non-LP) e foi caracterizada através de RT-qPCR. No transcriptoma foram sequenciadas 37 amostras (11 TT, 7 LL e 19 non-LP) em um NextSeq 500 (Illumina) de acordo com as instruções do fabricante. Todas as analises bioinformáticas foram conduzidas em R e para cada conjunto de dados foram analisados os contrastes entre todas as combinações dos grupos de amostras.

Resultados: miR-144-5p, miR-20a-5p, miR-1291, miR-106b-5p e miR-16-5p mostraram-se diferencialmente expressos nas distintas comparações realizadas. Além disso, vários miRNAs apresentaram expressão diferenciada por sexo, sendo a primeira vez que esta característica é descrita em LP, sugerindo um marcador diferenciado para homens (miR-1291). No transcriptoma, seis genes hiperexpressos (SHISA7, MARCHF8, FOXO3, TSPAN5, WINK1 e RPIA) e dois hipoexpressos (RBBP4P2 e PSAT1) foram capazes de discriminar com alta precisão os grupos LP e não-LP (AUC ≥ 0,85). As análises de enriquecimento revelaram vias e processos importantes no desenvolvimento da doença, como apoptose, autofagia, mitofagia e ferroptose, mecanismos celulares importantes na defesa contra M. leprae. Vias que compreendem a diferenciação de células mieloides, o metabolismo de vitamina D e outras relacionadas ao sistema imune também se mostraram enriquecidas.

Conclusão: Novos genes e miRNAs foram identificados como possíveis biomarcadores de diagnóstico, com capacidade de diferenciar pacientes de contatos domiciliares, o que é essencial na prevenção da progressão da doença, assim como na redução de sua transmissão.

Palavras-chave: Hanseníase Biomarcador Expressão diferencial microRNA

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103627

FATORES DE RISCO, CLÍNICA E EPIDEMIOLOGIA DE PACIENTES COM MICOBACTÉRIAS NÃO TUBERCULOSAS ATENDIDOS EM UM HOSPITAL DE REFERÊNCIA DO CEARÁ: ANÁLISE DE 6 ANOS

Pedro Ítalo Oliveira Gomes[a,*], Karene Ferreira Cavalcante[b], Clarissa Perdigão Mello[c], Leonardo Nogueira Meireles[a], Zayra Hellen de Abreu Alexandre[a], Bruno Pinheiro Aquino[a], Liliane Nogueira Granjeiro[a], Terezinha do Menino Jesus Silva Leitão[a], Yolanda de Barros Lima Morano[c], Tânia Mara Silva Coelho[d], Evelyne Santana Girão[a], Silvia Figueiredo Costa[c], Lauro Vieira Perdigão Neto[a]

[a] *Hospital São José de Doenças Infecciosas (HSJ), Fortaleza, CE, Brasil;*
[b] *Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil;*
[c] *Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil;*
[d] *Secretaria de Saúde do Estado do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil*

Introdução/objetivo: As micobactérias não tuberculosas (MNT) são um problema de saúde pública emergente. Comumente ocorrem em pacientes com fatores de risco como imunossupressão e doença pulmonar. O diagnóstico pode ser realizado através da cultura para micobactérias e métodos moleculares. Há muitas lacunas sobre o entendimento genotípico, fenotípico e clínico-epidemiológico envolvendo esses agentes. O objetivo deste trabalho foi descrever características clínicas e epidemiológicas e aspectos microbiológicos de pacientes com MNT em um hospital terciário de doenças infecciosas.

Métodos: Coorte retrospectiva de pacientes com isolamento de MNT em pelo menos uma amostra clínica. O período estudado foi de janeiro de 2017 a dezembro de 2022. Foram analisados dados demográficos, clínicos, microbiológicos, desfecho de tratamento e mortalidade dos pacientes. Para amostras de escarro, o isolamento em duas amostras em dias diferentes de coleta foi o critério utilizado. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital São José de Doenças Infecciosas (CAAE: 65373822.0.0000.5044/2022)

Resultados: Foram analisados 71 pacientes: 40 (56%) do sexo masculino e 28 PVHA (39%), com 109 amostras clínicas. Um total de 50 casos de doença por MNT foram diagnosticados por critérios clínicos e microbiológicos, com predomínio de forma pulmonar (n = 35/50; 70%), seguido de cutânea (n=8/50; 16%) e disseminada (n = 7/50; 14%). Os demais não obedeceram critérios microbiológicos para a doença por MNT. O principal fator de risco para forma pulmonar encontrado foi doença pulmonar prévia, para cutânea a realização de procedimentos cirúrgicos ou estéticos, e todos os pacientes com forma disseminada são PVHA. Houve diversidade de espécies encontradas, com predomínio de espécies dos Complexo Mycobacterium avium (para formas pulmonares e disseminadas), e Mycobacterium abscessus (para forma cutânea). Houve pacientes com Tuberculose (TB) pulmonar ativa coinfectados por MNT (n = 4/14; 29%). A mortalidade geral foi de 28% (n=20/71), e em sete pacientes o diagnóstico só foi realizado após o óbito.

Conclusão: Houve correlação entre PVHA e MNT, além de pacientes com doença pulmonar, inclusive TB ativa. Diante da diversidade ecológica, a identificação das espécies e a agilidade no diagnóstico podem ser estratégias para diminuir a mortalidade e garantir tratamento adequado.

Palavras-chave: Micobactérias não tuberculosas Mycobacterium avium Mycobacterium abscessos

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103628

HANSENÍASE: PERFIL DE UMA DÉCADA DE INTERNAÇÕES NO BRASIL

Ramon Reis Silva[*], Fernanda Prohmann Villas Boas, Carlito Lopes Nascimento Sobrinho

Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, Brasil

Introdução/objetivo: A Hanseníase é uma doença infecto-contagiosa com capacidade de causar danos irreversíveis, tanto biológicos, como sociais, sendo de notificação compulsória no Brasil. O objetivo desse estudo foi caracterizar os indivíduos internados, as internações e a Taxa de Mortalidade