pacientes dentro da prisão de 334/411(81,26%). As informações foram registradas no RedCap®. 3) Levantamento da proporção de novos casos por ano, na plataforma Integrada de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde.

Resultados: Foi obtido um total de 7291 movimentos de 2014 a dezembro de 2018. O maior pico de movimentações foi registrado no ano de 2015 (1560), que coincide com o aumento significativo da proporção de novos casos de TB, no mesmo ano (19,07%), comparado a 2014 (7,23%). Observou-se uma queda no número analisado, durante anos subsequentes, seguido de novo aumento do número de movimentos, no ano de 2018 (1511). Quanto à proporção de novos casos de TB entre a PPL, observou-se uma relativa estabilidade entre 2015 e 2017, seguido de um aumento expressivo em 2018 (30,17%). Diante disso, é possível que haja uma relação entre o aumento de novos casos de TB entre PPL, nos anos de 2015 e 2018, comparado ao aumento do número de movimentos dos indivíduos no sistema prisional nesse mesmo período.

Conclusão: São necessários novos estudos sobre a capacidade de disseminação espacial do M. tuberculosis no sistema prisional para se estabelecer o real impacto da movimentação do preso na transmissão da doença. Entretanto, as informações obtidas pelo presente estudo, evidenciam a relação entre as expressivas movimentações dos PPL no sistema prisional e o aumento de casos novos de TB entre essa mesma população. Esses achados, podem contribuir para um levantamento de hipóteses sobre o extravasamento da tuberculose devido à ampla rede de contatos.

Palavras-chave: tuberculose prisões movimentações

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103641

O SOM DO RNA SILENCIOSO: O PAPEL DOS LNCRNAS NA INTERAÇÃO TUBERCULOSE-DIABETES

Caian L. Vinhaes*, Eduardo R. Fukutani, Mariana Araujo-Pereira, Artur T.L. Queiroz, Bruno B. Andrade

Multinational Organization Network Sponsoring Translational and Epidemiological Research Initiative, Salvador, BA, Brasil

Introdução: A tuberculose (TB) é uma das principais causas de morte no mundo, e o Diabetes Mellitus (DM) é uma das principais comorbidades associadas à doença. O DM afeta a resposta inflamatória crônica associada à TB, aumentando o risco de TB ativa e afetando a resposta ao tratamento. Aqui, avaliamos a dinâmica da expressão de RNA longo não codificante (lncRNA) e sua associação com TB e DM.

Métodos: Dados de expressão gênica de TB, DM, TB/DM e controles saudáveis (HC) de 4 países foram obtidos. A expressão de RNAs não codificadores (ncRNA) foi recuperada e a análise de expressão diferencial foi realizada em dados brasileiros, comparando tanto TB quanto TB/DM com HC. Os ncRNAs (lncRNAs e miRNAs) expressos diferencialmente foram usados como entrada para um algoritmo de redução de dimensionalidade, para selecionar os ncRNAs mais informativos. A precisão dos lncRNA foi validada em amostras da Índia, Romênia e África do Sul. Para identificar as possíveis vias reguladas por esses lncRNAs, foi realizada uma análise de correlação entre os lncRNAs mais informativos e todos os genes. Os genes mais correlacionados foram usados na análise de enriquecimento.

Resultados: Após redução da dimensão, identificamos 103 ncRNAs expressos diferencialmente na comparação TB e TB/DM. Destes, 5 lncRNAs: ADM-DT, LINC02009, LINC02471, SOX2-OT e GK-AS1. A análise de validação mostrou que os lncRNAs apresentaram acurácia moderada para classificar o DM de HC, com uma AUC de 0,652 (C.I. 0,44∼0,86). No entanto, eles tiveram precisão substancial ao discriminar TB de HC com AUC de 0,91 (C.I. 0,82∼0,99) e AUC de 0,98 (C.I. 0,95∼1,00) para TB/DM de HC. A análise de correlação para identificar os genes potencialmente associados identificou caminhos semelhantes no Brasil e na Índia para ambas as condições de TB e TB/DM. As vias identificadas estavam relacionadas à sinalização de interleucina e interferon, cascatas de receptores Toll-like, cascatas de receptores Toll-like, degranulação de neutrófilos e via de infecção.

Conclusão: Apesar da escassez de informações sobre suas funções biológicas na literatura, os 5 lncRNAs mais informativos foram fortemente correlacionados com genes associados a vias relacionadas à regulação da resposta imune contra TB. Os genes fortemente correlacionados eram de vias relacionadas ao controle da TB, sugerindo papel importante dos lncRNA na regulação da resposta inflamatória na TB.

Palavras-chave: Tuberculosi Diabetes lncRNA Inflamação

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103642

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA TUBERCULOSE GENITURINÁRIO NO BRASIL, ENTRE 2004 E 2023

Gabriel von Flach Sarmento[a,*], Guilherme von Flach Sarmento[b], Plácido Natanael de Lima Neto[a], Beatriz Silva de Marco[a], Victor de Oliveira Alvim Albergaria[a], Alice Sarno Menezes[a], Gabriela Loula Dourado do Nascimento[a], Davi Domingos dos Santos Ferreira[a]

[a] *Escola Bahiana de Medicina e Saúde Pública (EBMSP), Salvador, BA, Brasil;*
[b] *Universidade Salvador (UNIFACS), Salvador, BA, Brasil*

Introdução: A Tuberculose (TB) é uma patologia granulomatosa crônica, apresentando como principal agente etiológico o Mycobacterium tuberculosis. Ela é considerada como a principal doença infecciosa causadora de óbitos em todo o globo. Apesar de seu principal sítio de infecção ser o pulmão, o trato geniturinário (TGU) pode ser acometido pela infecção. Por conta de sua importância, faz-se necessário compreender as características dos pacientes que são acometidos pela patologia.

Objetivos: Analisar as internações por TB do TGU, além de caracterizar o perfil epidemiológico dos afetados, no Brasil, entre 2004 e 2023.

Metodologia: Um estudo descritivo, ecológico e quantitativo com dados do departamento de informática do SUS