Introdução/objetivo: As Doenças Tropicais Negligenciadas (DTNs) têm grande impacto na saúde pública mundial e estão sendo abordadas e discutidas pela Organização Mundial da Saúde, juntamente com a Organização das Nações Unidas, por meio de um roteiro ambicioso focado no controle e eliminação dessas doenças até o ano de 2030. Esse roteiro enfatiza a necessidade de se realizar intervenções transversais holísticas no combate a essas doenças, incluindo aquelas de caráter zoonótico. Nesse contexto, a abordagem "One Health" ou Saúde Única se torna fundamental já que analisa as interações dos sistemas de saúde humana e animal em seu meio ambiente compartilhado, incluindo questões sociais e econômicas de forma ampla. Assim, o presente estudo teve como objetivo avaliar o conhecimento dos profissionais médicos sobre a sigla DTNs e a abordagem "One Health" visando um diagnóstico situacional.

Métodos: Trata-se de um estudo transversal e quantitativo, com coleta de dados através de um questionário estruturado, aplicado de forma presencial em médicos de várias especialidades clínicas atuantes nos três níveis de atenção à saúde do município de Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil, entre os meses de março e agosto de 2022. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos do Hospital Universitário da Universidade Federal de Juiz de Fora (Número do Parecer: 5.277.686).

Resultados: Entre os 254 médicos incluídos no estudo, 246 (96,85%) desconheciam a sigla DTNs. Foi solicitado para os 8 médicos que conheciam a sigla que citassem três exemplos de DTNs; como resultado, 1 (12,50%) descreveu corretamente duas doenças; 4 (50,00%) apenas uma doença e os outros 3 (37,50%) não descreveram nenhuma doença corretamente. Em relação a abordagem "One Health" 100% dos médicos responderam que não tinham conhecimento deste conceito.

Conclusão: O alto percentual de médicos que desconhecem a sigla DTNs e a abordagem "One Health" demonstra a necessidade de uma ação mais incisiva sobre o assunto entre os profissionais médicos, destacando sua importância na prática clínica, visando contribuições efetivas de saúde e bem-estar nas interfaces Humano-Animal-Meio ambiente. Por fim, ressalta-se que o conhecimento sobre essas duas temáticas é fundamental para que as estratégias de monitoramento, controle e prevenção das DTNs sejam realizadas de forma holística associando a saúde humana, animal e ambiental, em busca de melhores resultados em prol da saúde pública.

Palavras-chave: Doenças Tropicais Negligenciadas One Health Saúde Pública

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103514

AVALIAÇÃO DO POLIMORFISMO PROMOTOR (G-1082ª) NO GENE INTERLEUCINA-10 (IL-10) EM PACIENTES COM ANTECEDENTES DE HEMORRAGIA DIGESTIVA ALTA ESQUISTOSSOMÓTICA EM PERNAMBUCO

Thaysa Carolina Gonçalves Silva[a,*],
Ana Risoflora Alves de Azevedo[b],
Maria Clara Silva Bezerrab Aline de Melo Silva[b],
Lucas Emanuel de Vasconcelos Cândido[b],
Elker Lene Santos de Lima[c],
Maria Tereza Cartaxo Muniz[d],
Amanda Gabriela da Silva[a],
Caroline Louise Diniz Pereira[a],
Ana Lúcia Coutinho Domingues[a],
Edmundo Pessoa de Almeida Lopes[a],
Paula Carolina Valença Silva[b]

[a] *Programa de Pós Graduação em Medicina Tropical, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;*
[b] *Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;*
[c] *Laboratório de Biologia Molecular, Centro de Oncohematologia Pediátrica, Hospital Universitário Oswaldo Cruz, Universidade de Pernambuco (UPE), Recife, PE, Brasil;*
[d] *Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade de Pernambuco (UPE), Recife, PE, Brasil*

Introdução/objetivo: O padrão de Fibrose Periportal (FPP) é um dos indicadores de morbidade da infecção por Schistosoma mansoni e pode levar à hipertensão portal com a formação de varizes esofagogástricas que, ao romperem, causam Hemorragia Digestiva Alta (HDA). As variantes genotípicas do gene da Interleucina-10 (IL-10) podem estar envolvidas nos mecanismos moleculares da fibrose periportal e possivelmente na ocorrência de HDA em esquistossomóticos. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a associação do polimorfismo da região promotora (-G1082A) do gene IL-10 e suas dosagens séricas com o antecedente de HDA em pacientes esquistossomóticos em Pernambuco.

Métodos: Estudo transversal, retrospectivo, com 124 pacientes com S. mansoni atendidos no Ambulatório de Gastroenterologia do Hospital das Clínicas da Universidade Federal de Pernambuco (HC-UFPE), nos anos de 2012 e 2013. Foi utilizado o banco de dados imunogenéticos do grupo de pesquisa "Esquistossomose Clínica e Experimental" para consulta dos genótipos e concentrações séricas da IL-10. O polimorfismo (−G1082A) do gene IL-10 foi determinado por Reação em Cadeia de Polimerase Alelo-Específico. Os níveis séricos de IL-10 foram medidos por ensaio imunoenzimático comercial (ELISA) (Biosource; Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA), de acordo com as instruções do fabricante. A análise estatística foi executada no software Epi-Info versão 3.5.5 e foram calculadas as Razões de Prevalência brutas, considerando-se $p < 0,05$ para significância estatística.

Resultados: Não houve evidência de associação entre o polimorfismo (−G1082A) IL-10 e o antecedente de HDA (RP = 0,795, IC 95% = [0,577-1,085] e p = 0,210). Não houve evidência de associação entre os níveis séricos médios de IL-10 e a HDA (RP = 1,393, IC 95% = [0,778-2,495] e p=0,371). Não houve evidência de associação entre os níveis séricos médios de IL-10 e o polimorfismo (−G1082A) IL-10 (RP = 1,180, IC 95% = [0,669-2,082] e p = 0,831).

Conclusão: Os resultados sugerem que o polimorfismo (-G1082A) IL-10 e os níveis séricos de IL-10 não estiveram associados a HDA nesta população. São necessários novos estudos, com amostras maiores, para avaliar os polimorfismos e os níveis séricos de IL-10, e analisar melhor o impacto

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 coinfecções, 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 coinfecção 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 subintrantes 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 coinfecção 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 Coinfecção 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.