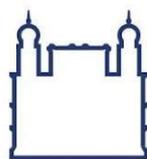




ANAIIS DA
IX JORNADA
CIENTÍFICA DO IAM
01, 02 e 06 dezembro
2022



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

Catálogo na fonte
Biblioteca Luciana Borges Abrantes dos Santos
Instituto Aggeu Magalhães / Fundação Oswaldo Cruz

J82a Jornada Científica do IAM (9.: 2022: Recife).
Anais da IX Jornada Científica do IAM 1, 2 e 6 de dezembro de
2022. — Recife: Fiocruz PE, 2022.
212 f.:

1. Saúde pública. 2. Política de saúde. 3. Biologia celular. 4.
Biologia molecular. 5. Entomologia. 6. Genética. 7. Imunologia. 8.
Microbiologia. 9. Parasitologia. I. Título.

CDU 614

Presidente da Fundação Oswaldo Cruz
Nísia Trindade Lima

Diretor do Instituto Aggeu Magalhães
Pedro Miguel dos Santos Neto.

Vice-Diretora de Ensino e Informação Científica
Sheila Andrade de Oliveira

Vice-Diretor de Pesquisa, Desenvolvimento Tecnológico e Serviços de Referência
Manoel Sebastião da Costa Lima Júnior

Coordenação Pós-Graduação em Saúde Pública
Kátia Medeiros

Coordenação de Pós-Graduação em Biociências e Biotecnologia em Saúde
Zulma Medeiros

Comissão Organizadora do Evento
Manoel Sebastião da Costa Lima Júnior
Vângela Costa da Silva
Mércia Cristiane Santana da Cunha
Maria Isabelly Xavier do Nascimento
Rivaldete Soares de Souza

Colaboradores
SEINFO
ASCOM

Comissão Avaliadora

Severino Jefferson, IAM/ FIOCRUZ PE
Raul Emidio, IAM/ FIOCRUZ PE
Elisama Helvecio, IAM/ FIOCRUZ PE
Mônica Crespo, IAM/ FIOCRUZ PE
Tatiane Araújo, IAM/ FIOCRUZ PE
Amanda Tavares, IAM/ FIOCRUZ PE
Valéria Pereira, IAM/ FIOCRUZ PE
Policarpo Sales, IAM/FIOCRUZ PE
Morgana Xavier, SES/PE
Sinval Brandão, IAM/ FIOCRUZ PE
Luciana Figueredo, IAM/ FIOCRUZ PE
Joanna Lucia, IAM/ FIOCRUZ PE

Walter Lins, IAM/ FIOCRUZ PE
Eduardo Duarte, IAM/ FIOCRUZ PE
Ana Lúcia, IAM/ FIOCRUZ PE
Paulette Cavalcanti, IAM/ FIOCRUZ PE
Ana Coelho, CAV/ UFPE
Ana Brito, IAM/ FIOCRUZ PE
Cristiane Bresani, IAM/ FIOCRUZ PE
Carolline Mariz, IAM/ FIOCRUZ PE
Marciana Feliciano, IAM/ FIOCRUZ PE
Mariana Nepomuceno, IAM/ FIOCRUZ PE
Marcela Alves, FIOCRUZ RIO

APRESENTAÇÃO

A Jornada Científica trata-se de um evento científico para acompanhamento de alunos de pós-graduação de mestrado e doutorado dos programas de Pós-Graduação em Saúde Pública (PPGSP) e Biociências e Biotecnologia em Saúde (PPGBBS) do Instituto Aggeu Magalhães que irão concluir seus trabalhos em 2023. As bancas são compostas por pesquisadores da própria instituição, colaboradores e alunos de pós-doutorado.

Além da atividade acadêmica em si, a apresentação dos trabalhos e a participação da comunidade IAM integra vários grupos de pesquisa e estimula a competitividade sadia.

Este ano a homenageada foi a Dra. Alzira Maria Paiva de Almeida, nascida em Palmares (PE), ingressa na Fundação Oswaldo Cruz em 2 de janeiro de 1967 e recebeu o Título de Pesquisadora Emérita em 29 de maio de 2019. A história profissional e humana foi exemplo de competência, determinação e ética. Ainda hoje sua carreira é inspiradora para as novas gerações e sua contribuição à ciência só fortalece a missão Fiocruz. Deixamos aqui nosso profundo agradecimento e admiração.



Foto: Acervo Fiocruz Pernambuco / IAM

Manoel Lima

Vice-diretor de Pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães

PROGRAMAÇÃO

01 de dezembro de 2022

09:30 às 10:30 – Cerimônia de Abertura: Direção, Vices de Pesquisa e Ensino

10:30 às 12:00 – Palestra: “Os desafios da Pós-graduação no Brasil”, ministrada por Dra. Camila Indiani de Oliveira.

12:00 às 13:00 – Intervalo para almoço

13:00 às 17:00 – Apresentação dos trabalhos

02 de dezembro de 2022

09:00 às 13:00 - Apresentação dos trabalhos

06 de dezembro de 2022

14:00 às 15:00 – Mesa-redonda: Dra. Alzira Almeida e Dra. Marise Sobreira

15:00 às 15:30 – Menções Honrosas

15:30 às 15:50 – Classificação Alzira Almeida

15:50 às 17:00 – Saudação Final

SUMÁRIO

AVALIAÇÃO DA AÇÃO DE UM LARVICIDA COMBINADO A BASE DE <i>Lysinibacillus sphaericus</i> E <i>Bacillus thuringiensis sorovar. israelensis</i> PARA <i>Culex quinquefasciatus</i> E <i>Aedes aegypti</i> , SOB CONDIÇÕES DE LABORATÓRIO	10
AVALIAÇÃO DA ASSOCIAÇÃO ENTRE VARIANTES GENÉTICAS E NÍVEIS PLASMÁTICOS DO RECEPTOR TLR4 COM O RISCO DE DESENVOLVIMENTO DA TUBERCULOSE PULMONAR	14
AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE BIOLÓGICA IN VITRO DE DERIVADOS DE PODOFILOTOXINA CONTRA CEPAS DE <i>Mycobacterium tuberculosis</i> SENSÍVEL E RESISTENTE	17
AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE INFECTIVA DO VÍRUS CHIKUNGUNYA À HEPATÓCITOS E CÉLULAS ESTRELADAS HEPÁTICAS E SUA PARTICIPAÇÃO NA PROGRESSÃO DA SEVERIDADE DA LESÃO HEPÁTICA EM MODELOS MURINOS EXPERIMENTAIS	20
AVALIAÇÃO DA INIBIÇÃO DO FATOR DE INICIAÇÃO DA TRADUÇÃO eIF4E ASSOCIADO A DROGAS ANTICANCERÍGENAS NA ATIVIDADE PROLIFERATIVA DE LINHAGENS CELULARES DE HEPATOCARCINOMA EM MODELO DE CULTURA TRIDIMENSIONAL	23
AVALIAÇÃO DE BIOMARCADORES IMUNOGENÉTICOS ENVOLVIDOS NA SUSCETIBILIDADE À LEISHMANIOSE VISCERAL EM PACIENTES COM HIV	27
AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO DO GENEXPERT MTB/RIF NO DIAGNÓSTICO DA TUBERCULOSE EXTRAPULMONAR	30
AVALIAÇÃO DO PAPEL DO CÃO NO CICLO DE TRANSMISSÃO DA LEISHMANIOSE TEGUMENTAR AMERICANA AO HOMEM, EM REGIÃO ENDÊMICA DE PERNAMBUCO, BRASIL.	34
CARACTERIZAÇÃO DE UM NOVO MODELO MURINO APLICADO A INVESTIGAÇÕES <i>IN VIVO</i> COM O VÍRUS MAYARO	37
CARACTERIZAÇÃO DO VIROMA DE RNA DE MOSQUITOS SILVESTRES	40
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE MOLÉCULAS DE <i>Culex quinquefasciatus</i> ASSOCIADAS A RESISTÊNCIA A <i>Lysinibacillus sphaericus</i>	43
CONSTRUÇÃO E EXPRESSÃO DE ANTÍGENO QUIMÉRICO DO VÍRUS DO SARAMPO (MeV) CONTENDO EPÍTOPOS DE CÉLULAS B COM POTENCIAL PARA APLICAÇÃO EM SORODIAGNÓSTICO.	46
DESENVOLVIMENTO DE MODELO CELULAR TRIDIMENSIONAL PARA AVALIAÇÃO DOS EFEITOS DA POLUIÇÃO ATMOSFÉRICA DE RECIFE E POTENCIAL PREVENÇÃO COM TERAPIA ANTIOXIDANTE	49
DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE PROTEÍNAS QUIMÉRICAS PARA O DIAGNÓSTICO SOROLÓGICO DA DIROFILARIOSE	53
DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE UMA PLATAFORMA DE DIAGNÓSTICO DO TIPO “POINT-OF-CARE” PARA SARS-COV-2	57
DETERMINANTES GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA AO TRATAMENTO QUIMIOTERÁPICO NA LEUCEMIA DA INFÂNCIA	60

DINÂMICA DA INFECÇÃO PELOS VÍRUS ZIKA E MAYARO EM MOSQUITOS <i>Culex quinquefasciatus</i> E <i>Aedes aegypti</i> EM MODELO ANIMAL	63
ESTUDO DA EXPRESSÃO GÊNICA DE VIAS ENVOLVIDAS NA DOENÇA HEPÁTICA PROVOCADA PELA ESQUISTOSSOMOSE MANSÔNICA	66
ESTUDO GENÔMICO DA DIVERSIDADE DE <i>Yersinia pestis</i> NO BRASIL	69
IDENTIFICAÇÃO IN SILICO DE EPÍTOPOS DAS PROTEÍNAS ESTRUTURAIS E NÃO ESTRUTURAIS QUE COMPÕEM O SARS COV-2 CAPAZES DE ESTIMULAR AS CÉLULAS T E B E AVALIAÇÃO DA RESPOSTA IMUNE IN VITRO E IN VIVO DOS EPÍTOPOS CANDIDATOS À VACINA MULTIEPÍTOPOS	72
IMPLICAÇÕES DA INFECÇÃO DO VÍRUS ZIKA EM MODELOS MURINOS DE HEPATOPATIAS	75
INFECÇÃO ASSINTOMÁTICA POR <i>LEISHMANIA</i> EM DOADORES DE SANGUE EM CARUARU- PE	78
INVESTIGAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE <i>Aedes albopictus</i> NO SEU PROCESSO DE EXPANSÃO GLOBAL	81
ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE VESÍCULAS EXTRACELULARES DERIVADAS DO ESTROMA MEDULAR DE PACIENTE COM LEUCEMIA AGUDA NA INFÂNCIA	84
METAGENÔMICA DE COMPONENTES PARTICULADOS DO AR CAPTURADOS POR DRONES AUTÔNOMOS EM UMA METRÓPOLE	87
PADRONIZAÇÃO DE TESTES REFERÊNCIAS DE qPCR PARA DETECÇÃO DE DOENÇA RESIDUAL EM PACIENTES COM LEUCEMIA INFANTIL	90
PESQUISA E CARACTERIZAÇÃO DE <i>Acinetobacter baumannii</i> ORIUNDOS DE ALIMENTOS <i>IN NATURA</i> DISTRIBUÍDOS NO CENTRO DE ABASTECIMENTO E LOGÍSTICA DE PERNAMBUCO.	93
PLASTICIDADE GENÔMICA DO VÍRUS SARS-COV-2 DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19 NO BRASIL	96
PRODUÇÃO DE ANTÍGENOS RECOMBINANTES DO CAPSÍDEO DO VÍRUS HEPATITE E (HEV) E AVALIAÇÃO POR TESTE IMUNOENZIMÁTICO	99
A AGROECOLOGIA E A AUTO-ORGANIZAÇÃO DE MULHERES NA CONSTRUÇÃO DA SOBERANIA ALIMENTAR NO SERTÃO DE PERNAMBUCO	103
A POLÍTICA DE SAÚDE NO CONTEXTO DE AUSTERIDADE FISCAL E CRISE DO ESTADO BRASILEIRO APÓS 2016.	106
A REGULAÇÃO DA FORMAÇÃO DE ESPECIALISTAS EM SAÚDE DA FAMÍLIA	109
ANÁLISE DA INSTITUCIONALIZAÇÃO DA PNEPS: DO PACTO PELA SAÚDE AO CONTEXTO DE AUSTERIDADE SELETIVA	113
ANÁLISE DO IMPACTO DA PANDEMIA POR COVID-19 NA TUBERCULOSE NO ESTADO DE PERNAMBUCO, NO PERÍODO DE 2018 A 2021: UMA ABORDAGEM NO TEMPO E NO ESPAÇO	130

ANSIEDADE E DEPRESSÃO EM PROFISSIONAIS DE SAÚDE DA ATENÇÃO PRIMÁRIA QUE PRESTAM ATENDIMENTO A PACIENTES SUSPEITOS OU CONFIRMADOS PARA COVID-19 EM UM MUNICÍPIO DE PERNAMBUCO	133
ASSOCIAÇÃO ENTRE OS SINTOMAS E OS DESFECHOS DOS CASOS GRAVES DA COVID-19, NO ESTADO DE PERNAMBUCO	136
AVALIAÇÃO DO IMPACTO DA PANDEMIA DA COVID-19 NA QUALIDADE DE VIDA DOS INDIVÍDUOS COM DOENÇA FALCIFORME ATENDIDOS EM UM HEMOCENTRO DE REFERÊNCIA	140
DENEGRINDO A PROMOÇÃO DE SAÚDE EM TEMPOS DE SINDEMIA GLOBAL: RELAÇÕES AGROECOLÓGICAS NO QUILOMBO DO BONFIM/PB	143
DETERMINANTES INDIVIDUAIS E CONTEXTUAIS DA MORTALIDADE POR COVID-19 EM PERNAMBUCO: UMA ANÁLISE MULTINÍVEL	146
DOENÇAS CRÔNICAS NÃO TRANSMISSÍVEIS - DIABETES MELLITUS, HIPERTENSÃO ARTERIAL E DISLIPIDEMIA - NO ESTADO DE PERNAMBUCO: VARIAÇÃO TEMPORAL E ANÁLISE DOS SEUS DETERMINANTES SOCIOECONÔMICOS NUM CONTEXTO DE DESIGUALDADES NO NORDESTE BRASILEIRO, EM 2006 E 2015/2016	149
EVOLUÇÃO DA MORBIMORTALIDADE DA TUBERCULOSE NO ESTADO DE PERNAMBUCO, NO PERÍODO DE 2001 A 2020	152
EVOLUÇÃO DO CONHECIMENTO SOBRE ATIVIDADE FÍSICA E COMPORTAMENTO SEDENTÁRIO E SEU EMPREGO NO CAMPO DA SAÚDE COLETIVA NO BRASIL	155
FATORES ASSOCIADOS AO RISCO DA OCORRÊNCIA DE HANSENÍASE: PERSPECTIVAS CLÍNICAS, OPERACIONAIS E ESPACIAIS, EM JOÃO PESSOA (PB), 2001 – 2019	158
FORMAÇÃO PARA O SUS NA AGENDA POLÍTICA: ANÁLISE DAS RESIDÊNCIAS EM SAÚDE EM PERNAMBUCO	161
HANSENÍASE NO ESTADO DE PERNAMBUCO: ANÁLISE TEMPORAL, ESPACIAL E DE SOBREVIVÊNCIA	165
MÃOS SOLIDÁRIAS: UMA CONTRIBUIÇÃO DA EDUCAÇÃO POPULAR PARA A SAÚDE DO CAMPO NO CONTEXTO DA PANDEMIA DE COVID 19:	168
O QUE PODE UM SANITARISTA? DESCOBERTAS A PARTIR DO LUGAR DO NASF-AB	171
“OCUPAR E RESISTIR”: UMA ANÁLISE DO ACESSO À SAÚDE DE SUJEITOS E FAMÍLIAS VINCULADAS AOS MOVIMENTOS SOCIAIS DE LUTA POR MORADIA NO RECIFE – PE	175
PADRÕES ESPACIAIS E TEMPORAIS DA MORTALIDADE POR COVID-19 NO RECIFE, PERNAMBUCO, 2020 A 2022	178
RAZÃO E PROPORÇÃO DO PROGRAMA MAIS MÉDICOS PARA O BRASIL, NO ALCANCE DAS METAS DOS INDICADORES DO PROGRAMA PREVINE BRASIL, NA ATENÇÃO PRIMÁRIA À SAÚDE.	182
REDE DE ATENÇÃO INTEGRAL À SAÚDE DA MULHER EM SITUAÇÃO DE VIOLÊNCIA E SUAS INTERSECCIONALIDADES: UMA ANÁLISE DOS LIMITES E POSSIBILIDADES NO MUNICÍPIO DE RECIFE-PE	191

RETROCESSOS NA REGULAÇÃO DE AGROTÓXICOS NA LEGISLAÇÃO BRASILEIRA E AS REPERCUSSÕES SOBRE A SAÚDE	194
SOBRE LUTAR PELA AMOROSIDADE	197
TERAPIA ANTIRRETROVIRAL: UMA ANÁLISE DOS FATORES RELACIONADOS À ADESÃO AO TRATAMENTO ENTRE CRIANÇAS E ADOLESCENTES COM DIAGNÓSTICO POSITIVO PARA HIV POR TRANSMISSÃO VERTICAL ACOMPANHADOS EM UM SERVIÇO DE ATENÇÃO ESPECIALIZADA (SAE) ENTRE 1987 E 2017.	200
UM RIO QUE CORRE EM MIM: NARRATIVAS DE MULHERES ATRAVESSADAS PELO MEGAPROJETO DE TRANSPOSIÇÃO DO RIO SÃO FRANCISCO	203
VALIDAÇÃO DO PROTOCOLO <i>PROTECTED CODE STROKE</i> (AMERICAN HEART ASSOCIATION) PARA O ATENDIMENTO PROTEGIDO DO AVC AGUDO	208

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
BIOCIÊNCIAS E BIOTECNOLOGIA EM SAÚDE**

**AVALIAÇÃO DA AÇÃO DE UM LARVICIDA COMBINADO A BASE DE
Lysinibacillus sphaericus E *Bacillus thuringiensis sorovar. israelensis* PARA *Culex quinquefasciatus* E *Aedes aegypti*, SOB CONDIÇÕES DE LABORATÓRIO**

RIQUE, Hyago Luiz¹; MENEZES, Heverly Suzany G¹; SILVA-FILHA, Maria Helena Neves Lobo¹.

¹ Filiação: Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Entomologia

RESUMO. Larvicidas microbianos a base de bactérias *Bacillus thuringiensis sorovar. israelensis* (Bti) e *Lysinibacillus sphaericus*, já são utilizados com sucesso no controle de mosquitos vetores, tais como *Aedes aegypti* e *Culex quinquefasciatus*. Estudos apontam que larvicidas combinados, compostos com cristais de ambas as bactérias, podem apresentar vantagens para o controle simultâneo destas espécies de mosquitos. Logo, este estudo visa avaliar os seguintes aspectos: ação larvicida do produto combinado para larvas *Cx. quinquefasciatus* (suscetível-S e resistente-R à toxina binária) e *Ae. aegypti* em laboratório; capacidade de reduzir a frequência de indivíduos com genótipo resistente à toxina Bin; teste de ação em semicampo e finalmente sua segurança do combinado para um organismo não-alvo *Artemia salina*. Como resultado, o produto combinado apresentou atividade para larvas de todas as colônias com discretas diferenças, sendo maior para indivíduos R. Por esta razão, para que haja redução de alelos de resistência em amostras populacionais contendo indivíduos suscetíveis e resistentes são necessárias doses letais para os indivíduos R para sua eliminação. Por fim, o teste semicampo e ensaios de toxicidade com *Artemia salina* estão em andamento.

Palavras-chave: 1. controle de vetores 2. mosquitos 3. resistência

Introdução

Ae. aegypti e o *Cx. quinquefasciatus* são mosquitos de importância médica pois atuam como vetores de patógenos. Para seu controle, destaca-se o uso de larvicidas à base de bactérias, *L. sphaericus* e Bti. O princípio ativo destas são cristais contendo protoxinas inseticidas. O cristal de *L. sphaericus* possui a protoxina binária (Bin) e do Bti, Cry4Aa, Cry4Ba, Cry11Aa e Cyt1Aa. Apesar de efetivos em campo, estes larvicidas apresentam limitações: para *L. sphaericus* é a seleção de resistência de *Cx. quinquefasciatus* ao Bin, enquanto Bti pode exibir persistência limitada em campo devido à vulnerabilidade dos cristais. Diante disso, larvicidas combinados com cristais das duas bactérias são desenvolvidos, a fim de suprir essas limitações. Esta associação de toxinas teria como vantagens: maior espectro de ação para espécies que coabitam nos criadouros; melhor persistência no ambiente e baixo potencial risco de seleção de resistência. Em relação à segurança, avaliações conjuntas dos

cristais bacterianos para organismos não alvo são escassas. Logo, diante do cenário de promover a inovação do uso de larvicidas microbianos para mosquitos, o objetivo geral deste estudo consiste na avaliação da ação do produto combinado para larvas de *Cx. quinquefasciatus* (suscetível S e resistente-R à toxina binária) e *Ae. aegypti* em condição de laboratório e teste de semi campo, segurança, sua capacidade de eliminar indivíduos resistentes em amostras populacionais.

Material e Métodos

Colônias de mosquitos e larvicidas. CqS: Colônia referência de suscetibilidade local a inseticidas. REC: Colônia de *Cx. quinquefasciatus* com uma alta razão de resistência ao *L. sphaericus* (RR>3500). SREC: Subcolônia de *Cx. quinquefasciatus* estabelecida neste estudo, a partir de indivíduos da CqS e REC para avaliar a redução da frequência de alelos. Rockefeller: Colônia de *Ae. aegypti* de referência internacional de suscetibilidade a inseticidas. **Biolarvicidas.** VectoMax FG® (*L. sphaericus*, 2.7% de cristais e 4.95% Bti) e VectoLex WG® (51,2% dos cristais de *L. sphaericus*). **Bioensaios de suscetibilidade de larvas.** Ensaios realizados para determinar as CL50 e CL90 das colônias descritas após 48h, usando a metodologia adaptada de WHO *et al.* (1985). **Ensaios de avaliação dose diagnóstica.** Ensaio de avaliação na determinação de doses diagnósticas, condições de laboratório, para grupos de larvas (CqS, REC e Rockefeller) e grupo mistos de larvas (CqS:70; REC:30; Rockefeller:50). **Teste campo simulado:** A atividade inicial e persistência do produto combinado nas concentrações de 2 e 4g/100L, em condições semicampo em até 12 semanas, em grupo de 100 larvas/recipiente (70CqS, 30REC e 50Rockefeller) está sendo avaliada. **Estabelecimento, tratamento e monitoramento da SREC.** Esta colônia foi estabelecida com frequência inicial de 0,7 de suscetíveis e 0,3 resistentes. A geração F1 SREC foi exposta ao Vectolex, a fim de selecionar indivíduos resistentes e as gerações seguintes ao Vectomax, para analisar seu efeito na frequência de genótipos suscetíveis e resistentes. A determinação dos genótipos foi baseada em larvas pré-expostas e adultos sobreviventes da geração, seguindo Chalegre, *et al.* (2009). **Ensaios de toxicidade para *Artemia salina*.** Náuplios de *Artemia salina* serão expostos a CL50 do larvicida combinado (CqS: 0,007; REC: 0,010 e Rockefeller: 0,042 mg/L), seguindo adaptação Meyer *et al.* (1982).

Resultados e Discussão

Suscetibilidade de larvas de mosquitos. O combinado apresentou atividade para larvas de todas as colônias. A CL50 e CL90 para larvas da CqS foram 0,007 e 0,033mg/L; REC, 0,009 e 0,069 e Rockefeller, 0,042 e 0,086, respectivamente. A atividade para as larvas resistentes foi menor, mas estas diferenças não são significativas a nível de bioensaios, pois há sobreposição dos intervalos de confiança das CL's. **Ensaios de avaliação dose**

diagnóstica. Os ensaios para CqS já estão finalizados, no qual foi visto que na concentração de 0.1 mg/L teve uma mortalidade média de 99% e 100% para o Vectomax e Vectolex, respectivamente. Para Rockefeller e resistentes os ensaios estão em fase de finalização.

Teste semicampo. O teste ainda está em andamento, porém já foi visto que em 48h há suscetibilidade média do produto em 100% para larvas de ambas as espécies nas concentrações testadas, assim como a persistência até três semanas acima de 90%.

Tratamento e monitoramento da SREC. A colônia foi estabelecida na frequência pré-estabelecida e a F1 foi exposta ao Vectolex, havendo a seleção de resistentes como prevista. Nas gerações seguintes, com o uso de doses letais de Vectomax para suscetíveis, não promove a eliminação de genótipos resistentes, mas são capazes de aumentar sua frequência. Assim, a colônia foi exposta a dosagem letal indicada para os indivíduos resistentes, para alcançar a sua eliminação. Logo, o produto combinado não apresenta dosagem que cause mortalidade igual entre indivíduos suscetíveis e resistentes, necessitando de doses mais elevadas letais para eliminar indivíduos resistentes.

Ensaio de toxicidade para *Artemia salina*. Estes experimentos estão em andamento.

Considerações Finais

Em suma, o produto combinado tem ação similar para larvas de *Cx. quinquefasciatus* suscetível e resistentes, além de *Ae. aegypti*, porém, para seu uso em populações que tenham indivíduos resistentes, é necessário usar doses letais estabelecidas para os indivíduos resistentes, cerca de já que doses subletais referentes aos suscetíveis permitem a seleção desses mosquitos refratários. Os ensaios de campo mostram resultados promissores até o momento.

Referências

WHO. Informal consultation on the development of *Bacillus sphaericus* as a microbial larvicide. UNDP/World Bank/WHO Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases. Geneva, p. 24. 1985.

CHALEGRE, K. D. M. *et al.* Detection of an Allele Conferring Resistance to *Bacillus sphaericus* Binary Toxin in *Culex quinquefasciatus* Populations by Molecular Screening. **Applied and Environmental Microbiology** , v. 75, n. 4, p. 1044-9,

AValiação DA ASSOCIAÇÃO ENTRE VARIANTES GENÉTICAS E NÍVEIS PLASMÁTICOS DO RECEPTOR TLR4 COM O RISCO DE DESENVOLVIMENTO DA TUBERCULOSE PULMONAR

ARAÚJO, Romário M.¹; PIMENTEL, Lílian M. L. M.¹; SCHINDLER, Haiana C.¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães – Fiocruz/PE, Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunoepidemiologia

RESUMO. A tuberculose (TB) é uma doença causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* que permanece como uma das principais causas de doença e morte na população. Apenas 5%-15% dos indivíduos infectados desenvolvem a forma ativa da doença, indicando que a resposta à exposição ao bacilo pode variar entre os indivíduos. As variantes genéticas *rs4986790* e *rs4986791* do receptor *Toll-like 4* têm sido associadas à susceptibilidade à TB em diferentes grupos étnicos. O presente trabalho propõe investigar uma possível associação de variantes do gene do TLR4 com a susceptibilidade à tuberculose pulmonar ativa em pacientes oriundos da cidade do Recife/PE. Estão sendo coletadas amostras de sangue periférico de pacientes com TB pulmonar ativa (N=81) e indivíduos controle (N=83). Após a extração de DNA genômico, estão sendo realizados ensaios de PCR e Sequenciamento para avaliação das variantes genéticas propostas. Posteriormente, a dosagem do TLR4 será avaliada através de Citometria de Fluxo. Os resultados parciais indicam uma predominância dos genótipos selvagens das variantes *rs4986790* e *rs4986791* (AA e CC, respectivamente), não sendo observada associação até o momento. Entretanto, se faz necessária a realização de testes em um número maior de indivíduos e dos ensaios de citometria de fluxo para que haja uma maior elucidação dos resultados.

Palavras-chave: Receptor Tool-like 4. Tuberculose Pulmonar. Variantes Genéticas.

Introdução

A tuberculose (TB) é uma doença infectocontagiosa causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*)^[1]. Considerada um problema prioritário de saúde pública, em 2020, foram estimados 5,8 milhões de novos casos de TB no mundo, com aproximadamente 1,3 milhão de óbitos. Diversos estudos demonstraram que o componente genético do hospedeiro desempenha um papel importante na relação hospedeiro-bacilo, influenciando numa maior resistência ou susceptibilidade tanto à infecção, quanto à progressão da doença ^{[2][3]}. O reconhecimento do *Mtb* pelas células apresentadoras de antígenos (APC) é mediado pelos receptores *Toll Like* ^{[4][5]}. O TLR4 é expresso em monócitos e outras células imunes, sendo importante na defesa contra o *Mtb*^[5]. Devido a isso, supõe-se que variantes genéticas podem alterar sua sinalização, influenciando na resposta do organismo ao bacilo da tuberculose. Diversas

variantes no gene *TLR4* têm sido associadas à susceptibilidade e/ou resistência à TB em diferentes grupos étnicos^[5]. Dentre eles, o *rs4986790* e o *rs4986791*. Dessa forma, o presente trabalho propõe investigar uma provável associação de variantes do gene do receptor TLR4, bem como seus níveis de expressão, com a susceptibilidade ou resistência à tuberculose pulmonar ativa em pacientes oriundos da cidade do Recife/PE.

Material e Métodos

Caracterização da área e população de estudo. Estão sendo selecionados pacientes de hospitais vinculados à rede SUS, subdivididos em a) **Grupo TBP (n = 81)**: Indivíduos com tuberculose pulmonar ativa, comprovada. b) **Grupo Sem TB (n = 83)**: Indivíduos com sintomatologia respiratória, sem TB. **Métodos de coleta e processamento das amostras.** **Sangue periférico.** Estão sendo coletados, em tubos de EDTA, 8 mL de sangue de cada paciente. O sangue está sendo processado, utilizando Ficoll-Paque™ para a separação dos elementos. **Escarro.** Para confirmação diagnóstica, de cada paciente, estão sendo coletados 5 mL de escarro^[6]. **Extração de DNA.** Seguindo o protocolo do kit *QIAamp DNA Mini Kit – Quiagen*. **Determinação das frequências das variantes no gene TLR4.** As regiões onde se localizam as variantes de interesse (592pb do éxon 4) para o gene do *TLR4* (*rs4986790* e *rs4986791*), estão sendo amplificadas pela Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Os fragmentos amplificados estão sendo avaliados em gel de agarose a 1,5%. Os produtos de PCR foram sequenciados, sendo analisados no programa Chromas Lite 2.01. **Análise da Expressão do Receptor TLR4 em monócitos.** A avaliação da expressão do receptor TLR4 será feita por Citometria de Fluxo. As células presentes na amostra serão marcadas com anticorpos monoclonais conjugados a fluorocromos, sendo posteriormente analisados pelo citômetro de fluxo *BD FACsCalibur™*. **Considerações Éticas.** O estudo já se encontra aprovado pelo Comitê de Ética (CAE: 48498821.2.0000.5190). **Análise Estatística.** A avaliação das características clínicas e epidemiológicas, frequências genótípicas, alélicas e fenotípicas da população de estudo está sendo calculada utilizando o software *IBM SPSS* ($\alpha < 0,05$).

Resultados e Discussões

Caracterização da população. Foram avaliados 164 indivíduos (81 pacientes e 83 controles). As variáveis idade, gênero, casos de TB na família, diabetes, tabagismo, alcoolismo, hipertensão e presença da cicatriz da BCG foram analisadas para observação da sua relação com a TBP. Encontramos associação da doença apenas com o alcoolismo ($p = 0,04$), de acordo com a literatura^[7]. **Análise das Variantes do TLR4 com a TBP.** As análises demonstraram um predomínio do genótipo selvagem (AA) na variante *rs4986790* no grupo TBP e Sem TB (93,83% e 86,75%, respectivamente). Em relação a variante *rs4986791*,

também houve predomínio do genótipo selvagem (TT) em ambos os grupos (98,77% e 91,57%). Não houve associação entre as variantes e TBP até o momento. **Relação entre as variantes e as características clínicas, biológicas e hábitos.** Não foi expressa associação entre as variantes estudadas e as características clínicas, biológicas e hábitos

Considerações Finais

Até o presente momento, não houve associação entre as variantes estudadas e a TBP, sendo necessário que os testes sejam realizados em um número maior de indivíduos para uma melhor elucidação dos resultados.

Referências

- COLE, S. et al. Deciphering the Biology of *Mycobacterium tuberculosis* from the complete genome sequence. **Nature, London**, v. 393, p.537-544, 1998.
- KINNEAR, Craig et al. The role of human host genetics in Tuberculosis resistance. **Expert review of respiratory medicine**, v. 11, n. 9, p. 721-737, 2017.
- ABEL, Laurent et al. Genetics of human susceptibility to active and latent tuberculosis: present knowledge and future perspectives. **The Lancet Infectious Diseases**, 2017.
- MOUTINHO, Ivana Lúcia Damásio. Tuberculose: aspectos imunológicos na infecção e na doença. 2011. [5] SEPEHRI, Zahra et al. Toll-like receptor 4 as an immune receptor against *Mycobacterium tuberculosis*: a systematic review. **Laboratory medicine**, v. 50, n. 2, p. 117-129, 2019.
- BRASIL. Ministério da Saúde (BR). Secretaria de Vigilância em Saúde. **Manual Nacional de vigilância laboratorial da tuberculose e outras micobactérias**, 2008.
- SIMOU, Evangelia; BRITTON, John; LEONARDI-BEE, Jo. Alcohol consumption and risk of tuberculosis: a systematic review and meta-analysis. **The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease**, v. 22, n. 11, p. 1277-1285, 2018.

AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE BIOLÓGICA IN VITRO DE DERIVADOS DE PODOFILOTOXINA CONTRA CEPAS DE *Mycobacterium tuberculosis* SENSÍVEL E RESISTENTE

RODRIGUES, Danielle Martiniano da Silva¹; PIMENTEL, Lílian Maria Lapa Montenegro¹; SCHINDLER, Haiana Charifker¹

¹ Filiação: Instituto Aggeu Magalhães, departamento de Imunologia, laboratório de Imunoepidemiologia

RESUMO. A tuberculose é uma doença infectocontagiosa, causada majoritariamente pela espécie *Mycobacterium tuberculosis*. A baixa adesão ao esquema terapêutico leva ao surgimento de novas formas de resistência, tornando necessária a utilização de fármacos mais tóxicos e mais onerosos, que podem estender o tempo de tratamento por até dois anos. Nesse contexto, novas estratégias se tornam essenciais no combate a essa epidemia. Pesquisas nesse sentido estão atualmente focadas na busca por novas moléculas contra o *Mtb*, dentre elas, a podofilotoxina, que é uma molécula sintetizada a partir de plantas da espécie *Podophyllum peltatum* e *Podophyllum emodi*. Portanto, o objetivo do presente trabalho é avaliar a atividade *in vitro* de derivados da podofilotoxina frente a cepas de *Mycobacterium tuberculosis* sensível e resistente para potencial utilização no tratamento da tuberculose. A avaliação da atividade biológica ocorrerá através do teste de concentração inibitória mínima, teste de citotoxicidade e teste de concentração inibitória fracionada em 15 compostos derivados de podofilotoxina. Os resultados parciais nesse estudo indicam que sete compostos apresentam boa atividade contra a cepa de referência *H37Rv*, no teste de concentração inibitória mínima, considerando MIC \leq 8 μ g/mL.

