Introdução: O sarampo é uma doença altamente contagiosa e potencialmente fatal. O Brasil recebeu o certificado de eliminação do sarampo em 2016, mas desde então vem enfrentando reduções na cobertura vacinal e passou a registrar novos casos em 2018, que culminaram na perda da certificação. O Brasil ainda enfrentou outro surto de sarampo no ano de 2019 no estado de São Paulo, e mundialmente a Organização Mundial de Saúde relatou um aumento global dos casos de sarampo. A cobertura vacinal da tríplice viral não tem alcançado os valores de referência em diversas unidades federativas, com piora após o isolamento social, gerando população susceptível à surtos de sarampo. Assim, é necessário um estudo que busque avaliar o cenário do sarampo e da vacina no estado da Bahia.

Objetivo: Descrever os indicadores epidemiológicos de sarampo na Bahia, bem como sua cobertura vacinal, no período de 2016 a 2022.

Métodos: Estudo ecológico por série temporal, analisando o número de casos de sarampo, as características sociodemográficas dos casos e a cobertura vacinal. As bases de dados utilizadas foram o Sistema de Informação de Saúde do Programa Nacional de Imunização (SIS-PNI) e o Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), acessados através do DATASUS e da Secretaria da Saúde do Estado da Bahia (SESAB). A incidência foi calculada dividindo-se o número de casos de sarampo pelo total populacional da unidade federativa e multiplicando o resultado por 100.000 habitantes.

Resultados: Foram reportados casos de sarampo na Bahia nos anos de 2018, 2019 e 2020, com o pico de casos (70) acontecendo no ano de 2019. A incidência durante esses anos se manteve inferior a 0,5 casos por 100.000 habitantes durante todo o período. O sexo masculino (59%) foi mais afetado que o feminino (41%) e a faixa etária mais acometida foram adultos jovens entre 18 e 34 anos. A cobertura vacinal do sarampo enfrentou uma queda no período, com a primeira dose tríplice viral em 2016 cobrindo 85,7% da população alvo e alcançando a mínima em 2021 com 66,3% de cobertura vacinal.

Conclusão: O estado da Bahia, embora tenha apresentado casos de sarampo no período, o número foi baixo e limitado a três anos do período. As coberturas vacinais do sarampo se encontram insuficientes e geram aglomerados de população vulnerável. Diante disso, faz-se necessário o fortalecimento das estratégias de vigilância e controle dos casos de sarampo ao longo do tempo, especialmente após queda nas coberturas vacinais.

Palavras-chave: Sarampo Vacina Cobertura Vacinal Bahia

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103430

ALTERAÇÕES TRANSCRICIONAIS PRECOCEMENTE ENVOLVIDAS NA PROGRESSÃO DE PACIENTES PARA DOENÇA ARTICULAR CRÔNICA PÓS-CHIKUNGUNYA

Mariana Severo Ramundo[a,*], Guilherme Cordenonsi da Fonseca[b], Alexandra L. Gerber[b], Ana Paula Guimarães[b], Erika Regina Manuli[a], Marina Farrel Côrtes[a], Geovana Maria Pereira[a], Otavio Brustolini[b], Patrícia Brasil[c], Helder I. Nakaya[d], Gláucia Paranhos-Baccalà[e], Ana Tereza R. Vasconcelos[b], Ester Cerdeira Sabino[a]

[a] *Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil;*
[b] *Laboratório Nacional de Computação Científica, Brasil;*
[c] *Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil;*
[d] *Universidade de São Paulo (USP)/Instituto Todos Pela Saúde, São Paulo, SP, Brasil;*
[e] *bioMerieux AS, Brasil*

Introdução/Objetivo: Infecções pelo vírus Chikungunya (CHIKV) podem frequentemente resultar no desenvolvimento de Doença Articular Inflamatória Crônica pós-Chikungunya (pCHIKV-CIJD). Essa condição gera impactos na qualidade de vida dos pacientes e nos gastos com a saúde pública. Neste estudo, visamos identificar mecanismos moleculares precocemente envolvidos na evolução para pCHIKV-CIJD.

Método: Pacientes em fase aguda de chikungunya foram incluidos em uma coorte prospectiva e tiveram o seguimento de 90 dias. Aqueles pacientes que permaneceram com sinais clínicos de artrite e exame de imagem alterado foram considerados pCHIKV-CIJD. O RNA foi obtido do sangue total dos pacientes e foi realizado o sequenciamento de RNA total e small RNA. Foram realizadas análises de genes e microRNAs diferencialmente expressos, enriquencimento de vias, análise de módulos de coexpressão e interactoma.

Resultados: Comparando os pacientes que evoluíram para pCHIKV-CIJD com aqueles que não evoluíram, nós identificamos assinaturas moleculares precocemente associadas a cronificação nas fases aguda e subaguda da doença. Essas moléculas foram principalmente associadas a alterações na regulação da resposta imune. Dentre elas, o gene LIFR, que codifica para um receptor celular envolvido em um aumento de transcrição de IL-6, encontra-se sub-expresso em pacientes pCHIKV-CIJD. LIFR foi previamente validado como um alvo de miR-98-5p, que encontra-se superexpresso nesses pacientes. Pacientes que evoluíram para doença crônica também apresentaram redução dos níveis de transcritos de importantes mediadores imunológicos como interleucinas e seus receptores, como IL-6 e IL-6R; genes associados ao recrutamento de células imunes e resposta adaptativa, como CCR2; e genes que codificam diferentes subunidades do complexo proteossoma. Além disso, esses pacientes apresentaram redução dos níveis de MMP8, LFT e DDIT4. Esses genes já foram descritos como alterados em outros tipos de artrite como osteoartrite e artrite reumatóide e parecem também ser relevantes para o desenvolvimento de pCHIKV-CIJD.

Conclusão: Juntos, nossos achados adicionam conhecimento acerca dos mecanismos moleculares precocemente envolvidos na cronificação e destacam potenciais alvos para novos estudos. Entender esses mecanismos é crucial para o desenvolvimento de terapias efetivas e intervenções para os pacientes acometidos, podendo mitigar os efeitos da doença e reduzir os impactos causados.

Palavras-chave: Febre Chikungunya pCHIKV-CIJD Transcriptoma CHIKV

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103431