções mistas, vários subtipos e surgimento de novas cepas. Em relação à variação sazonal dos casos, percebeu-se semelhança com a literatura, com aumento entre os meses de maio e setembro. **Conclusão:** O monitoramento contínuo da diarreia associada ao rotavírus, além de outros vírus, é fundamental para o aprimoramento de medidas preventivas e de vacinas.

242. PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA INFLUENZA A H1N1 NOTIFICADA EM SERVIÇO DE REFERÊNCIA EM DOENÇAS INFECTOCONTAGIOSAS, EM PORTO VELHO/RO, EM ÉPOCA DE PANDEMIA (2009 - 2010)

Sandra Maria Marques Vidal de Menezes^a, Maria do Socorro Bandeira de Jesus^b, Valmira Rocha de Souza^a, Amanda Baiao^b, Berfran Teógenes França Silva^b, Jessica Gonçalves Serra^b, Jessica Gomes da Silva^a, Thais Custódio Aguiar^b

^a Secretaria Municipal de Saúde, Porto Velho, RO, Brasil

^b Universidade Federal de Rondônia, Porto Velho, RO, Brasil

Objetivo: No ano de 2009 e 2010, o Brasil e o mundo se mobilizaram para adotar planos de prevenção e controle contra a mais nova pandemia viral do século XXI denominada Influenza A, subtipo H1N1 (Carneiro et. al., 2010). Desta forma, faz-se necessário analisar os casos para subsidiar as campanhas de prevenção, adequando o planejamento de ações no âmbito hospitalar. Este estudo teve como objetivo analisar o perfil epidemiológico da Influenza A H1N1 nos residentes do município de Porto Velho/RO, notificados no hospital de referência em doenças infectocontagiosas do estado de Rondônia, em 2009 e 2010. **Metodologia:** Estudo baseado nas notificações epidemiológicas da Influenza humana por novo subtipo (Pandêmico), da SEMUSA/Porto Velho. Foi analisado o perfil dos casos confirmados, segundo as variáveis: sexo; idade; gestação; critério de confirmação; comorbidades e evolução do caso. Parecer ético nº 0018.0.047.000 -10, aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa/CEP/UNIR. **Resultados:** No período de estudo, o hospital notificou 97 casos suspeitos de Influenza do novo subtipo pandêmico em indivíduos residentes no município. Do total, foram confirmados 26 (27%) dos casos, sendo 96% confirmados por critério laboratorial e 4% por avaliação clínico-epidemiológica. Dentre os confirmados, 12% apresentavam Influenza A Sazonal, e 88% Influenza A H1N1, destes, 26% eram do sexo masculino, 74% feminino, sendo 35% gestantes. Prevaleceu a faixa etária entre 25-59 anos (52%), com comorbidades em 22%. Com Influenza A H1N1, um (4%) evoluiu para óbito, sendo do sexo feminino, no décimo segundo dia de puerpério, com tabagismo como comorbidade. Os demais (96%) evoluíram para cura. **Discussão:** A proporção da Influenza A H1N1 foi superior à Influenza A sazonal e houve predomínio do sexo feminino com frequência alta de gestantes acometidas, o que corrobora a literatura de que esse é um grupo de risco (Carneiro et. al., 2010; Brasil, 2012b). A faixa etária e a presença de comorbidades reforçam outros estudos feitos na região sul e sudeste no auge da pandemia. A proporção de óbitos entre os internados por Influenza A H1N1 (1/23) mostrou uma baixa taxa de letalidade em comparação com a taxa nacional do período (0,85/100.000 hab.) (Brasil, 2012a), presumindo que houve manejo adequado dos casos na unidade hospitalar estudada. **Conclusão:** O perfil epidemiológico traçado neste estudo auxilia no acompanhamento do comportamento do vírus, e reforça os dados do sistema de vigilância sentinela. O manejo clínico dos casos suspeitos de Influenza A H1N1 na Unidade Hospitalar estudada contribuiu para a evolução favorável dos casos, o que mostra a relevância da protocolização como uma rotina implementada em conformidade com as normas da Secretaria de Vigilância em Saúde/MS, Área Técnica da Influenza.