Palavras-chave: Tuberculose. Resistência. Podofilotoxina.

Introdução

A tuberculose é uma doença infectocontagiosa, causada em humanos majoritariamente pela espécie *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*). É um bacilo álcool-ácido resistente (BAAR), com parede celular rica em lipídios (ácidos micólicos e arabinogalactano), o que lhe confere alto grau de resistência intrínseca à maioria dos antibióticos e quimioterápicos (ROSSMAN & MACGREGOR, 1995; SARAVANAN *et al.*, 2018). Estima-se que, apenas no ano de 2020, a tuberculose tenha acometido cerca de 9,9 milhões de pessoas no mundo, sendo responsável por 1,3 milhão de óbitos (WHO, 2022). Apesar da disponibilidade de medicamentos contra o *Mtb*, diferentes formas de resistência estão em ascensão, tornando necessária a utilização de fármacos mais tóxicos e mais onerosos, que podem estender o tempo de tratamento por até

dois anos. Nesse contexto, novas estratégias se tornam essenciais no combate a essa epidemia. As pesquisas nesse sentido estão focadas na descoberta de novas moléculas eficazes contra cepas de *Mtb*. Dentre essas, uma classe de compostos derivados de podofilotoxina chamam atenção por sua atividade relatada contra outros microrganismos. A podofilotoxina é uma lignana de ocorrência natural, abundante nos rizomas de *Podophyllum peltatum* e *Podophyllum emodi*, que serviu de ponto de partida para o desenvolvimento de diferentes agentes anticancerígenos (FELICIANO *et al.*, 2013). Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho é avaliar a atividade *in vitro* de derivados da podofilotoxina frente a cepas de *Mycobacterium tuberculosis* sensível e resistente, para potencial utilização no tratamento da tuberculose.

Material e Métodos

Síntese dos compostos. A síntese, comprovação estrutural e caracterização dos 15 compostos avaliados neste estudo foram realizadas no Laboratório do Departamento de Química Farmacêutica da Universidade de Salamanca - USAL (Espanha). **Microrganismo.** A cepa utilizada neste estudo é *M. tuberculosis H37Rv*, classificada como sensível a todas as drogas de primeira linha (isoniazida, rifampicina, etambutol e pirazinamida) e cepa de resistência 1576, caracterizada com perfil de resistência a todos os fármacos de primeira linha. **Concentração Inibitória Mínima (MIC).** A atividade antimicobacteriana dos compostos foi realizada pelo método colorimétrico de microdiluição em placas de 96 poços, descrito primeiramente por Palomino e colaboradores (2002), utilizando a resazurina como solução reveladora. O MIC é definido como a menor concentração da droga que previne a mudança de coloração de azul (estado oxidado) para rosa (estado reduzido). **Avaliação da Citotoxicidade (CC50).** Para a realização do ensaio de citotoxicidade, o teste do MTT (brometo de 3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5-difeniltetrazólio) será realizado em placa de 96 poços de acordo com Mosmann (1983) e modificações. Será utilizada a linhagem J774A.1 (ATCC TIB-67), correspondente à macrófago murino. **Concentração Inibitória Fracionada.** Será realizada através do método de *checkerboard* de microdiluição bidimensional para avaliar a interação entre fármacos de referência e os compostos selecionados.

Resultados e Discussão

O MIC dos 15 compostos derivados de podofilotoxina sintetizados e avaliados apresentou variação entre 2 e 128 μM em cepa sensível de *Mtb H37Rv*. Os compostos AFJ-1, AFJ-2, AFJ-4, AFJ-6, AFJ 7 e AFJ-9 exerceram boa atividade antimicobacteriana contra as cepas de *M. tuberculosis*, de acordo com a classificação utilizada por Kumarasingam e colaboradores em 2018, considerando $\text{MIC} \leq 8 \mu\text{M}$. Dentre essas, a molécula AFJ-6 apresentou melhor atividade, com concentração inibitória de 2 μM .

Considerações Finais

Os derivados de Podofilotoxina apresentam atividade antimicobacteriana contra a cepa sensível de *Mtb* testada e, portanto, se mostram como candidatos promissores para os segmentos dos *testes in vitro*.

Referências

KUMARASINGAM, Kalaiselvi *et al.* Enhancing antimycobacterial activity of isoniazid and rifampicin incorporated norbornene nanoparticles. *International journal of mycobacteriology*, v. 7, n. 1, p. 84, 2018.

MOSMANN, T. Rapid colorimetric assay for cellular growth and survival: Application to proliferation and cytotoxicity assays. *Journal of Immunological Methods*, v. 65, n. 1- 2, p. 55 – 63, 1983.

PALOMINO, J. *et al.* Resazurin Microtiter Assay Plate: Simple and Inexpensive Method for Detection of Drug Resistance in *Mycobacterium tuberculosis*. *Antimicrob Agents Chemother*, v. 46, n. 8, p. 2720 – 2722, 2002.

ROSSMAN, M. D.; MACGREGOR, R. *Introduction and brief history*. Philadelphia: McGraw-Hill, 1995.

SARAVANAN, M. *et al.* Review on emergence of drug-resistant tuberculosis (MDR & XDR-TB) and its molecular diagnosis in Ethiopia. *Microbial Pathogenesis*, v. 117, p. 237 – 242, 2018.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). *Global tuberculosis report 2021*. Geneva: World Health Organization, 2022.

AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE INFECTIVA DO VÍRUS CHIKUNGUNYA À HEPATÓCITOS E CÉLULAS ESTRELADAS HEPÁTICAS E SUA PARTICIPAÇÃO NA PROGRESSÃO DA SEVERIDADE DA LESÃO HEPÁTICA EM MODELOS MURINOS EXPERIMENTAIS

GAMA, Juliana Ellen de Melo¹; MOURA, Danielle Maria Nascimento²; OLIVEIRA, Sheilla Andrade de²

¹ Filiação: Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ/PE), departamento de imunologia, laboratório de imunopatologia e biologia molecular.

RESUMO. A febre chikungunya é uma condição debilitante que causa febre súbita, poliartralgia e mialgia, esta resulta da infecção pelo vírus chikungunya. Já foi descrita a presença de CHIKV em tecido hepático, contudo, estudos a respeito da sua influência na morbimortalidade resultante das hepatopatias ainda não estão descritos. Sendo assim, este projeto se propõe a avaliar a capacidade de infecção in vitro do CHIKV sobre hepatócitos e células estreladas hepáticas e as alterações imunopatológicas induzidas pela infecção com CHIKV em modelos experimentais de fibrogênese hepática (Infecção parasitária pelo *S.mansoni* e indução química pelo tetracloreto de carbono-CCl₄). Para isso, linhagens celulares Vero, GRX, LX-2 e HepG2 foram infectadas por CHIKV. A avaliação da viabilidade celular foi realizada por meio do ensaio de XTT, além disso, a avaliação de marcadores de fibrogênese hepática (α -SMA e Gal-1) foi realizada pela qPCR. Os resultados demonstraram que as células LX-2 apresentaram citotoxicidade após infecção pelo CHIKV, observando-se alterações morfológicas 3 dpi. Dessa forma, o presente estudo poderá contribuir para uma melhor compreensão da influência do CHIKV em células estreladas hepáticas e hepatócitos, reforçando o aprimoramento de estratégias de combate à febre Chikungunya.

Palavras-chave: Vírus chikungunya. Células estreladas hepáticas. Modelos murinos de fibrogênese hepática.

Introdução

A infecção pelo vírus chikungunya se dá pela picada de mosquitos do gênero *Aedes*, este vírus pertence ao gênero *Alphavirus* e é composto por RNA de fita simples sentido positivo (WAHID et al., 2017; SILVA; DERMODY, 2017). A doença resultante da infecção pelo CHIKV, febre chikungunya, pode levar a poliartralgia debilitante, afetando consideravelmente a morbidade dos indivíduos acometidos (SIMON et al., 2008). Alguns estudos já relataram a presença do CHIKV em tecido hepático, bem como, a capacidade deste vírus infectar células hepáticas (HepG2). Contudo, ainda não está esclarecido se o vírus interfere na fibrogênese hepática ou na presença de comorbidades que acometem o fígado (KHONGWICHIT et al.,

2016; CHUA et al., 2010). Com isso, o objetivo geral deste projeto é avaliar a capacidade de infecção *in vitro* do vírus Chikungunya sobre hepatócitos e células estreladas hepáticas e as alterações imunopatológicas induzidas pela infecção do vírus Chikungunya em modelos experimentais murinos de lesão hepática.

Material e Métodos

As linhagens celulares são cultivadas em meio de cultura DMEM (Dulbecco's modified Eagle's medium) *high glucose* suplementado com 1% de antibiótico/antimicótico (Penicilina 10.000 U/mL /Streptomicina 10.000 µg/mL - Gibco-Life Technologies, BRA) e 10% de Soro Fetal Bovino (SFB - Vitrocell- Embriolife, São Paulo, BRA). As culturas celulares são mantidas em estufa com 95% de umidade e 5% de CO₂ à 37°C. A viabilidade celular foi avaliada por meio do ensaio de XTT. As linhagens celulares são cultivadas em placas de 96 poços e posteriormente, infectadas pelo CHIKV na multiplicidade de infecção (MOI) de 0.1. Após 1, 3 e 5 dpi, as placas são incubadas com meio DMEM isento de fenol e solução de XTT e a leitura é realizada no espectrofotômetro leitor de microplacas. Os *pellets* das linhagens celulares infectadas ou controle, foram coletados para a extração de RNA total por trizol e foi realizado o tratamento com a DNase I para posterior síntese de cDNA utilizando o GoScript Transcription System (Promega). A qPCR em tempo real foi realizada na QuantStudio 5 usando SYBR Green PCR Master Mix (Applied Biosystems). Os alvos analisados foram α -SMA e Gal-1, além de β -actina como controle endógeno.

Resultados e Discussão

Estudos como o de Wikan et al. (2012) apresentam a linhagem celular vero como suscetível à infecção pelo CHIKV e isto pode ser confirmado observando a morfologia das células 1, 3 e 5 dpi (dias pós-infecção) comparado ao controle. As células Hep demonstraram alterações na morfologia a partir de 3 dpi, mostrando citotoxicidade ao vírus, corroborando Khongwichit et al. (2016). A linhagem LX-2 demonstra mudança na morfologia após 3dpi, já as células GRX não apresentaram alteração morfológica. Os ensaios de XTT nos tempos de 3 dpi e 5 dpi demonstraram uma diminuição significativa da viabilidade da linhagem celular vero, comparando o controle com as infectadas. Contudo, o mesmo não foi observado nas demais linhagens estudadas.

Considerações Finais

As análises de qPCR estão em processo de finalização, com isso, não entraram no resumo expandido. Os experimentos *in vitro* do presente trabalho utilizando linhagens celulares hepáticas estão sendo finalizados para dar início aos estudos *in vivo*, o qual já possui CEUA aprovada.

Referências

- WAHID, B. *et al.* Global expansion of chikungunya virus: mapping the 64-year history. **Int. J. Infect. Dis.** V. 58, p. 69-76, 2017.
- SILVA, L. A.; DERMODY, T. S. Chikungunya virus: epidemiology, replication, disease mechanisms, and prospective intervention strategies. **J Clin Invest.** V. 127, n. 3, p. 737-749, 2017.
- SIMON, F.; PAULE, P.; OLIVER, M. Chikungunya virus-induced myocarditis: toward an increase of dilated cardiomyopathy in countries with epidemics? **Am J Trop Med Hyg.** V. 78, p. 212-213, 2008.
- KHONGWICHIT, S. *et al.* Cell-type specific variation in the induction of ER stress and downstream events in chikungunya virus infection. **Microb Pathog.** V. 101, p. 104-118, 2016.
- CHUA, H. H. *et al.* A fatal case of chikungunya virus infection with liver involvement. **Med. J. Malaysia.** V. 65, p. 83-84, 2010.
- WIKAN, N. *et al.* Chikungunya virus infection of cell lines: analysis of the East, Central and South African lineage. **PLoS One.** V. 7, n. 1, p. e31102, 2012.
- KHONGWICHIT S. *et al.* Cell-type specific variation in the induction of ER stress and downstream events in chikungunya virus infection. **Microb Pathog.** V. 101, p. 104-118, 2016.

**AVALIAÇÃO DA INIBIÇÃO DO FATOR DE INICIAÇÃO DA TRADUÇÃO
eIF4E ASSOCIADO A DROGAS ANTICANCERÍGENAS NA ATIVIDADE
PROLIFERATIVA DE LINHAGENS CELULARES DE HEPATOCARCINOMA EM
MODELO DE CULTURA TRIDIMENSIONAL**

DE MELO SILVA, Alex José ¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunopatologia e Biologia Molecular.

RESUMO. A morbimortalidade decorrente do carcinoma hepatocelular é um grave problema de saúde pública. Alterações do equilíbrio normal das células decorrente do processo cancerígeno tem ação na síntese proteica que controla a expressão de genes envolvidos na proliferação e diferenciação tumoral, além da sua progressão. Fatores envolvidos na síntese proteica são importantes moléculas nesse processo, sendo o eIF4E um deles. Dessa forma, o presente estudo objetiva avaliar o efeito da inibição eIF4E pela ribavirina associado ao sorafenibe, na atividade proliferativa da linhagem celular Hep-G2 em modelo de cultura tridimensional (3D). Nesse caso, verificamos pela técnica de western blotting a expressão gênica do eIF4E obtendo resultados positivos. Os tratamentos das culturas 2D e 3D (24, 48 e 72h) foram realizados com o sorafenibe (1,0 e 10 μ M) e ribavirina, (20 e 40 μ M) associados ou não. A técnica de XTT foi utilizada para avaliação da viabilidade celular mostrando diminuição desta, sobretudo nos tratamentos com o sorafenibe e a combinação. A apoptose foi verificada por citometria de fluxo e uma taxa de morte celular significativa foi observada nas culturas realizadas com a combinação dos fármacos. Foi realizado os experimentos *in vivo*, com animais CB17/scid e observamos que houve uma taxa de redução tumoral significativa entre os animais tratados com a combinação e também com a ribavirina.

Palavras chaves: carcinoma hepatocelular; terapia; Hep G2; cultura tridimensional; método alternativo.

Introdução

O carcinoma hepatocelular (CHC) é uma neoplasia do fígado que representa um importante problema de saúde pública devido a sua alta letalidade (OMS, 2018). O tratamento efetivo é a ressecção do tumor, porém quando não é passível de ser realizado ou o paciente não pode fazer cirurgia, os tratamentos quimioterápicos existentes têm função paliativa (FUJIWARA *et al.*, 2018; GALLE *et al.*, 2018). Diante disso, necessita-se desenvolver novos métodos para melhorar a qualidade de sobrevivência de pacientes com CHC. A síntese proteica, ou tradução, tem um papel importante na regulação da expressão gênica em eucariotos como

também na proliferação, apoptose e diferenciação e progressão tumoral (PASQUA *et al.*, 2017). Já foi demonstrado que a inibição do fator de iniciação da tradução eIF4E pode ser estratégia para inibir a progressão do câncer (NASR & PELLETIER, 2012; CHEN *et al.*, 2015). O objetivo do presente estudo é avaliar o efeito da inibição do fator de iniciação da tradução eIF4E pela ribavirina associado ao sorafenibe, na atividade proliferativa de esferoides compostos pela linhagem celular Hep-G2 em modelo de cultura tridimensional (3D).

Materiais e Métodos

As células da linhagem Hrp-G2 estão sendo cultivadas em meio DMEM, em placas *ultra low attachment* (cultura 3D) utilizando 10^6 células, e para verificar a eficácia da associação terapêutica estão sendo avaliados a expressão de fatores de tradução, estresse oxidativo, proliferação e morte celular. Para os tratamentos das culturas 2D e 3D (24, 48 e 72h) estão sendo usados o sorafenibe (1,0 e 10 μ M) e a ribavirina, (20 e 40 μ M) associados ou não. Além disso, serão mensurados os níveis de expressão do c-Myc e do fator de crescimento endotelial vascular (VEGF). A verificação da expressão do eIF4E nas células de Hep-G2 foi feita por meio de western blotting. Para análises de viabilidade e estresse oxidativo nas culturas foram utilizadas as técnicas de XTT e NBT, respectivamente. Além disso, a análise de apoptose foi realizada por meio de citometria de fluxo com marcação de anexina V e iodeto de propídio. Para verificação do potencial de proliferação será realizada a marcação com CFDA-SE e leitura por meio de citometria de fluxo. Os ensaios *in vivo* foram realizados na FIOCRUZ-BA, e foram utilizados camundongos da espécie CB17/scid, estes foram tratados com sorafenibe e ribavirina associados ou não e após 28 dias foram submetidos a eutanásia e coletados órgãos e tumor dos animais. As análises estatísticas estão sendo realizadas com os testes one way ANOVA e teste T-student, no graphPad prism (versão 8.0).

Resultados e Discussão

Foram realizados ensaios de western blotting para verificar a expressão do eIF4E, demonstrando-se positivo, como visto no estudo de Wang e colegas (2012) e Jiang e outros, (2016). Após tratamento das culturas 2D e 3D observamos que o tratamento com sorafenibe ou a associado à ribavirina foi mais eficiente em diminuir viabilidade celular ($p < 0,005$) já a partir de 24h. As análises de estresse oxidativo demonstraram que o tratamento com o sorafenibe, no modelo 2D, reduziu os níveis de estresse, sobretudo nos tempos de 48 ($p = 0,0009$) e 72 horas ($p = 0,001$). Na associação entre as drogas houve redução destes níveis em 48 e 72 horas ($p < 0,0001$). No modelo 3D, a associação foi possível diminuir o estresse oxidativo em 48 e 72 horas ($p = 0,0002$ e $p = 0,0004$, respectivamente). Os ensaios de apoptose demonstraram aumentos das taxas de células em apoptose nos modelos 2D e 3D,

a partir das 24 horas de exposição. A combinação das duas drogas demonstrou uma eficiência significativa sobretudo nas 72 horas de tratamento ($p < 0,0001$) nos dois casos. Quanto ao modelo *in vivo*, foi analisado o peso do tumor verificando que houve reduções comparando os grupos entre si e com o controle, sendo a combinação das duas drogas a que mostrou um resultado mais significativo. Foi analisado o peso inicial e final dos animais, verificando que não houve alterações nos mesmos, assim como nos órgãos. Foi analisada a taxa de inibição dos tumores em todos os grupos, e foi verificado que houve uma taxa de inibição significativa quando os animais foram submetidos ao tratamento com a combinação, seguida de uma diminuição com o tratamento utilizando apenas ribavirina e sorafenibe, respectivamente.

Considerações Finais

Diante dos resultados apresentados, verificamos que o uso combinado dos medicamentos em questão apresentou resultados significativos tanto em modelo *in vitro* quanto *in vivo*. No entanto, ressaltamos a importância da continuidade do estudo a fim de verificarmos com mais confiança a ação dessa combinação e seu efeito frente às células cancerígenas e a resposta frente a presença do tumor desenvolvido nos animais.

Referências

- ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE (OMS). Câncer. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cancer>. Acesso em: 15 mar. 2022.
- FUJIWARA, N. Risk factors and prevention of hepatocellular carcinoma in the era of precision medicine. **J Hepatol.** v. 68, P. 526–549, 2018.
- GALLE, P.A. et al. EASL Clinical Practice Guidelines: Management of hepatocellular carcinoma. **J Hepatol.** v.69 p. 182–236, 2018.
- PASQUA, E. et al. Targeting Protein Synthesis, Folding, and Degradation Pathways in Cancer. In: *Comprehensive Medicinal Chemistry III*, Nova York, Elsevier, 2017.
- NASR, Z., & PELLETIER, J. Tumor Progression and Metastasis: Role of Translational Deregulation. **Antic Reseach.** v. 32, p. 3077-3084, 2012.
- CHEN, B., et al. Knockdown of eukaryotic translation initiation factor 4E suppresses cell growth and invasion, and induces apoptosis and cell cycle arrest in a human lung adenocarcinoma cell line. **Mol Med Rep.** v. 12, p. 7971-7978, 2015.
- WANG, X. L. et al. Detection of eukaryotic translation initiation factor 4E and its clinical significance in hepatocellular carcinoma. **World J Gastroenterol.** v. 18, n. 20, p. 2540-2544. 2012.
- JIANG, X. M. et al., Prognostic significance of eukaryotic initiation factor 4E in hepatocellular carcinoma. *J Cancer Res Clin Oncol.* 2016.

AVALIAÇÃO DE BIOMARCADORES IMUNOGENÉTICOS ENVOLVIDOS NA SUSCETIBILIDADE À LEISHMANIOSE VISCERAL EM PACIENTES COM HIV

MONTEIRO, Bruna Eduarda Freitas ¹; SILVA, Elis Dionísio da ²; CAVALCANTE, Marton Kaique de Andrade, MEDEIROS, Zulma Maria de ¹.

¹ Instituto Aggeu Magalhães (IAM), Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Departamento de Parasitologia, Laboratório de Doenças Transmissíveis.

² Instituto de Saúde e Biotecnologia (ISB), Universidade Federal do Amazonas (UFAM).

³ Instituto Aggeu Magalhães (IAM), Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunopatologia e Biologia Molecular.

RESUMO. A leishmaniose visceral (LV), quando associada ao vírus da imunodeficiência humana (HIV), contribui para o pior prognóstico, o qual pode ser influenciado por aspectos imunogenéticos. Assim, o objetivo deste estudo é avaliar biomarcadores imunogenéticos envolvidos nos casos assintomáticos de LV em pacientes com HIV do Estado de Pernambuco. Participaram deste estudo transversal 330 pacientes (n=110 LV-HIV; n=220 HIV). Os níveis séricos das quimiocinas CCL2, CCL5, CXCL8, MIG e IP-10 foram quantificados por citometria de fluxo e a genotipagem dos polimorfismos *LGALS3* (rs4644) e *IL10* (rs1800871) ocorrerá por Reação em Cadeia da Polimerase Quantitativa (qPCR). Dentre as quimiocinas investigadas, CCL5, MIG e IP-10 apresentaram-se elevadas nos pacientes LV-HIV (n=45) e HIV (n=54). Porém não houve diferenças significativas nos níveis de todas as quimiocinas entre os grupos ($p > 0,05$). Portanto, é provável que atuem no quadro inflamatório de ambas as infecções, uma vez que possuem perfil imunológico semelhante. Todavia, através da realização de uma revisão sistemática envolvendo MIG e IP-10, estas moléculas foram apontadas como importantes biomarcadores de coinfeção LV-HIV. Assim, novas investigações envolvendo uma população maior, amostras biológicas estimuladas por antígeno solúvel de *Leishmania* (SLA) e outros grupos de comparação serão importantes para sustentar esses resultados.

Palavras-chave: Leishmaniose visceral. HIV. Biomarcadores.

Introdução

A leishmaniose visceral (LV) é uma doença infecto-parasitária que acomete grande parte da população mundial, sendo a maior parte dos casos assintomáticos. Quando associada ao vírus da imunodeficiência humana (HIV), é verificado agravamento no quadro clínico do paciente e maior possibilidade de óbito (MAKSOUUD *et al.*, 2022). Apesar de grandes esforços para o controle da LV em quadros de coinfeção (LV-HIV), ainda não está claro os aspectos

associados ao pior prognóstico. Acredita-se que o contexto imunogenético seja um importante fator para se determinar o resultado clínico. A presença de polimorfismos *LGALS3* (rs4644) e *IL10* (rs1800871), bem como variações nos níveis das quimiocinas MIG, IP-10, CCL2, CCL5 e CXCL8 podem estar relacionados com o desencadeamento de processos de susceptibilidade ou proteção à LV. Entretanto, não foram bem explorados na condição de coinfeção LV-HIV. Nesse contexto, o objetivo deste estudo é avaliar biomarcadores imunogenéticos envolvidos nos casos assintomáticos de LV em pacientes com HIV do Estado de Pernambuco.

Material e Métodos

Trata-se de um estudo transversal com grupos de comparação envolvendo pacientes coinfectados (LV-HIV) e mono infectados (HIV) do Estado de Pernambuco. Dados epidemiológicos e laboratoriais dos pacientes foram obtidos de prontuários médicos. Amostras de DNA serão utilizadas para a identificação dos polimorfismos *LGALS3* (rs4644) e *IL10* (rs1800871) por qPCR, utilizando-se o QuantStudio 5. As dosagens séricas de CCL2, CCL5, CXCL8, MIG e IP-10 foram realizadas a partir do sistema *Cytometric Bead Array* (CBA), através do citômetro de fluxo *FACSCaliburTM*. Os dados obtidos foram analisados pelo *GraphPad Prism Version 9.3.1*.

Resultados e Discussões

A infecção assintomática de *Leishmania* spp. em indivíduos com HIV é caracterizada por uma resposta celular relacionada a ativação e proliferação específica de linfócitos T CD4⁺, com predominância do perfil T helper 1 (Th1) que está associada ao controle da infecção. Essa resposta celular envolve a síntese de quimiocinas pró-inflamatórias como a CCL2, CCL5, CXCL8, MIG e IP-10. Uma vez que o parasita é capaz de evadir dessa resposta, a doença se desenvolve (MAKSOUUD *et al.*, 2022). Deste modo, a *Leishmania* e o HIV ao infectar células do hospedeiro, atuam de forma sinérgica promovendo anergia celular ou a resposta celular T helper 2 (Th2), favorecendo a progressão de ambas as doenças, LV e AIDS. Nesse contexto, a partir da realização de uma revisão sistemática que foi submetida a publicação, foi verificado que MIG e IP-10 apresentam-se elevadas na LV, principalmente durante a infecção assintomática e na determinação de cura, sendo indicadas como importantes biomarcadores ao prognóstico. Essas moléculas também foram avaliadas na condição de coinfeção LV-HIV, em um único estudo realizado na Espanha por Botana *et al.* (2019), o qual por meio de um ensaio com sangue total estimulado por SLA, foram encontradas em maiores concentrações nos indivíduos assintomáticos LV-HIV, quando comparado aos controles (HIV⁺). Embora, esses resultados sejam sugestivos em apontar tais moléculas como biomarcadores de LV em condição de mono infecção e coinfeção com HIV; neste estudo, MIG e IP-10, assim como as

quimiocinas CCL2, CCL5 e CXCL8 não apresentaram diferenças significativas ($p > 0.05$) entre os grupos de comparação (LV-HIV e HIV). Além disso, entre os respectivos grupos, os níveis elevados de MIG 931,4 pg/ml (267,0-10155); 1263 pg/ml (286,1-10383), IP-10 355,7 pg/ml (67,42-1763); 360,8 pg/ml (31,74-2436) e CCL5 3137 pg/ml (1713-3499); 3205 (2600-3918), demonstram que essas quimiocinas provavelmente atuam no quadro inflamatório de ambas as infecções, sugerindo um perfil imunológico entre os grupos semelhante. Esses resultados evidenciam a importância de um melhor entendimento acerca da imunopatogênese da coinfeção, no intuito de desenvolvimento de novas estratégias para o manejo adequado dos indivíduos, visto a enorme dificuldade no diagnóstico e prognóstico.

Considerações Finais

Neste estudo não foram encontradas diferenças significativas entre as quimiocinas avaliadas, no entanto, é necessário novas investigações envolvendo uma maior quantidade de amostras clínicas estimuladas por SLA, de diferentes populações, como forma de avaliar o papel dessas quimiocinas como biomarcador de LV na coinfeção com HIV. Assim como espera-se caracterizar do ponto de vista imunogenético a influência dos polimorfismos *LGALS3* (rs4644) e *IL10* (rs1800871) nessa população.

Referências

- BOTANA, L. *et al.* Asymptomatic immune responders to *Leishmania* among HIV positive patients. **PLoS neglected tropical diseases**, v.13, n.6, p.e0007461, Jun. 2019.
- MAKSOUUD, S. *et al.* *Leishmania donovani* and HIV co-infection *in vitro*: Identification and characterization of main molecular players. **Acta Tropica**, v.228, p.106248, Apr. 2022.

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO DO GENEXPERT MTB/RIF NO DIAGNÓSTICO DA TUBERCULOSE EXTRAPULMONAR

¹ INGLEZ DE SOUZA TEJO, Renata

¹ IAM/FIOCRUZ, Imunologia, Imunoepidemiologia

RESUMO. A tuberculose (TB) é uma doença infectocontagiosa e tem como agente etiológico o *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*). Seu diagnóstico é realizado a partir de características clínicas, epidemiologias, exames laboratoriais e de imagem, porém no caso da tuberculose extrapulmonar esse diagnóstico é dificultado pela sintomatologia inespecífica e a baixa sensibilidade de testes convencionais. Visando uma melhoria no diagnóstico da doença, o Ministério da Saúde recomenda a utilização de um Teste Rápido Molecular (TRM) GeneXpert MTB/RIF. O método tem sido aplicado na detecção do *Mtb*, apresentando alta eficácia. As amostras biológicas utilizadas nesse estudo serão de pacientes da rede SUS/PE, divididos em dois grupos: Grupo 1 – com diagnóstico confirmado de TBE (n = 75); Grupo 2 – Pacientes sem TB (n = 75). O limite de detecção será avaliado através de quatro diferentes curvas de diluição (1:10), utilizando DNA genômico de cepa de referência do *Mtb* (H37Rv). Apesar de bastante eficiente no diagnóstico de amostras pulmonares, o TRM não é padronizado para amostras extrapulmonares. Por este motivo, pretende-se neste projeto, avaliar o desempenho do Teste Rápido Molecular *GeneXpert MTB/RIF* para o diagnóstico da Tuberculose Extrapulmonar, visando a padronização da técnica em amostras extrapulmonares.

Palavras-chave: Tuberculose, Teste rápido molecular, Diagnóstico.

Introdução

A tuberculose (TB) é uma doença infectocontagiosa e tem como agente etiológico o *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*). Sua transmissão ocorre por vias aéreas, através de aerossóis expelidos por fala, tosse ou espirro de um indivíduo bacilífero. Apesar da detecção do *M. tuberculosis* na fase inicial da doença ser muito importante para o início efetivo do tratamento, o diagnóstico da forma extrapulmonar da TB o torna mais difícil. As infecções extrapulmonares possuem um número mais baixo de bacilos do que nos espécimes pulmonares, possuindo amostras definidas como paucibacilares. Embora o quadro clínico seja imprescindível para o diagnóstico da TB, a cultura bacteriana permanece como padrão ouro para a confirmação diagnóstica da identificação do *M. tuberculosis* (BRASIL, 2016). No entanto, a sensibilidade dos métodos convencionais de diagnóstico está comprometida em amostras paucibacilares, apresentando frequentemente um resultado negativo (AMERICAN THORACIC SOCIETY, 2000). Diante disso, observa-se a necessidade de um teste com sensibilidade e especificidade mais elevados. O GeneXpert® MTB/RIF detecta ao mesmo

tempo o *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) e a resistência à rifampicina (AGRAWAL et al., 2016; CAMARGO et al., 2015; PIATEK et al., 2013). Porém, apesar de ser muito eficiente para o diagnóstico de amostras pulmonares de Tuberculose, ainda não é padronizado o uso do equipamento com amostras extrapulmonares, como sangue, urina, líquidos e biópsia. Por este motivo, pretende-se neste projeto, avaliar o desempenho do Teste Rápido Molecular *GeneXpert MTB/RIF* para o diagnóstico da Tuberculose Extrapulmonar, visando a padronização da técnica em amostras paucibacilares, com o intuito de utilizá-la nos sistemas públicos de saúde do país

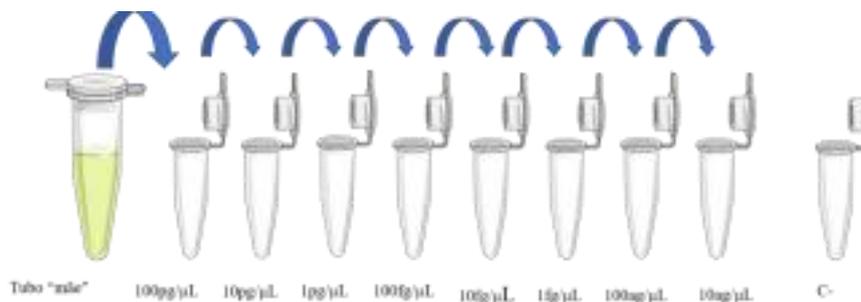
Material e Métodos

Trata-se de um estudo experimental prospectivo do *GeneXpert MTB/RIF* em amostras extrapulmonares. Para critério de comparação, os indivíduos selecionados foram subdivididos em dois grupos: Grupo 1 (controle positivo), do qual fazem parte pacientes com evidência clínica e/ou epidemiológica compatível com TB extrapulmonar e Grupo 2 (controle negativo) que é composto por pacientes que procuraram o serviço de saúde por outra doença, apresentando um quadro clínico e laboratorial não compatível com a TB. Serão utilizadas amostras de sangue, urina, biópsia e líquidos para processamento no *GeneXpert Mtb/RIF* e cultura de micobactéria em meio LJ (*Löwenstein-Jensen*, de acordo com as normas técnicas o Manual Nacional de Vigilância da Tuberculose e outras Micobactérias (BRASIL, 2008). A cultura em meio LJ é realizada para identificação do *Mtb* em todas as amostras, exceto as de sangue periférico. Uma alíquota destas amostras foi “contaminada” com quantidade conhecida de DNA da cepa de referência de *M. tuberculosis* (H37Rv) e foram realizadas diluições, de fator 10, variando de 100pg/μL a 10ag/μL, para avaliar a menor quantidade de DNA genômico detectado no *GeneXpert*. O resultado é obtido em um computador vinculado ao equipamento, onde, de acordo com os sinais fluorescentes emitidos pelas sondas e algoritmos de cálculos incorporados, serão gerados gráficos com as curvas de amplificação para cada um dos alvos moleculares avaliados.

