

a fatores como desenvolvimento econômico, saneamento e segurança hídrica. As vias fecal-oral e pessoa-pessoa são as mais importantes para sua transmissão. Em junho de 2017, a OMS emitiu um comunicado que destacava a ocorrência de surtos da doença concentrados em HSH em diversos países no último ano. Também foram relatados surtos isolados no Brasil que predominaram em HSH.

Objetivo: Fazer uma análise descritiva sobre a associação de fatores comportamentais e relato de hepatite aguda na população HSH.

Metodologia: Survey online com o objetivo de correlacionar fatores comportamentais com o relato de ter recebido diagnóstico de hepatite aguda nos últimos 12 meses. O link da enquete foi divulgado a partir de dezembro de 2017 em redes sociais.

Resultado: De 01/12/2017 a 24/05/2018, 1.164 indivíduos responderam a pesquisa, dos quais 42,7% eram do sexo masculino. Entre esses, 51,2% haviam tido pelo menos uma relação sexual com homens nos últimos 12 meses. Nesse subgrupo, 12% afirmaram ter recebido diagnóstico de hepatite aguda nos últimos 12 meses, contra 0,7% dos homens heterossexuais. Analisando comparativamente os HSH com e sem diagnóstico de hepatite aguda no último ano, encontramos diferenças nas seguintes variáveis, respectivamente: relato de mais de cinco parceiros nos últimos 12 meses (79 e 37%); relato de ter conhecimento de que pelo menos um parceiro apresentou hepatite no último ano (31 e 3%); relato de ter feito sexo em locais de aglomeração como saunas, parques, banheiros públicos, boates, festas de sexo (86 e 58%); relato de diagnóstico de outras ISTs no último ano (31 e 19%); relato de uso de PrEP do HIV (10 e 8%); relato de viagens para fora do estado (78 e 76%); e relato de ter participado de eventos restritos ao público LGBT (59 e 31%).

Discussão/conclusão: O relato de ter apresentado hepatite aguda no último ano foi maior na população HSH, grupo esse que também relatou maior quantidade de parceiros sexuais, contato sexual com parceiro que sabidamente apresentou hepatite, sexo em locais de aglomeração, participação em eventos LGBT e maior frequência de outras ISTs. Esses fatores também estão listados na literatura como de risco para a transmissão de hepatite A.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.179>

EP-118 PREVALÊNCIA DOS GENÓTIPOS DO VÍRUS DA HEPATITE C (HCV) NO ESTADO DO PIAUÍ, NORDESTE - BRASIL



Daniilo Rafael da Silva Fontinele, Emmanuelle Pessoa Costa, Hitalo Roberto de Araújo Coêlho, Herion Alves da Silva Machado, Francisco das Chagas F. de Melo Júnior, Fabiano Vieira da Silva, Liline Maria Soares Martins

Universidade Estadual do Piauí (Uespi), Teresina, PI, Brasil

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 2 - Horário: 10:51-10:56 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A infecção pelo vírus da hepatite C (HCV) constitui um grave problema de saúde pública, sendo uma das

maiores causas de morte entre as hepatites virais, conforme a Organização Mundial de Saúde (OMS) 71 milhões de pessoas vivem com o vírus da hepatite C e no Brasil, aproximadamente 320.000 pessoas convivem com vírus C. A hepatite C apresenta sete principais genótipos e diversos subtipos, decorrente do seu alto grau de variabilidade genética. Os genótipos têm importância na resposta ao tratamento, sendo os genótipos 1 e 4 com inferior resposta terapêutica.

Objetivo: Estimar a prevalência dos genótipos e subtipos virais circulantes do HCV no estado do Piauí.

Metodologia: Trata-se de um estudo retrospectivo, descritivo e transversal, previamente aprovado pelo comitê de ética e pesquisa da Universidade Estadual do Piauí (parecer n.2.544.795). A coleta de dados foi realizada em laboratório do Piauí, utilizando o banco de dados do Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL), no período de 2017-2018.

Resultado: Foram analisados 63 resultados de exames de genotipagem para o vírus C. Houve maior prevalência do genótipo 1 (55,5%), seguido do tipo 3 (36,5%) e do tipo 2 (8%). Entre os pacientes com genótipo 1, detectou-se maior prevalência para o subtipo 1b (62,8%), seguido do subtipo 1a (34,3%).

Discussão/conclusão: Houve maior prevalência da infecção pelo genótipo 1 subtipo 1b, corroborando com os dados nacionais. Conhecer os genótipos e os subtipos virais é importante para traçar as diretrizes de tratamento e para compreender a disseminação do vírus da hepatite C.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.180>

Área: ANTIMICROBIANOS/INFECTOLOGIA CLÍNICA
Sessão: MISCELÂNEA

EP-119 TRIAGEM SOROLÓGICA DE GESTANTES PIAUIENSES PARA CITOMEGALOVÍRUS, POR USO DE DRIED BLOOD SPOTS



Daniilo Rafael da Silva Fontinele, Francisco das Chagas F. de Melo Júnior, Roberta Pires de Sousa Matos, Cristiane Vieira Amaral, Herion Alves da Silva Machado, Hitalo Roberto de Araújo Coêlho, Emmanuelle Pessoa Costa, Liline Maria Soares Martins, Fabiano Vieira da Silva

Universidade Estadual do Piauí (Uespi), Teresina, PI, Brasil

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 3 - Horário: 10:30-10:35 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: O Citomegalovírus (CMV), pertencente à família Herpesviridae, é um vírus transmitido por fluidos biológicos, como urina, sêmen, secreção vaginal e leite materno, via transplacentária, transfusão sanguínea ou transplante de órgãos. Possui ampla distribuição mundial e caráter ubíquo, sendo uma das principais causas de infecção congênita, com prevalência entre 0,2-2,2% em nascidos vivos, e suas repercussões trazem complicações ao feto como: surdez, cegueira, retardo mental e outros. Desse modo, uma das formas de