243. DESCRIÇÃO DOS ASPECTOS CLÍNICOS E LABORATORIAIS DE PACIENTES COM SUSPEITA DE DENGUE

Fernando Antônio Xavier de Matos Filho, Matheus Jereissati Mota, Cricia Maria Lima Pontes, Raissa Abadessa da Igreja, Danielle Malta Lima

Universidade de Fortaleza, Fortaleza, CE, Brasil

A infecção pelo vírus dengue resulta em um amplo espectro clínico-patológico e, de acordo com a Organização Mundial de Saúde (OMS), é classificada em dengue clássica (DC), febre hemorrágica do dengue (FHD/ síndrome do choque do dengue (SCD) e dengue com complicações (DCC). O diagnóstico da dengue baseia-se em dados clínicos, epidemiológicos e laboratoriais, utilizando-se, para este último, exames específicos e inespecíficos. Dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar os aspectos clínicos e laboratoriais inespecíficos de pacientes com suspeita clínica de dengue. **Materiais e métodos:** Foram revisados 104 prontuários de pacientes internados em 2008 no Hospital São José de Doenças Infecciosas (Fortaleza). Foi utilizado um questionário para a coleta dos dados clínicos e laboratoriais, sendo realizada estatística descritiva constando de apresentação tabular e gráfica, através do programa Microsoft Excel 2010. **Resultados:** Dos 104 prontuários, 51,21% foram de homens e 48,79% de mulheres. Desses, 52,88% foi classificados como DCC, 32,69% como FHD e 14,42% como DC. A média de plaquetas dos pacientes classificados como DC foram de aproximadamente 106.855,07, na FHD 69.379,24 e na DCC de 65.771,88. Os menores valores de plaquetas foram encontrados logo no início do internamento, 1º e 2º dia, com percentual de 47,96% nesse período, o que corresponde, geralmente, do 4º ao 7º dia desde o início dos sintomas. Em relação aos valores das dosagens de AST e ALT, apresentaram valores médios respectivamente de 127,67 e 82,84 na FHD; 113,18 e

78,58 na DCC e 80,62 e 63,21 na DC. A FHD foi positiva em 47,05% entre os grupos de risco (crianças e idosos) com 93,75% em crianças com uma média de idade de 16,75. Os pacientes com DCC foram 14,54 % de grupos de risco com 87,50% desse valor de idosos. A média de idade foi de 40,6 anos. E a DC apresentou 6% de grupos de risco com 100% desse valor de crianças. **Discussão:** Neste estudo foi observada uma alta frequência de plaquetopenia (100%) e esses resultados foram semelhantes ao de Oliveira, Éveny Cristine Luna et al (2009) que mostraram a ocorrência de plaquetopenia em 68,8%, mas difere do estudo de Barros et al (2008) cuja porcentagem encontrada foi de 25,2%. As transaminases frequentemente apresentam-se alteradas, o que ocorre também neste estudo, no qual, nas 3 classificações da dengue, as médias dos valores encontram-se elevadas. A AST é a transaminase mais alterada na evolução da dengue, como mostrado tanto nesse estudo como no estudo realizado por Vita et al (2009), no qual 71,4% dos pacientes apresentaram predomínio de AST. **Conclusão:** O número de plaquetas foi o diferencial entre casos de DC em relação aos casos graves como FHD e DCC, porém pouco significativo para distinção da FHD e DCC. Os valores de AST e ALT apresentaram maiores médias na FHD.