Resultados e Discussão

Para a avaliação do limite de detecção de DNA do *M. tuberculosis* em amostras de sangue, foi realizada a separação das células da camada mononuclear do sangue periférico (PBMC), por gradiente ficoll Paque (GE HealthCare), com o intuito de retirar os componentes das células vermelhas que interferem na amplificação da reação (Figura 1). Uma alíquota da amostra foi contaminada com quantidade conhecida de DNA bacteriano, utilizando como método de comparação a escala de McFarland. Posteriormente foi realizada a diluição, utilizando fator 10, variando de 100pg/μL a 10ag/μL. Em seguida as curvas foram misturadas ao reagente de amostra do Kit *GeneXpert Mtb/RIF* e levadas ao equipamento.

Figura 1. Curva de Diluição com cepa de referência H37Rv em amostra de sangue.



Nos testes realizados com PBMC, houve amplificação em todos os pontos da curva, com um Ct variando de 17,6 na concentração de 100pg/µL a 26,3 na concentração de 10ag/µL. Os resultados foram emitidos em forma de gráfico, informando qualitativamente a concentração de DNA encontrada na amostra. O resultado mostrou-se positivo, pois foi detectado material genético da micobactéria em concentrações muito baixas (10ag/µL), que corresponde a fragmentos de bacilos; resultado promissor para utilização do Teste Rápido Molecular em amostras extrapulmonares, que apresentam quantidades muito baixas de bacilos.

Referências

- AFIUNE, B.; I. NETO, J.. Diagnóstico da tuberculose pulmonar escarro negativo. Jornal de Pneumologia, Brasília, v. 19, n.1, p.37-41, 1993.
- AMERICAN THORACIC SOCIETY, Diagnostic Standards and classification of tuberculosis in adults and children. American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine, New York, v. 161, n. 4, p. 1376-1395, 2000.
- CAPONE, D et al. Tuberculose Extrapulmonar. Revista do Hospital Universitário Pedro Ernesto. Rio de Janeiro, 2006.
- DUCATI, R. G. et al. The resumption of consumption: a review on tuberculosis. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, v. 101, n. 7, p. 697-714, 2006.
- FLYNN, J. Lessons from experimental Mycobacterium tuberculosis infections. Microbes and Infection, Paris, n. 8, p. 1179–1188, 2006.
- LIMA, T.M et al. Teste Rápido Molecular GeneXpert MTB/RIF para o diagnóstico da Tuberculose. **Revista Pan-Amaz Saúde**. São Paulo, 2017.
- MINISTÉRIO DA SAÚDE DO BRASIL. Boletim epidemiológico: Brasil Livre da Tuberculose: evolução dos cenários epidemiológicos e operacionais da doença. 2021. Disponível em: <<http://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2021/marco/22/2021-009.pdf>> Acesso em Junho de 2021.
- MINISTÉRIO DA SAÚDE. Dados epidemiológicos da Tuberculose no Brasil. 2021. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a>>

z/t/tuberculose/arquivos/apres_padrao_maio_2021.pdf>.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. Global tuberculosis report. Disponível em: < <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/336069/9789240013131-eng.pdf> > Acesso em: 17 Jun 2021.

PEDRO, A.S, OLIVEIRA R.M. Tuberculose e indicadores socioeconômicos: revisão sistemática da literatura. **Revista Panamericana de Salud Pública**. 33(4):294–301. Rio de Janeiro, 2012.

AVALIAÇÃO DO PAPEL DO CÃO NO CICLO DE TRANSMISSÃO DA LEISHMANIOSE TEGUMENTAR AMERICANA AO HOMEM, EM REGIÃO ENDÊMICA DE PERNAMBUCO, BRASIL.

Souza, S. F.¹; Monteiro, J. F.C. L. S.¹; Brandão-Filho, S. P¹.

¹Instituto Aggeu Magalhães-FIOCRUZ-PE, Recife -PE, Brasil - Departamento de Imunologia – Laboratório de Imunoparasitologia – LIMP.

RESUMO. A leishmaniose tegumentar americana (LTA) é uma parasitose que acomete pele e mucosas, causada por espécies distintas de protozoários do gênero *Leishmania*. Métodos parasitológicos, imunológicos e moleculares têm sido bastante utilizados na busca de um diagnóstico eficaz, porém algumas técnicas apresentam limitações. A reação em cadeia da polimerase (PCR) constitui uma ferramenta valiosa para estudos clínicos e epidemiológicos em leishmanioses. O cão é um dos principais hospedeiros domésticos da LTA, porém ainda não há estudos que comprovem o seu papel no ciclo de transmissão da doença. O estudo tem como objetivo avaliar a infecciosidade em cães (*Canis familiaris*) envolvidos no ciclo zoonótico de transmissão de LTA em município endêmico para comprovação da participação deles na manutenção do ciclo. Serão avaliados os protocolos testados nos métodos utilizados sob diferentes parâmetros. A proximidade do cão com o homem traz a importância da elucidação a respeito do papel deste animal no ciclo da LTA, pois a maioria deles apresentam-se assintomáticos, o que dificulta o diagnóstico, mas pode facilitar a manutenção do ciclo biológico da LTA.

Palavras-chave: Leishmaniose Tegumentar Americana. *Leishmania* (Viannia). PCR em Tempo Real. Doenças Tropicais Negligenciadas.

Introdução

As leishmanioses são um conjunto de doenças infecto parasitárias causadas por diferentes espécies de protozoários do gênero *Leishmania*, que afeta outros animais, porém o ser humano pode ser envolvido secundariamente, através da picada de fêmeas hematófagas de diversas espécies de flebotomíneos do gênero *Lutzomyia* durante o repasto sanguíneo (LAINSON, R.; SHAW, J.J., 1987; SRIVASTAVA, S. et al., 2016; BRASIL, 2017). Nas Américas a doença apresenta-se sob duas formas clínicas: leishmaniose visceral (LV) e leishmaniose tegumentar americana (LTA). A espécie da *Leishmania* envolvida e a resposta imune do hospedeiro são fatores que interferem na manifestação clínica da doença (BURZA, SAKIB. et al., 2018). Na região a LV possui uma média anual de 3.518 casos e a LTA apresenta média anual de 54.950 casos (OMS, 2020). A LTA tem registros em todos os

estados do Brasil e apresenta uma média de 21.158 casos por ano, com incidência média de 8,6 casos por 100.000 habitantes. Em Pernambuco, a maioria dos casos se concentra na Zona da Mata, com mais de 60% dos casos registrados (BRANDÃO-FILHO et al., 1998; BRASIL, 2019). Além do aumento no número de casos no estado, tem sido observado o aumento da ocorrência de casos de LTA no Sertão, evidenciando uma importante expansão da doença no território pernambucano (ANDRADE et al., 2009). A LV tem se expandido e possui incidência média de casos de 1,7 para cada habitantes (BRASIL, 2019). Em Pernambuco há registros de casos de LV em todas as regiões geográficas, atingindo o maior número em crianças (DANTAS-TORRES, 2006). A utilização de um procedimento não invasivo assume grande importância para o diagnóstico. A coleta de amostras utilizando swab de algodão é um procedimento prático, rápido e não invasivo. Portanto, o estudo irá avaliar qual a amostra biológica tenha melhor acurácia para detecção molecular e imunológica dentre as não invasivas, ao contrário da biópsia, amostra padrão-ouro para diagnóstico. Trata-se de um estudo relacionado à inovação tecnológica que poderá trazer benefícios substanciais aos pacientes humanos e aos cães domésticos.

Material e Métodos

O estudo foi realizado no Engenho Jardim e Engenho Cumaru, localizado no município de Moreno, na Região Metropolitana de Recife, do estado de Pernambuco. Dois inquéritos populacionais já ocorreram previamente, onde os cães foram avaliados pelo médico veterinário responsável do projeto e tiveram amostras de sangue e swab de conjuntiva ocular coletadas. As amostras dos inquéritos caninos foram processadas por PCR em tempo real quantitativa (qPCR) e determinou-se os cães positivos para infecção por LTA ou LV. Para esse projeto, serão selecionados cães positivos para LTA e a equipe retornará às localidades para nova coleta de amostras biológicas e realização do xenodiagnóstico.

Diagnóstico molecular. Extração de DNA. Será extraído o DNA das amostras biológicas coletadas (sangue e swab) através do Kit comercial QIAamp DNA Mini kit (QIAGEN GmbH, Hilden, Alemanha). Em seguida, o produto da extração será utilizado no teste molecular (qPCR) para *L. (V.) braziliensis*. **PCR em Tempo Real.** O DNA das amostras foi analisado pelo sistema de Sybr Green na qPCR, tendo como alvo o kDNA da espécie *Leishmania (Viannia) braziliensis* para o diagnóstico de LTC. As reações foram realizadas de acordo com as condições descritas por De Paiva Cavalcanti et al. (2013) e teve 1fg de DNA da *Leishmania* como limite mínimo de detecção para amostras positivas. O termociclador utilizado para a realização do diagnóstico da LTC foi o Applied Biosystems QuantStudio 5 Real-Time PCR System, através do Software QuantStudio™ Design & Analysis Software versão 1.5.1.

Considerações Finais

A região estudada é endêmica para as duas leishmanioses, e os dados obtidos indicam que há caso ativo de LVC na região. Com isso, a importância de um diagnóstico.

Referências

ANDRADE, MARIA SANDRA, et al. Novo surto de leishmaniose tegumentar americana em área de treinamento militar na Zona da Mata norte do Estado de Pernambuco. Rev. Soc. Bras. Med. Trop. 2009; 42(5); 594-596.

BRANDÃO-FILHO, et al. Leishmaniose tegumentar americana em centro de treinamento militar localizado na Zona da Mata de Pernambuco, Brasil. Rev. Soc. Bras. Med. Trop. 1998; 31(6):575-578. BRASIL, 2017.

Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis. Manual de Vigilância de Leishmaniose Tegumentar - Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis. – Brasília: Ministério da Saúde, 2017. 189 p.: il.

BRASIL, MINISTÉRIO DA SAÚDE. Leishmaniose Tegumentar (LT): o que é, causas, sintomas, tratamento, diagnóstico e prevenção. 2019. Disponível em: <[https://saude.gov.br/saude-de-a-z/leishmaniose tegumentar](https://saude.gov.br/saude-de-a-z/leishmaniose-tegumentar) >. Acesso em: Nov/2022.

BURZA, SAKIB; CROFT, SIMON L.; BOELAERT, MARLEEN. Leishmaniasis. The Lancet. 2018; 392(10151):951-970.

DANTAS-TORRES, FILIPE. Situação atual da epidemiologia da leishmaniose visceral em Pernambuco. Rev. Saúde Públ. 2006; 40(3), 537-541.

LAINSON, R.; SHAW, J.J. Evolution, classification and geographical distribution. Peters&KillickKendrick Eds. 1987; 1: 1-119.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE/ ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DE SAÚDE. Leishmanioses: Informe Epidemiológico nas Américas: Washington: Organização Pan-Americana da Sade; 2019. Acesso em: Nov/2022. Disponível em: <https://www.paho.org/leishmaniasis>.

SRIVASTAVA S, SHANKAR P, MISHRA J, SINGH S. Possibilities and challenges for developing a successful vaccine for leishmaniasis. Parasites and Vectors. 2016; 9(1):1-15.

CARACTERIZAÇÃO DE UM NOVO MODELO MURINO APLICADO A INVESTIGAÇÕES *IN VIVO* COM O VÍRUS MAYARO

ROSA, Rafael¹; Pena, Lindomar²

¹ Laboratório de Virologia e Terapia Experimental (LAVITE), Instituto Aggeu Magalhães (IAM), Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Recife 50740-465, Brasil.

² Rede de Biotérios de Roedores da Universidade Federal de Uberlândia (REBIR-UFU), Uberlândia 38400-902, Brasil.

RESUMO. O vírus Mayaro (MAYV) causa uma doença infecciosa febril aguda. Trata-se de uma arbovirose de importância em saúde pública capaz de causar artralgias graves. A vetorização do MAYV pelo mosquito *Aedes aegypti* em áreas urbanas tem sido uma grande preocupação relacionada a sua disseminação. Modelos animais adequados poderão favorecer o desenvolvimento de novas drogas e vacinas que ajudarão no enfrentamento do MAYV. Sendo assim, o objetivo desse estudo foi a caracterização de um modelo animal murino para investigações relacionadas ao MAYV. Camundongos da linhagem A129 *knockouts* e do tipo selvagens foram avaliados com relação ao desenvolvimento da doença viral, a expressão de fenótipos esperados, a presença de dor e perda da força muscular e a letalidade. Os órgãos coletados foram destinados a exames histológicos e de carga viral. Uma caracterização hematológica também foi realizada. Camundongos A129 *knockouts* modelaram de forma eficiente os principais fenótipos observados em infecções com pacientes humanos. Com isso, o novo modelo animal caracterizado poderá ser utilizado de forma eficiente em novas investigações com o MAYV.

Palavras-chave: Mayaro. Saúde pública. Modelo animal. Vacinas.

Introdução

O vírus Mayaro (MAYV) é o agente etiológico da febre Mayaro, uma doença infecciosa febril aguda (MOURÃO et al., 2012). Em áreas silvícolas e rurais o mosquito hematófago *Haemagogus janthinomys* é o principal vetor do MAYV, sendo os primatas não humanos considerados hospedeiros primários. Atualmente, o MAYV é considerado um vírus emergente com uma crescente urbanização através da vetorização por mosquitos *Aedes aegypti* e, com isso, a febre Mayaro poderá tornar se um grande problema de saúde pública (WEAVER; REISEN, 2010; LONG et al., 2011). Modelos animais adequados podem favorecer o avanço das pesquisas e o desenvolvimento de novas terapias preventivas e terapêuticas contra o MAYV. Um modelo animal ideal é capaz de desenvolver a infecção viral de forma

semelhante ao que ocorre em humanos. Sendo assim, esse trabalho tem como objetivo a caracterização de um novo modelo murino aplicado a investigações *in vivo* com o MAYV.

Material e Métodos

Para todos os experimentos foram utilizados camundongos da linhagem A129 *knockouts* (KO) e selvagens (WT), machos e fêmeas com 21 dias de idade. Os animais tiveram a medida dos pés bem como o peso corporal aferidos. Posteriormente foram infectados e as medidas foram tomadas por mais 10 dias consecutivos (0-10 dias). Um grupo controle (PBS) foi considerado. Durante os 10 dias de avaliação os óbitos foram contabilizados. A situação clínica dos animais foi avaliada utilizando um escore numérico de acordo com a presença de fenótipos esperados. A temperatura dos animais foi aferida no período de 6 dias pós infecção (0-6 dias). Um novo grupo de animais infectados ou controles passaram por testes nocicepção (Vonfrey) e força muscular (Kondiziela) para a avaliação do impacto da infecção nos membros posteriores e a presença de cefaleia (Claro/Escuro). Por fim os animais tiveram o sangue e órgãos coletados aos 3 e 6 dias pós infecção para a avaliação de carga viral, histopatologia e caracterização hematológica.

Resultados e Discussão

Tanto camundongos KO quanto WT, machos ou fêmeas não apresentaram perda de peso em decorrência da infecção. Camundongos KO apresentaram um maior crescimento do coxim plantar e da região dorsal dos pés quando comparado aos camundongos WT que apresentaram edema leve e transitório. A histopatologia demonstrou resposta inflamatória com presença de infiltrados, vasculite, degeneração de fibra e edema tanto para animais KO quanto para WT, tendo um grau de severidade maior em animais KO aos 3 dias pós infecção. Machos e fêmeas KO apresentaram sinais clínicos da doença, sendo estes mais evidenciados em animais do sexo masculino que apresentaram fenótipos como letargia, irritação ocular e diarreia com maior frequência e intensidade. Embora esperava-se que os animais apresentassem um aumento da temperatura corporal, houve um quadro de hipotermia com recuperação gradativa após a fase aguda da doença. Através da observação macroscópica dos baços coletados foi possível identificar a presença de esplenomegalia e pontos escurecidos sugerindo a presença de necrose, que poderá ser elucidado através das avaliações histológicas. Exames de carga viral também poderão quantificar o vírus no baço, bem como em outros órgãos avaliados. A infecção levou a uma taxa de letalidade de 54% de camundongos machos e 46% fêmeas ambos KO. Mortes não foram observadas em camundongos WT de ambos os sexos. Os testes de intensidade de nocicepção, força muscular e claro/escuro estão em análise aguardando os resultados preliminares.

Considerações Finais

Camundongos *knockouts* A129 atuaram como modelo experimental adequado apresentando fenótipos semelhante aos sintomas da Febre do Mayaro em humanos. Pela primeira vez, a cepa brasileira MT/SINOP/210/2011 foi caracterizada *in vivo*. Nosso estudo demonstrou haver uma diferença na expressão da doença entre machos e fêmeas.

Referências

- LONG, K. C. et al. Experimental transmission of Mayaro virus by *Aedes aegypti*. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, v. 85, n. 4, p. 750–757, 10 out. 2011.
- MOURÃO, M. P. G. et al. Mayaro fever in the city of Manaus, Brazil, 2007-2008. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, v. 12, n. 1, p. 42–46, 1 jan. 2012.
- WEAVER, S. C.; REISEN, W. K. Present and future arboviral threats. *Antiviral Research* NIH Public Access: fev. 2010. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2815176/>. Acesso em: 21 nov. 2022.

CARACTERIZAÇÃO DO VIROMA DE RNA DE MOSQUITOS SILVESTRES

SILVA, Alexandre Freitas¹; WALLAU, Gabriel da Luz¹

¹ Filiação: Instituto Aggeu Magalhães, departamento de Entomologia

RESUMO. O objetivo deste trabalho foi caracterizar o viroma de RNA de mosquitos silvestres e estudar sua evolução. Através do sequenciamento metatranscriptômico de amostras de mosquitos e análises de bioinformática foi possível caracterizar o viroma de 10 diferentes espécies. O trabalho foi apresentado em dois artigos, onde inicialmente foi descrito o viroma de 2 espécies da tribo Mansoniini. Já no segundo artigo foi possível caracterizar o viroma de 10 espécies de forma mais abrangente, onde foram identificadas ao todo 21 famílias virais das quais 15 famílias foram analisadas filogeneticamente. Dessa forma foi possível expandir o conhecimento a respeito do perfil viral de cada espécie de mosquito e a distribuição filogenética de algumas famílias virais presentes nos dados analisados.

Palavras-chave: Culicídeos. ISVs. Arbovírus. NGS. Sequenciamento

Introdução

Os mosquitos são insetos de grande importância médica devido à capacidade de transmissão de arbovírus. Além dos arbovírus patogênicos ao homem, uma gama de ISVs (insect-specific viruses) são encontrados em mosquitos (ROUNDY et al., 2017). Um número crescente de estudos tem demonstrado que ISVs podem causar diversos impactos nos vetores, desde a repressão da replicação, até permitir e/ou aumentar a susceptibilidade de diferentes espécies de mosquitos a certos arbovírus (BOLLING et al., 2015). Em virtude dessas características biológicas, o conhecimento acerca dos ISVs pode ser explorado para fins biotecnológicos (ROUNDY et al., 2017). Devido a constante expansão da ocupação humana sobre áreas de mata a probabilidade do contato humano com espécies silvestres de culicídeos vem aumentando as chances do surgimento ou ressurgimento de patógenos (SERRA et al., 2016). Além do pouco conhecimento sobre as espécies de mosquitos silvestres no Nordeste do Brasil, nenhum estudo visando o conhecimento do viroma presente em culicídeos silvestres foi realizado até o momento. Diante de todos esses fatores torna-se necessário caracterizar o viroma presente nestas espécies de mosquitos visando o controle de vetores de forma direcionada através da identificação das espécies de importância epidemiológica. Dessa forma o objetivo deste trabalho é caracterizar o viroma de RNA presente em diferentes espécies de mosquitos silvestres e estudar a sua evolução.

Material e Métodos

As amostras de mosquitos silvestres foram coletadas em dois locais: Jardim Botânico do Recife e Parque Estadual Dois Irmãos. Os mosquitos foram identificados taxonomicamente através da taxonomia clássica e molecular. A partir das amostras identificadas, o RNA total foi extraído através do método de Trizol. Os RNAs foram sequenciados através da plataforma Ion Torrent e Illumina Nextseq. Para as análises de bioinformática, os reads gerados foram analisados quanto a sua qualidade através da ferramenta FastQC e posteriormente filtrados aqueles com baixa qualidade. Foram realizadas as montagens dos contigs através das ferramentas Trinity e Spades. Para a identificação dos contigs virais foi utilizado a ferramenta Diamond para a comparação contra banco de sequências virais (txid10239) e a posterior confirmação da origem viral através da comparação contra o banco de dados NR. Também foi utilizada a abordagem de identificação viral utilizando Hidden Markov Models através da ferramenta HMMER3 em conjunto com o banco de HMMs do RVDB. Para as análises filogenéticas foram selecionados os contigs que apresentaram sequências referentes a polimerase viral (RdRP ou outras polimerases de acordo com a família) que foram alinhadas através da ferramenta MAFFT junto com outras sequências recuperadas previamente e as árvores filogenéticas foram reconstruídas através do IQ-TREE2.

Resultados e Discussão

Através do sequenciamento Ion Torrent realizado para as espécies *Cq. hermanoi* e *Ma. wilsoni* foi possível caracterizar ao todo 107 sequências virais. Foram identificadas 8 famílias sendo a Orthomyxoviridae a mais abundante. Através da análise dos da plataforma Illumina foi possível caracterizar ao todo 428 contigs virais, analisando apenas os que apresentaram anotação para RdRP dentre as 10 espécies. No geral, a maioria dos vírus identificados não puderam ser classificados em uma família viral conhecida. Dentre as sequências de vírus classificados foi possível identificar ao todo 21 famílias virais. Foram identificados vírus com estrutura genômica de três tipos: ssRNA(+), ssRNA(-) e dsRNA. Além disso foi possível obter contigs representando genomas completos de vírus não segmentados das famílias Rhabdoviridae e Virgaviridae. Por fim, foi realizado o posicionamento filogenético dos vírus identificados através da reconstrução de árvores filogenéticas de 15 famílias virais: Aliusviridae, Chuviridae, Narnaviridae, Partitiviridae, Phenuiviridae, Solemoviridae, Xinmoviridae, Chrysoviridae, Flaviviridae, Orthomyxoviridae, Phasmaviridae, Rhabdoviridae, Totiviridae, Virgaviridae e famílias ainda não classificadas. No geral, a maioria das sequências analisadas agruparam com outras sequências virais já identificadas em outras espécies de mosquitos. Essas análises também sugerem que os vírus identificados representam novas linhagens.

Considerações Finais

Dessa forma, foi possível expandir o conhecimento a respeito do perfil viral de cada espécie de mosquito estudada e a distribuição filogenética de algumas famílias virais presentes nos dados analisados. Todos estes dados são de extrema valia para o melhor entendimento das relações coevolutivas entre vírus-vetor e o entendimento da transmissão desses vírus na natureza.

Referências

- BOLLING, B. G. et al. Insect-Specific Virus Discovery: Significance for the Arbovirus Community. **Viruses**, v. 7, n. 9, p. 4911-4928, 2015.
- ROUNDY, C. M. et al. Insect-Specific Viruses: A Historical Overview and Recent Developments. **Advances in virus research**, v. 98, p. 119-146, 2017.
- SERRA, O. P. et al. Mayaro virus and dengue virus 1 and 4 natural infection in culicids from Cuiabá, state of Mato Grosso, Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 111, n. 1, p. 20-29, 2016.

CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE MOLÉCULAS DE *Culex quinquefasciatus* ASSOCIADAS A RESISTÊNCIA A *Lysinibacillus sphaericus*

MENEZES, Heverly Suzany Gouveia¹; LATGÉ², Samara Graciane da Costa, GENTA², Fernando Ariel, ROMÃO, Tatiany Patrícia, REZENDE, Tatiana Maria Teodoro, SILVA-FILHA, Maria Helena Neves Lobo Silva¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Entomologia.

² Instituto Oswaldo Cruz, Laboratório de Bioquímica e Fisiologia de Insetos

RESUMO. As larvas de *Culex quinquefasciatus* de uma linhagem resistente à toxina Binária (RIAB59 de *Lysinibacillus sphaericus* apresentam um perfil transcriptômico diferencial do intestino, comparadas às larvas suscetíveis para genes de lipases, proteases, glicosidases e panteteinases. Este estudo visou validar funcionalmente estas alterações potencialmente associadas ao fenótipo de resistência. Os resultados mostraram que larvas resistentes tiveram uma menor atividade de lipases e de glicosidases, enquanto a atividade de proteases foi similar para as duas colônias. Em relação a reservas energéticas, a colônia resistente mostrou alterações significativas caracterizadas pela redução do acúmulo de lipídios e uma maior quantidade de açúcares. Apesar destas diferenças de reservas, as fêmeas apresentaram fecundidade e fertilidade inalteradas. Para a panteteinase, cuja identificação em *C. quinquefasciatus* ainda é desconhecida, foi realizada a clonagem e expressão de seu gene em células SF9 e caracterização inicial da proteína. A transcrição da panteinase foi detectada em larvas e sua expressão foi detectada em microvilli intestinal. Portanto as larvas resistentes mostram características metabólicas associadas ao seu status de resistência à toxina Bin.

Palavras-chave Lipases. Proteases. Glicosidases. Panteteinases. Reservas energéticas. Toxina Bin

Introdução

A linhagem RIAB59 de *C. quinquefasciatus* possui um alto nível de resistência à toxina Bin, ingrediente ativo de biolarvicidas à base de *L.s sphaericus*. A resistência é conferida devido a uma mutação do gene de receptor da toxina, que é uma alfa-glicosidase. Apesar da ausência de expressão desta enzima, a colônia vem sendo mantida com sucesso por mais de 250 gerações em laboratório. As larvas resistentes também apresentam um perfil transcriptômico diferencial do intestino, comparadas com as larvas suscetíveis com destaque para a expressão alterada de genes que codificam lipases, proteases, glicosidases e panteteinases, o que fundamentou essa investigação (Rezende et al 2019). O presente

estudo visou caracterizar e avaliar moléculas de *C. quinquefasciatus* associadas com o fenótipo de resistência à toxina Bin da linhagem estudada detectados no transcriptoma diferencial das larvas.

Material e Métodos

Ensaio catalíticos. Ensaio realizado em amostras de intestinos de larvas. Para lipases foram utilizados os substratos: acetato, butirato, heptanoato, oleato e palmitato. Para glicosidases, a sacarose e metulumbeliferil- α -glucopiranosídeo. Para proteases Ala-Ala-Phe (quimiotripsina), Z-Phe-Arg (tripsina) e L-Leu (aminopeptidase) e um substrato específico para GST.

Quantificação de reservas energéticas. A quantidade de lipídios foi determinada a partir do protocolo adaptado de Van Handel, 1985. Açúcares redutores foram determinados de acordo com Yamada et al. (2018).

Ensaio de fecundidade e fertilidade. Foram avaliadas em condições ótimas de criação ou sob condições de estresse. O número de ovos foi analisado nos dias 0, 3, 5 e 8 pós oviposição (dpo).

Expressão da panteteinase em células SF9, purificação e identificação. O gene foi subclonado no plasmídeo pIZT/V5-His® e expressa em células Sf9 de acordo com Ferreira et al 2014.

Ensaio de deglicosilação. As amostras de panteteinases recombinantes foram incubadas com a enzima endoglicosidase PNGase F conforme descrito em Ferreira et al., (2014).

Imunodeteção de panteteinases. Realizada em amostras proteicas do cultivo Sf9 e amostras nativas de microvilli intestinal (BBMF), conforme Ferreira et al. (2014) e imunodetectados com o anticorpo anti-panteteinase.

Ensaio de RT-qPCR de panteteinases. As reações foram realizadas em duplicata utilizando o Kit QuantiTect® SYBR Green RT-PCR® (QIAGEN) para as reações de qPCR one-step, segundo instruções do fabricante.

Resultados e Discussão

Atividade catalítica. A atividade específica de lipases de larvas resistentes foi significativamente menor para os substratos: acetato, butirato e heptanoato. A atividade específica para oleato e palmitato, não foi diferente estatisticamente. A comparação entre as cepas mostrou que a atividade sobre a sacarose foi notavelmente menor em indivíduos resistentes, em comparação com os suscetíveis, enquanto que esta atividade foi similar para o substrato Mu α Glu. A atividade de proteases e GST foi similar para as duas colônias em todos os substratos testados.

Reservas energéticas. As larvas e adultos resistentes apresentaram concomitantemente uma quantidade significativamente menor de lipídios e maior reservas de açúcares redutores em relação aos suscetíveis.

Fecundidade e fertilidade. O número médio de ovos obtidos em condições ótimas foi similar para ambas as colônias. Em condições de estresse, uma redução no número médio de ovos foi registrada. Enquanto isso, a porcentagem de eclosão nas condições controladas foi maior no dia 0 para

ambos. Dos ovos analisados 3, 5 e 8 dpo, larvas de 1º ínstar foram detectadas, mas a porcentagem caiu de forma semelhante para ambas as cepas. **Expressão da panteteinase em células SF9.** A panteteinase foi expressa com um peso molecular aparente de 70 kDa o que foi diferente do peso predito de 57 kDa a partir da sequência primária. **Avaliação de glicosilação em panteteinase.** Não houve uma presença clara de N-glicosídeos pois após o tratamento com a enzima PNGase não houve alteração visível do peso molecular. **Expressão da panteteinase em BMMF.** Foi possível detectar a panteteinase em amostras de microvilli intestinal de larvas suscetíveis com um anticorpo policlonal anti-panteteinase, entretanto a especificidade de detecção precisa ser melhorada. **Perfil de transcrição da panteteinase.** A quantificação relativa em larvas individuais mostrou que este gene é mais expresso em indivíduos suscetíveis do que em indivíduos resistentes e os ensaios ainda estão em andamento para conclusão.

Considerações Finais

A linhagem de *C. quinquefasciatus* resistente teve uma redução significativa das atividades catalíticas de lipase e da α -glicosidase associada às alterações das reservas energéticas. Embora a fecundidade e a fertilidade não tenham sido afetadas nas condições testadas, as alterações metabólicas encontradas podem afetar outros aspectos importantes da fisiologia do mosquito. A caracterização da panteteinase de *C. quinquefasciatus* é um estudo inédito e a investigação precisa ter continuidade para a avaliação funcional desta molécula sobretudo em vista do seu status de repressão em larvas resistentes à toxina Bin.

Referências

- FERREIRA, L. M. *et al.* Non conserved residues between Cqm1 and Aam1 mosquito α -glucosidases are critical for the capacity of Cqm1 to bind the Binary toxin from *Lysinibacillus sphaericus*. **Insect Biochemistry and Molecular Biology**, Oxford, v. 50, n. 1, p. 34–42, 2014.
- REZENDE, T. M. T. *et al.* Identificação de ligantes da toxina inseticida Cry48Aa/Cry49Aa de *Lysinibacillus sphaericus* em larvas de *Culex quinquefasciatus* e de outras moléculas envolvidas no modo de ação deste biolarvicida.
- VAN HANDEL, E. Rapid determination of glycogen and sugars in mosquitoes. **Journal of the American Mosquito Control Association**. v. 1, n. 3, p. 299–301, 1985.
- YAMADA, T. *et al.* Fat body glycogen serves as a metabolic safeguard for the maintenance of sugar levels in *Drosophila*. **Development**, v. 145, n. 6, p. dev158865, 2018

CONSTRUÇÃO E EXPRESSÃO DE ANTÍGENO QUIMÉRICO DO VÍRUS DO SARAMPO (MeV) CONTENDO EPÍTOPOS DE CÉLULAS B COM POTENCIAL PARA APLICAÇÃO EM SORODIAGNÓSTICO.

MENDES, Andrei Félix¹; DOS SANTOS, Wagner José Tenório²; BEZERRA, Matheus Filgueira¹; DE SOUZA, Joelma Rodrigues³; DE MORAIS, Clarice Neuenschwander Lins⁴; DE MELO NETO, Osvaldo Pompilio¹; REIS, Christian Robson de Souza¹

¹Departamento de Microbiologia - Instituto Aggeu Magalhães; FIOCRUZ-PE. Recife, Brasil.

²Laboratório de Tecnologia Diagnóstica (LATED) - Instituto de Tecnologia em Imunobiológicos (Bio-Manguinhos); FIOCRUZ. Manguinhos, Rio de Janeiro.

³Laboratório de Imunologia e Hematologia (LABIMH), Departamento de Fisiologia e Patologia – Universidade Federal da Paraíba - UFPB. João Pessoa, Brasil.

⁴Departamento de Virologia e Terapia Experimental - Instituto Aggeu Magalhães; FIOCRUZ-PE. Recife, Brasil.

RESUMO. O sarampo é uma doença infecciosa de origem viral altamente contagiosa e potencialmente fatal causada pelo Measles virus (MeV). A brusca queda na cobertura vacinal contra o sarampo ocorrida na última década, culminou na recente reemergência da doença no Brasil. Neste cenário, a vigilância epidemiológica é fundamental no processo de reconquista do *status* de controle do sarampo no território brasileiro. Assim, o presente trabalho tem como objetivo desenvolver antígenos quiméricos para o diagnóstico sorológico do sarampo. Para tal, foi realizado o desenho de uma proteína quimérica contendo múltiplos epítopos de células B validados experimentalmente para o sarampo, que foi denominada MeVME. O gene sintético clonado no vetor pRSETA foi obtido comercialmente e utilizado para expressão em *Escherichia coli* linhagem BL21 star. Resultados preliminares indicam que a proteína, contendo uma cauda de histidinas, foi expressa no tamanho predito de ~50 kDa. A proteína recombinante MeVME será produzida em maior escala em *E. coli* seguido da purificação por cromatografia de afinidade. Por fim, a quimera obtida será avaliada em relação ao seu potencial de utilização no sorodiagnóstico do sarampo, possibilitando a obtenção de plataformas nacionais de diagnóstico de baixo custo que poderão ser utilizadas na vigilância epidemiológica do sarampo.

Palavras-chave: Antígeno recombinante. ELISA. Multiepítipo.

