divididos em dois grupos clínicos: expostos (71 pacientes com genótipo GA ou AA (-308) TNF- α) e não expostos (53 pacientes com o genótipo GG (-308) TNF- α). Foram analisados os fatores clínicos diâmetro de baço e veia porta antes do primeiro tratamento e durante 2 anos subsequentes. A exposição principal foi o polimorfismo (-G308A) TNF-α que foi detectado pela Análise de polimorfismo de fragmentos de restrição utilizando a reação em cadeia da polimerase (PCR-RFLP). Utilizou-se como parâmetro para determinar o padrão da FPP a classificação de Niamey, ao passo que o diâmetro da veia porta e do baço longitudinal foram considerados normais quando $\leq$ 12mm e $\leq$ 13 cm, respectivamente. Foram calculadas medidas de Risco Relativo (RR) bruto por meio de análises bivariadas pelo software EpiInfo versão 7.0.

Resultados: Não houve associação estatisticamente significante entre o polimorfismo (-G308A) TNF-α e as alterações de medida de baço e veia porta nesta coorte que acompanhou indivíduos acometidos com Esquistossomose Mansoni do pré-tratamento até 2 anos subsequentes.

Conclusão: Serão necessários novos estudos, com amostras maiores, para investigar o real impacto deste polimorfismo em alterar a hipertensão portal em esquistossomóticos.

Palavras-chave: Esquistossomose TNF-α Polimorfismo

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103545

ISOLAMENTO DE AMOSTRAS DO COMPLEXO CORYNEBACTERIUM DIPHTHERIAE POTENCIALMENTE TOXINOGÊNICAS DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19 NO BRASIL: UM ALERTA À VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA BRASILEIRA

Lincoln de Oliveira Sant'Anna[a,*], Max Roberto Batista de Araújo[b], Tayná do Carmo Sant'Anna Cardoso[a], Fernanda Diniz Prates[b], Mariana da Cruz Mota[a], Mireille Ângela Bernardes Sousa[b], Paula Marcele Afonso Pereira Ribeiro[a], Ana Luiza de Mattos-Guaraldi[a], Louisy Sanches dos Santos[a]

[a] *Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil;*
[b] *Instituto Hermes Pardini S.A., Rio de Janeiro, RJ, Brasil*

Introdução/objetivo: A difteria é uma toxiinfecção aguda que se apresenta na forma respiratória e/ou cutânea, e que pode ser fatal devido à ação da toxina diftérica (TD). O principal agente etiológico é Corynebacterium diphtheriae, mas espécies filogeneticamente relacionadas (Corynebacterium ulcerans, Corynebacterium pseudotuberculosis, Corynebacterium belfantii, Corynebacterium rouxii e Corynebacterium silvaticum), que compõem o complexo C. diphtheriae, apresentam o potencial de produzir a TD e, assim, de causar a doença. Importante salientar que amostras atoxinogênicas deste complexo podem a qualquer momento passar a produzir a TD e que algumas destas espécies são patógenos de animais, incluindo animais de companhia, apresentando potencial de transmissão zoonótica. A difteria já foi responsável por muitas epidemias e seu controle foi possível com a introdução da vacinação com o toxóide diftérico na década de 70. Nos últimos anos, surtos foram reportados na República Dominicana, Haiti e Venezuela. Em decorrência da queda da cobertura vacinal contra a difteria e com o avanço da pandemia da COVID-19, em 2021, a Organização Pan-Americana de Saúde e a Organização Mundial de Saúde (OPAS/OMS) reiteraram aos Estados Membros que a vacinação e a vigilância epidemiológica desta doença não fossem interrompidas, e salientaram que um estoque de antitoxina diftérica fosse mantido para controle de possíveis surtos. Neste contexto, este trabalho visa reportar o isolamento, durante o período pandêmico, de amostras do complexo C. diphtheriae a partir de espécimes clínicos de humanos e animais de companhia coletados em diversos estados brasileiros.

Métodos: Os isolados, inicialmente processados por um laboratório particular de abrangência nacional, foram enviados para o Laboratório de Difteria e Corinebactérias de Importância Clínica da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (LDCIC/UERJ), para confirmação da identificação e investigação da toxinogenicidade pela técnica de mPCR.

Resultados: Ao todo, 20 amostras foram isoladas de material clínico, sendo 13 de origem humana e 7 de animal. Os isolados foram identificados como C. diphtheriae (n = 10) e C. ulcerans (n = 10) e caracterizados como atoxinogênicos.

Conclusão: Este estudo reforça que as principais espécies de Corynebacterium potencialmente toxinogênicas encontram-se em circulação no Brasil. Assim, enfatizamos que a vigilância epidemiológica da difteria seja contínua e que reservas da antitoxina diftérica sejam mantidas.

Palavras-chave: Difteria Vigilância epidemiológica Complexo C. diphtheriae

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103546

ITINERÁRIO TERAPÊUTICO DE PESSOAS COM DOENÇA DE CHAGAS

Gilmar Santos Oliveira Junior[*], Jorgana Fernanda de Souza Soares

Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil

Introdução: A doença de Chagas é um problema de saúde pública em especial de regiões pobres da América Latina, mesmo que movimentos migratórios de áreas endêmicas para regiões ricas, urbanas e desenvolvidas otmailst um desafio no seu combate, sendo preciso uma rede de atendimento capaz de identificar e dar suporte para estes pacientes. Assim, entender como foi constituído o itinerário terapêutico dessas pessoas, enquanto a trajetória percorrida para obter cuidados terapêuticos se torna importante. Deste modo, o objetivo do presente estudo foi identificar os caminhos percorridos em busca do acesso ao cuidado e as possíveis características e contextos que influenciaram essa trajetória entre pessoas acometidas por doença de Chagas.

Métodos: trata-se de estudo qualitativo descritivo com 15 pessoas atendidas no complexo-HUPES. A coleta de dados se deu por entrevistas semiestruturadas e gravadas. A análise de dados foi realizada por meio da técnica de análise de conteúdo.