244. ROLE OF IRF4 (INTERFERON REGULATORY FACTOR 4) ON PROLIFERATION, SURVIVAL AND RESPONSE OF CD8+ CELLS: A PHYSIOLOGICAL APPROACH TO INFLUENZA INFECTION

Bruno Fernando de Oliveira Buzo, Jie Sun

Indiana University School of Medicine, Indianapolis, Estados Unidos

Background and aims: Influenza infection is still a relevant issue nowadays due to its several complications, such as bronchiolitis, acute bronchitis, pneumonia and other respiratory tract infections that can occur due to the high inflammatory systemic response and tissue injury caused by Influenza. It is known that mutant Influenza viruses have better ability to trigger necrosis and inflammation than common strains. This inflammation has shown to be necessary for viral replication and it is the key for acute respiratory failure. IRF4 (Interferon Regulatory Factor 4) is a transcription factor that has been shown to play essential roles in plasma and T helper cell differentiation. However, the role of IRF4 in cytotoxic CD8+ T cell responses is unknown. **Methods:** CD8+ IRF4^{-/-} conditional knockout mice were developed and infected with Influenza A/PR8 virus. After 7 days of infection, they were sacrificed and their CD8+ cells were isolated through magnetic beads and were stimulated with aCD3 and bone marrow dendritic cells in vitro (double activation). They also had their Lymph Node, Spleen and Lung CD8+ cells population isolated and quantified through BD FACScaliburTM Flow Cytometer. The specific influenza CD8+ response was tracked by the staining of NA366 and PA224 tetramers, and apoptosis assay was done in uninfected groups using the Annexin V / 7-AAD staining method (eBioscience), and analyzed through flow cytometry as well. **Results:** It was found that the deletion of IRF4 in CD8+ T cells reduced the proliferation of CD8+ cells when stimulated with aCD3 and bone marrow dendritic cells in vitro for 72h in 70%. The IRF4KO mice also have shown decreased CD8+ population in their Lymph Node (56,1% less), Spleen (35,8% less) and Lung (81,4% less). When specific response was analyzed, the IRF4 conditional knockout mice showed impaired development of specific CD8+ T cells immune response. It was also stated, through apoptosis assay, that IRF4KO mice have higher apoptosis rate than normal group for 24, 48 and 72h experiment (27%, 132,6% and 16,5% respectively), showing that this transcription factor might play a role in necrosis and inflammation regulation in vivo. **Discussion:** A new role for IRF4 is shown, which has not been described regulating CD8+ cell differentiation and proliferation in Influenza infection before. Our findings may have important implications in understanding the host's protective immune responses to Influenza infection, since it is mostly regulated by CD8+, especially inflammatory pathways. IRF4 gene polymorphisms have been associated with certain cancer and autoimmune diseases. It is of great interest to examine whether IRF4 gene polymorphisms are associated with the severity of influenza diseases. Understanding how IRF4 control cytotoxic T cell responses may lead the way to developing drugs and gene therapies that increase immune responses against Influenza virus infection in the future.

245. ACOMETIMENTO RENAL EM PACIENTES COM DENGUE

Yago Sucupira Amaral, Camilla Neves Jacinto, Geraldo Bezerra S. Júnior, Paulo Caminha de C. Júnior, Moisés Francisco C. Neto, Ana Patrícia Freitas Vieira, Lorena Vasconcelos M. Martiniano, Elizabeth de Francesco Daher

Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

Objetivos: Investigar a ocorrência de LRA em pacientes com dengue. **Casuística e métodos:** Foi realizado estudo retrospectivo incluindo pacientes internados com diagnóstico confirmado de dengue em um hospital terciário de Fortaleza, Ceará, Brasil, no período de fevereiro de 2001 a agosto de 2008. LRA foi definida de acordo com o critério RIFLE. **Resultados:** Foram incluídos 164 pacientes, com média de idade de 33 ± 16 anos, sendo 65% do sexo feminino. Os principais sinais e sintomas observados na admissão foram febre (87,8%), cefaleia (79,9%), mialgia (77,4%), astenia (57,3%), anorexia (47,6%), rash (55,5%), dor abdominal (47,6%), vômitos (47%), dor retro-orbitária (35,4%), diarreia (31,7%) e artralgias (27,4%). Os seguintes fenômenos hemorrágicos foram observados: gengivorragia (17,7%), petéquias (25,6%) e hematúria (7,9%). A prova do laço foi positiva em 16 casos (9,8%). Os sinais de gravidade encontrados foram desidratação (22%) e hipotensão (16,4%). Os principais exames laboratoriais na admissão mostraram: Hb 12,7 ± 2,5 g/dL, Ht 38,2 ± 6,7%, leucócitos 4808 ± 4532/mm³, linfócitos 56,8 ± 15,6%, plaquetas 73428 ± 53040/mm³, TGO 187 ± 179 UI/L, TGP 144 ± 116 UI/L, ureia 25 ± 26 mg/dL, creatinina 1,03 ± 0,57 mg/dL. Os níveis máximos de ureia e creatinina durante a internação foram de, respectivamente, 27 ± 29 mg/dL e 1,07 ± 0,94 mg/dL. LRA foi observada em 25 casos (15%), sendo 13 na classe "Risk" (52%), 6 na classe "Injury" (24%) e 6 na classe "Failure" (24%). Entre os pacientes com LRA, 7 (60%) já apresentavam LRA na admissão. Oligúria foi encontrada em 15 casos (9,1%). Recuperação completa da função renal foi observada em quase todos os casos (apenas 1 paciente não apresentava ainda recuperação da função renal no momento da alta hospitalar). Os pacientes com LRA apresentaram maior tempo de internação hospitalar (6 ± 3 vs. 9 ± 6 dias, p = 0,006), maior número de leucócitos à admissão (4073 ± 2567 vs. 8782 ± 8933/mm³, p < 0,001) e menores valores de sódio à admissão (135,2 ± 3,7 vs. 132,4 ± 4,89 mEq/L, p = 0,05). Dos 13 óbitos (7,9%), 10 necessitaram de internação em UTI e 8 apresentaram LRA. **Discussão:** A lesão renal aguda (LRA) no dengue tem sido descrita como uma complicação não muito frequente, de curso leve, sendo a maioria dos casos classificados na categoria "Risk" do critério RIFLE, e, normalmente, com plena recuperação da função renal na alta hospitalar, o que foi observado neste estudo. **Conclusões:** A LRA como complicação do dengue tem como causas prováveis os fenômenos hemorrágicos, levando à LRA pré-renal. Apesar da sua evolução favorável, alguns fatores aos quais ela correlaciona-se, como o maior tempo de internação hospitalar, tornam a LRA uma complicação importante nesta doença.

246. SÍNDROME DE RAMSAY-HUNT NO PRONTO-SOCORRO - RELATO DE CASO

Fernanda Galvão Pinheiro^a, Adriano Gama^b, Carlos Bruno Fernandes Lima^a

^a Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN), Natal, RN, Brasil

^b Universidade Potiguar (UnP), Natal, RN, Brasil

Introdução: Síndrome de Ramsay Hunt (SRH) é uma complicação do herpes-zóster que cursa com paralisia facial periférica (PFP) e vesículas no pavilhão auricular. É provocada pela reativação do vírus varicela-zóster no gânglio geniculado do VII nervo, podendo ainda acometer palato duro, língua, e causar redução da salivação, lacrimejamento e linfadenopatia. O acometimento do VII e VIII pares cranianos, ou de outros pares em casos raros, pode provocar dor, vertigem, hipoacusia e sensibilidade ao som. O diagnóstico é através de exame clínico, podendo ser usada Ressonância Nuclear Magnética, a fim de investigar presença de encefalite pelo vírus varicela-zóster, além de dosagem de anticorpo anti-HZV sérico em casos duvidosos. O tratamento é com hidrocortisona intravenosa e aciclovir, reduzindo as incapacidades se iniciar em até 3 dias. A PFP da SRH possui pior prognóstico que a paralisia de Bell (paralisia facial idiopática), o qual depende da presença de sintomas audiovestibulares, início do tratamento, idade e presença de comorbidades. **Objetivos:** Descrever

caso de paciente com SRH no contexto do pronto-socorro (PS).