Introdução

O sarampo é uma doença exantemática infecciosa de origem viral altamente contagiosa, a qual foi responsável por causar sérios danos socioeconômicos na era pré-vacina

(KAUFFMANN et al., 2021). Devido à gravidade dessa doença e a disponibilidade de vacinas eficazes contra o sarampo, no ano de 2012 a organização mundial da saúde estabeleceu o plano de ação global visando eliminar o sarampo por meio da ampla vacinação e implantação de sistema de vigilância eficazes (KAUFFMANN et al., 2021). Entretanto, o Brasil tem vivido uma situação controversa, apresentando aumento nos casos de sarampo nos últimos anos, devido à queda da cobertura vacinal em decorrência dos crescentes movimentos antivacina, e ao isolamento social ocorrido durante a pandemia de COVID-19 (DE CAMARGO JUNIOR, 2020; PROCIANOY et al., 2022). Em decorrência do contexto de reemergência do sarampo no território nacional, a vigilância a partir do diagnóstico rápido, preciso e barato faz-se de central importância para o controle dessa doença. Atualmente, os testes de diagnóstico sorológico utilizados na rede de vigilância do SUS apresentam algumas limitações: i) são obtidos comercialmente; ii) apresentam um alto custo de aquisição, e iii) apresentam uma grande frequência de reações cruzadas devido ao processo de produção dos antígenos em células eucarióticas infectadas. Dessa forma, o projeto em questão visa desenvolver e expressar antígenos recombinantes do sarampo para desenvolvimento de plataformas de diagnóstico sorológico que possibilitem a detecção de casos de sarampo de maneira rápida, sensível, específica e com baixo custo de produção e aquisição.

Material e Métodos

A seleção dos epítomos de células B do sarampo validados experimentalmente foi realizada a partir da prospecção e curadoria manual no banco de dados de epítomos imunes (IEDB). A partir disso, foi desenhada uma construção quimérica contendo múltiplos epítomos de células B do MeV, separados por meio de espaçadores GGGGS. A proteína foi denominada como MeVME. A sequência desenhada foi submetida ao processo de otimização de códons para expressão em *Escherichia coli* através da ferramenta GeneOptimizer (ThermoFisher®). As características físico-químicas, antigênicas e estruturais da MeVME foram avaliadas *in silico* a partir dos softwares ProtParam, VaxiJen e OmegaFold respectivamente. A construção sintética do MeVME foi obtida comercialmente clonada no vetor de expressão pRSETA, e sua expressão se deu em células de *E. coli* da linhagem BL21 star (Invitrogen®), induzidas com 0.5 mM de IPTG ao alcançarem densidade óptica de 0,65 nas temperaturas de 37, 30 e 18 °C por 2, 3 e 18 horas respectivamente. Por fim, a expressão da proteína recombinante foi avaliada no extrato total bacteriano em SDS-PAGE 15% e Western blot (utilizando anti-6xHis).

Resultados e Discussão

A partir da prospecção no IEDB, foram selecionados 12 epítomos de MeV promissores, os quais foram utilizados para desenhar a proteína quimérica MeVME, que apresentou tamanho

final de 439 aminoácidos, peso molecular predito de ~50,6 kDa, ponto isoelétrico teórico de 5,55 e média de hidropaticidade de -0,258, indicando um caráter solúvel da proteína heteróloga. Estruturalmente, o MeVME apresentou uma distribuição de ângulos Phi e Psi dentro do permitido para proteínas com enovelamento nativo, ao passo que exibiu uma alta densidade de cargas eletrostáticas em sua superfície. A expressão da proteína recombinante MeVME foi obtida em todas as condições avaliadas no tamanho predito. Entretanto, a condição de expressão em *E.coli* a 37°C por 2 horas se mostrou a mais promissora por apresentar uma maior produção de proteínas recombinantes.

Considerações Finais

Em suma, o conjunto de epítomos de células B selecionados apresentaram características favoráveis à aplicação no diagnóstico sorológico do MeV. O mapeamento dos epítomos tornou possível o desenho da proteína MeVME, que foi expressa satisfatoriamente em *E. coli* em diferentes condições de temperatura e tempo, sendo a condição a 37 °C por 2 horas a que apresentou maior produção de proteína recombinante no extrato bacteriano avaliado. Os próximos passos serão realizar a purificação por cromatografia de afinidade da proteína MeVME e avaliar seu potencial no sorodiagnóstico do sarampo.

Referências

- DE CAMARGO JUNIOR, K. R. Here we go again: the reemergence of anti-vaccine activism on the Internet. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 36, n. suppl 2, 2020.
- KAUFFMANN, F. et al. Measles, mumps, rubella prevention: how can we do better? **Expert Review of Vaccines**, v. 20, n. 7, p. 811–826, 3 jul. 2021.
- PROCIANOY, G. S. et al. Impacto da pandemia do COVID-19 na vacinação de crianças de até um ano de idade: um estudo ecológico. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 27, n. 3, p. 969–978, mar. 2022.

DESENVOLVIMENTO DE MODELO CELULAR TRIDIMENSIONAL PARA AVALIAÇÃO DOS EFEITOS DA POLUIÇÃO ATMOSFÉRICA DE RECIFE E POTENCIAL PREVENÇÃO COM TERAPIA ANTIOXIDANTE

NASCIMENTO, Cleonilde^{1,2}; **CARVALHO, Helotonio**^{1,2}; **MOURA, Danielle**¹; **OLIVEIRA, Sheilla**¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunopatologia e Biologia molecular;

² Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Departamento de Biofísica e Radiobiologia;

RESUMO. A poluição atmosférica é responsável por aproximadamente sete milhões de mortes anualmente, desencadeando ou agravando diversas doenças. Dados do DATASUS indicam elevação no número de internações e mortes por doenças associadas à poluição do ar em Recife nos últimos anos, sendo o aumento da frota de veículos um dos possíveis responsáveis, devido, principalmente, à formação de material particulado (MP), um dos principais poluentes atmosféricos. O propósito deste estudo é desenvolver um modelo de cultura tridimensional (3D) pulmonar para avaliação dos efeitos toxicológicos do MP coletado em Recife e análise da ação preventiva de antioxidantes. O modelo foi submetido a ensaios imunológicos, bioquímicos e moleculares para avaliação de morte celular, estresse oxidativo e respostas inflamatórias. Os resultados revelaram que o MP-Recife, assim como o MP-Diesel, é capaz de reduzir a viabilidade dos esferoides, além de induzir estresse oxidativo e apoptose celular, com valores estatisticamente significativos a partir de 72h de exposição ($P < 0,05$). Após 24h o MP-Recife elevou a expressão de GPX-1, SOD, CAT, FerR e Thio, importantes proteínas antioxidantes ($P < 0,05$). Tais resultados demonstram que o MP-Recife é um material tóxico para as células pulmonares, podendo afetar negativamente a saúde da população de Recife.

Palavras-chave: Cultura tridimensional. Poluição atmosférica. Doenças crônicas.

Introdução

Globalmente, a poluição do ar é responsável por mais de sete milhões de mortes anualmente, sendo considerada um crítico problema de saúde pública (OMS, 2022). O rápido desenvolvimento econômico e o crescente número de veículos em circulação nos grandes centros urbanos têm colaborado significativamente para o aumento dos índices de poluentes atmosféricos, com elevação no número de infecções respiratórias, além do agravamento ou desencadeamento de distúrbios cardiorrespiratórios e outras doenças crônicas, como o câncer. O Material Particulado (MP) é um dos principais poluentes atmosféricos, capaz de

provocar diferentes graus de danos à saúde, especialmente ao sistema cardiorrespiratório (BAI *et al.*, 2019). A resposta celular à toxicidade do MP envolve estresse oxidativo, causado pela geração de espécies reativas de oxigênio (EROs) (LIN *et al.*, 2017); e a inflamação, gerada pela ativação de células que secretam citocinas pro-inflamatórias (KIM *et al.*, 2016); podendo envolver, ainda, a ativação de alguns complexos proteicos, como o NF- κ B (fator nuclear kappa B) (GILMORE, 1999). Estudos desenvolvidos pelo nosso grupo de pesquisa entre 2018 e 2020, em modelo 2D, revelaram que o MP_{2,5} de Recife é um material tóxico para as células pulmonares, reduzindo a viabilidade e induzindo apoptose após exposição, além de aumentar a produção de EROs, induzindo estresse oxidativo intracelular e respostas inflamatórias (NASCIMENTO, 2020). Tais achados levaram ao desenvolvimento do presente projeto, visando aprofundar os ensaios biológicos com o MP de Recife. Dessa forma, o objetivo deste estudo é desenvolver um modelo de cultura celular pulmonar 3D para aprofundamento dos estudos com o MP_{2,5} coletado em Recife, a fim de se obter resultados mais preditivos da resposta *in vivo*, além de analisar o potencial terapêutico de antioxidantes comerciais sobre os efeitos gerados. Os resultados obtidos poderão nortear tratamentos futuros para distúrbios cardiorrespiratórios e outras doenças associadas à poluição atmosférica, além de incentivar a adoção de políticas públicas que visem o monitoramento e controle dos níveis de poluentes no ar de Recife.

Material e Métodos

As culturas 3D da linhagem A549 foram desenvolvidas em placas Corning® Ultra-Low Attachment Surface e, após 72h de crescimento, os esferoides foram expostos aos MPs (proveniente da queima de diesel ou coletado da atmosfera de Recife) por 24h, 48h e 72h. Em seguida foram realizadas análises de citotoxicidade e morte celular através de citometria de fluxo; medidas de EROs com nitrobluetetrazólio (NBT); e dos níveis de citocinas inflamatórias (TNF- α , IL-6, IL-8, IL-10, IL-1 β), por Cytometric Bead Array (CBA). Para determinação da expressão relativa dos genes que codificam para as proteínas glutationa peroxidase (GPX-1), superóxido dismutase (SOD-1 e SOD-2), catalase (CAT), ferredoxina redutase (FerR) e tioredoxina (Thio), foi utilizado RT-qPCR. Também será realizada a dosagem das concentrações de glutationa reduzida (GSH) e oxidada (GSSG), por espectrofotometria, e a investigação da via de sinalização NF- κ B através de western blot. Para os testes terapêuticos será realizado o pré-tratamento dos esferoides com 5 mM de N-acetilcisteína (NAC) por 2 h; 1 mM de ácido ascórbico ou 60 mM de manitol por 30 min (VALDIVIESO *et al.*, 2018; CIRIACI *et al.*, 2019), seguido da incubação com MP. Os dados foram analisados no Graphpad Prism 8.0, utilizando One-way ANOVA com pós-hoc de Tukey.

Resultados e Discussão

Para desenvolvimento dos esferoides em monocultura foi escolhida a densidade de 10^6 . As análises revelaram uma redução de quase 50% da viabilidade celular na exposição ao MP-Diesel ($P < 0,0075$) e quase 30% ao MP-Recife ($P < 0,0084$), a partir de 72h. Os ensaios de morte celular revelam uma tendência de ambos os MPs induzirem apoptose celular de acordo com o tempo de exposição, com valores significativos já a partir de 48h ($P < 0,0001$) no MP-Diesel e 72h no MP-Recife ($P < 0,0001$). As análises de estresse oxidativo mostraram-se estatisticamente significativas a partir de 24h de exposição ao MP-Diesel ($P < 0,0001$) e a partir de 72h quando expostas ao MP-Recife ($P < 0,004$). Após a dosagem dos níveis de citocinas pro-inflamatórias foi observada a elevação significativa nos níveis de IL-6 e IL-8 em culturas expostas ao MP-Diesel já a partir de 24h ($P < 0,005$), enquanto o MP-Recife não foi capaz de elevar os níveis de nenhuma das citocinas avaliadas. Quanto aos ensaios de RT qPCR, foi observada expressão relativa dos genes das proteínas GPX-1, SOD-1, SOD-2, CAT, FerR e Thio, com valores significativos a partir de 24h de exposição ($P < 0,05$). Tais resultados corroboram os achados dos estudos desenvolvidos anteriormente por nosso grupo de pesquisa, utilizando modelo 2D. Ambos revelam a necessidade de maior aprofundamento nos estudos com o MP-Recife, uma vez que o mesmo se mostra tóxico às células pulmonares, capaz de induzir estresse oxidativo, respostas inflamatórias e, ainda, morte celular, podendo estar influenciando negativamente, direta ou indiretamente, na qualidade de vida da população.

Considerações Finais

Muito ainda precisa ser esclarecido sobre o MP-Recife. Este estudo traz resultados inéditos e contribuições valiosas, propondo abordagem terapêutica para melhorar a sobrevivência de pacientes do SUS. Seu desenvolvimento ocorre no Laboratório de Imunopatologia e Biologia molecular (LIBM) do IAM e todas as metodologias já estão padronizadas. Todos os créditos obrigatórios do PPG foram cumpridos, incluindo centros de estudos e estágio à Docência, item obrigatório ao bolsista CAPES.

Referências

- BRASIL. **Ministério da Saúde**. Riscos Ambientais e a saúde humana. Disponível em: <https://portalms.saude.gov.br/vigilancia-em-saude/vigilancia-ambiental/vigiar/riscos-ambientais-e-a-saude-humana>. Acesso em: 09 jan. 2022.
- CIRIACI, N. et al. Role of ERK1/2 in TNF α -induced internalization of Abcc2 in rat hepatocyte couplets. **Biochemical Pharmacology**, Oxford, v.164, p. 311-320, 2019.

NASCIMENTO, C. M. Poluição atmosférica e possíveis efeitos à população de Recife: avaliação de morte celular, respostas inflamatórias e estresse oxidativo em células pulmonares expostas a material particulado. 2020. **Dissertação (Mestrado Acadêmico em Biociências e Biotecnologia em Saúde)** – Instituto Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Recife, 2020.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE (OMS). Poluição do ar. Disponível em: https://www.who.int/health-topics/air-pollution#tab=tab_2 . Acesso em: 10 jan. 2022

VALDIVIESO, Á. G. et al. N-acetyl cysteine reverts the proinflammatory state induced by cigarette smoke extract in lung Calu-3 cells. *Redox Biology*, Amsterdam, v. 16, p. 294–302, 2018.

DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE PROTEÍNAS QUIMÉRICAS PARA O DIAGNÓSTICO SOROLÓGICO DA DIROFILARIOSE

CORREIA, Darleide M. C. ¹; GUEIROS, Esdras ^{2,3}; Santos, Wagner J.T. ⁴; ROCHA, Abraham ²; ALVES, Leucio ³; DANTAS-TORRES, Filipe ⁵; PASTOR, André ^{2,6}; MELO NETO, Osvaldo P.¹.

¹Instituto Aggeu Magalhães, Fiocruz-PE, Departamento de Microbiologia.

²Instituto Aggeu Magalhães, Fiocruz-PE, Departamento de Parasitologia, Serviço de Referência de Filariode Linfática.

³Universidade Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Medicina Veterinária .

⁴Instituto de Tecnologia em Imunobiológicos, Biomaguinhos

⁵Instituto Aggeu Magalhães,Fiocruz-PE, Departamento de Imunologia.

⁶Instituto Federal do Sertão Pernambucano, Campus Floresta.

RESUMO. A dirofilariose é causada pelo verme *Dirofilaria immitis*, mesma família do *Wuchereria bancrofti*, e transmitida por diferentes insetos. O hospedeiro definitivo é o cão, podendo infectar outros mamíferos. O diagnóstico é feito por testes de detecção de antígeno e parasitológico, que podem resultar em falsos negativos. O objetivo do presente trabalho é produzir e avaliar proteínas quiméricas de *D. immitis* e recombinantes de *W. bancrofti* para o diagnóstico da dirofilariose. Para a construção das proteínas quiméricas foram selecionadas seis proteínas potencialmente imunógenas da literatura. Os fragmentos de DNA que codificam epítomos para linfócito B e MHC classe II de cada proteína foram unidos para gerar dois genes quiméricos. As proteínas quiméricas serão avaliadas para detecção de anticorpos em cães com dirofilariose por ELISA indireto, assim como foi realizado com o antígeno Wb14 de *W. bancrofti*. Foram utilizados 189 soros de cães: 114 positivos para dirofilariose e 75 negativos (25 de região endêmica e 50 de região não endêmica). A detecção de anticorpos foi maior no grupo positivo (64%; 74/114), seguido pelo negativo de região endêmica (36%; 9/25) e negativos de região não endêmica (22%;11/50). Sensibilidade de 64% e especificidade de 73% foram determinadas em comparação com o teste de antígeno.

Palavras-chave: ELISA, *Heartworm*, Cão, Biotecnologia, Brasil.

Introdução

A dirofilariose é causada pelo verme nematoide *D. immitis* e transmitida pelos insetos vetores dos gêneros *Aedes*, *Anopheles* e *Culex* (SIMÓN et al., 2012). O *D. immitis* é conhecido como o verme do coração pois se aloja nas artérias pulmonares e câmaras

cardíacas direitas dos cães causando inflamação das artérias pulmonares, grave comprometimento cardiorrespiratório e óbito. Em humanos, a infecção causa nódulos pulmonares compostos por larvas do verme (SIMÓN et al., 2012). O diagnóstico é realizado pelo teste rápido SNAP 4Dx, que detecta antígenos produzidos apenas por fêmeas adultas e através da identificação de microfírias no sangue. Uma limitação é o uso em cães com baixa carga parasitária de fêmeas, além da possibilidade da antigenemia ser suprimida até cerca de nove meses pós infecção em cães tratados. Além disso, não há um teste de captura de anticorpos disponível comercialmente que seja utilizado na rotina (AHS, 2020). Com os avanços da engenharia genética, proteínas quiméricas se mostram promissoras no que diz respeito a sua utilização em testes de detecção de anticorpos (LEONY et al., 2019; PASTOR et al., 2021; SANTOS et al., 2020). Com isso, o presente estudo tem como objetivo desenvolver e avaliar proteínas quiméricas e recombinantes para o desenvolvimento de um ELISA de captura de anticorpos anti *Dirofilaria immitis*.

Material e Métodos

Onze proteínas imunógenas foram selecionadas levando em consideração a imunorreatividade *in vitro*, presença em diferentes estágios de vida do parasito, grau de identidade com espécies próximas de patógenos não alvo e utilização em diagnóstico de outras filarioses. Em seguida, foi realizada a predição de regiões de ligação à linfócitos B e MHC classe II, através dos preditores ABCpred, BepPred, SVMTrip, MHCII 2.3 e Net MHC II 4.0. A fim de excluir os fragmentos antigênicos de alta similaridade com espécies não alvo foi realizado um blastp. As regiões identificadas como relevantes para o diagnóstico da dirofilariose foram unidas em várias combinações para gerar dois genes quiméricos utilizando a ferramenta ApeDNA. Os genes foram enviados para síntese e terão seus produtos expressos em *E. coli*, purificados por IMAC e serão utilizados em um ELISA indireto para a detecção de anticorpos em cães com dirofilariose assim como foi feito utilizando o antígeno recombinante Wb14 de *W. bancrofti*. Foram utilizados 189 soros de cães (CEUA IAM 66/2014) (CEUA UFRPE 2726120521) testados por SNAP 4Dx e teste parasitológico, sendo: 114 positivos e 25 negativos oriundos de região endêmica, e 50 negativos de região não endêmica.

Resultados e Discussão

Genes quiméricos. Seis proteínas apresentaram epítomos possíveis de serem usados na produção dos genes quiméricos, devido à alta similaridade de *D. immitis* com outros patógenos caninos, como *Toxocara canis* ou *Acanthocheilonema vitae* (BOWMAN, 2014). Com isso, foram então construídos dois genes DAW3 e DAW5 que apresentam 1842bp e codificam proteínas de peso molecular predito de 67.8 kDa.

Teste com Wb14. Os valores de positividade foram significativamente maiores para os soros positivos (64%; 74/114), diminuindo para 36% (9/25) para os soros negativos de região endêmica e 22% (11/50) para os soros negativos de região não endêmica. Uma sensibilidade de 64% e especificidade de 73% foram determinadas quando comparadas ao SNAP 4Dx. Apesar dos resultados iniciais não serem promissores, esse é o primeiro relato do desenvolvimento de um teste de captura de anticorpos em cães com dirofilariose no Brasil. Além disso, a comparação com o SNAP 4Dx, um ensaio de captura de antígeno, não é ideal, pois a formação de imunocomplexos pode alterar o resultado de testes de detecção de antígeno (LITTLE et al., 2018). Sendo assim, alguns animais com resultados falso-negativos no SNAP 4Dx podem estar infectados e produzir anticorpos, tornando-se positivos no ELISA. Possivelmente essa seja a razão da maior positividade observada para o grupo negativo da área endêmica em comparação com os da localidade não endêmica.

Considerações Finais

Nossos dados reforçam a necessidade de novas ferramentas para diagnóstico da dirofilariose além de iniciar estudos sobre a resposta imunológica de cães em regiões endêmicas e não endêmicas no Brasil.

Referências

- AMERICAN HEARTWORM SOCIETY. **Current Canine Guidelines for the Prevention, Diagnosis, and Management of Heartworm (Dirofilaria immitis) Infection in Dogs.** [s.l: s.n.].
- BOWMAN, D. D. **Georgis' Parasitology for Veterinarians.** 10 ed. ed. Maryland Heights: Elsevier, 2014.
- LEONY, L. M. et al. Performance of recombinant chimeric proteins in the serological diagnosis of *Trypanosoma cruzi* infection in dogs. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 13, n. 6, 1 jun. 2019.
- LITTLE, S. et al. Prime detection of *Dirofilaria immitis*: Understanding the influence of blocked antigen on heartworm test performance. **Parasites and Vectors**, v. 11, n. 1, 20 mar. 2018.
- PASTOR, A. F. et al. Recombinant antigens used as diagnostic tools for lymphatic filariasis. **Parasites and Vectors**, v. 14, n. 1, 1 dez. 2021.
- SANTOS, W. J. T. et al. Gene design, optimization of protein expression and preliminary evaluation of a new chimeric protein for the serological diagnosis of both human and canine visceral leishmaniasis. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 14, n. 7, p. 1–21, 27 jul. 2020.
- SIMÓN, F. et al. Human and animal dirofilariasis: The emergence of a zoonotic mosaic. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 25, n. 3, p. 507–544, jul. 2012.

DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE UMA PLATAFORMA DE DIAGNÓSTICO DO TIPO “POINT-OF-CARE” PARA SARS-COV-2

DA MOTA FLORENCIO, Isabela Oliveira¹; RIBEIRO DA SILVA, Severino Jefferson²; RODRIGUES SANTOS, Bárbara Nazly²; DE LIMA, Suelen Cristina²; GERMANO MENDES, Renata Pessôa²; PENA, Lindomar José²

¹ Filiação: Fiocruz/PE, departamento de virologia, LAVITE

RESUMO. A COVID-19 é uma doença respiratória infecciosa provocada pelo SARS-CoV-2. Devido às suas variadas formas de transmissão, este novo vírus rapidamente se espalhou para todo o mundo causando a primeira pandemia por um coronavírus na história, segundo a OMS. O RT qPCR de *swabs* nasofaríngeos é o padrão-ouro para o diagnóstico molecular de SARS-CoV-2. Essa técnica possui várias limitações para o diagnóstico *point-of-care*. Neste contexto, o RT-LAMP é uma ferramenta inovadora de diagnóstico que tem se mostrado resolutive para o enfrentamento de patógenos devastadores. Diante disso, este projeto visa desenvolver e padronizar uma plataforma de diagnóstico para a detecção molecular do SARS-CoV-2 em amostras clínicas. A reação padronizada foi utilizada no teste RT-LAMP para detectar SARS-CoV-2 em algumas amostras biológicas de nasofaringe, orofaringe e saliva, tendo o RT- qPCR como método de comparação padrão-ouro. Os testes de sensibilidade analítica serão realizados para definir o limiar de detecção do ensaio e de especificidade analítica para avaliar a reatividade cruzada com outros patógenos. Finalmente, será validado a eficiência do teste RT-LAMP com amostras de pacientes fornecidas pelo LACEN/PE.

Palavras-chaves: Diagnóstico, COVID-19, SARS-CoV-2.

Introdução

A COVID-19 causada pelo novo coronavírus SARS-CoV-2, primeiramente detectada na cidade de Wuhan, na China, se espalhou em todo o mundo como uma ameaça global, sendo declarada como uma pandemia pela OMS em março de 2020. O SARS-CoV-2 é propagado facilmente entre os indivíduos, principalmente pelo contato direto com pacientes infectados, ao inalar-se gotículas contaminadas, as quais entram em contato com a mucosa ocular e nasal (Sharma *et al.*, 2020). Com base apenas em critérios clínicos, o SARS-CoV-2 não pode ser distinguido de forma confiável das infecções por outros patógenos que causam sintomas semelhantes, incluindo os vírus influenza, arbovírus, vírus sincicial respiratório, entre outros. Nesse contexto, o diagnóstico laboratorial assume um papel importante no manejo clínico dos pacientes e na implementação de medidas de controle da doença. A COVID-19 exibe uma variedade de sintomas e a detecção precoce de uma pessoa infectada com ensaios rápidos

e sensíveis, é crucial para o seu controle (Bordi *et al.*, 2020). Atualmente, o RT-qPCR de *swab* nasofaríngeo é a técnica padrão-ouro para o diagnóstico molecular da COVID-19. Porém, algumas limitações, como a necessidade de mão de obra altamente especializada, equipamentos sofisticados, além de exigir longos tempos de reação, impedem sua aplicação em ambientes com recursos reduzidos e resultam na investigação dos métodos de detecção alternativos (Minami *et al.*, 2021). O RT-LAMP é uma ferramenta inovadora de diagnóstico isotérmico que combina uma polimerase específica, desoxinucleotídeos convencionais, produzindo um teste sensível capaz de detectar as sequências do ácido nucleico alvo. Esta técnica é altamente específica pois requer seis primers independentes e não-marcados. Sendo assim, esta técnica funciona como uma ferramenta de vigilância epidemiológica e de diagnóstico *Point-of Care* para detectar a presença de diferentes patógenos, incluindo o SARS-CoV-2 (Augustine *et al.*, 2020). O presente estudo tem por objetivo desenvolver e validar uma plataforma diagnóstica baseada na técnica RT-LAMP para detecção de SARS-CoV-2 em amostras humanas.

Material e Métodos

Células Vero E6 foram infectadas com o isolado clínico de SARS-CoV-2, a suspensão viral foi titulada e inativada, para ser utilizada nos ensaios de otimização da reação RT-LAMP. Para avaliar o desempenho do teste em detectar o SARS-CoV-2 diferentes amostras humanas (nasofaringe, orofaringe e saliva) foram infectadas com 1×10^5 ou 1×10^2 TCID₅₀/mL do vírus, mimetizando uma situação de alta e baixa carga viral, respectivamente. Após a incubação, as amostras foram diretamente testadas através do ensaio RT-LAMP, sem necessidade da extração de RNA previamente. Para realização da RT-qPCR, o RNA viral das amostras foi extraído. Estão sendo conduzidos os ensaios de sensibilidade analítica com o sobrenadante da cultura viral diluído na base 10, e posteriormente os mesmos serão feitos com transcrito da região codificante do gene N (nucleocapsídeo) do SARS-CoV-2, o qual está sendo o alvo desse estudo, a fim de determinar o limite de detecção da técnica. Será realizado os ensaios de especificidade analítica para avaliar a reatividade cruzada com outros patógenos, como H1N1, influenza A e B, HRV, VRS, além de vários arbovírus, como DENV, CHIKV, ZIKV e MAYV. As amostras virais foram obtidas pelo LACEN-PE e do Departamento de Virologia da Fiocruz/PE e encaminhadas para extração de RNA viral para posteriormente serem utilizadas na reação de RT-qPCR para a proteína N.

Resultados e Discussão

Os resultados mostraram a detecção do SARS-CoV-2 a partir de 15 minutos, com uma estratégia baseada em tubos fechados e protocolo de única etapa que não requer a necessidade de extração do RNA ou nenhum tratamento prévio das amostras, incluindo

amostras alternativas que podem ser auto coletadas reduzindo a exposição dos profissionais de saúde. Como resultado prévio dos ensaios de sensibilidade, o ensaio RT-LAMP realizou a detecção do SARS-CoV-2 nas concentrações de 10^4 TCID₅₀/mL a 10^{-8} TCID₅₀/mL de forma confiável. Conforme trabalhos prévios, o RT-LAMP para o gene N de SARS-CoV-2 apresenta alta sensibilidade em um curto período de tempo comparado ao RT-qPCR (Augustine *et al.*, 2020).

Considerações Finais

Finalmente, o desempenho do ensaio RT-LAMP será validado com amostras de *swab* nasofaríngeo coletadas em PE e submetidas ao LACEN/PE, com vistas ao futuro desenvolvimento de kits de diagnóstico para a testagem rápida no ponto de atendimento.

Referências

AUGUSTINE, Robin; HASAN, Anwarul; DAS, Suvarthi; et al. Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): A Rapid, Sensitive, Specific, and Cost-Effective Point-of-Care Test for Coronaviruses in the Context of COVID-19 Pandemic. **Biology**, v. 9, n. 8, p. 182, 2020.

BORDI, Licia; NICASTRI, Emanuele; SCORZOLINI, Laura; et al. Differential diagnosis of illness in patients under investigation for the novel coronavirus (SARS-CoV-2), Italy, February 2020. **Eurosurveillance**, v. 25, n. 8, p. 2000170, 2020.

MINAMI, Kenta; MASUTANI, Ryota; SUZUKI, Youichi; et al. Evaluation of SARS-CoV-2 RNA quantification by RT-LAMP compared to RT-qPCR. **Journal of Infection and Chemotherapy**, v. 27, n. 7, p. 1068–1071, 2021.

RAMBAUT, Andrew; HOLMES, Edward C.; O'TOOLE, Áine; et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. **Nature Microbiology**, v. 5, n. 11, p. 1403–1407, 2020.

DETERMINANTES GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA AO TRATAMENTO QUIMIOTERÁPICO NA LEUCEMIA DA INFÂNCIA

VASCONCELOS, Andreza Pâmela¹; LUCENA-SILVA, Norma¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunogenética

RESUMO. O melhor tratamento para crianças com Leucemia Mieloide Aguda (LMA) ainda não foi estabelecido e as diferenças interindividuais na habilidade de metabolizar os xenobióticos podem influenciar na resposta dos pacientes às drogas terapêuticas. Nesse contexto, polimorfismos em genes que codificam enzimas metabolizadoras de drogas, tais como as glutionas S-transferases (GSTs) e citocromo P450 (CYPs), podem estar envolvidos na resistência aos agentes quimioterápicos anti neoplásicos. O objetivo do trabalho é avaliar a influência de alelos polimórficos CYP e GST na resposta ao tratamento dos pacientes pediátricos com Leucemia Mieloide Aguda. No presente estudo, foram analisados 159 pacientes pediátricos, de ambos os sexos, diagnosticados com LMA e tratados no serviço de oncologia pediátrica do IMIP. As análises moleculares de quatro genes GST (GSTA1, GSTP1, GSTM1 e GSTT1) e sete polimorfismos CYP3A4 estão sendo realizadas através das técnicas de RFLP-PCR e Sequenciamento Sanger. A elucidação dos mecanismos genéticos envolvidos na resistência a quimioterápicos pode contribuir para tornar a conduta terapêutica da LMA individualizada, por meio da adaptação das drogas e suas dosagens de acordo com o perfil genético de cada paciente.

Palavras-chave: LMA. Mutações. Prognóstico.

Introdução

A leucemia aguda é responsável por cerca de 30% dos cânceres infantis, sendo os precursores de linhagem linfóide acometidos em 75-80% dos casos, e os de células da linhagem mieloide em 20- 25%. A Leucemia Mieloide Aguda (LMA) é uma doença complexa e altamente diversificada, cuja caracterização imunofenotípica e molecular contribui para classificação de risco e prognóstico da doença. A heterogeneidade celular da LMA e a complexidade das alterações genéticas envolvidas na gênese da leucemia são obstáculos para o desenvolvimento de protocolo de tratamento. Um dos motivos relacionados ao alto índice de óbito para a LMA seria a falta de marcadores que indiquem um prognóstico desfavorável e a falha na condução terapêutica, que pode ser causada por genes que controlam as vias de metabolização. Os quimioterápicos comumente utilizados são metabolizados por famílias de genes, como as glutionas S-transferases (GSTs) e citocromo

P450 (CYPs), que codificam enzimas metabolizadoras de drogas. As enzimas CYP3A4 estão envolvidas no metabolismo de mais de 50% das drogas de uso clínico (FATUNDE et al., 2020). Por outro lado, as isoenzimas GST, organizadas em oito classes, são superexpressas em diversos tumores e podem participar da ativação ou inativação de quimioterápicos, alterando a eficácia ou toxicidade desses medicamentos (BULUS et al., 2019). Polimorfismos nos genes que codificam enzimas metabolizadoras de drogas alteram a expressão do gene e atividade dessas enzimas, e podem ser importantes nas populações devido a sua alta frequência. Dessa forma, o objetivo do presente estudo é avaliar a influência de alelos polimórficos CYP e GST na resposta ao tratamento dos pacientes pediátricos com Leucemia Mieloide Aguda.

Material e Métodos

Considerações Éticas. O estudo faz parte do projeto “Cenário do câncer infantil em Pernambuco: desenvolvendo ferramentas diagnósticas acessíveis à rede pública, de impacto no tratamento e prognóstico da criança com câncer” e foi aprovado em 13/09/2013 pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães com o Nº 400.655 (CAAE 13296913.3.0000.5190). **Casuística.** A pesquisa está sendo conduzida em uma coorte de 159 crianças com LMA diagnosticadas e tratadas no Serviço de Oncologia Pediátrica do Hospital Instituto de Medicina Integral Professor Fernando Figueira – IMIP. **Análise Molecular.** A partir do DNA genômico isolado das células mononucleares do sangue periférico ou medula óssea, as regiões de interesse foram amplificadas através da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Os polimorfismos estudados nos genes GST são: GSTA1 C-69T (rs3957357), GSTP1 A+313G (rs1695), GSTP1 C+341T (rs1138272), GSTM1 *null* e GSTT1 *null*. Para o gene CYP3A4, sete mutações de base única foram avaliadas: A-392G, T-369A, C-364T, T301C, C-156A, C+7G e T+44C. Para determinação do polimorfismo genético, os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel de agarose, e posteriormente digeridos com enzimas de restrição ou sequenciados, pelo método de Sanger, no equipamento ABI GeneticAnalyser 3100. **Análise Estatística.** A análise dos polimorfismos inclui a contagem e registro em planilha eletrônica. As frequências genéticas (alélicas, genotípicas e haplotípicas), desequilíbrio de ligação entre genótipos e equilíbrio de Hardy-Weinberg serão determinados através da utilização dos programas Arlequin e Genepop. Para as comparações de distribuição entre os dados categóricos, será utilizado o teste Qui-quadrado de Fischer, e a sobrevida global será calculada a partir da data de admissão até a data de censura ou óbito, com base no método de Kaplan-Meier – Log rank.

