

do polimorfismo (-G1082A) IL-10 e a expressão de IL-10 na gravidade da fibrose periportal e a HDA.

Palavras-chave: Esquistossomose Fibrose periportal Hemorragia Digestiva Alta Interleucina-10 Polimorfismo genético

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103515>

BARTONELLA HENSELAE COMO UM POSSÍVEL GATILHO PARA REAÇÕES HANSÊNICAS CRÔNICAS TIPO 2

Luciene Silva dos Santos^{a,*},
Marina Rovani Drummond^a, Nathalia Lopes Iori^a,
Isabela Maria Bernardes Goulart^b,
Andrea Fernandes Eloy da Costa França^a,
Elemir Macedo de Souza^a,
Paulo Eduardo Neves Ferreira Velho^a

^a Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP),
Campinas, SP, Brasil;

^b Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia,
MG, Brasil

Introdução: A hanseníase é uma doença milenar relacionada à pobreza, pois certas condições das populações menos favorecidas aumentam consideravelmente a exposição ao *Mycobacterium leprae* e ao *Mycobacterium lepromatosis*. Antes, durante ou mesmo após o término do tratamento para hanseníase, aproximadamente 30-50% dos pacientes desenvolvem reações inflamatórias agudas a antígenos micobacterianos, frequentemente localizados nos nervos periféricos. Essas reações inflamatórias são responsáveis pela maioria das deficiências físicas relacionadas a doenças infecciosas. Quando os pacientes apresentam reações hansênicas subsequentes, ou seja, por mais de seis meses, são considerados reações crônicas, sendo comum o envolvimento neural. Nesses casos, é necessário investigar fatores que possam atuar como desencadeadores dessas reações, incluindo coinfeções, ainda que subclínicas. A imunidade mediada por células Th1 desempenha um papel importante na evolução das infecções bacterianas intracelulares e, portanto, na evolução da hanseníase e suas reações. Há evidências de que a imunidade mediada por células também está intimamente relacionada com a patogênese e controle da infecção por *Bartonella* spp.. Essas bactérias podem causar infecção assintomática e são responsáveis por doenças emergentes e reemergentes. A coinfeção por *B. henselae* em paciente com reação hansênica crônica acompanhado na UNICAMP já foi descrita. Neste paciente houve melhora completa das reações com o tratamento para *B. henselae*.

Objetivo: Avaliar a ocorrência de infecção por *Bartonella* sp. Em amostras de sangue de pacientes que tiveram episódios subintraentes de reações hansênicas tipo 2 por mais de seis meses, comparando-os com um grupo controle.

Métodos: Foram utilizados métodos microbiológicos e moleculares (PCR) em amostras de sangue de pacientes de dois centros de referência para o tratamento da hanseníase no sudeste do Brasil. A evolução de pacientes com DNA de *Bartonella* sp. Detectado em um dos centros também foi observado.

Resultados: Houve maior prevalência de infecção por *Bartonella henselae* em pacientes, 19/47 (40,4%), em comparação com o controle, 9/50 (18,0%), $p = 0,0149$. Cinco pacientes aceitaram o tratamento para coinfeção e todos apresentaram melhora das reações hansênicas com o tratamento da infecção por *B. henselae*.

Conclusão: Conclui-se que essas bactérias podem desencadear reações crônicas da hanseníase tipo 2 e devem ser investigadas nesses pacientes.

Palavras-chave: *Bartonella* Coinfeção Hanseníase Eritema Nodoso

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103516>

CORRELAÇÃO ENTRE DESMATAMENTO E INCIDÊNCIA DE CASOS AUTÓCTONES DE MALÁRIA EM MUNICÍPIOS DA AMAZÔNIA LEGAL NO PERÍODO ENTRE 2011 E 2021 – UMA ABORDAGEM ONE HEALTH

Gustavo Henrique Nicoletti Dalle Cort^{*},
Vitória de Conti Lopes,
Victor Henrique Dominiak Soares, Giulia Bowens,
Sonia Mara Raboni

Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil

Introdução: O aumento de casos de malária, mesmo com o desenvolvimento de tratamentos e testes diagnósticos rápidos, apresenta-se como um grande desafio para a saúde global. A malária é uma parasitose transmitida por mosquitos do gênero *Anopheles*, geralmente silvestres e usualmente encontrados em água parada e límpida. Alterações no ambiente podem forçar o mosquito a conviver com o ser humano, aumentando a incidência de malária. Estas alterações incluem o desmatamento, que sofreu aumento expressivo no Brasil entre o ano de 2011 e 2021. Como visto, a malária é uma doença com forte influência na saúde humana, ambiental e animal, tornando a abordagem de One Health (Saúde Única) ideal para este estudo. Portanto, nossos objetivos são acompanhar e comparar a evolução da incidência anual de casos de malária e a variação do desmatamento em municípios da Amazônia Legal entre 2011 e 2021.

Metodologia: Os dados sobre casos de malária no Brasil foram obtidos nos boletins epidemiológicos da Secretaria de Vigilância em Saúde, para cálculo da incidência de malária em cada local e período, a população de cada município foi obtida através das estimativas do Censo demográfico do Brasil de 2010 do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Dados sobre o desmatamento foram coletados do Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE), na plataforma TerraBrasilis. A partir da incidência da malária anual por município e dos números do desmatamento nos locais estudados, foi ajustado um modelo linear misto generalizado (GLMM) com efeitos fixos para o ano e a área desmatada e interceptos aleatórios para os municípios. O modelo foi ajustado com o pacote “GLMMadaptive” na versão 4.3.0 do software R. A variável dependente foi a incidência de malária e a distribuição usada foi a binomial negativa inflacionada de zeros. Foi realizado um teste de Kolmogorov-Smirnov para verificar a normalidade dos resíduos.