Delineamento e métodos: Relato de caso de paciente atendida em PS de hospital geral. **Resultados:** Paciente MLRSR, 59 anos, sexo feminino, admitida no PS apresentando estado geral comprometido com vesículas agrupadas em sentido zósteriforme na hemiface direita, algumas com ulceração e crostas secundárias, e pavilhão auricular direito, PFP ipsilateral e lagoftalmo. Exame cardiovascular sem alterações. Diagnosticada SRH e realizadas medidas de suporte com oxigênio, monitorização cardíaca e oximetria de pulso. Iniciada terapia específica com Aciclovir endovenoso na dose para Zóster de 750 mg de 8 em 8 horas por 7 dias. Solicitada tomografia de crânio, apresentando-se normal. Recebeu alta hospitalar com melhora do quadro geral, das lesões cutâneas, mas persistiu com a PFP. Planejado seguimento ambulatorial e multidisciplinar. **Conclusões/considerações finais:** A diversidade de condições clínicas que surgem em um PS demonstra necessidade de conhecimento das variações de doenças comuns, como o zóster, e do seu manejo adequado.

247. ANÁLISE COMPARATIVA DAS MANIFESTAÇÕES CLÍNICAS DE PACIENTES COM SUSPEITA DE DENGUE ATENDIDOS EM UNIDADE BÁSICA E TERCIÁRIA DE SAÚDE DA CIDADE DE FORTALEZA, CEARÁ

Matheus Jereissati Mota, Fernando Antonio Xavier de Matos Filho, Luís Lopes Sombra Neto, Natália Vasconcelos de Souza, Andréa Mota, Emanuele Tavares Sales de Araújo, Jeová Keny Baima Colares, Danielle Malta Lima

Universidade de Fortaleza, Fortaleza, CE, Brasil

A dengue é uma doença infecciosa aguda considerada atualmente a mais importante arbovirose do mundo, atingindo em especial os países de clima tropical. **Objetivo:** Identificar os fatores de risco mediante a comparação das manifestações clínicas quantificando os principais sinais e sintomas de pacientes atendidos na unidade básica e terciária de saúde do município de Fortaleza. **Metodologia:** Estudo do tipo transversal, realizado por meio de avaliação clínica estruturada. Nesse estudo foram recrutados 50 pacientes, sendo, 27 pacientes atendidos no Hospital São José de Doenças Infecciosas (HSJ) e 23 pacientes dos Centros de Saúde da Família (CSF) Mattos Dourado e São Francisco (Fortaleza-CE) de janeiro a julho de 2013. As informações clínicas foram colhidas sendo preenchido um questionário elaborado pelos pesquisadores, baseando-se na sintomatologia dos indivíduos com suspeita clínica de dengue. Também foi analisado o resultado da prova do laço por meio do prontuário dos pacientes do Hospital e da realização do teste nos pacientes dos CSF. **Resultados:** A média de duração da febre dos pacientes que foram atendidos na unidade terciária de saúde foi de aproximadamente 6 dias, enquanto, nas duas unidades básicas foram de 2 dias. No HSJ, a prevalência dos sintomas clássicos foi prostração 85,1%, cefaleia 74%, mialgias 70,3%, dor retroorbitária 66,6%, artralgia e exantema 59,2%. Outras manifestações clínicas foram: anorexia 77,7%, desidratação 74%, náuseas 62,9%, tosse 55,5% e vômitos 51,8%. Já nos CSF Mattos Dourado e São Francisco, os principais sintomas clássicos foram: cefaleia: 100%, dor retroorbitária: 86,9%, mialgias: 82,6%, artralgias: 39,1%, prostração: 26% e exantema: 13%. Em relação às outras manifestações clínicas, foram: náuseas 52,17%, vômitos 47,8%, diarreia 43,4%, tosse e anorexia 21,7%. **Discussão:** O critério essencial para diagnóstico de dengue preconizado pelo Ministério da Saúde (2013) é a febre. Em relação a esse sinal, foi observado que os pacientes procuram o hospital quando estão com um maior tempo de febre do que a unidade básica de saúde. Nas manifestações clínicas, em ambos os locais, foram observadas maior prevalência de náuseas, vômitos, tosse e anorexia, além de ter existido muitos casos de desidratação nos pacientes do HSJ. Os resultados encontrados demonstram uma maior prevalência de sinais e sintomas nos pacientes dos hospitais, mas não necessariamente de maior gravidade. **Conclusão:** Os sintomas, apesar de similares, ocorrem em ordem de frequência diferente, o que nos mostra que devemos pensar em cefaleias, dores retroorbitárias e mialgias febris como sintomas guia para a dengue dentro das Unidades Básicas de Saúde. Quando em atendimento em Hospitais, além desses sintomas guias, deve-se dedicar uma atenção especial à anorexia, desidratação, náuseas, tosse e vômitos.