Resultados e Discussão

O estudo envolveu 159 pacientes com diagnóstico de LMA. Na população estudada, houve predomínio do sexo masculino (relação 1:1,4), maior prevalência do subtipo LMA-M3 (34%) e faixa etária que variou entre crianças com 4 dias de vida até os 18 anos de idade. Destes, 27% tinham menos de cinco anos ao diagnóstico, 38% tinham entre cinco e dez anos e 36% são maiores que dez anos. A análise molecular está em andamento, e a padronização da reação de amplificação foi efetuada para todos os polimorfismos propostos. Até o momento, os resultados parciais mostram as seguintes distribuições genotípicas: GSTA1 C-69T (CC 43%, CT 41%, TT 16%, n=141); GSTP1 A+313G (AA 35%, AG 46%, GG 19%, n=117); GSTP1 C+341T (CC 100%, n=17); CYP3A4 A 392G (AA 76%, AG 21%, GG 03%, n=33) e CYP3A4 C-364T (CC 34%, CT 66%, n=33).

Considerações Finais

A pesquisa está em andamento e deve ser ampliada para permitir estudos estatísticos mais robustos. As análises restantes devem ser realizadas nos próximos meses, permitindo a conclusão da tese em tempo hábil, com previsão para setembro de 2023. Sendo assim, espera-se que o conhecimento produzido forneça implicações clínicas importantes e subsídios para a implementação de novas condutas e protocolos de acompanhamento. Com isso, os resultados deste trabalho poderão ser úteis na escolha terapêutica adequada, melhorando a qualidade de vida e, conseqüentemente, a sobrevivência dos pacientes pediátricos com LMA.

Referências

- BULUS, H. et al. Expression of CYP and GST in human normal and colon tumor tissues. *Biotechnic & Histochemistry*, v. 94, n. 1, p. 1-9, 2019.
- FATUNDE, O. A.; BROWN, S. The Role of CYP450 Drug Metabolism in Precision Cardio Oncology. *International journal of molecular sciences*, v. 21, n. 2, p. 604, 2020.

DINÂMICA DA INFECÇÃO PELOS VÍRUS ZIKA E MAYARO EM MOSQUITOS *Culex quinquefasciatus* E *Aedes aegypti* EM MODELO ANIMAL

KROKOVSKY, Larissa¹; GUEDES, Duschinka R.D.¹.; PAIVA, Marcelo H.S.^{1,2} e AYRES, Constância F.J.¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Entomologia e ²Universidade Federal de Pernambuco, Núcleo de Ciência da Vida (NCV-CAA).

RESUMO. Estudos que se aproximam da real dinâmica de transmissão de arbovírus entre mosquitos e hospedeiros vertebrados são necessários para avaliar competência vetorial e o impacto da infecção (única ou múltipla) na patogênese em mamíferos. Desta forma, o presente estudo teve como objetivo avaliar a dinâmica de transmissão dos vírus Mayaro (MAYV) e Zika (ZIKV) em única e dupla infecção em camundongos, utilizando como agente inoculador mosquitos *Aedes aegypti* e *Culex quinquefasciatus*. Para realização dos experimentos, mosquitos foram infectados de forma artificial com os vírus e então utilizados para infecção vetorial em camundongos imunodeprimidos (ciclo de transmissão completo). Amostras de mosquitos e camundongos foram avaliadas por RT- qPCR, ensaio de placa e sequenciamento de nova geração (NGS). A partir do uso desse modelo de estudo, foi demonstrada a competência vetorial de *Ae. aegypti* para MAYV, ZIKV e MAYV+ZIKV. Altas taxas de infecção e disseminação foram visualizadas nos mosquitos e em relação aos animais, 100% dos animais entraram em viremia, como maior tropismo pelo fígado. Enquanto que para *Cx. quinquefasciatus* foi vista a competência vetorial para ZIKV com 100% de transmissão para os camundongos.

Palavras-chave: Mayaro, *Aedes aegypti*, *Culex quinquefasciatus*

Introdução

Dentre os arbovírus que circulam no Brasil, destacam-se o vírus Dengue, Febre amarela, Chikungunya e Zika (ZIKV) (Donalisio *et. al*, 2017). Além desses vírus, há circulação do vírus Mayaro (MAYV) em ambientes silvestres das regiões norte e centro-oeste do país desde os anos 80, com um recente aumento de notificações em humanos no ambiente silvestre e urbano (Lima *et. al*, 2021). *Aedes aegypti* é conhecido como principal vetor de DENV, ZIKV e CHIKV no Brasil. Além disso, estudos relacionados à competência vetorial sugerem *Culex quinquefasciatus* como vetor secundário de ZIKV em ambiente urbano (Guedes *et. al*, 2017). A transmissão de MAYV por *Haemagogus* está bem documentada, porém é necessária a avaliação da competência vetorial de mosquitos urbanos (Lima *et. al*,

2021). A dinâmica de transmissão de ZIKV e MAYV pelos mosquitos *Ae. aegypti* e *Cx. quinquefasciatus* em única e dupla infecção ainda não foi estudada de forma completa em modelo animal. Diante disso, o objetivo deste estudo foi o estabelecimento de um protocolo de estudo para competência vetorial, utilizando o modelo animal, além de avaliar a dinâmica de transmissão de ZIKV e MAYV por *Ae. aegypti* e *Cx. quinquefasciatus* em camundongos.

Material e Métodos

Para a realização da investigação inicial da competência vetorial para MAYV, foram realizados experimentos de alimentação artificial de *Ae. aegypti* e *Cx. quinquefasciatus* com uma mistura de sangue de coelho desfibrinado e cultivo de células Vero infectadas contendo MAYV (MAYV/BR/Sinop/H307/2015). A análise das taxas de infecção e disseminação nesses mosquitos foi realizada nos 3^o, 7^o e 14^o dias pós infecção (dpi). O segundo modelo experimental utilizado no presente estudo foi o de dinâmica de transmissão em modelo animal. Os grupos teste de *Ae. aegypti* e *Cx. quinquefasciatus* foram alimentados artificialmente com MAYV em monoinfecção, ZIKV (ZIKV/H.sapiens/Brazil/PE243/2015-KX197192) em monoinfecção e por fim com os dois vírus misturados. Camundongos IFNAR BL/6 com idade de 3-4 semanas foram separados em grupos teste (n=4) e controle (n=2) e disponibilizados como fonte sanguínea para os mosquitos no 7^odpi para MAYV e 14^odpi para ZIKV e para dupla infecção. Os camundongos foram pesados e anestesiados (100mg/kg de Cetamina +10mg/kg de Xilazina) e então dispostos no topo dos potes plásticos contendo os mosquitos durante 20 minutos. Em seguida, foram colocados de volta em microisoladores e observados diariamente até o aparecimento dos sinais clínicos de infecção. Após o aparecimento dos sinais, os animais foram novamente disponibilizados como fonte sanguínea para um novo grupo de mosquitos. Após o repasto, foi realizada a coleta de sangue total, órgãos e eutanásia (CEUA/IAM N^o 166/2021). Os mosquitos do segundo repasto sanguíneo foram mantidos por 7 dias (MAYV) e 14 dias (ZIKV e MAYV+ZIKV). As amostras dos camundongos e mosquitos foram submetidas a RT- qPCR, ensaio de placa e sequenciamento de nova geração (NGS), de acordo com protocolos estabelecidos no Departamento de Entomologia.

Resultados e Discussão

Três experimentos de competência vetorial para MAYV foram realizados e avaliadas 145 fêmeas de *Ae. aegypti* e 100 fêmeas de *Cx. quinquefasciatus*. A espécie *Ae. aegypti* apresentou taxa de infecção no 3^o dpi (97,7%), 7^o dpi (100%) e 14^odpi (100%) e a taxa de disseminação viral atingiu 100% no 7^o dpi e 14^odpi. Em relação a espécie *Cx. quinquefasciatus*, as taxas de infecção encontradas nos 3^o, 7^o e 14^o dpi foram de 14,28%, 13,1% e 14,81%, respectivamente. A taxa de disseminação variou entre 60% e 80%. Com o

modelo de transmissão descrito foram realizados três experimentos independentes. No total, para MAYV foram avaliados 18 animais para a espécie *Ae. aegypti* e 12 animais para a espécie *Cx. quinquefasciatus*. 100% dos camundongos dos grupos teste da espécie *Ae. aegypti* apresentaram sinais de infecção no 3º e 4º dpi. Em relação aos grupos de *Cx. quinquefasciatus* e controles, todos os animais se mantiveram saudáveis. A viremia encontrada nos animais variou de $2,5 \times 10^8$ a 5×10^9 PFU/ml. Nos órgãos, a análise de RT-qPCR e titulação mostraram um tropismo do vírus pelo fígado. Os mosquitos do segundo repasto nos animais foram processados e encontrada a taxa de 50% de infecção para *Ae. aegypti*. Em relação a ZIKV, foram avaliados 18 animais para ambas as espécies: 100% dos camundongos dos grupos teste de *Ae. aegypti* apresentaram sinais de infecção no 7º e 8ºdpi. Em relação aos grupos de *Cx. quinquefasciatus* e controles, todos os animais se mantiveram saudáveis. No entanto, todos os animais dos grupos de *Cx. quinquefasciatus* estavam com órgãos positivos para ZIKV. No ensaio de dupla infecção, foram avaliados 18 animais para a espécie *Ae. aegypti* e 100% dos animais apresentaram sinais de infecção no 2º e 3ºdpi. As amostras dos experimentos de ZIKV e dupla infecção estão em processo de exploração estatística. O NGS foi realizado com amostras de mosquitos e camundongos infectados com MAYV e 30 genomas foram gerados (cobertura entre 52-97%) e estão em processo de análise de bioinformática.

Considerações Finais

A padronização e utilização de um modelo animal murino de transmissão de arbovírus é de extrema importância, uma vez que não existe uniformização na literatura. No presente estudo foi evidenciada a competência da espécie *Ae. aegypti* para MAYV e para dupla transmissão de MAYV e ZIKV. Em relação à espécie *Cx. quinquefasciatus*, foi vista a competência para ZIKV.

Referências

- DONALISIO, M. R.; FREITAS, A. R. R.; ZUBEN, A. P. B. V. Arboviroses emergentes no Brasil: desafios para a clínica e implicações para a saúde pública. **Revista de Saúde Pública**, v. 51, 2017. |
- GUEDES, D. R. et al. Zika virus replication in the mosquito *Culex quinquefasciatus* in Brazil. **Emerging Microbes & Infections**, v. 6, n. 8, p. e69, 9 ago. 2017. |
- LIMA, William Gustavo et al. Rate of exposure to Mayaro virus (MAYV) in Brazil between 1955 and 2018: a systematic review and meta-analysis. **Archives of virology**, v. 166, n. 2, p. 347-361, 2021.

ESTUDO DA EXPRESSÃO GÊNICA DE VIAS ENVOLVIDAS NA DOENÇA HEPÁTICA PROVOCADA PELA ESQUISTOSSOMOSE MANSÔNICA

LOYO, Rodrigo Moraes¹; VASCONCELOS, Luydson Richardson Silva¹

¹ Laboratório de Biologia Molecular em Doenças Infecciosas (LBMDI), Departamento de Parasitologia, Instituto Aggeu Magalhães, Fiocruz, Pernambuco.

RESUMO. Ao longo de décadas o Programa de Controle da Esquistossomose (PCE) vem realizando inúmeras intervenções tendo em vista o controle desta doença no Brasil. As limitações das estratégias utilizadas no controle da esquistossomose evidenciam a necessidade de estudos focados em ferramentas laboratoriais para auxiliar nos protocolos de diagnóstico. Estudos apontam as MMPs como bons alvos para determinação da injúria hepática em pacientes com esquistossomose. Os pacientes positivos para esquistossomose (grupo caso) pelo método parasitológico de Kato-Katz e também os negativos (grupo controle) foram convocados para avaliação fisiológica por ultrassonografia (USG), e assim seguiram para avaliação de expressão gênica dos alvos MMP 1, 2, 7 e 9 e TIMP 1 e 2 e do gene Beta-actin (ACTB) como marcador endógeno por estratégia de qPCR. Foi visto diferença significativa de expressão entre os grupos Casos e Controle usando o Teste t pelo método de Sidak-Bonferroni para os alvos MMP 2, 7 e 9 tendo p valor < 0,05 e um T ratio de 3.80, 6.45 e 3.53, respectivamente. Vimos que as principais MMPs estão mais expressas nos indivíduos infectados quando comparados a pacientes saudáveis e que a MMP 7 dentre todas se mostrou a mais promissora para possível candidato a marcador biológico.

Palavras-chave: Esquistossomose mansoni. Expressão Gênica. Fibrose Hepática.

Introdução

A esquistossomose é considerada uma das doenças infecto-parasitárias mais prevalentes no mundo. O Brasil é considerado o país mais afetado das Américas, onde estima-se que 1,8 milhões de indivíduos estejam infectados pelo *Schistosoma mansoni*. Ao longo de décadas o Programa de Controle da Esquistossomose (PCE) vem realizando inúmeras intervenções tendo em vista o controle desta doença no Brasil. Essas medidas acarretaram em alguns efeitos positivos como a redução da prevalência e da carga parasitária das populações residentes em áreas endêmicas. No entanto a esquistossomose continua em plena expansão apesar dessas políticas públicas de controle, pois a prevalência da doença está sendo subestimada devido à dificuldade de se diagnosticar indivíduos com baixa carga parasitária, principalmente em áreas endêmicas com intervenções de tratamento periódico. Nesse

contexto, as limitações das estratégias utilizadas no controle da esquistossomose evidenciam a necessidade de estudos focados em ferramentas laboratoriais para auxiliar nos protocolos de diagnóstico. Pesquisas envolvendo as metaloproteinases de matriz (MMPs) como marcadores biológicos vem se expandindo devido ao diverso número de papéis bioativos dessas moléculas como proliferação celular, migração, diferenciação, angiogênese, apoptose, entre outros. Estudos apontam as MMPs como bons alvos para determinação da injúria hepática em pacientes com esquistossomose. Diante disso, este estudo pretende avaliar as MMPs e dois de seus principais reguladores (Inibidor tecidual de metaloproteinases – TIMP) como alvos gênicos para auxiliar em estratégias de diagnóstico e perspectivas de prognóstico quanto a fibrose hepática causada pela esquistossomose.

Material e Métodos

Foi realizado inquérito coproscópico na localidade de Porto de Galinhas, Pernambuco, Brasil, sendo essa área caracterizada como endêmica para esquistossomose e também é um local foco de intervenções do PCE. Os pacientes positivos para esquistossomose (grupo caso) pelo método parasitológico de Kato-Katz foram convocados para avaliação fisiológica por ultrassonografia (USG), assim como alguns pacientes negativos (grupo controle) na coproscopia para serem incluídos no grupo controle. Durante a avaliação fisiológica todos os indivíduos convocados (grupos caso e controle) fizeram coleta de sangue periférico total para extração de RNA e posterior avaliação de expressão gênica dos alvos MMP 1, 2, 7 e 9 e TIMP 1 e 2 e do gene Beta-actin (ACTB) como marcador endógeno por estratégia de Reação em Cadeia da Polimerase em Tempo Real (qPCR).

Resultados e Discussão

Foram utilizados para extração de RNA e posterior testes de expressão genética 42 PBMCs de pacientes dos grupos caso e controle. A expressão dos genes foi normalizada pelo controle endógeno ACTB e feito assim o cálculo de Delta-Delta Cycle Threshold ($\Delta\Delta Ct$), os valores então foram transformados em escala logarítmica para normalizar a distribuição entre os grupos. Foi vista diferença significativa de expressão entre os grupos Casos e Controle usando o Teste t pelo método de Sidak-Bonferroni para os alvos MMP 2, 7 e 9 tendo p valor < 0,05 e um T ratio de 3.80, 6.45 e 3.53, respectivamente. Como forma de ratificar os achados foi realizado o teste de 2 way-ANOVA pelo método de comparação de Tukey onde esses mesmos alvos apresentaram diferença significativa com intervalos de confiança de 0.004 à 0.76, 0.21 à 1.21 e -0.004 à 0.72 para os alvos MMP 2, 7 e 9, respectivamente. Na análise de Vulcano plot é visto que dentre esses alvos a MMP 7 é a que possui mais diferença apurada entre os grupos.

Considerações Finais

Vimos que as principais MMPs estão mais expressão nos indivíduos infectados quando comparados a pacientes saudáveis e que a MMP 7 dentre todas se mostrou a mais promissora para possível candidato a marcador biológico. O estudo seguirá para realizar associações desses achados preliminares com as avaliações clínicas dos indivíduos.

ESTUDO GENÔMICO DA DIVERSIDADE DE *Yersinia pestis* NO BRASIL

PITTA, João Luiz de Lemos Padilha¹; ALMEIDA, Alzira Maria Paiva de²; REZENDE, Antonio Mauro³

¹ Doutorando, Fiocruz Pernambuco – Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Microbiologia

² Coordenadora do Serviço de Referência em Peste, Fiocruz Pernambuco – Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Microbiologia

³ Tecnologista em Saúde Pública, Fiocruz Pernambuco – Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Microbiologia

RESUMO. *Yersinia pestis*, agente causador da peste, tem história evolutiva recente sendo considerada uma espécie geneticamente homogênea. A Peste permanece em focos naturais em todo o mundo. O Brasil está em período de silêncio epidemiológico, porém anticorpos de peste são detectados durante atividades de vigilância, sugerindo atividade dos focos. O presente estudo teve como objetivo analisar os 411 genomas de *Y. pestis* pertencentes a Fiocruz/CYP. Foi realizado um estudo de pangenoma que por análise filogenética com a matriz de genes e dados epidemiológicos evidenciou 5 clados principais. Estes clados tiveram seus genes pesquisados por associação a fatores de virulência e resistência, porém, não foram encontrados genes de resistência a antimicrobianos. As cepas do clado G foram as que apresentaram maior ausência de genes cromossômicos de virulência característicos de *Y. pestis*, como relacionados à formação de biofilme, aquisição de ferro e adesão celular. O clado E evidenciou ausência de genes do T6SS e no clado C essa ausência se relacionou a genes de adesão celular e aquisição de ferro. Embora não tenha sido possível associar genes de virulência aos dados epidemiológicos, vários genes de virulência importantes estiveram ausentes nos clados destacados na análise de pangenoma, sugerindo atenuação da virulência dessas cepas.

Palavras-chaves: *Yersinia pestis*, genômica comparativa, fatores de virulência.

Introdução

A peste é uma doença infecciosa cujo agente etiológico é a bactéria *Yersinia pestis* e que já devastou populações humanas ao longo de três principais pandemias registradas. A terceira pandemia, ou Pandemia Contemporânea, começou na China em 1894, se espalhou por todo o mundo e permanece até os dias atuais. Com isso, a crença de que a peste já foi erradicada é um grave erro, pois permanece ativa e causando mortes em todo o mundo. Alterações

climáticas e ambientais combinadas à capacidade da *Y. pestis* em sofrer modificações genéticas, podem contribuir para o ressurgimento de surtos. Assim, a peste precisa receber atenção contínua, com ações permanentes de monitoramento das áreas focais e esforços para aumentar o entendimento sobre a virulência e os mecanismos de disseminação do seu agente etiológico, visando à detecção precoce da fonte da doença e a determinação das melhores estratégias de controle na ocorrência de um surto.

Material e Métodos

Foram analisados 411 genomas de cepas de *Y. pestis*, sequenciados na plataforma *Illumina HiSeq 2000*, isolados de sítios diversos desde 1966 em períodos epidêmicos e endêmicos. Os dados sequenciados foram avaliados por parâmetros de qualidade e conteúdo GC. As sequências foram montadas e anotadas no Velvet e Prokka respectivamente, utilizando as melhores práticas para obter informações robustas dos genomas. Foi realizada uma análise de pangenoma utilizando o Roary visando estudar a microevolução dos genomas através do genoma acessório, cruzando com os dados epidemiológicos. Os dados evolutivos foram analisados por abordagem estatística observando a relevância dos genes presentes ou ausentes na matriz de genes. Foi realizada pesquisa por fatores de virulência e resistência a antimicrobianos utilizando ABRicate, além de pesquisa utilizando modelo oculto de Markov nos genes hipotéticos para buscar reclassificação. Com isso, dados genéticos, evolutivos, fatores de virulência e epidemiológicos foram cruzados.

Resultados e Discussão

Tanto o conteúdo de GC quanto a concentração de genes no core genoma estavam dentro do esperado para *Y. pestis*. Não foi possível traçar um padrão entre os genes de virulência e os dados epidemiológicos, sugerindo que as cepas brasileiras se distribuíram e evoluíram sem padrão. Sabe-se que *Y. pestis* possui um arsenal complexo de regulação da virulência, mas em cepas do clado C foi constatada a ausência de vários genes cromossômicos importantes, associados à adesão celular e aquisição de ferro. Nas cepas do clado G essa ausência foi mais significativa visto que também incluiu genes muito característicos de *Y. pestis*, como genes relacionados à formação de biofilme. Juntos, esses resultados indicam uma possível atenuação da virulência, corroborando com trabalhos anteriores da Fiocruz com o instituto Pasteur. No clado E, se destacou a ausência de genes relacionados ao T6SS, um sistema de secreção pouco estudado em *Y. pestis*, mas que também pode indicar uma atenuação da virulência dessas cepas, havendo a necessidade de um estudo mais aprofundado desse sistema de secreção para avaliar o impacto na virulência de *Y. pestis*. Por fim, o clado H apresentou a ausência de genes importantes, principalmente de

genes plasmidiais, mas parece ser o grupo menos afetado em termos de atenuação da virulência nos clados destacados no estudo.

Considerações Finais

A análise do pangenoma utilizada no presente estudo permitiu uma análise abrangente dos genomas disponíveis das cepas brasileiras de *Y. pestis* da Fiocruz/CYP. Embora não tenha sido possível associar a presença de genes de virulência com dados epidemiológicos, vários destes genes, reconhecidamente importantes, estiveram ausentes em clados destacados nas análises sugerindo uma atenuação da virulência nas cepas analisadas. Estudos mais profundos de outros mecanismos de virulência, como o T6SS, são necessários para avaliar o impacto na virulência de *Y. pestis*.

Referências

- ALMEIDA, A. M. P. DE et al. Does the Plague Still Threaten Us? **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 53, 2020.
- BARBIERI, R. et al. Yersinia pestis: the Natural History of Plague. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 34, n. 1, p. 1–44, 16 dez. 2020.
- DEMEURE, C. E. et al. Yersinia pestis and plague: an updated view on evolution, virulence determinants, immune subversion, vaccination, and diagnostics. **Genes & Immunity**, v. 20, n. 5, p. 357–370, 3 maio 2019.
- FERNANDES, D. L. R. DA S. et al. Spatiotemporal analysis of bubonic plague in Pernambuco, northeast of Brazil: Case study in the municipality of Exu. **PLOS ONE**, v. 16, n. 4, p. e0249464, 2 abr. 2021.
- FERNANDES, D. L. R. DA S. et al. Rodent hosts and flea vectors in Brazilian plague foci: a review. **Integrative Zoology**, p. 1749- 4877.12480, 26 ago. 2020.
- BERTHERAT, E. Plague around the world in 2019. **Weekly Epidemiological Record = Relevé épidémiologique hebdomadaire**, v. 94, n. 25, p. 289–292, 2019.

IDENTIFICAÇÃO IN SILICO DE EPÍTOPOS DAS PROTEÍNAS ESTRUTURAIS E NÃO ESTRUTURAIS QUE COMPÕEM O SARS COV-2 CAPAZES DE ESTIMULAR AS CÉLULAS T E B E AVALIAÇÃO DA RESPOSTA IMUNE IN VITRO E IN VIVO DOS EPÍTOPOS CANDIDATOS À VACINA MULTIEPÍTOPOS

DANTAS, Vanessa de Melo Cavalcanti¹; Morais, Clarice Neuenschwander Lins¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Virologia, Laboratório de Virologia e Terapia Experimental

RESUMO. Estudos que envolvam a elucidação da resposta imunológica frente a infecção pelo SARS-CoV-2 passaram a ser de grande importância para o melhor entendimento do processo infeccioso. O presente estudo teve como objetivo identificar epítopos de proteínas que compõem o SARS-CoV-2 capazes de estimular células T e B e a avaliação da citotoxicidade de epítopos candidatos à vacina.

Palavras-chave: Epítopos. Imunoinformática. SARS-CoV-2.

Introdução

O coronavírus SARS-CoV-2 pertence à ordem *Nidovirales*, do gênero *Betacoronavirus* e possui um genoma do tipo RNA fita simples de sentido positivo com uma extensão de cerca de 30 Kb (LUKE et al., 2020). O genoma viral codifica mais de 20 proteínas essenciais para a infecção e replicação, sendo 4 proteínas estruturais (M, S, E e N) e 16 proteínas não estruturais (Nsp1- Nsp16), além de 5 proteínas acessórias (ORF3a, ORF6, ORF7a, ORF8 e ORF10) (CHEN; LIU; GUO, 2020). Diante do pouco conhecimento no que se refere aos mecanismos da relação patógeno hospedeiro induzidos na infecção pelo SARS-CoV-2, estudos que envolvam a elucidação da resposta imunológica frente a essa infecção passaram a ser de grande importância para o melhor entendimento do processo infeccioso (GIOVANETTI et al., 2021). Por outro lado, estudos que integram bioinformática à imunologia vêm possibilitando o desenvolvimento de vacinas eficazes para diversos patógenos e tumores, bem como a identificação de regiões do proteoma viral capazes de induzir uma resposta humoral e/ou celular (HAJISSA et al., 2017). Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo identificar epítopos de proteínas que compõem o SARS CoV-2 capazes de estimular células T e B e a avaliação da citotoxicidade de epítopos candidatos à vacina.

Material e Métodos

Predição de epítopos de linfócitos T citotóxicos e auxiliares. Foram preditos peptídeos presentes nas proteínas codificadas pelo SARS-CoV-2 com afinidades para os alelos do

Sistema HLA das superfamílias de ocorrência comum na população mundial. Para os linfócitos T citotóxicos foi utilizado a ferramenta online de predição de epítomos NetCLT[©]. A identificação de epítomos de células T auxiliares presentes nas proteínas virais foi executada utilizando a ferramenta de predição IEDB[©]. Ademais, esses epítomos foram analisados quanto a imunogenicidade, indução por IFN- γ e antigenicidade, respectivamente pelos preditores IEDB[©], IFNepitope[©] e Vaxijen v2.0[©]. **Predição de epítomos de linfócitos B.** Os epítomos lineares de células B foram preditos utilizando combinadamente as ferramentas de identificação de epítomos com base na estrutura tridimensional ElliPro[®], DiscoTope 2.0[®] e BepiPred 2.0[®]. Posteriormente, os epítomos foram analisados quanto à antigenicidade pelo preditor Vaxijen v2.0[©]. **Encaixe Molecular e Dinâmica Molecular.** Ensaios de encaixe molecular foram realizados para avaliar a interação entre os epítomos promissores do estudo e receptores imunes por meio do software ClusPro[®] e os ensaios de dinâmica molecular a fim de avaliar a estabilidade de interação entre os complexos de interação epítomo-receptores foram avaliados por meio do software YASARA Dynamics[®]. **Análise de Viabilidade Celular com Vero E6.** Os peptídeos escolhidos e sintetizados quimicamente foram analisados quanto a sua viabilidade celular em células Vero E6 por ensaio de redução em 3-(4,5-dimetiltiazol 2yl)-2,5-di-fenil brometo de tetrazolina) – MTT - através do kit CyQUANT™ MTT Cell Viability Assay (ThermoFisher), onde essas células foram expostas aos peptídeos por 24h e a porcentagem de viabilidade celular foi calculada após esse período.

Resultados e Discussão

Para epítomos de células T citotóxicas, foram identificados 3765 epítomos que tiveram seu grau de imunogenicidade e antigenicidade avaliados. Nas predições de epítomos para células T auxiliares (Th), 14890 peptídeos foram preditos onde seu grau de antigenicidade e indução por IFN- γ também foram avaliados. Contendo pelo menos um resíduo de interseção com epítomos Th, um total de 335 epítomos de células B foram identificados como potenciais epítomos. Com relação ao encaixe molecular dos ligantes a receptores imunes, os epítomos propostos apresentaram bons resultados, com valores de ΔG e Kd que indicam estabilidade nas interações e sobre a simulação de dinâmica molecular a interação peptídeo-receptor atingiu a estabilidade de interação com valores de RMSD e RMSF abaixo de 5,0 Angstrom no tempo de 20ns. Análise da viabilidade em células Vero E6 revelaram resultados superiores a 70% nas concentrações estudadas (0.9 ug/uL, 1.8 ug/uL e 3.6 ug/uL) pelo período de 24h.

Considerações Finais

Desta forma, ferramentas de bioinformática de predição de epítomos podem ser importantes aliados na montagem de protótipos vacinais, por auxiliar na determinação dos epítomos

promissores que induzam resposta imune protetora no indivíduo sendo fundamental para determinação no desenvolvimento de imunizantes eficazes.

Referências

CHEN, Y.; LIU, Q.; GUO, D. Emerging coronaviruses: Genome structure, replication, and pathogenesis. **J Med Virol**, v. 92, n. 4, p. 418–423, 2020.

GIOVANETTI, M. et al. Evolution patterns of SARS-CoV-2: Snapshot on its genome variants. **Biochem Biophys Res Commun**, v. 538, p. 88–91, j. 2021.

HAISSA, K. et al. An evaluation of a recombinant multiepitope based antigen for detection of *Toxoplasma gondii* specific antibodies. **BMC Infect Dis**, v. 17, n. 1, p. 1–8, 2017.

LUKE, C. et al. Genomic and proteomic mutation landscapes of SARS-CoV-2. **J Med Virol**, v. 93, n. 3, p. 1702- 1721, 2020.

IMPLICAÇÕES DA INFECÇÃO DO VÍRUS ZIKA EM MODELOS MURINOS DE HEPATOPATIAS

OLIVEIRA, Elane Beatriz de Jesus¹; MOURA, Danielle Maria Nascimento²; OLIVEIRA, Sheilla Andrade de³.

^{1,2,3} Instituto Aggeu Magalhães/FIOCRUZ-PE. Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunopatologia e Biologia Molecular.

RESUMO. O vírus Zika (ZIKV) é um arbovírus transmitido no Brasil pelo mosquito *Aedes aegypti*. Não há dados epidemiológicos ou descrições explícitas da nocividade da infecção viral no fígado comprometido por hepatopatias. O objetivo deste projeto é avaliar a coparticipação do vírus Zika na severidade da lesão hepática decorrente de infecção parasitária causada pelo *Schistosoma mansoni* ou lesão hepática difusa resultante de agressão pelo tetracloreto de carbono (CCl₄) em modelo murino. Para elucidar essas questões, é necessário estudos que utilizem modelos de fibrose hepática com patógenos (*S. mansoni*) resultando em fibrose periportal e granulomatosa; e fibrose hepática tóxica que pode ser induzida por CCl₄, caracterizando necrose hepatocelular e cirrose hepática. Para atingir os objetivos, os camundongos de linhagem IFNAR^{-/-}, serão separados em grupos: controle negativo com salina; controles positivos (*S. mansoni*/ZIKV/ CCl₄); e coinfetados (*S. mansoni*/ZIKV e ZIKV/ CCl₄). Para identificar os danos no tecido hepático, serão feitos: ensaios morfológicos e morfométricos; ELISA: IFN- γ , TNF- α , IL-1 β , IL-6, IL-13, IL-17, IL-23, MMP-9, TIMP-1, TGF- β 1 e IL-10; e RT-qPCR, identificando os níveis de expressão de marcadores de lesão hepática (α -SMA e galectina-3). A fim de ampliar o conhecimento sobre o quadro clínico de pacientes hepatopatas crônicos acometidos pelo vírus da Zika, estabelecendo o entendimento da imunopatogênese.

Palavras-chave: Vírus Zika; Lesão hepática; Fibrose hepática.

Introdução

O vírus da Zika (ZIKV) é um flavivírus que foi identificado na Uganda, em estudos direcionados para o vírus da Febre Amarela. No Brasil, a epidemia iniciou em 2015 causando um surto de microcefalia em recém-nascidos. Até junho do ano de 2022, o Brasil registrou 5.699 casos prováveis de ZIKV. A transmissão ocorre por meio do mosquito *Aedes aegypti*, o que faz do ZIKV um arbovírus. Estudos mostram que a transmissão também pode ocorrer pelo ato sexual, vertical (gestante-feto) e transfusão sanguínea (YADAV *et al*, 2019). Aproximadamente 80% das pessoas infectadas são assintomáticas, as que desenvolvem

sintomas apresentam: dor de cabeça, manchas no corpo, mialgia, artralgia leve, febre e conjuntivite, podendo desenvolver microcefalia em fetos, encefalite e síndrome de Guillain-Barré em adultos. Os danos teciduais podem ser gerados pela infecção contínua do ZIKV e a intensa resposta do sistema imunológico (VARELLA; FORTE, 2022). Há estudos de caso sobre a presença do RNA viral do ZIKV no pulmão, baço, músculo, cérebro, sistema reprodutor feminino e masculino, rins e fígado. Relatos da infecção de *Flavivírus* (febre amarela e dengue) no tecido hepático, descreveram danos nos hepatócitos e necrose hepatocelular (SAKINAH *et al*, 2017), deixando dúvidas acerca dos danos hepáticos quando se trata do ZIKV. Neste trabalho, pretende-se estudar dois modelos murinos de hepatopatia: a lesão hepática resultante da infecção pelo *Schistosoma mansoni* que caracteriza-se por ser uma lesão focal com alterações vasculares bem evidentes e formação de fibrose periportal, granulomas isolados ou em grupos ao redor dos ovos depositados pelos parasitos e, o modelo de tetracloreto de carbono que mimetiza estímulos mais próximos às infecções causadas por vírus ou álcool, onde temos a formação de fibrose difusa com alterações nas funções hepáticas. Uma vez que temos áreas focais de alta prevalência para a esquistossomose mansônica, e presença de comorbidades hepáticas decorrentes de infecções virais e uso abusivo de álcool associados a áreas de prevalência do ZIKV é de extrema relevância avaliar a imunopatologia nos dois modelos propostos. Sendo o objetivo, avaliar a coparticipação do vírus Zika na severidade da lesão hepática decorrente de infecção parasitária causada pelo *S. mansoni* ou lesão hepática difusa resultante de agressão pelo CCl₄ em modelo murino.

Material e Métodos

Animais. Camundongos da linhagem IFNAR^{-/-} obtidos do Biotério de Criação do Instituto Aggeu Magalhães IAM/FIOCRUZ-Recife. **Modelos animais.** Controle negativo com salina: administração da salina será por via peritoneal (100µL/animal). Controle positivo: *S. mansoni* (cepa LE), a infecção ocorrerá por via transcutânea (50 a 80 cercarias). CCL₄ (0,2 ml diluído em azeite de oliva) por via esofágica. O modelo ZIKV será pela via intradérmica na almofada traseira da pata do camundongo, será utilizado um volume de 100µL na concentração de 10⁵ TCID₅₀ em cada animal. Coinfectados: *S. mansoni* e ZIKV - Os camundongos após 45 dias (fase aguda), ou 110 dias (fase crônica) infectados pelo *S. mansoni*, serão coinfectados com o ZIKV. Coinfectados CCl₄ e ZIKV – após a indução da fibrose hepática pelo CCl₄, ocorrerá a inoculação do ZIKV por via intradérmica. **Análise de sobrevida e índice de mortalidade.** Os animais serão pesados e observados clinicamente por 50 dias (fase aguda) e 115 (fase crônica) dias para avaliar morbidade e mortalidade. **Estudo morfológico e morfométrico.** Fragmentos de fígados de todos os grupos serão fixados em formol 10% por 24 horas, embebidos em parafina, seccionados (5µm) e corados pelo Sírius-red e Fast green morfometria onde serão calculados alguns parâmetros de avaliação dos granulomas

hepáticos: densidade numérica e volume dos granulomas; e hematoxilina-eosina para análise morfológica do tecido analisando presença de necrose, inflamação (periportal e acinar), esteatose e proliferação ductular, ambos em microscópio óptico. **Ensaio Imunológico – ELISA.** Fragmentos hepáticos congelados em nitrogênio líquido imediatamente após a coleta (cerca de 50mg), serão posteriormente homogeneizados em tampão de lise. Os lisados serão centrifugados e então os sobrenadantes serão usados para quantificar, através do ELISA sanduíche para a dosagem das citocinas IFN- γ , TNF- α , IL-1 β , IL-6, IL-30, IL-13, IL-17, IL-23, MMP-9, TIMP-1, TGF- β 1 e IL-10. **Estudos moleculares RT-qPCR.** Para avaliação dos níveis de expressão de marcadores de lesão hepática (α -SMA, galectina-3 e B-actina), aproximadamente 5 μ g de RNA será usado para a síntese de cDNA utilizando o GoScript Transcription System (Promega). A qPCR será feita no aparelho QuantiStudio5 (ThermoFisher Scientific), usando SYBR® Green PCR Master Mix (Applied Biosystems). A amplificação da β -actina será usada como controle endógeno.

Cronograma

ATIVIDADES	2022 - 2º SEM	2023 - 1º SEM
Infecção e Coinfecção: <i>S. mansoni</i> / ZIKV/CCl4	X	X
Avaliação morfológica e morfométrica	X	X
Ensaio imunológico e moleculares	X	X
Redação e defesa da Dissertação	X	X

Referências

- SAKINAH, S. *et al.* Impact of dengue virus (serotype DENV-2) infection on liver of BALB/cmice: A histopathological analysis. **Tissue and Cell**, v. 49, n. 1, p. 86–94, 2017.
- VARELLA, P. P. V; FORTE, W. C. N. Citocinas: revisão. **Rev. bras. alergía imunopatol**, p. 146-154, 2001.
- YADAV P. D. *et al.* Zika virus outbreak in Rajasthan, India in 2018 was caused by a virus endemic in Asia. **Infecte Genet Evol.** v.69, p.199-202, 2019.

INFECÇÃO ASSINTOMÁTICA POR *LEISHMANIA* EM DOADORES DE SANGUE EM CARUARU- PE

SOUSA, Luiza Yeda Lins e¹; LIMA JR., Manoel Sebastião da Costa¹

¹ Fiocruz - Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunopatologia e Biologia Molecular

RESUMO. A leishmaniose é uma doença infecciosa que acomete principalmente países pobres e em desenvolvimento. Atualmente, cerca de 1 bilhão de pessoas são susceptíveis a infecção por *leishmania*, as quais, vivem em áreas endêmicas para leishmaniose. Com isso, estima-se que 30.000 novos casos de leishmaniose visceral e mais de 1 milhão de novos casos de leishmaniose cutânea ocorrem todos os anos, sendo classificada como um grande problema de saúde pública. Essa doença é transmitida a partir da picada de flebotomíneos fêmeas infectadas dos gêneros *Phlebotomus* e *Lutzomyia* quando fazem o repasto sanguíneo. Novos estudos sobre outras formas de transmissão vêm sendo descritos como no caso da transmissão por transfusões sanguíneas que podem estar relacionados aos pacientes que possuem infecção assintomática. O presente projeto tem como objetivo estimar a presença de infecção assintomática por *Leishmania* e a soroprevalência em doadores de sangue no Centro de Hemoterapia no município de Caruaru-PE. Além de associar os resultados dos testes sorológicos e moleculares com o perfil epidemiológico dos doadores infectados. Com isso subsidiar o planejamento das ações de vigilância e controle da infecção assintomática no estado de Pernambuco.

Palavras-chave: Infecção assintomática, Leishmaniose, Doadores de Sangue

Introdução

A leishmaniose no continente americano, está presente em 18 países, sendo a forma mais comum é a Leishmaniose Cutânea, embora a mais grave seja a Leishmaniose Visceral podendo ser fatal em 90% dos casos quando não tratada. Os primeiros casos relatados na literatura de infecção assintomática por *Leishmania* surgiram durante a década de 50, os quais, muitos indivíduos das regiões endêmicas para LC e LV não desenvolviam a doença. Pois, essas manifestações clínicas dependem dos fatores de virulência das espécies infectantes, como também, da resposta imune do hospedeiro.

Material e Métodos

Questionário Socioeconômico e termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE). Os doadores que aceitaram participar da pesquisa passaram por um Questionário Socioeconômico juntamente com o TCLE no qual, autoriza sua participação no presente estudo. **Teste Sorológico (ELISA).** O teste de Elisa será realizado através do kit BIOLISA BIOCLIN, de acordo com as recomendações do fabricante. Onde as amostras serão diluídas na proporção de 1:101 com a adição de 1000µl diluente da amostra e posteriormente incubadas por 45 minutos a 37°C. Após essa etapa, os poços da placa de Elisa serão lavados em um total de 5 ciclos de lavagens e depois de secados serão adicionados 100µl de Conjugado em cada poço. Uma nova incubação a 37°C por 30 min acontece e por fim coloca o substrato que também será incubado a temperatura ambiente, sob proteção de luz. A leitura da placa será realizada no aparelho com comprimento de onda de 450nm / 630nm em até 15 minutos. **Extração de DNA.** As amostras de sangue estão sendo submetidas ao processo de extração com solução de Duodecil Sulfato de Sódio (SDS) 20% juntamente com clorofórmio de acordo com Neitzke-abreu e colaboradores. **Teste molecular (qPCR).** Para o desempenho do qPCR, será utilizado um ensaio descrito por Francino e colaboradores, com pequenas modificações. Utilizaremos a mistura mestre de genotipagem TaqMan™ (Applied Biosystems) e para o processo de termociclagem foram estabelecidas as seguintes condições: 50 ° C por 2 min, a 95 ° C por 10 min, 40 ciclos e 95 ° C por 15 s e 60 ° C por 1 min. [ML2] Os iniciadores específicos LEISH-1 (50 AACTTTTCTGGT CCTCCGGGTAG 30) e LEISH-2 (50- ACCCCCAGTTCCCCGCC-30) e TaqMan™ FAM-50-AAAAATGGGTGCAGAAAT-3 não fluorescente. As amostras serão inicialmente triadas em amostras unicadas e amostras positivas serão repostas em duplicata ou quantificação de DNA, utilizando uma curva de diluição de DNA padrão obtido de promastigotas de *L. infantum* (10ng, 1ng, 100pg, 10pg, 1pg, 100fg), também em duplicata.

Resultados e Discussão

Até o presente momento foram entrevistados um total de 378 doadores de sangue no Hemocentro do município de Caruaru-PE, estando aptos para pesquisa cerca de 270 doadores. As Amostras de sangue e plasma foram processadas, aliquotadas e armazenadas para posterior análise. Dos 270 doadores, 108 eram do sexo feminino, 162 masculino dos quais 191(70,7%) possuem renda familiar até dois salários-mínimos e cerca de 59 (21,9%) residem próximo a região de mata. Além disso, 7 (2,6%) dos doadores de sangue já tiveram algum gato ou cachorro com leishmaniose. Como também 9 (3,3%) dos doadores de sangue apresentaram febre mais de uma vez nos últimos meses. E os casos de leishmaniose na vizinhança dos doadores corresponderam à 5 (1,9%). No momento estamos padronizando os testes de Elisa.

Considerações Finais

Espera-se concluir as entrevistas e coletas dos doadores de sangue até o final do presente ano. E nos meses posteriores de janeiro e fevereiro finalizar os testes de Elisa e RT-PCR nas amostras coletadas a fim de cruzar os dados laboratoriais com os dados obtidos na pesquisa socioeconômica.

Referências

- Alves WA, Fonseca DS, (2018) **Leishmaniose Visceral humana: estudo do perfil clínico-epidemiológico na região leste de Minas Gerais, Brasil.** 2018. <https://doi.org/10.12662/2317-3076jhbs.v6i2.1764.p133-139>
- Kumar A, Pandey SC, Samant M. A spotlight on the diagnostic methods of a fatal disease Visceral Leishmaniasis. **Parasite Immunol.** 2020 Oct;42(10):e12727. doi: 10.1111/pim.12727. Epub 2020 May 18. PMID: 32378226.
- Ministério da saúde – **MS. PREVENÇÃO E CONTROLE 2021:** Saúde lança nova estratégia para controle da leishmaniose visceral. (visited in 05/07/22).
- Tonelli GB, Tanure A, Rego FD, Carvalho GMdL, Stumpp R, A´ssimos GR, et al. (2017) Leishmania (Viannia) braziliensis infection in wild small mammals in ecotourism area of Brazil. **PLoS ONE** 12(12): e0190315. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190315>
- VASCONCELOS, Jairla Maria; GOMES, Camila Goes; SOUSA, Allany; TEIXEIRA, Andréa Bessa; LIMA, Jocivania Mesquita. American integumentary leishmaniasis: epidemiological profile, diagnosis and treatment. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, [S.L.], v. 50, n. 3, p. 01-09, 2018. **Revista Brasileira de Análises Clínicas.** <http://dx.doi.org/10.21877/2448-3877.201800722>.

INVESTIGAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE *Aedes albopictus* NO SEU PROCESSO DE EXPANSÃO GLOBAL

SOARES, Thiago Ferreira¹; PAIVA, Marcelo Henrique Santos¹; GUEDES, Duschinka Ribeiro Duarte¹; AYRES LOPES, Constância Flávia Junqueira¹

¹ Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Entomologia

RESUMO. A espécie *Aedes albopictus* está relacionada com a transmissão de mais de 25 tipos de arbovírus, sua competência vetorial já foi confirmada para DENV, ZIKV, CHIKV. A espécie tem sua origem no sudeste asiático e atualmente está presente em quase todos os continentes. O presente estudo objetiva avaliar a estrutura e variabilidade genética de populações naturais de *Ae. albopictus* de regiões tropicais e temperadas, buscando identificar a existência de clados distintos entre as localidades. Para isso, foram coletados espécimes em áreas com reserva florestal localizadas no Recife-PE. Para comparação com populações de regiões temperadas, amostras de Ticino (Suíça) e de Algarve e Penafiel (Portugal) serão cedidas pelos Institutos de Pesquisa em saúde pública locais. Os mosquitos foram individualmente submetidos à extração de DNA, PCR para amplificar fragmentos dos genes mitocondriais COI, ND5, Microssatélites, e posterior sequenciamento. Os resultados serão analisados a partir do número de haplótipos, diversidade nucleotídica, frequência de sítios polimórficos. Dendrogramas com os valores de estimativa de fluxogênico serão gerados, e análise de Computação Bayesiana Aproximada será realizada para reconstrução de sua história populacional. O DNA total dos mosquitos foi extraído, amplificado através de PCR para os genes COI e ND5, e parte das amostras enviadas para sequenciamento.

Palavras-chave: Estrutura genética. Invasão. Mosquitos.

Introdução

Os espécimes adultos de *Aedes albopictus* possuem hábitos antropofílicos e zoofílicos diurnos, estando presentes nas regiões tropical e temperada, sendo capazes de suportar temperaturas mais frias (GRATZ, 2004). A espécie foi considerada competente para os vírus DENV e CHIKV, na Europa (VEGA-RUA et al., 2013). A plena dispersão do *Ae. albopictus* de sua área original, e sua incriminação como vetor, iniciaram ainda durante a segunda guerra mundial (GRATZ, 2004). No Brasil, a espécie foi relatada pela primeira vez no Rio de Janeiro (FORATTINI, 1986), sendo registrada em Pernambuco em áreas remanescentes de Mata Atlântica no ano de 1999 (ALBUQUERQUE et al., 2000). Diante disso, o objetivo desta pesquisa é avaliar a estrutura e variabilidade genética de populações naturais de *Ae. albopictus* provenientes de diferentes regiões geográficas, incluindo áreas tropicais e temperadas.

Material e Métodos

Para a avaliação da estrutura genética local em Pernambuco foram investigadas duas populações de *Ae. albopictus* provenientes do Jardim Botânico do Recife-JBR e Parque Estadual Dois Irmãos-PEDI, localizados no Grande Recife. Para a coleta dos espécimes foram utilizados aspiradores costais e redes entomológicas, sendo os espécimes enviados para o Departamento de Entomologia do Instituto Aggeu Magalhães, onde todo o material foi triado e acondicionado individualmente a -20° C. O DNA genômico foi extraído de mosquitos individuais usando o protocolo de Ayres et al. (2002), realizada eletroforese em gel de agarose 1% e quantificação através do NanoDrop 2000. Os genes da Citocromo C oxidase subunidade I (COI) e do NADH desidrogenase subunidade 5 (ND5) foram analisados através de primers previamente descritos. Um conjunto de 17 marcadores microssatélites será utilizado para examinar os padrões de diversidade genética, estrutura populacional e fluxo genético de populações nativas do mosquito. Os resultados serão analisados a partir do número de haplótipos, diversidade nucleotídica, frequência de sítios polimórficos. Dendrogramas com os valores de estimativa de fluxogênico serão gerados, e análise de Computação Bayesiana Aproximada será realizada para reconstrução de sua história populacional.

Resultados e Discussão

Ao todo foram coletados 84 mosquitos no PEDI e 73 espécimes no JBR. O DNA total dos mosquitos foi extraído, amplificado através de PCR para os genes COI e ND5, e parte das amostras enviadas para sequenciamento. Deverão ser realizadas até o término do primeiro semestre de 2023 todas as demais análises e a defesa da tese. Ressaltamos que o projeto precisou ser modificado próximo a época da qualificação, por falta da implementação de parceira implementada ao antigo projeto inicialmente descrito. A alteração do projeto ocorreu também, poucos dias antes da paralisação das atividades presenciais imposta pela pandemia.

Considerações Finais

Por fim, esperamos demonstrar a estrutura e variabilidade genética de populações naturais de *Aedes albopictus* provenientes de áreas florestais de reserva em Pernambuco e compará-las com dados de espécies de áreas temperadas.

Referências

ALBUQUERQUE, C. M. R.; MELO-SANTOS, M. A. V.; BEZERRA, M. A. S.; BARBOSA, R. M. R.; SILVA, D. F.; SILVA, E. Primeiro registro de *Aedes albopictus* em área da Mata Atlântica,

Recife, PE, Brasil. **Revista de Saúde Pública.** 34:314-315. 2000. <https://doi.org/10.1590/S0034-89102000000300017>

AYRES, C. F. J.; ROMAO, T. P. A.; MELO-SANTOS, M. A. V.; FURTADO, A. F. Genetic diversity in brazilian populations of *Aedes albopictus*. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz.** 97:871-875. 2002. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762002000600022>

FORATTINI, O. P. Identificação de *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse) no Brasil. **Revista de Saúde Pública.** 20:244-245. 1986.

GRATZ, N. G. Critical review of the vector status of *Aedes albopictus*. **Medical and Veterinary Entomology.** 18:215-227. 2004.

VEGA-RUA, A. ZOUACHE, K.; CARO, V.; DIANCOURT, L.; DELAUNAY, P.; G. GRANDADAM, M.; FAILLOUX, A. B. High Efficiency of Temperate *Aedes albopictus* to Transmit Chikungunya and Dengue Viruses in the Southeast of France. **PLoS ONE.** 8:e59716. 2013. doi:10.1371/journal.pone.0059716.

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE VESÍCULAS EXTRACELULARES DERIVADAS DO ESTROMA MEDULAR DE PACIENTE COM LEUCEMIA AGUDA NA INFÂNCIA

NASCIMENTO, Iasmyn Dayanne Santos do¹; SANTOS, Rossana Suelle Nascimento dos²;
SARAIVA, Karine Lidianne Alcântara³; FORMIGA, Fabio Rocha⁴; LUCENA-SILVA, Norma¹.

¹ Instituto Aggeu Magalhães, departamento de Imunologia, laboratório de Imunogenética.

² Instituto de Medicina Integral Professor Fernando Figueira- IMIP/PE, Oncologia Pediátrica.

³ Instituto Aggeu Magalhães, núcleo de Plataformas Tecnológicas, NPT.

⁴ Instituto Aggeu Magalhães, departamento de Imunologia, laboratório de Patologia e Biologia Molecular.

RESUMO. Vesículas Extracelulares (VEs) desempenham um papel de transporte e comunicação nas vias biológicas. Esse estudo visa isolar e caracterizar VEs a partir do estroma medular de pacientes com leucemia aguda. A amostra foi isolada a partir de centrifugações com crescente força g, sendo o precipitado da ultracentrifugação avaliado na microscopia eletrônica de transmissão, no espalhamento de luz dinâmico e na nanocitometria de fluxo. Identificamos VEs com tamanhos correspondentes a 70nm-800nm, com morfologia preservada e com a validação de marcadores específicos. Diante disso, este estudo contribui para um eficaz isolamento e caracterização de VEs.

Palavras- chave: Estroma medular, vesículas extracelulares, Leucemia.

Introdução

As leucemias agudas são caracterizadas pela exacerbação clonal dos precursores hematopoiéticos na medula óssea (MO), órgão responsável pela autorenovação hematológica. A MO possui uma rede de interações entre linhagens celulares, matriz extracelular, proteínas, e moléculas, além de partículas naturalmente liberadas pelas células (NIAZI et al., 2020). Essas partículas nomeadas de vesículas extracelulares (VEs), são liberadas a partir da membrana celular ou de corpos endossomais com a membrana plasmática, as mesmas possuem uma bicamada lipídica, não possuem um núcleo funcional e realizam o transporte de diversas moléculas. A composição das VEs reflete as células secretoras e esse fator orienta sua biodistribuição, absorção e internalização, implicando em papéis fisiológicos e patológicos através da comunicação a níveis locais e sistêmicos nas diferentes vias biológicas (THÉRY et al., 2018). Diante disso, o objetivo deste estudo foi isolar e caracterizar as VEs provenientes de paciente pediátrico com leucemia aguda, visando

esclarecer mecanismos celulares associados a homeostasia do microambiente medular e a resposta ao tratamento quimioterápico.

Materiais e Métodos

Considerações éticas. Esse projeto é integrante de um projeto intitulado “Atividade regulatória da molécula HLA-G nas leucemias da infância” (CAE:83186017.6.0000.5190), e conta com o suporte do: Laboratório de Imunogenética/FIOCRUZ-PE e da Oncologia Pediátrica/Instituto de Medicina Integral Professor Fernando Figueira- IMIP/PE. **Preparo e isolamento.** A amostra do estroma medular foi obtida através da separação dos componentes da medula óssea por centrifugação utilizando gradiente de densidade estabelecido pelo Ficoll-Hystopaque, e novamente centrifugado a 1.500xg por 10min a 4°C, diluindo em proporção 1:1, com tampão PBS1x para diminuir a viscosidade do estroma. Posteriormente ele foi submetido a centrifugação a 2.000xg por 30 minutos a 4°C, sendo o sobrenadante submetido a nova centrifugação a 12.000xg por 45 minutos a 4°C, com o objetivo de remover restos celulares. O sobrenadante dessa última centrifugação foi submetido a um novo gradiente, sendo esse de sacarose a 30% e foi ultracentrifugado a 110.000xg por 1 hora e 40 minutos a 4°C através do rotor de ângulo fixo 70ti. **Microscopia Eletrônica de Transmissão (MET).** O precipitado da ultracentrifugação foi submetido a contrastação negativa, sendo fixado com glutaraldeído (GA) a 2,5% e corado com uma solução filtrada de 2% de acetato de uranila (UA). A análise foi realizada no microscópio eletrônico de transmissão a 120 kV. **Espalhamento de Luz Dinâmico (DLS).** O precipitado foi diluído de 1/10 e avaliado quanto ao seu diâmetro, índice de dispersão (PDI) e potencial zeta (PZ), sendo mensurado em triplicata e em temperatura ambiente através do Zetasizer Nano (Malvern Panalytical). **Citometria de fluxo.** Por último, o precipitado foi avaliado segundo os parâmetros de alta resolução para nanocitometria de fluxo (DxFLEX Beckman Coulter Life Sciences) e submetido a marcação com os anticorpos monoclonais, anti anexina e anti-CD9 (Becton Dickinson and Company, EUA) para a caracterização das VEs, seguindo a recomendação do MISEV, 2018.

Resultados e Discussão

A MET revelou a presença de um concentrado heterogêneo, com pequenas VEs (<100nm - <200nm) e VEs médios/grandes (>200nm), além da identificação de estruturas que podem ser aglomerados proteicos. A morfologia apresentada pelas pequenas VEs apresentou semelhança a de bolhas esféricas, sugestivo de origem exossomal/endocítica e as vesículas médias/grandes são morfologicamente compatíveis com a derivação de brotamento da membrana plasmática. Comparados com a literatura, nossas VEs foram confirmadas, devido a distinção de sua morfologia e contrastação negativa (KONOSHENKO et al., 2018). Quanto

ao dimensionamento das nanopartículas através da DLS, foi possível obter um PDI de 0,212 e PZ de -4,00. Para o diâmetro, encontramos resultados consistentes com os dados obtidos pela MET, com um intervalo entre 78nm-800nm, sendo 30,5% correspondente a pequenas VEs, 63% correspondente a vesículas maiores que 200nm e 6,5% referente a partículas maiores que 500nm. Na nanocitometria de fluxo nossos achados corroboram, sendo 25,89% de VEs menores que 200nm e 6,27% de VEs maiores que 200nm. Além disso, as VEs apresentaram positividade de 9,99% para Anexina e destes 1,58% são positivos para a proteína tetraspanina CD9, que é associada a membrana plasmática ou endossomo (THÉRY et al., 2018).

Considerações Finais

Em resumo, o método de isolamento descrito neste trabalho permite a caracterização eficaz de VEs, promovendo sua separação dos demais constituintes do estroma medular e possibilitando sua correta identificação para a aplicação de estudos futuros direcionados a sua composição, carreamento, função e implicação na manutenção da homeostase nas leucemias.

Referências

- KONOSHENKO, Maria Y. et al. Isolation of Extracellular Vesicles from Biological Fluids via the Aggregation–Precipitation Approach for Downstream miRNAs Detection. **Diagnostics**, v. 11, n. 3, p. 384, 2021.
- NIAZI, Vahid et al. Communication between stromal and hematopoietic stem cell by exosomes in normal and malignant bone marrow niche. **Biomedicine & Pharmacotherapy**, v. 132, p. 110854, 2020.
- THÉRY, Clotilde et al. Minimal information for studies of extracellular vesicles 2018 (MISEV2018): a position statement of the International Society for Extracellular Vesicles and update of the MISEV2014 guidelines. **Journal of extracellular vesicles**, v. 7, n. 1, p. 1535750, 2018.

METAGENÔMICA DE COMPONENTES PARTICULADOS DO AR CAPTURADOS POR DRONES AUTÔNOMOS EM UMA METRÓPOLE

DANTAS, Pedro Henrique Lopes Ferreira¹; CARVALHO, Helotônio²; REZENDE, Antonio Mauro³

¹ Mestrando, Fiocruz Pernambuco – Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Microbiologia

² Professor Associado, Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Biofísica e Radiobiologia

³ Tecnologista em Saúde Pública, Fiocruz Pernambuco – Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Microbiologia

RESUMO. As técnicas de metagenômica têm possibilitado o entendimento da diversidade biológica em diversos ambientes do globo, possibilitando inclusive o entendimento da diversidade molecular de determinados ecossistemas. Contudo, o ambiente aéreo tem sido muito pouco explorado, e ainda se conhece pouco sobre diversidade biológica existente neste ambiente. Existem diversas razões para o pequeno número de estudos de metagenômica envolvendo amostras provenientes do ar, entre elas estão a dificuldade na coleta uma vez que a comunidade microbiológica é muito diluída e os equipamentos utilizados na coleta são equipamentos em geral de grande porte fixados em determinados pontos e altitude. Assim, propomos aqui o desenvolvimento de um estudo de metagenômica de amostras do ar, utilizando como ferramenta de coleta aeronaves de pequeno porte não tripuladas, popularmente conhecidas como drones, programadas para voar de forma autônoma acopladas com um coletor de ar. O material coletado será processado para posterior análise em sequenciadores de DNA de alto desempenho, e por fim os dados serão analisados por diversas ferramentas de bioinformática. Esperamos no final desse fluxo de trabalho conseguir correlacionar variáveis abióticas tais como abundância de material particulado e de poluentes com um determinado perfil de comunidade microbiológica, definindo dessa forma biomarcadores de qualidade do ar.

Palavras-chaves: Ar, metagenômica, drone

Introdução

A Microbiologia é o campo da ciência que estuda a biologia de microrganismos. É sabido hoje que esse termo é utilizado para englobar organismos dos mais diferentes ramos da árvore da vida: vírus, bactérias, arqueias, fungos e protozoários. O conhecimento a respeito desses organismos cresceu exponencialmente a partir do século XIX, especialmente devido às

contribuições de Pasteur. Olhando especificamente para o grupo de bactérias, no século XX, parte significativa do conhecimento a respeito desses microrganismos foi adquirido pelo advento das técnicas de cultivo, técnicas essas, entretanto, que são limitadas, estimando-se que menos de 2% das espécies de bactérias são passíveis de serem cultivadas. Devido aos avanços tecnológicos nas técnicas de sequenciamento em larga escala no início do século XXI, a diversidade do material genético, DNA e RNA, dos mais diversos microrganismos incluindo bactérias passou a ser explorada. Com o surgimento do sequenciamento de próxima geração (NGS), novas metodologias foram desenvolvidas e aprimoradas, tais como a metagenômica. A metagenômica é uma técnica que independe de cultivo, e com essa abordagem, amostras de diferentes origens podem ter o material genético extraído e sequenciado. Diversos estudos se propuseram ao longo dos anos em resolver o microbioma contido em amostras ambientais como o solo, água, e em amostras biológicas como órgãos e tecidos humanos. Tais estudos buscam relacionar o microbioma ali presente com fenômenos e fatores presentes nesses ambientes. Dentre as amostras ambientais, destacam-se as amostras de solo e água, entretanto, o ar é um compartimento da biosfera pouco explorado devido a vários fatores, como a dificuldade de se coletar nesse ambiente. Conseqüentemente, essa dificuldade leva a deficiência na análise da composição bacteriana presente no ar e sua relação com fatores ambientais inerentes à este ambiente, como por exemplo, a altitude, ocorrência de partículas, gases atmosféricos, que são tidos como fatores abióticos relevantes. Diante da necessidade de se ampliar o conhecimento que possuímos a respeito da composição bacteriana que ocorre na atmosfera, nós propomos uma nova metodologia que proporciona uma coleta mais flexível do ar, por meio de um coletor de ar acoplado a um drone. Dessa forma, será possível amostrar diferentes ambientes e altitudes e por meio de equipamentos eletrônicos, medir variáveis abióticas e tentar relacionar tais variáveis com a composição e biodiversidade bacteriana presente no ar amostrado, composição essa resolvida por meio da abordagem de metagenômica.

Materiais e Métodos

As amostras serão coletadas em 4 pontos da cidade do Recife-PE utilizando um drone e um coletor acoplado a este. As coletas serão feitas em 3 altitudes, cada altitude feita em triplicatas. Posteriormente, o DNA das amostras será extraído utilizando um protocolo de fenol/clorofórmio. O DNA extraído será avaliado quanto a pureza e quantidade por meio do Nanodrop e Qubit, respectivamente. O material genético será então submetido a uma PCR utilizando primers fornecidos pela Illumina para as regiões V3/V4 do rRNA 16S. As amostras serão então submetidas ao sequenciamento utilizando a plataforma Illumina MiSeq e os dados gerados serão processados através de um fluxo de trabalho “*workflow*” desenvolvido pelo grupo e que compreende a análise e filtragem através da qualidade das sequências

obtidas, classificação taxonômica e análises estatísticas das comunidades bacterianas amostradas.

Resultados e Discussão

O coletor foi modelado e impresso em 3D em parceria com pesquisadores da Fiocruz Minas Gerais Instituto René Rachou e o mesmo possui um sistema elétrico automatizado e programável que permite o controle do fluxo de ar coletado a fim de evitar possíveis contaminações, além de deter um sistema ativo de sucção de ar. Os primeiros vôos foram realizados para validar o coletor e diversos testes foram feitos a fim de padronizar os protocolos de extração e de amplificação para que se pudesse obter um DNA extraído com o melhor rendimento e com a melhor qualidade, visto que o ar coletado possui pouca biomassa e esta se apresenta muito diluída. Além dos testes realizados para atestar a funcionalidade do coletor e dos protocolos de extração e amplificação, o “*workflow*” para análise dos dados a serem sequenciados se encontra na sua etapa final. Já se encontram implementadas as etapas de análise de qualidade, filtragem e classificação taxonômica, restando apenas a adição das análises estatísticas que serão utilizadas para avaliar riqueza e diversidade em uma única amostra e entre diferentes amostras.

Considerações Finais

O trabalho proposto possui potencial de incrementar o entendimento da dinâmica microbiológica que se encontra em um ambiente pouco explorado. Além disso, a proposta tem o potencial de afetar diretamente a sociedade uma vez que o ar é ubíquo, e entender a relação dos microrganismos com os fatores abióticos da atmosfera pode contribuir para um melhor entendimento do impacto da qualidade do ar na saúde humana.

Referências

GUSAREVA, E. S. et al. Microbial communities in the tropical air ecosystem follow a precise diel cycle. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 116, n. 46, p. 23299–23308, 2019a.

HANDELSMAN, J. Metagenomics: Application of Genomics to Uncultured Microorganisms. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 68, n. 4, p. 669–685, dez. 2004.

PADRONIZAÇÃO DE TESTES REFERÊNCIAS DE qPCR PARA DETECÇÃO DE DOENÇA RESIDUAL EM PACIENTES COM LEUCEMIA INFANTIL

GOMES MONTEIRO, Thailany Thays¹; GOMES GARCIA, Renan²; LUCENA-SILVA, Norma^{1,2}

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Imunologia, Laboratório de Imunogenética,

² Instituto de Medicina Integral Fernando Figueira (IMIP), Serviço de Oncologia Pediátrica, Laboratório de Biologia Molecular.

RESUMO. Leucemias agudas são os cânceres mais frequentes em crianças e adolescentes. A taxa de cura chega a 90% nas leucemias linfóides agudas (LLA) de células B devido a inclusão de tratamentos adaptados ao risco do paciente. O risco é atribuído no diagnóstico, considerando dados clínicos e laboratoriais, incluindo tipo de alterações genéticas, e persistência da doença residual mínima (DRM) ao longo do tratamento, quantificada pelas técnicas de qPCR ou citometria de fluxo. A utilização da qPCR ainda é limitada aos grandes centros de saúde pelo Brasil, onde tem uma boa infraestrutura física e profissionais qualificados. Desta forma, o objetivo deste trabalho é desenvolver um kit de qPCR simplificado para diagnóstico e quantificação da DRM nos pacientes com leucemias agudas. Para isso, foram construídos controles positivos utilizando a técnica de clonagem. Os plasmídeos para cada alvo foram utilizados, posteriormente, para construção de curvas padrão e avaliação da eficiência de reações de qPCR. Nossos primeiros resultados mostraram que os pontos mais concentrados da curva se mantêm constantes entre as reações, mas nos pontos mais diluídos, há uma variação de Ct, gerando uma eficiência de reação média de 88,3%.

Palavras-chaves: 1. Leucemia 2. Doença residual 3. Teste diagnóstico 4. qPCR

Introdução

Leucemia aguda corresponde a cerca de 30% dos casos de câncer infantojuvenil. Ela é classificada, de acordo com a linhagem celular acometida, em mieloide (LMA), linfóide de células B (LLA-B) e linfóide de células T (LLA-T). A patogênese das leucemias é geralmente associada a alterações genéticas, como aneuploidias, translocações cromossômicas e mutações pontuais em células precursoras do sistema hematopoiético, levando ao acúmulo de células imaturas na medula óssea, a perda de função e, conseqüente, ao quadro clínico. A implementação de novos protocolos de tratamento baseados na estratificação do risco contribuiu para a taxa de cura atingir 90% nas LLA-B infantil. O risco é estimado considerando fatores clínicos, estudo das alterações genéticas presentes no diagnóstico, e a detecção da

doença residual mínima (DRM) no curso do tratamento. Um dos maiores desafios é garantir o tratamento adequado de acordo com o risco de recaída avaliado ao diagnóstico, provendo quimioterápicos em doses e quantidades suficientes e com menores efeitos colaterais. Ambas as técnicas de PCR e citometria de fluxo são utilizadas para pesquisa da persistência de clones leucêmicos, no entanto, a PCR é essencial para definição do erro genético, que representa fator de risco. Mas, apesar de ser uma técnica já utilizada no SUS para a identificação de vírus em pacientes com suspeita de doenças virais, o uso da qPCR para o diagnóstico e acompanhamento dos pacientes com leucemias ainda não foi incluído na Tabela SUS, exceto para a translocação BCR-ABLp210. Desta forma, o objetivo deste trabalho é padronizar e estabelecer um protocolo de testes referências de qPCR para o acompanhamento do tratamento de pacientes diagnosticados com leucemias agudas no Sistema Único de Saúde.

Material e Métodos

Considerações éticas. O estudo foi aprovado pelo CEP do Instituto de Medicina Integral Professor Fernando Figueira (IMIP/PE), sobre o registro CAAE: 40319220.3.0000.5201.