248. ESTUDO DA FREQUÊNCIA DOS AGENTES ENTEROPATOGÊNICOS NAS INFECÇÕES DIARREICAS AGUDAS EM MENORES DE CINCO ANOS ANALISADAS NO PERÍODO DE 2007 A 2009 EM UM LABORATÓRIO CENTRAL DE SAÚDE PÚBLICA DE MACEIÓ-AL

Thiago José Matos Rocha^a, Valéria Cristina Melo Lopes^a, Luiz Roberto Ramos^b, Guiomar Silva Lopes^b

^a Centro Universitário CESMAC, Maceió, AL, Brasil

^b Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil

Objetivo: Avaliar a frequência dos agentes enteropatogênicos nas doenças diarreicas agudas a partir da análise das amostras fecais de menores de cinco anos, recebidas no período de 2007 a 2009. **Material e métodos:** Trata-se de um estudo de delineamento transversal descritivo com 179 amostras de fezes in natura, de crianças na faixa etária de zero a cinco anos, de ambos os gêneros, sendo 110 (61,5%) do gênero masculino. A média de idade constatada foi de 19,79 meses (DP = ±15,84), sendo o valor mínimo 0,13 meses, e o máximo de 60 meses. Foi utilizada análise descritiva. **Resultados:** Foram identificados enteropatógenos em 54 (30,1%) das amostras. Rotavírus foi encontrado em 35 (19,6%) e as bactérias enteropatogênicas, 19 (10,6%). A *E. coli* enteropatogênica foi isolada em 14 (73,7%), *Salmonella* sp 2 (10,5%) e *Shigella flexneri* 3 (15,8%). Foi observado que em duas amostras foram detectados bactérias e rotavírus. **Discussão:** Entre os agentes enteropatogênicos isolados neste trabalho, o rotavírus (RVs) foi mais predominante que as bactérias, contradizendo a literatura, cujos estudos relatam que há prevalência maior dos vírus nos países desenvolvidos e as bactérias nos países em desenvolvimento. Neste estudo, entre as enterobactérias, a *E. coli* enteropatogênica foi o patógeno mais frequente entre os agentes associados à diarreia aguda. Frequências semelhantes foram observadas também em Recife. **Conclusões:** Dos enteropatógenos encontrados, o rotavírus foi o mais predominante. A maior frequência ocorreu na faixa etária entre 0-24 meses (42%). A *E. coli* enteropatogênica foi a bactéria mais frequentemente isolada nas amostras fecais.