Construção dos plasmídeos controles para os alvos genéticos. A preparação de plasmídeo contendo os alvos genéticos de interesse e os genes de referência se deu em três etapas: (i) preparo de células competentes utilizando cloreto de cálcio, (ii) ligação do inserto ao vetor conforme instruções do TA Cloning Kit with pCR 2.1 vector (Invitrogen) e (iii) transformação das células por choque térmico. **Testes de qPCR com sondas TaqMan.** Os oligonucleotídeos e sondas foram construídos conforme publicados por Gabert et al. (2003) do grupo Europe Against Cancer (EAC). As reações de qPCR utilizaram o TaqMan™ Fast Advanced Master Mix (Applied Biosystems). Os testes de qPCR foram analisados através de um gradiente de oligonucleotídeos e de sondas. Para a construção das curvas padrões, foi utilizada diluição seriada de 1:10, com número de cópias variando de 10^7 a 10^0 e contidas em 5 μ L (número de cópias/5 μ L). Para cada alvo, foram realizadas três reações diferentes e para cada reação, uma nova curva padrão foi preparada. **Análise estatística.** O novo teste de qPCR foi avaliado quanto a sensibilidade, acurácia, eficiência, concordância (índice kappa) com o teste utilizado na rotina (sistema Sybr Green) e, também, a reprodutibilidade e variação inter e intra observador. As diferenças nas médias foram estimadas utilizando o teste T de Student com nível de significância de 95%. Foram utilizados programas Excel e GraphPad Prism para a construção dos gráficos.

Resultados e Discussão

Após a confirmação da inserção dos fragmentos de interesse por PCR e eletroforese em gel de agarose, os plasmídeos foram enviados ao sequenciamento para uma segunda

confirmação da presença dos fragmentos recombinantes. Para cada alvo, as sequências foram alinhadas entre si e com a sequência dos oligonucleotídeos correspondentes. Após a limitação das regiões de cada fragmento da fusão gênica, elas foram alinhadas com as sequências referências dos genes presentes na fusão em estudo obtidas no banco de dados NCBI. Com a confirmação dos insertos nos plasmídeos, uma das fusões foi escolhida para dar início aos testes de qPCR. Seguindo Gabert e colaboradores (2003), foi realizado primeiro um gradiente de concentração dos oligonucleotídeos e um segundo gradiente de concentração de sonda. O que pudemos observar nessa primeira análise é que, conforme sugerido pelo estudo referência, a concentração de oligonucleotídeos de 300 nM mostrou um melhor desempenho, quando comparadas as outras concentrações. No teste com a sonda, a concentração de 250 nM mostrou um melhor desempenho na reação. Portanto, para o teste com a curva, foram utilizadas as concentrações de 300nM de oligonucleotídeos e 250 nM de sonda. Inicialmente, foi realizada uma análise em cada uma das reações de curva padrão para observar Ct, distância entre os pontos, R², *slope* da curva e a eficiência da reação. Considerando as três reações, a eficiência apresentou uma média de 88,3% (idealmente é entre 100% e 110%). A eficiência da reação abaixo do esperado pode estar ocorrendo devido a maior variação na diluição da curva, especialmente nos últimos pontos (10³a 10¹ cópias). A análise "inter" teste mostrou que os pontos 10⁷, 10⁶, 10⁵e 10⁴ cópias se mantiveram constantes nas reações e com o mesmo Ct. Já nos pontos de 10³, 10²e 10¹ cópias, o Ct não se manteve constante, o que pode explicar a eficiência obtida nas reações. No último ponto da curva, 10⁰cópia, não houve amplificação em nenhuma das reações e, provavelmente, não será incluído nos próximos testes.

Considerações finais

Sabendo que no acompanhamento dos pacientes a detecção da DRM ocorre, principalmente, nos pontos entre 10³ e 10¹ cópias, o teste que estamos desenvolvendo precisará passar por ajustes para que os pontos da curva de diluição se mantenham constantes e sem variações, conseqüentemente melhorando a eficiência da reação.

Referências

Gabert, J. et al. (2003) "Standardization and quality control studies of 'real time' quantitative reverse transcriptase polymerase chain reaction of fusion gene transcripts for residual disease detection in leukemia - A Europe Against Cancer Program," **Leukemia**. Nature Publishing Group, pp. 2318–2357. doi:10.1038/sj.leu.2403135.

PESQUISA E CARACTERIZAÇÃO DE *Acinetobacter baumannii* ORIUNDOS DE ALIMENTOS *IN NATURA* DISTRIBUÍDOS NO CENTRO DE ABASTECIMENTO E LOGÍSTICA DE PERNAMBUCO.

SANTOS, Mirelly Raylla da Silva ¹; XAVIER, Danilo Elias ²; LEAL, Nilma Cintra ³; ROCHA, Igor Vasconcelos ⁴.

¹ Mestranda em Biociências e Biotecnologia em Saúde, Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ-PE, Microbiologia, Bacteriologia;

² Pesquisador em Saúde Pública, Instituto Aggeu Magalhães - FIOCRUZ-PE, Microbiologia, Bacteriologia;

³ Pesquisadora em Saúde Pública, Instituto Aggeu Magalhães - FIOCRUZ-PE, Microbiologia, Bacteriologia;

⁴ Biomédico Pleno, Instituto Aggeu Magalhães - FIOCRUZ-PE, Microbiologia, Bacteriologia

RESUMO. O gênero *Acinetobacter* compreende bacilos Gram-negativos com 36 espécies descritas, sendo *Acinetobacter baumannii* apontado como patógeno oportunista associado às infecções nosocomiais. A literatura tem apontado a presença desta espécie em alimentos, no entanto, pouco se sabe sobre a ocorrência dessa contaminação, bem como do papel dos alimentos e de toda a cadeia produtiva na disseminação de linhagens que expressem fenótipo de resistência aos fármacos empregados nos tratamentos de infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS). Diante do supracitado, o objetivo da atual pesquisa é de investigar o potencial de disseminação de linhagens de *Acinetobacter baumannii* multidroga resistentes em alimentos *in natura* comercializados no centro de abastecimento e logística de Pernambuco (CEASA). Para a quantificação de Unidades Formadoras de Colônias (UFC) e isolamento, as amostras foram enriquecidas em Dijkshoorn enrichment médium e cultivadas em placas contendo, separadamente, ágar: BHI, MacConkey, MacConkey com polimixina (2mg/mL), MacConkey com meropenem (2mg/mL), Leeds *Acinetobacter*. Ainda, realizou-se a investigação do gene cromossômico blaOXA-51-like através de PCR convencional a ser confirmada pelo sequenciamento e análise das regiões Z1 e Z2 do gene rpoB. Com as análises feitas até o momento, foi possível identificar a presença de *Acinetobacter baumannii* em batata doce, tomate, alface, morango e frango.

Palavras-chave: *Acinetobacter baumannii*. Alimentos *in natura*. Resistência antimicrobiana.

Introdução

As doenças transmitidas por alimentos (DTAs) dão existência a um dos agravos de saúde pública mais recorrentes da atualidade. Sendo a segurança desses alimentos relacionada com a presença de microrganismos. Ainda que o trato gastrointestinal apresente barreiras para impedir estas infecções, alguns microrganismos possuem a capacidade de ultrapassá-las e, assim, ter sucesso no processo de colonização (SALVO-ROMERO et al., 2015). Em sua maioria, as DTAs são causadas por bactérias e suas toxinas. Assim, as vigilâncias epidemiológica e sanitária realizam o monitoramento das DTAs através da pesquisa, identificação e quantificação de espécies patogênicas em toda a cadeia de produção, distribuição e consumo, criando parâmetros microbiológicos utilizados como critérios na qualificação dos alimentos quanto a sua segurança alimentar (BATISTA, et al, 2018). Diante da complexidade dessa problemática, a abordagem multidisciplinar de Saúde Única (One Health) tem sido utilizada para analisar aspectos relacionados à emergência e disseminação de linhagens bacterianas resistentes aos antimicrobianos considerando as interações entre humanos, animais e ambiente, e a complexa cadeia de produção e distribuição de alimentos (MCEWEN; COLLIGNON, 2018). Visto isso, o objetivo do presente estudo é investigar o potencial de disseminação de linhagens de *Acinetobacter baumannii* multidroga resistentes (MDR) em alimentos in natura comercializados no centro de abastecimento e logística de Pernambuco em amostras coletadas de janeiro de 2022 a julho de 2023.

Materiais e Métodos

Para a quantificação de Unidades Formadoras de Colônias (UFC) e isolamento, as amostras foram enriquecidas em Dijkshoorn enrichment médium e cultivadas em placas contendo, separadamente, ágar: BHI, MacConkey, MacConkey com polimixina (2mg/mL), MacConkey com meropenem (2mg/mL), Leeds *Acinetobacter*. Para a identificação por espécie, realizou-se a investigação do gene cromossômico blaOXA-51-like através de PCR convencional a ser confirmada pelo sequenciamento e análise das regiões Z1 e Z2 do gene rpoB, que codifica para a subunidade beta da RNA polimerase, somado às futuras análises de teste de sensibilidade, pesquisa de mecanismos de resistência à antimicrobianos e determinação da relação filogenética entre as espécies mais prevalentes.

Resultados e Discussão

Os isolados obtidos por meio de cultivo foram sujeitos à PCR convencional e posteriormente submetidos à eletroforese em gel de agarose 1% para a detecção do fragmento intergênico específico da espécie *A. baumannii*. Obteve-se em batata doce, tomate, morango e frango a amplificação de fragmentos com tamanhos esperados para a espécie (entre 300 e 400 pb). A reação de PCR mostrou-se eficiente uma vez que houve a amplificação do fragmento esperado na cepa laboratorial *A. baumannii* ATCC® 19606TM utilizada como controle positivo das reações.

O gênero *Acinetobacter spp.* apresenta resistência intrínseca a vários antibióticos, assim como a facilidade em acumular mecanismos de resistência e habilidade de sobreviver por longos períodos em superfícies inanimadas. Com isso, a determinação de sua presença em alimentos bem como sua caracterização e a dos seus mecanismos de resistência são de grande importância, já que este microrganismo pode estar associado a diversos surtos no Brasil e no mundo (MALTA et al.,2020).

Considerações Finais

Com o intuito de alcançar os objetivos propostos e contribuir para o debate conceitual e metodológico sobre segurança alimentar e disseminação de bactérias resistentes aos antimicrobianos através de alimentos para consumo humano, pretende-se realizar o sequenciamento dos isolados previamente identificados por PCR convencional, bem como traçar um perfil de sensibilidade aos antimicrobianos, para posterior determinação da relação filogenética entre as estirpes veiculadas através dos alimentos e as linhagens associadas às IRAS.

Referências

- BATISTA, R.D et al. Contaminação por *Bacillus cereus* e os Riscos Gerados através da Intoxicação Alimentar. **Revista Desafios** - v. 5,n. 02, 2018. DOI:10.20873/uft.2359-3652.2018vol5n2p30
- MALTA, R. C. R., RAMOS, G. L. P. A., NASCIMENTO, J. S. "From food to hospital: we need to talk about *Acinetobacter spp.*", **Germs**, v. 10, n. 3, p. 210-217, set. 2020. DOI: 10.18683/germs.2020.1207.
- SALVO ROMERO, E., ALONSO COTONER, C., PARDO CAMACHO, C., CASADO BEDMAR, M., VICARIO, M. "The intestinal barrier function and its involvement in digestive disease", **Revista Española de Enfermedades Digestivas**, v. 108, 2015. DOI: 10.17235/reed.2015.3846/2015.
- VALENTINE SC, CONTRERAS D, TAN S, REAL LJ, CHU S, XU HH. Phenotypic and molecular characterization of *Acinetobacter baumannii* clinical isolates from nosocomial outbreaks in Los Angeles County, California. **J Clin Microbiol** 2008; 46(8): 2499-2507.

PLASTICIDADE GENÔMICA DO VÍRUS SARS-COV-2 DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19 NO BRASIL

Dezordi, Filipe Zimmer^{1,2}; Wallau, Gabriel da Luz ^{1,2}

¹ Fundação Oswaldo Cruz - Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Entomologia.

² Fundação Oswaldo Cruz - Instituto Aggeu Magalhães, Núcleo de Bioinformática

RESUMO. O vírus SARS-CoV-2 (*Severe Acute Respiratory Syndrome-related Coronavirus 2*) é o agente etiológico da doença COVID-19, que foi notificada formalmente pela primeira vez em 31 de Dezembro de 2019 em Wuhan - China. No Brasil, até 15 de Novembro de 2022, foram notificados mais de 34 milhões de casos e mais de 680 mil mortes. Neste período, foram sequenciados e disponibilizados mais de 190 mil genomas de SARS-CoV-2, através de iniciativas de monitoramento genômico. O monitoramento genômico permite acessar dados da diversidade genética viral em tempo real. Este projeto tem como objetivo entender a plasticidade genômica do SARS-CoV-2 através do desenvolvimento e aplicação de metodologias computacionais em dados provenientes de monitoramento genômico. Até o momento, foi possível realizar o desenvolvimento de um workflow computacional, bem como realizar o levantamento de dados epidemiológicos e registrar as linhagens introduzidas e circulantes nos estados de Pernambuco e Rio Grande do Sul, também foi possível estudar fatores relacionados ao número e tipo de mudanças relacionadas à variantes intra-hospedeiro. Os resultados, gerados até o momento, demonstram que o workflow desenvolvido pode ser utilizado por grupos com diferentes recursos computacionais, além de apresentar sensibilidade superior à outro workflow publicado para detectar corretamente mutações e deleções.

Palavras-chave: Monitoramento Genômico; SARS-CoV-2; Workflow.

Introdução

A COVID-19 é uma doença respiratória infecciosa que surgiu no ano de 2019 e foi primeiramente detectada na província de Wuhan na China (Y.-Z. Zhang & Holmes, 2020). O vírus SARS-CoV-2 pertence à família *Coronaviridae*, possui um genoma de fita única de RNA sentido positivo (ssRNA+) de 29,9kb e 11 fases de leitura aberta (ORFs, do Inglês *Open Reading Frames*), codificando um total de 28 proteínas, sendo 16 não estruturais, 4 estruturais e 8 acessórias (Lubin et al., 2021). Até o momento, mais de 930 linhagens de SARS-CoV-2 já foram identificadas por meio do emprego do monitoramento genômico (Áine O'Toole & Andrew Banchich), incluindo linhagens com diferentes características fenotípicas como maior transmissibilidade e mortalidade (Kirby, 2021). O monitoramento genômico vem

sendo intensificado mundialmente, até 15 de Novembro de 2022 foram depositados mais de 13 milhões e 800 mil genomas de SARS-CoV-2, sendo mais de 190 mil genomas de amostras brasileiras, no banco de dados EpiCoV. Para realizar o monitoramento genômico são necessários métodos de sequenciamento de material genético viral e análises computacionais de genômica e evolução viral, sendo um processo fundamental para o entendimento do curso de pandemias a níveis global e regional, de modo a estabelecer políticas públicas para conter a disseminação viral. Dessa forma, o presente projeto tem como objetivo identificar as linhagens do vírus SARS-CoV-2 circulantes no Brasil através do desenvolvimento e aplicação de fluxos de trabalho computacionais de bioinformática aplicados a dados de monitoramento genômico.

Materiais e Métodos

Foi desenvolvido um workflow computacional em linguagem python, denominado ViralFlow, que realiza todas as etapas envolvidas na análise de dados genômicos do SARS-CoV-2. O ViralFlow realiza desde o tratamento dos dados de sequenciamento, montagem dos genomas, análises de variantes intra hospedeiro, obtenção de métricas de sequenciamento e assinatura de linhagens e mutações de forma padronizada e automatizada, com sensibilidade superior à outro workflow desenvolvido no mesmo período (Dezordi et al, 2022). Dados de sequenciamento em larga escala estão sendo obtidos através de projetos colaborativos gerados pela Rede Genômica Fiocruz a partir de todos os estados brasileiros entre os anos de 2020 e 2023. Os dados vêm sendo analisados com a ferramenta ViralFlow quanto a variantes intra hospedeiros, e filogeneticamente juntamente com recortes amostrais dos genomas públicos obtidos com a ferramenta Nextclade. A partir disso, os dados genômicos são combinados com dados epidemiológicos provenientes da plataforma DataSUS, para definições de conjuntos de dados a serem analisados por metodologias de filodinamica.

Resultados e Discussão

A ferramenta ViralFlow foi disponibilizada publicamente e utilizada por diversos grupos de pesquisa, gerando mais de 23 mil genomas disponíveis no banco de dados EpiCoV. Neste estudo, analisamos, até o momento, mais de 3000 amostras de SARS-CoV-2, dos estados de Pernambuco e Rio Grande do Sul. Onde foi possível identificar uma taxa de sequenciamento mensal inferior ao esperado para a detecção de novas linhagens em ambos os estados (Brito et al, 2022). Além disso, foi possível identificar padrões linhagem-dependentes na origem de variantes intra hospedeiro, fator ainda não descrito na literatura científica. Avaliando os padrões filogenéticos das linhagens Gama e Delta, foi possível identificar padrões já descritos na literatura: como a importação da variante Gama da região

Norte do País, principalmente a partir do estado do Amazonas, e da variante Delta da região Sudoeste do País, principalmente dos estados do Rio de Janeiro e São Paulo.

Considerações Finais

O ViralFlow tem sido utilizado nas tarefas rotineiras de monitoramento genômico em diferentes institutos da Rede Genômica Fiocruz, sendo capaz de analisar todos os dados gerados em cada batch de sequenciamento em menos de 4 minutos. Como perspectivas futuras, até o final do presente projeto, pretendemos realizar estudos de variantes intra hospedeiro à nível nacional, com estimativas de análise de mais de 30 mil amostras de SARS-CoV-2, além de estudos de filogeografia e filodinâmica de diferentes linhagens circulantes durante a pandemia da Covid-19 no Brasil.

Referências

Zhang, Y.-Z., & Holmes, E. C. A Genomic Perspective on the Origin and Emergence of SARS-CoV-2. *Cell*, 181(2), 223–227, 2022.

Áine O'Toole, & Andrew Banchich. *PANGO lineages*. Acesso 15 de Novembro 2022, disponível em: < <https://cov-lineages.org/>>.

Kirby, T.. New variant of SARS-CoV-2 in UK causes surge of COVID-19. *The Lancet. Respiratory Medicine*, 9(2), e20–e21, 2021.

Dezordi, F. Z., Neto, A. M. S, Campos, T. L. *et al.* ViralFlow: A Versatile Automated Workflow for SARS-CoV-2 Genome Assembly, Lineage Assignment, Mutations and Intrahost Variant Detection. *Viruses*, 14(2), 2022.

Brito, A.F., Semenova, E., Dudas, G. *et al.* Global disparities in SARS-CoV-2 genomic surveillance. *Nat Commun* 13, 7003, 2022.

PRODUÇÃO DE ANTÍGENOS RECOMBINANTES DO CAPSÍDEO DO VÍRUS HEPATITE E (HEV) E AVALIAÇÃO POR TESTE IMUNOENZIMÁTICO

OLIVEIRA, Stefson de Souza¹; BEZERRA, Matheus Filgueira², FERREIRA, Edmilson de Oliveira Filho³, REIS, Christian Robson de Souza⁴

^{1,2,4} Departamento de Microbiologia do Instituto Aggeu Magalhães - Fiocruz/PE

³ Hospital Charité - Berlim - Alemanha

RESUMO. As hepatites virais são doenças causadas por diferentes agentes etiológicos. A possibilidade de infecção de diferentes hospedeiros humanos e animais e a transmissão oral-fecal em locais como o estado de Pernambuco, que apresenta um sistema de saneamento básico ineficiente em algumas regiões, representam um grande desafio para o controle desta infecção. **Objetivo:** produzir os antígenos recombinantes do capsídeo do HEV e determinar a prevalência de anticorpos IgG anti HEV em amostras humanas e de animais. **Métodos:** Para a obtenção dos antígenos recombinantes, inicialmente os genes CAPHEV₁₋₆₆₀ e CAPHEV₁₁₂₋₆₆₀ foram obtidos por PCR, utilizado como DNA molde disponível no laboratório, clonados no plasmídeo pGEMT-easy e subclonados no vetor pRSETA. Em seguida as respectivas proteínas foram produzidas em *Escherichia coli* e purificadas por cromatografia de afinidade. Os antígenos recombinantes obtidos foram utilizados em ensaios de ELISA com soros de pacientes contendo HEV (devidamente aprovados pelo comitê de ética do IAM). **Resultados:** Preliminarmente foi identificado através de ELISA, que as proteínas recombinantes utilizadas neste estudo, são capazes de reconhecer de forma específica os soros de pacientes que apresentam anti-HEV.

Palavras-Chave: Antígenos, ELISA, hepatites virais.

Introdução

As hepatites virais são doenças causadas por diferentes agentes etiológicos virais que representam um grave problema de saúde pública causando cerca de 1,4 milhões de mortes por ano. Essas patologias virais, apresentam distribuição mundial com diferenças clínicas, epidemiológicas e marcadores sorológicos específicos. Vários estudos em receptores de transplante de órgãos sólidos demonstraram uma relação direta entre maior imunossupressão e o desenvolvimento de infecção crônica. Essa premissa pode redefinir o papel da hepatite E como uma doença oportunista em pacientes imunossuprimidos. O vírus da hepatite E é uma das principais causas de hepatite viral aguda em todo o mundo e animais domésticos como suínos e coelhos, que podem servir como hospedeiros naturais para as cepas zoonóticas de HEV. O vírus da hepatite E pode ser adquirido por contato direto com

água, alimentos contaminados, através do consumo de produtos contaminados como carne e existem evidências que o vírus possa ser transmitido por transfusões de sangue. Dessa forma, o objetivo geral deste trabalho é produzir os antígenos recombinantes do capsídeo do HEV e determinar a prevalência de anticorpos IgG anti-HEV em amostras humanas e de animais.

Materiais e Métodos

Clonagem dos genes CAPHEV₁₋₆₆₀ e CAPHEV₁₁₂₋₆₆₀, do capsídeo do vírus da Hepatite E no pGEMT-easy-T e pET21a. Os genes CAPHEV₁₋₆₆₀ e CAPHEV₁₁₂₋₆₆₀ foram amplificados por PCR a partir de construção plasmidial contendo o capsídeo de HEV suíno (genótipo 3) gentilmente cedidos por Dr. Edmilson Oliveira, e dos primers HEVCapF1 (CAPHEV₁₋₆₆₀), HEVCapF2-CCAGCTAGCGCCGTATCACCGGCCCGAC (CAPHEV₁₁₂₋₆₆₀) e HEVCapR-CATCTCGAGTTAAACTCCCGGGTTTTACCTACC (CAPHEV₁₋₆₆₀/CAPHEV₁₁₂₋₆₆₀). Os fragmentos obtidos foram clonados no vetor pGEMT-Easy (Figura 5), de acordo com recomendações do fabricante (Promega®), confirmados por sequenciamento de DNA e subclonados nos plasmídeos de expressão procarióticos pRSETA (Invitrogen®). **Identificação das amostras anti-HEV (IgG). Amostras.** No trabalho foram utilizadas até o momento amostras de soro humano sabidamente positivas do HEV (LP Silva et al., 2020) oriundos da Fundação de Hematologia e Hemoterapia de Pernambuco (HEMOPE), e 191 amostras cedidas pela universidade Federal do Ceará em parceria com o HEMOCE, também foram utilizados amostrados de coelhos sensibilizados com o vírus da HEV. **Ensaio Imunoenzimático Indireto (ELISA).** As proteínas recombinantes foram diluídas em tampão carbonato-bicarbonato (NaCO₃, 0,05 M; pH 9,6) e usadas para sensibilização de placas de microtitulação por 16 horas a 4°C em câmara úmida. Após lavagens com PBS (NaCl 137 mM, KCl 2.7 mM, Na₂HPO₄ 10 mM, KH₂PO₄ 1.8 mM) foi realizado o bloqueio com PBS acrescido de 10% de leite desnatado, seguido de lavagens com PBS acrescido de Tween-20 a 0,05%. Em seguida adicionados os soros controles positivos (amostra humana positiva e soro produzido em coelho para HEV rato) diluídos em PBS Tween-20 com leite a 10%, em diluições a serem padronizadas e incubados durante 1 hora a temperatura ambiente (TA) em câmara úmida.

Resultados

Ensaio sorológicos utilizando as proteínas recombinantes e soro anti-HEV. Preliminarmente foi realizada a técnica de imunoenensaio indireto com o objetivo de ter a confirmação se iria haver um resultado positivo em relação às proteínas adquiridas com os antígenos anti HEV nos poços sensibilizados, onde foram utilizadas em três rodadas as 191 amostras humanas cedidas pela UFCE, onde foi evidenciado a reação entre o antígeno e 30

das amostras testadas, e após a técnica de ELISA, foi feita a leitura das placas através do aparelho Benchmark Plus Microplate Manager 5.2 (BIO-RAD®), que posteriormente, teve seus dados analisados gráficos utilizando o Microsoft Excel®, em seguida foi feita a análise dessas amostras utilizando o kit comercial Hepatite E vírus (IgM) EUROIMMUN® para comparar os resultados obtidos anteriormente, onde 11 das 191 amostras foram identificadas como positivas, onde previamente como esses dados se obteve a sensibilidade de 88,9% e especificidade de 89,7%.

Referências

AGGARWAL, Rakesh; GOEL, Amit. Advances in hepatitis E – I: virology, pathogenesis and diagnosis. **Expert Review of Gastroenterology and Hepatology**, vol. 10, no. 9, p. 1053–1063, 2016. DOI 10.1080/17474124.2016.1185362. Available at: <http://dx.doi.org/10.1080/17474124.2016.1185362>.

ASLAN, Abdullah Tarik; BALABAN, Hatice Yasemin. Hepatitis E virus: Epidemiology, diagnosis, clinical manifestations, **World Journal of Gastroenterology**, vol. 26, no. 37

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM SAÚDE PÚBLICA

A AGROECOLOGIA E A AUTO-ORGANIZAÇÃO DE MULHERES NA CONSTRUÇÃO DA SOBERANIA ALIMENTAR NO SERTÃO DE PERNAMBUCO

SILVA, Andresa Lira¹; COSTA, André Monteiro²; GOMES, Wanessa da Silva³

^{1,2} Aggeu Magalhães, Saúde Pública, LASAT;

³ Universidade de Pernambuco

RESUMO. Introdução. A produção convencional camponesa entendida como modo de produção associada à indústria produtora de sementes transgênicas e agrotóxicos, no semiárido sempre foi um desafio, pelo consumo de veneno no preparo da terra e plantio. No sertão do Pajeú, em Pernambuco, as famílias agricultoras perpassam pelo avanço desse modo de produção e os estímulos estatais para perpetuação do mesmo, entretanto algumas comunidades resistem com a adoção da agroecologia, sistemas agroflorestais e manejo visando a convivência com o semiárido. Objetivo: Analisar como a auto-organização de mulheres produtoras contribui para a construção e fortalecimento da agroecologia e soberania alimentar de famílias camponesas no sertão do Pajeú, Pernambuco. Procedimentos metodológicos: Trata-se de um estudo observacional, analítico e de abordagem qualitativa, ancorado nos conceitos de soberania alimentar, agroecologia e da organização de mulheres camponesas. A pesquisa será realizada no sertão do Pajeú, contando com o apoio da Rede de Mulheres Produtoras do Pajeú, para contato com pessoas chave e articulação para as entrevistas individuais e rodas de conversação. A análise de conteúdo de Bardin será utilizada para elaboração dos resultados. Resultados Esperados: Identificação da correlação positiva entre as articulações de movimentos agroecológicos femininos no campo e a aproximação das mesmas com a soberania alimentar, esperando que seja elencada associação positiva entre eles.

Palavras-chave: Soberania Alimentar; Mulheres Camponesas; Agroecologia.

Introdução

O Sertão do Pajeú, em Pernambuco, tem sido palco de grandes lutas dos movimentos sociais, face à negligência histórica dos governos diante da necessidade dos agricultores e agricultoras de base familiar. Trata-se de um território constituído por 20 municípios, totalmente inscrito na região semiárida brasileira, caracterizada por estiagens prolongadas. A produção convencional camponesa, entendida como modo de produção associada à indústria produtora de sementes transgênicas e agrotóxicos, além de priorização da monocultura ou cultura sazonal (RAPOZZO, 2017), no Semiárido sempre foi um desafio, por ser comum o desmatamento e as queimadas para preparar a terra para o plantio. Estas

práticas transformam o solo, o deixando pobre em nutrientes para o plantio, diminuem a água das nascentes, poços, cacimbas e rios, e ainda contribuem para causar a desertificação da região, contribuindo, dessa forma, com o agravamento da insegurança alimentar e ausência da soberania alimentar da população. Ao longo dos anos, as experiências realizadas por diversas famílias agricultoras mostraram que a saída para uma vida com fartura e dignidade é aprender a conviver com o semiárido (GONÇALVES ET AL, 2016). Grupos organizados de agricultores e agricultoras tem se estruturado com vista na implantação de técnicas agroecológicas no território, sendo um dos grupos proponentes a Rede de Mulheres Produtoras do Pajeú, que traz como diretriz de sua organização a convivência com o semiárido, aliada à agroecologia, economia solidária e feminismo (LOPES FERREIRA, 2021). A partir das discussões o trabalho tem por objetivo “Analisar como a auto-organização de mulheres produtoras contribui para a construção e fortalecimento da agroecologia e soberania alimentar de famílias camponesas no sertão do Pajeú, Pernambuco”.

Materiais e Métodos

Trata-se de um estudo observacional, analítico e de abordagem qualitativa, ancorado nos conceitos de soberania alimentar, agroecologia e da organização de mulheres camponesas. O estudo irá acontecer no sertão do Pajeú pernambucano. Para o estudo será selecionado município que possui iniciativas agroecológicas e associações de produtoras camponesas que atuem diretamente nessas estratégias. A população alvo da pesquisa serão mulheres residentes na região e que sejam acompanhadas por projetos de instituições de apoio ou programas de fomento à produção agrícola. Para construção da amostra será considerado faixa etária, tipo de dedicação a associação e/ou projeto, tempos de associação ao grupo, estado civil, raça, gênero, se é chefe de família, renda e aproximação com a produção agroecológica e/ou sistema agroflorestal. Serão incluídas nessa pesquisa mulheres que façam parte da Rede de Mulheres Produtoras do Pajeú, e serão excluídas as mulheres que não estejam vinculadas a nenhum projeto de agroecologia no momento da pesquisa. Sendo adotado o critério de saturação para a coleta dos dados e informantes chave para a seleção. Para as atividades de campo serão utilizados cadernos de campo e rodas de conversação, sendo realizados cinco encontros com grupos de mulheres. Para análise dos dados será realizada a análise de conteúdo, que se utiliza de procedimentos objetivos e sistemáticos, para descrição e compreensão das mensagens. O método vai se organizar em três fases, sendo elas a pré-análise que diz respeito ao primeiro contato e a organização do material coletado, e uma sistematização das ideias iniciais, a segunda fase, é a de exploração, que visa explorar o material coletado e se utiliza de elementos de codificação, classificação e categorização e a terceira e última fase, a de tratamento, inferência e

interpretação que vai culminar em uma análise crítica e reflexiva do conteúdo coletado (BARDIN, 1994).

Resultados Esperados

A pesquisa em campo traz potencialidades de diálogos e trocas que permitam o mapeamento dos principais modos de produção agroecológicas no sertão do Pajeú pernambucano e relação das famílias com a terra e sua produção, reafirmando, a partir de experiências concretas, que outra agricultura é possível, a partir do respeito ao meio ambiente, da produção de alimentos saudáveis e da articulação e cooperação entre agricultoras. Identificação da correlação positiva entre as articulações de movimentos agroecológicos femininos no campo e a aproximação das mesmas com a soberania alimentar, esperando que seja elencada associação positiva entre eles. Estímulo à produção de estudo na área de agroecologia, soberania alimentar e saúde no semiárido pernambucano.

Referências

BARDIN, I. Análise de conteúdo. Lisboa: Edições Setenta, 1994.

GONÇALVES, André Luiz Rodrigues; MEDEIROS, Carlos Magno de; MATIAS, Rivaneide Lúcia Almeida de. Sistemas agrofloretais no Semiárido brasileiro: estratégias para combate à desertificação e enfrentamento às mudanças climáticas. Recife: Centro Sabiá/ Caatinga, 2016. 136 p.

LOPES FERREIRA, A. P. .; LINO PIRES, L. M. .; GOMES, R. A. Mulheres agricultoras e sistemas agroalimentares pautados na agroecologia: vozes e inspirações do Sertão do Pajeú. Raízes: Revista de Ciências Sociais e Econômicas, [S. l.], v. 41, n. 2, p. 280–300, 2021. DOI: 10.37370/raizes.2021.v41.744. Disponível em:

<http://raizes.revistas.ufcg.edu.br/index.php/raizes/article/view/744>.

RAPOZZO, Bruna Maria da Silva. Transformações no espaço agrário do sertão do pajeú: a participação das mulheres nos processos de transição agroecológica em quintais de (re)produção da vida. 2017. 155 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Geografia, Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, 2017.

A POLÍTICA DE SAÚDE NO CONTEXTO DE AUSTERIDADE FISCAL E CRISE DO ESTADO BRASILEIRO APÓS 2016.

MEDEIROS, Henrique Gonçalves Dantas de¹, ARAÚJO JR., José Luiz do Amaral Corrêa de¹

¹Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Pública, Programa de Pós- Graduação em Saúde Pública

RESUMO. A conjuntura dos últimos anos, especialmente a partir de 2016, denota uma profunda crise orgânica, com riscos ao regime democrático como ocorreu em outros momentos da história brasileira em que reestruturações do capitalismo dependente se deu por vias autoritárias. Assim, objetiva-se compreender as consequências, para a Política de Saúde, da crise do Estado brasileiro no contexto neoliberal da austeridade fiscal. A partir do materialismo histórico-dialético, a pesquisa qualitativa de caráter descritivo e exploratório utiliza, como técnicas específicas de coleta de dados, a Documentação Indireta (pesquisas documental e bibliográfica) e, enquanto técnica de análise de dados, a condensação de significado e o método hermenêutico-dialético. Como resultados parciais, tem-se a confecção de dois artigos ainda não publicados: um ensaio teórico que analisa criticamente as possibilidades de construção de um *Welfare State* no Brasil; e uma revisão de literatura acerca do fascismo a partir de textos clássicos objetivando caracterizar o bolsonarismo como corrente política neofascista e suas implicações na área da saúde.

Palavras-chave: Crise do Estado Brasileiro. Bolsonarismo. Política de Saúde

Introdução

Admite-se que o Estado brasileiro vivencia uma crise orgânica: a combinação de crise econômica e política que se arrasta no tempo e debilita todo o regime político, uma vez que as classes dominantes deixam de ser dirigentes e suas instituições apresentam uma perda de autoridade e consenso na população (GRAMSCI, 2011). O bolsonarismo seria o resultado e não a causa dessa crise, a qual remontaria a 2013 e encontrou seu ponto de inflexão na deposição de Dilma Rousseff, sendo catalisada com a emergência da pandemia da Covid-19. Crises orgânicas anteviram reconfigurações políticas profundas como respostas ao desenvolvimento capitalista brasileiro. Foi assim em 1930 com a ascensão de Vargas e seu cesarismo progressista, e com o golpe militar e a consolidação do capitalismo monopolista. Tais reestruturações se deram por via autoritária (1937-45 e 1964-1985), remetendo ao caráter autocrático das classes dominantes brasileiras (FERNANDES, 2005). E todas elas se refletiram em mudanças significativas da Política de Saúde, reorientando-a de modo a

corresponder às demandas do desenvolvimento capitalista expressas na reconfiguração geral do Estado burguês. Assim, busca-se compreender as consequências, para a Política de Saúde, da crise do Estado brasileiro no contexto neoliberal da austeridade fiscal.

Materiais e Métodos

Trata-se de pesquisa localizada no referencial teórico do materialismo histórico e dialético, utilizando os métodos de procedimento histórico e monográfico numa abordagem qualitativa, de caráter descritivo e exploratório. Para tanto, parte-se do modelo de análise de políticas públicas adaptado de Walt e Gilson, enriquecido dos conceitos da Ciência Política marxista. Para a coleta de dados, utiliza-se Documentação Indireta (pesquisas documentais – a exemplo do relatório da Comissão Parlamentar de Inquérito da pandemia, e bibliográfica) e, para sua análise, a condensação de significado e o método hermenêutico-dialético. Quanto aos aspectos éticos, não envolve a participação de seres humanos, não necessitando de aprovação pelo Comitê de Ética em Pesquisa.

Resultados e Discussão

Até aqui os resultados parciais da pesquisa bibliográfica permitiram a confecção de dois artigos que aguardam submissão. O primeiro é um ensaio teórico no qual a revisão crítica da literatura recupera os clássicos do pensamento social brasileiro e da Saúde Coletiva e, cotejando-os com formulações contemporâneas, sustenta a hipótese de que, em virtude das particularidades do capitalismo dependente, não houve nem haveria a possibilidade de erguer um *Welfare State* tardio e periférico no Brasil. Assim, buscou-se conceituar e localizar historicamente o que ficou conhecido como Estado de Bem-Estar Social, sua crise e a emergência do neoliberalismo; analisar as características estruturais do Estado e do capitalismo dependente brasileiro e sua evolução histórica, em especial os períodos do desenvolvimentismo clássico, do neoliberalismo e do neodesenvolvimentismo; e apontar algumas características da crise brasileira atual, entendida como crise de hegemonia e que tem o bolsonarismo como seu resultado histórico. Conclui-se pela necessidade de trazer novamente a discussão sobre a natureza do Estado brasileiro para o centro do debate na Saúde Coletiva a fim de que o processo da Reforma Sanitária Brasileira não fique circunscrito às dimensões setorial e institucional da implantação do SUS. Já no segundo artigo, buscou-se desenhar um panorama sobre a disputa política no Estado brasileiro, onde se verificou a proeminência de um movimento de características neofascistas. Revisitaram-se formulações clássicas, cotejando-as com artigos de opinião publicados na imprensa desde 2018 que expressavam diferentes posições sobre tal caracterização. Assim, debateu-se a conceituação do fascismo clássico e suas especificidades quanto a outras expressões de extrema direita. Sinalizou-se a diferença entre os momentos de fascistização e de fascismo instituído sobre

seu apelo e impacto popular, quando se verifica um processo de desafetação heterogêneo sobre diversas classes e frações. Assinalou-se a emergência do neofascismo no Brasil, discriminando suas particularidades quanto ao fascismo clássico e o alto grau de instabilidade do bolsonarismo, cuja política econômica exacerba. Finalmente, listaram-se algumas implicações desta caracterização para a compreensão da política de saúde, como o negacionismo científico, os retrocessos na política de atenção à saúde das mulheres, o desmonte da política nacional de saúde mental, o anti-indigenismo e o sucateamento do Subsistema de Atenção à Saúde Indígena, e o compromisso das entidades médicas com o governo Bolsonaro.

Considerações Finais

Os artigos produzidos retomam a tradição teórica fundante da Saúde Coletiva nos anos 1970, buscando reposicionar a análise da Política de Saúde a partir do prisma da relação entre Estado e sociedade. Além disso, descrevem, ainda que parcialmente, os principais aspectos da crise do Estado brasileiro após 2016, enfatizando o contexto de emergência do bolsonarismo como fenômeno político e da pandemia da Covid-19 como catalisador de tal crise. Contudo, um aprofundamento da Política de Saúde dos últimos anos, tomando a pandemia como índice, exige a continuidade da pesquisa a partir de material empírico. Essa próxima etapa deve se debruçar sobre o relatório da CPI da pandemia e outros documentos de modo a melhor caracterizar as consequências da crise do Estado brasileiro na Política de Saúde.

Referências

- FERNANDES, F. **A Revolução Burguesa no Brasil: Ensaio de Interpretação Sociológica**. 5. ed. São Paulo: Globo, 2005.
- GRAMSCI, A. Cadernos do Cárcere. In.: COUTINHO, C. N. (org.) **O Leitor de Gramsci: escritos escolhidos 1916-1935**. Rio de Janeiro: Civilização Brasileira, 2011.

A REGULAÇÃO DA FORMAÇÃO DE ESPECIALISTAS EM SAÚDE DA FAMÍLIA

FELIPE, Dara Andrade¹; ALBUQUERQUE, Paulette Cavalcanti de²

¹ Doutoranda Instituto Aggeu Magalhães – FIOCRUZ PE;

² Pesquisadora Instituto Aggeu Magalhães – FIOCRUZ PE;

RESUMO. A especialização, enquanto fenômeno das profissões de saúde, está presente em todas as categorias profissionais, tendo se intensificado nas últimas décadas. Está associada ao exponencial desenvolvimento tecnológico e as pressões do mercado para a incorporação tecnológica pelos Sistemas de Saúde. A regulação das profissões no Brasil está referenciada no modelo de autorregulação, no qual os grupos profissionais definem os mecanismos de entrada no mercado e de competências para o desenvolvimento das atividades profissionais. A formação profissional é um elemento fundamental no processo regulatório das profissões. Apresenta-se o objetivo de pesquisa: Analisar a regulação da formação de especialistas em Saúde da Família no Brasil. A metodologia compreende um estudo exploratório, analítico e de abordagem qualitativa. O estudo ainda se encontra em desenvolvimento. Aqui serão abordados os resultados parciais referentes às Contribuições das Residências em Saúde para a resiliência da Atenção Básica frente a Covid-19 e a Análise Documental das resoluções dos Conselhos Federais de Saúde que tratam de suas especialidades profissionais.

Palavras-chave: Regulação Profissional; Residências em Saúde; Especialistas em Saúde da Família.

Introdução

A especialização, enquanto fenômeno das profissões de saúde, está presente em todas as categorias profissionais, tendo se intensificado nas últimas décadas. Está associada ao exponencial desenvolvimento tecnológico e as pressões do mercado para a incorporação tecnológica pelos Sistemas de Saúde. Para as profissões são um mecanismo de garantia de locus de atuação e autonomia, bem como diferenciação nas oportunidades em um contexto de reestruturação produtiva e de precarização e competitividade nas relações de trabalho (DONNANGELO, 2011; MACHADO, 1995; MACHADO et al., 2020; GOMES; RAMOS, 2015). A regulação das profissões no Brasil está referenciada no modelo de autorregulação. Os Conselhos Profissionais são centrais nesse processo sendo responsáveis pela fiscalização do exercício profissional.

A formação profissional é um elemento fundamental no processo regulatório das profissões. Na Constituição Federal é atribuído ao Sistema Único de Saúde o “ordenar a formação de recursos humanos na área de saúde” (BRASIL, 1988). As Residências Multiprofissionais em Saúde da Família (RMSF) no Brasil foram fortemente ampliadas nos últimos anos. É observado que a RMSF, a partir da vivência nos serviços de Atenção Básica, tem possibilitado uma maior compreensão dos princípios da Atenção Primária em Saúde. Contudo, essa especialidade não é reconhecida por todos os conselhos profissionais, apenas quatro deles reconhecem entre as suas especialidades: Educação Física, Enfermagem, Terapia Ocupacional e Farmácia. Destacam-se também os frágeis (ausentes) mecanismos de inserção desses profissionais especialistas no Sistema Único de Saúde (FLOR, 2021). Diante de tal cenário, apresenta-se a objetivo de pesquisa: Analisar a regulação da formação de especialistas em Saúde da Família no Brasil.

Materiais e Métodos

Trata-se de um estudo exploratório, analítico. Será desenvolvido no período de setembro de 2022 a agosto de 2023, com as seguintes etapas: Web Surveys sobre a Atuação Profissional dos Residentes em Saúde da Família durante a Pandemia de Covid-19. Análise Documental das resoluções dos Conselhos Federais de Saúde que tratam de suas especialidades profissionais. Entrevistas Semiestruturadas para compreensão da atuação dos órgãos/grupos de representação profissional e das instâncias de regulação da formação de especialistas para o reconhecimento de especialidades de Saúde da Família. Realização de Pesquisa de Egressos em Saúde da Família. Formulação de Escopo de Práticas comum para as especialidades de Saúde da Família do Brasil na perspectiva do trabalho interprofissional será proposta a utilização do Método Delphi. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética do Instituto Aggeu Magalhães, Parecer Nº Parecer: 5.695.911.

Resultados e Discussão

O estudo ainda se encontra em desenvolvimento. Submissão de **Artigo na Revista Saúde em Debate “Contribuições das Residências em Saúde para a resiliência da Atenção Básica frente a Covid-19”** com análise quantitativa e qualitativa das 289 respostas dos residentes em saúde da família distribuídos em diversos programas do país. A partir da relação entre o trabalho dos residentes durante o período pesquisado e as categorias utilizadas por (BLANCHET ET AL: 2017) para avaliar a resiliência dos sistemas de saúde – capacidade de absorção, capacidade de adaptação e capacidade de transformação-identificou-se as seguintes categorias temáticas: contribuição, inovação e capacidade de resposta. Foi realizada **Análise Documental das resoluções dos Conselhos Federais de Saúde que tratam de suas especialidades profissionais**. Excetuando o Conselho de

Serviço Social, os demais possuem regulamentação para as especialidades. O reconhecimento das especialidades é atribuição dos Conselhos Profissionais em articulação, ou não, com as respectivas sociedades de especialistas. Não são identificados mecanismos de articulação com instâncias do SUS no processo de reconhecimento. Apenas os Conselhos de Educação Física e Nutrição apontam critérios para o reconhecimento de uma especialidade: acúmulo de conhecimentos específicos; relevância social; treinamento teórico e prático. Educação Física, Fonoaudiologia, Nutrição e Odontologia apresentam conceito sobre especialidade, relacionado ao aprofundamento de conhecimentos e de competências/intervenções complexas/específicas. São diversas modalidades de pós-graduação são reconhecidas, mas nenhuma profissão destaca essa modalidade como prioritária para a formação de especialistas. Quanto ao número de especialidades tem-se: Farmácia (106); Enfermagem (60); Biologia (44); Nutrição(34); Biomedicina(31); Odontologia (22); Educação Física (17); Fisioterapia(15); Psicologia(13); Medicina Veterinária(19); Terapia Ocupacional(7); Fonoaudiologia(5). Apenas o Conselho de Nutrição indica um alinhamento com especialidades de outras profissões.

Considerações Finais

As Residências em Saúde da Família são dispositivos potentes para a sustentabilidade do SUS. No cenário da pandemia foram capazes de apresentar contribuições, inovações e responder a parte das necessidades de saúde colocadas. Identifica-se um alto grau de independência dos Conselhos Profissionais e a ausência de mecanismos regulatórios coordenados pelo SUS não indicam indução nesse sentido. Percebe-se um crescimento de especialidades profissionais, contudo, sem explicitação das bases e critérios, o que pode estar associado às pressões de incorporação tecnológicas e reserva de mercado de trabalho. Espera-se que, na finalização da pesquisa, seja realizada uma contribuição para a regulação da formação de especialistas no Brasil.

Referências

BLANCHET, Karl et al. Governance and capacity to manage resilience of health systems: towards a new conceptual framework. **International journal of health policy and management**, v. 6, n. 8, p. 431, 2017.

BRASIL. **Portaria Interministerial MEC/MS nº 1.077, de 12 de novembro de 2009.** Dispõe sobre a Residência Multiprofissional em Saúde e a Residência em Área Profissional da Saúde, e institui o Programa Nacional de Bolsas para Residências Multiprofissionais e em Área Profissional da Saúde e a Comissão Nacional de Residência Multiprofissional em Saúde. Brasília, 2009b.

BRASIL. Constituição (1988). **Constituição da República Federativa do Brasil**. Brasília: DONNANGELO, Maria Cecília Ferro. **Medicina e sociedade: o médico e seu mercado de trabalho**. São Paulo: Hucitec, 2011.

FLOR, Taiana Brito Menêzes. **Formação e inserção profissional de residentes multiprofissionais egressos de programas voltados à Atenção Básica**. 2021. 194 p. Tese (Doutorado em Saúde Coletiva). Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, 2021. MACHADO, Maria Helena (org.). **Profissões de saúde: uma abordagem sociológica**. Rio de Janeiro: FIOCRUZ, 1995, p. 13-33.

MACHADO, Maria Helena; KOSTER, Isabella; AGUIAR FILHO, Wilson; WERMELINGER, Mônica Carvalho de Mesquita Werner; FREIRE, Neyson Pinheiro; PEREIRA, Everson Justino. Mercado de trabalho e processos regulatórios: a Enfermagem no Brasil. **Ciência & Saúde Coletiva** [online], v. 25, n. 1, p. 101-112, 2020.

GOMES, Doris; RAMOS, Flávia Regina Souza. A subjetividade do profissional da odontologia pós-reestruturação produtiva: ética e especialização. **Trabalho, Educação e Saúde**, Rio de Janeiro, v. 13 n. 2, p. 451-472, maio/ago. 2015.

Gráfico, 1988.

ANÁLISE DA INSTITUCIONALIZAÇÃO DA PNEPS: DO PACTO PELA SAÚDE AO CONTEXTO DE AUSTERIDADE SELETIVA

DE MACÊDO, Bruno Costa¹; MEDEIROS, Katia Rejane²

¹Instituto Aggeu Magalhães (IAM/Fiocruz-PE), doutorando no Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública.

²Instituto Aggeu Magalhães (IAM/Fiocruz-PE), Analista Sênior de Gestão em Saúde, docente e pesquisadora do Departamento de Saúde Coletiva.

RESUMO. A pesquisa de desenvolvimento investiga a institucionalização da Política Nacional de Educação Permanente em Saúde (PNEPS) a partir da redefinição de suas diretrizes frente ao Pacto Pela Saúde (2006) até o contexto de austeridade fiscal seletiva instituído a partir da Emenda Constitucional nº 95/2016. Para isso, vem sendo realizado estudo avaliativo do período de 2007 a 2021, de abordagem qualitativa, do tipo Estudo de Caso, interpretado a partir do referencial teórico da Análise de Implantação de Políticas. Os recursos metodológicos consistem na: pesquisa documental para sistematização de informações acerca da organização da política na esfera federal e nos Estados, além da contribuição da OPAS, do CONASS e do CNS; e Entrevistas semi estruturadas acerca dos principais fatores e/ou ações determinantes para preservação/fortalecimento da PNEPS nos Estados; dos papéis do Ministério da Saúde das entidades supracitadas. Nesse momento do estudo, foram caracterizados quatro ciclos da PNEPS que evidenciam um percurso de inanição e esvaziamento pauta de educação na saúde desde o âmbito federal, em detrimento de ações focalizadas, independentes e em larga escala, pouco relacionadas a discussões essenciais para o trabalho na saúde.

Palavras-chave: Educação Permanente em Saúde; Políticas, Planejamento e Administração em Saúde; Espaço Fiscal para a Saúde; Avaliação em Saúde; Direção e Governança do Setor de Saúde.

Introdução

A política como expressão da atuação dos Estados remete às concepções de políticas públicas e políticas sociais. As políticas públicas têm sido definidas por sua finalidade, como ações do Estado voltadas para o interesse público - coletivo e as políticas sociais como as políticas que os governos desenvolvem voltadas para o bem-estar e a proteção social (FLEURY; OUVÉNEY, 2008). Cabe ao Estado estabelecer disposições, medidas e procedimentos que traduzem sua orientação política e se manifestam de diferentes maneiras

de acordo com o grau de diversificação da economia, com a natureza do regime social, com a visão que os governantes têm do papel do Estado no conjunto da sociedade e com o nível de atuação dos diferentes grupos sociais (partidos, sindicatos, associações de classe e outras formas de organização da sociedade) (PINTO; VIEIRA-DA-SILVA; BAPTISTA, 2012). Ao mesmo tempo, a formulação de políticas pode responder a interesses dos diversos grupos e classes sociais que controlam o Estado em determinado momento histórico. As políticas de saúde são, nesse sentido, exemplos concretos de como as políticas públicas refletem a ação ou omissão dos Estados ante problemas e necessidades de saúde. O contexto do processo de implantação de uma política pode modificar drasticamente os impactos ou resultados dessa política. Uma vez que os efeitos extrapolam a correlação direta entre as características de um programa e seus efeitos, além de estarem condicionados às regras vigentes de um determinado âmbito institucional (CHAMPAGNE et al., 2011; DENIS; CHAMPAGNE, 1997; HARTZ, 1999). A questão dos recursos humanos para o setor saúde no Brasil toma corpo institucional enquanto política prioritária para o SUS somente treze anos após as Leis Orgânicas da Saúde (BRASIL, 2003; 2004)). Marcado pelo contexto da criação da Secretaria de Gestão do Trabalho e da Educação na Saúde (SGETS) na estrutura do Ministério da Saúde, inicialmente organizada em dois Departamentos – Gestão e da Regulação do Trabalho em Saúde (DEGERTS); e de Gestão da Educação na Saúde (DGES); é instituída a Política Nacional de Educação Permanente em Saúde (PNEPS), Portaria GM/MS nº 198/2004, que concebe a EPS como uma “estratégia de formação e desenvolvimento dos trabalhadores para o SUS”, fortemente vinculada às instituições de ensino superior (BRASIL, 2003; 2004). Ao analisar a evolução dessa política ao longo dos anos, conforme é pontuado nos parágrafos que seguem, é possível constatar alguns dos diferentes momentos e níveis de institucionalização, em especial a partir do Pacto Pela Saúde que redefine claramente as responsabilidades de cada instância gestora do SUS, estabelece diretrizes para a consolidação da descentralização, da regionalização, do financiamento, da PPI, da regulação, da participação e controle social, do planejamento; e, finalmente, para a Gestão do Trabalho e Educação na Saúde (BRASIL, 2006). Primeiramente, destaca-se o restabelecimento da regionalização da gestão do SUS enquanto pilar para o planejamento e desenvolvimento de iniciativas qualificadas para o enfrentamento das carências e necessidades do sistema, a PNEPS sai do seio das instituições de ensino superior e é visceralmente vinculada as Regiões de Saúde, dentre outras coisas, com a criação de uma nova instância interfederativa interinstitucional – a Comissão Permanente de Integração Ensino Serviço (CIES) – enquanto uma câmara técnica dos Colegiados Gestores Regionais (CGR), exigindo a elaboração dos Planos de Ação Regionais de Educação Permanente em Saúde (PAREPS) vinculados a Planos Estaduais Educação Permanente em Saúde (PEEPS), cujas ações são planejadas e monitoradas pelos instrumentos de planejamento e

monitoramento da gestão do SUS (STROSCHEIN; ZOCHE, 2011). Mais tarde, a partir de 2012, sem prejuízo à vigência da regulamentação da PNEPS, os esforços do MS se voltam para o fortalecimento da política de regulação, formação e provimento de médicos, iniciado durante os governos Lula, e culminaram com a criação do Departamento de Planejamento e Regulação da Provisão de Profissionais de Saúde (DEPREPS) na estrutura da SGTES e na instituição do Programa Mais Médicos (PMM), em 2013 (PINTO; CÔRTEZ, 2022; PINTO et al., 2017; BRASIL, 2013a; 2013b). Apesar do foco na formação médica, as ações para ampliação da oferta de vagas e mudança na formação reverberaram nos demais cursos da área da saúde a partir da instituição do Contrato Organizativo da Ação Pública Ensino Saúde (COAPES), em 2015. Trata-se de um dispositivo que busca instrumentalizar juridicamente a integração ensino – serviço no âmbito do SUS e que deve ser conduzido por um Comitê Gestor Local, composto por representações dos mesmos atores institucionais que compõe as CIES, dispositivo estrutural da PNEPS que pode ou não ser um eventual espaço de discussão (BRASIL, 2015; PINTO; CÔRTEZ, 2022; OLIVEIRA et al., 2015). Paralelamente, é apresentado o plano “Uma Ponte para o Futuro”, pelo então vice-presidente da república Michel Temer, que estarta o golpe jurídico -parlamentar - midiático que culminou com a cassação do mandato da presidenta Dilma Rousseff em 31 de agosto de 2016 e consagração da constitucionalização de um projeto nacional de austeridade fiscal com a aprovação da Emenda Constitucional n. 95/2016 (JINKINGS, 2016; BOITO JR, 2016; SKINER; 2017; DERMMAN, 2019). Frente a ruptura institucional e a incorporação formal de uma política de austeridade fiscal, não é estabelecida uma agenda para a PNEPS - sem financiamento desde 2011 – e os movimentos do MS de Michel Temer, mediados Conselho Nacional de Secretários Estaduais de Saúde (CONASS), foram no sentido da alteração das diretrizes da política às premissas do novo governo junto às Secretarias Estaduais de Saúde que, em contraposição, atuaram pela manutenção das diretrizes, considerando o momento inadequado (BRASIL, 2018; CARDOSO et al., 2017; GONÇALVES et al., 2019; GONÇALVES; SCHERER, 2020). Com a (nova) vitória do rentismo internacional e setores conservadores do país é consagrada a constitucionalização de um projeto nacional de austeridade fiscal com a aprovação da Emenda Constitucional n. 95/2016 (JINKINGS, 2016 p. 12; DERMMAN, 2019). A política da austeridade busca cortar investimentos sociais nas mais diversas áreas, sobretudo nas supracitadas Saúde e Seguridade, desestruturando o papel dos Estados na promoção de direitos e inclusão social da população, ao passo em que sabota o efeito multiplicador que os investimentos sociais têm sobre as economias locais (GARCIA, 2019; MORETTI; REGO, 2018; SANTOS; VIEIRA, 2018). Por último, em 2019, tem início o governo Bolsonaro que, diferente do anterior, assume irrestritamente uma agenda de políticas ultraconservadoras e ultra neoliberais que, no campo da gestão do trabalho e da educação na saúde, é indiferente a PNEPS e mantém o foco na degradação do PMM, de

modo que não é possível prever qualquer futuro para essa política ou para a pauta de educação na saúde no MS a partir do atual cenário (BRASIL, 2019a; 2019b; JINKINGS, 2016). Em contraposição a inconstância na esfera federal, desde a sua formulação até os dias atuais, independente do status na estrutura do MS, a PNEPS continuou minimamente atuante no âmbito dos Estados, apesar das dificuldades históricas para plena implementação, a exemplo da retomada do financiamento e das dificuldades administrativas de estados e municípios para execução dos recursos, conforme apontam os achados de Gonçalves e Scherer (2020), Brasil (2018) e França et al. (2016). Assim, às vésperas de um novo ciclo político governamental, que pode consolidar um percurso de desmonte ou possibilitar a retomada de uma política pujante e comprometida com os princípios do SUS, o presente estudo tem por objetivo analisar a institucionalização da PNEPS do Pacto pela Saúde ao contexto de austeridade seletiva instituído pela EC 95/2016, de modo a elucidar como as políticas de austeridade fiscal influenciaram no processo de institucionalização da PNEPS e qual o papel dos atores institucionais para preservação da política nos Estados apesar da pouca prioridade no âmbito federal.

Materiais e Métodos

O desenho proposto consiste em estudo avaliativo, de abordagem qualitativa, do tipo Estudo de Caso, interpretado a partir do referencial teórico da Análise de Implantação com vistas à compreensão/explicação em profundidade, que pretende analisar a PNEPS em seus diferentes ciclos. Contandriopoulos (1997), define a pesquisa avaliativa como um procedimento com finalidade de estabelecer um julgamento *ex-post* de uma intervenção por meio de métodos científicos. Objetivamente, consiste na análise da pertinência, dos fundamentos teóricos, da produtividade, dos efeitos e do rendimento de uma determinada intervenção, bem como das relações existentes entre esta e o contexto no qual é situada. O estudo de caso é uma estratégia de pesquisa empírica sobre um fenômeno que dificilmente pode ser isolado ou dissociado de seu contexto, marcado por variações intra-sistemas que se produzem naturalmente em um determinado meio. Assim, o estudo de caso é particularmente apropriado quando a análise do contexto é centrada nas dinâmicas de interação entre os atores concernidos pela implantação, ou quando se quer efetuar uma análise processual da implantação (CHAMPAGNE et al., 2011; DENIS; CHAMPAGNE, 1997).

Período, Área e Sujeito do Estudo

a) Período: o estudo analisará informações referentes a institucionalização da PNEPS entre 2007 e 2021, a partir do Pacto Pela Saúde (2006) e a Definição de novas diretrizes nacionais para a PNEPS, em 2007, que retoma a condução da política aos Estados e

Municípios. b) **Área e Sujeitos:** Para realização do presente estudo, os atores institucionais foram classificados em dois grupos, a saber:

GRUPO A: Atores que ocuparam espaços nacionais e internacional com expressa atuação relacionada a PNEPS até dezembro de 2021: Unidade Técnica de Capacidades Humanas para a Saúde da OPAS/OMS no Brasil; Câmara Técnica de Gestão do Trabalho e da Educação em Saúde do Conselho Nacional de Secretários Estaduais de Saúde (CONASS); Subgerência de Gestão de Pessoas do Conselho Nacional de Secretarias municipais de Saúde (CONASEMS); e Comissão Intersetorial de Recursos Humanos e Relações de Trabalho do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Os atores serão classificados quanto ao tempo de atuação na respectiva entidade e período mais recente, sendo considerado o ideal os com maior tempo de atuação em período mais recente.

GRUPO B: Atores que atuaram em instâncias diretamente relacionados à implementação da política: Departamento de Gestão da Educação na Saúde da SGTES/MS; Setor responsável pela

PNEPS em uma Secretaria Estadual de Saúde por região do país, a saber: Tocantins; Pernambuco; Mato Grosso; Rio de Janeiro; e Santa Catarina.

Para definição das unidades federativas estaduais estudadas por região do país recorreu-se a análise documental dos planos de EPS, atas de CIES disponíveis; Leis e/ou Decretos Estaduais e Portarias relacionadas a PNEPS nas 27 unidades federativas do país e foram utilizados os seguintes critérios de inclusão:

- i. Existência de setor específico de Educação Permanente em Saúde na Estrutura Organizacional da respectiva Secretaria Estadual da Saúde;
- ii. Ator com maior tempo à frente da pasta de EPS durante o período estudado; iii. Maior disponibilidade por região dos documentos que serão selecionados na etapa documental da pesquisa.

Critério de exclusão: Não aceitar participar da pesquisa e/ou não assinar o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE). Nesse caso será convidado o ator da mesma unidade federativa com tempo de gestão imediatamente inferior.

Instrumentos do Estudo: Pesquisa Documental

A pesquisa documental consiste na busca e análise de dados contidos em documentos que não receberam nenhum tratamento analítico científico, como relatórios, reportagens de jornais, revistas, cartas, filmes, gravações, fotografias e outras (OLIVEIRA, 2007). A análise dos Planos Nacional de Saúde (PNS), dos Planos Estaduais de Saúde (PES) e dos respectivos e equivalentes Relatórios Anuais de Gestão (RAG) buscará informações acerca

da organização da política na esfera federal e nos estados selecionados durante o período estudado; bem como a caracterização das ações relacionadas a PNEPS implementadas.

Documentos estaduais que serão analisados mediante disponibilidade em ambiente virtual público entre 2007 e dezembro de 2021. PNS / PES: 2004-2007; 2008-2011; 2012-2015; 2016-2019; 2020-2023 RAG: 2007 – 2021. PEEPS: 2008 – 2009; 2009 – 2010; 2010 – 2011; 2011 – 2012; 2019 a 2021 (PRO EPS SUS).

A identificação e análise das normativas e ou material técnico (inclusive pareceres e posicionamentos) relativos a PNEPS produzidos Ministério da Saúde; pelo Conselho Nacional de Saúde (CNS); pela Organização Panamericana de Saúde (OPAS); pelo Conselho Nacional de Secretários Estaduais de Saúde (CONASS); e pelo Conselho Nacional de Secretários Municipais de Saúde (CONASEMS). Dessa forma espera-se obter elementos que contribuam para responder aos objetivos específicos *i – Caracterizar a institucionalização da PNEPS em seus diferentes ciclos a partir do Pacto pela Saúde* – a análise dos PNS, PES, PEEPS e RAG, forneceu informações quanto aos objetivos, metas e ações relacionadas a PNEPS; a relação entre as diferentes instâncias de gestão da política; as normativas estabelecidas; e os entes responsáveis pela condução da política; *ii – Analisar comparativamente a conformação de cada ciclo a partir das ações de educação na saúde desenvolvidas por unidade federativa selecionada* – a partir da análise dos RAG espera-se identificar, além da organização, mecanismos e estratégias de efetivação da política. Além de permitir verificar a existência de relações com outras políticas de saúde em nível estadual (saúde mental, saúde da família, materno infantil e etc); e *iv - Caracterizar o papel da OPAS, CNS e CONASS para a PNEPS* – a partir da análise de normativas e produções técnicas dessas entidades espera-se apreender elementos que corroborem para caracterização do papel desempenhado pelas mesmas no cenário nacional da PNEPS.

Instrumentos do Estudo: Entrevista

Recorrer-se-á a realização de entrevistas semiestruturadas, orientadas por um roteiro previamente elaborado com base na revisão de literatura e na pesquisa documental, que buscará informações acerca dos principais fatores e/ou ações determinantes para preservação/fortalecimento da PNEPS nos Estados e no Ministério da Saúde; do papel da OPAS, CONASS e CNS para preservação/fortalecimento da PNEPS nos Estados e no Ministério da Saúde. Para esta etapa, recorrer-se-á plataforma de videoconferência contratada pelo pesquisador para esta finalidade com vistas a garantir a segurança dos dados e dos sujeitos entrevistados, bem como o devido registro audiovisual que possibilite a revisão da entrevista a qualquer momento, bem como a devida de gravação para procedimentos de

análise. Sem desperdiçar, no entanto, eventuais oportunidades de realização presencialmente e, nesse caso, recorrer-se-á ao diário de campo e gravador de voz (MORESI, 2013). Os dados serão submetidos a análise de conteúdo proposta por Bardin (2009), que consiste em um conjunto de técnicas de análise e tratamento das comunicações por meio de procedimentos sistemáticos de descrição das mensagens. Com essa técnica espera-se apreender informações acerca da contribuição de cada entidade por ciclo da PNEPS, corroborando para responder aos objetivos: *i – Caracterizar a institucionalização da PNEPS em seus diferentes ciclos a partir do Pacto pela Saúde; iii – Descrever os principais fatores e/ou ações determinantes para preservação/fortalecimento da PNEPS nos Estados; e iv – Caracterizar o papel da OPAS, CNS, CONASS e CONASEMS para a PNEPS.*

Análise dos Dados

A abordagem teórica utilizada para aprofundamento é a Análise de Implantação de Políticas que, segundo Champagne et al. (2011), se distingue das abordagens descritivas - que visam a documentar o grau de implementação das intervenções - e das análises teóricas da estrutura e do conteúdo das intervenções. Esse tipo de análise contribui para a reflexão sobre os principais desafios que devem ser levados em conta quando se quer reduzir os riscos de fracasso das intervenções que visam à mudança. Quanto ao tipo, optou-se pelo Estudo de Caso, de casos múltiplos com níveis de análise imbricados. O protocolo proposto compreende a análise aprofundada do processo de institucionalização da PNEPS em cinco Estados brasileiros mais a esfera federal. Para tanto, são propostos quatro níveis de análise: a conformação da política na esfera federal em relação ao contexto político; o papel OPAS, CNS e COSEMS para a institucionalização da política; as ações relacionadas à política desenvolvidas no âmbito das SES selecionadas; atuação dos gestores para manutenção da PNEPS no âmbito dos Estados.

Resultados e Discussão

A influência de um determinado contexto sobre uma política ou programa pode produzir diferentes efeitos, seja por um ou vários fatores, a partir de uma interação que pode ser de sinergia ou antagonismo entre tais fatores. Dá-se uma interação positiva quando o efeito de dois ou mais fatores associados é superior à soma dos efeitos individuais desses fatores. Quando um fator é bloqueado ou diminuído na presença de outro, estabelece-se uma interação antagonica (CHAMPAGNE, 1997; CHAMPAGNE et al., 2011). Partindo desse ponto, a análise documental remonta a trajetória da PNEPS e viabilizou a sua caracterização em 4 ciclos a partir dos governos federais, das normas relativas à política, modelos de atenção à saúde vigente e principais focos/estratégia de cada ciclo. Em 2004, com a criação da PNEPS, a EPS é concebida como uma estratégia de formação e desenvolvimento dos

trabalhadores para o SUS”. Nesse momento, segundo ano do primeiro governo Lula, tem início o primeiro ciclo da PNEPS, implementada nacionalmente a partir dos Polos de Educação Permanente em Saúde - espaços de articulação das instituições essenciais à formação de trabalhadores para o SUS – que visavam envolver definitivamente instituições de ensino, principalmente universidades, que deveriam atuar de forma consorciada ou conveniada com as secretarias estaduais ou municipais de saúde para a implementação de programas destinados a formação de pessoal, principalmente da gestão e da saúde da família (BRASIL, 2003; CAMPOS, et al. 2006). Todavia, em que pese a importância desse período, o presente estudo parte de onde delimita-se como o segundo ciclo da PNEPS, marcado pela formalização do Pacto pela Saúde, em 2006, e a consequente redefinição das diretrizes da PNEPS, em 2007. Diferente dos Polos de EPS, o segundo ciclo é marcado pela retomada do protagonismo aos gestores estaduais e municipais do SUS (BRASIL, 2007). O Pacto Pela Saúde define claramente as responsabilidades de cada instância gestora do SUS, estabelece diretrizes para a consolidação da descentralização, da regionalização, do financiamento, da PPI, da regulação, da participação e controle social, do planejamento; e, finalmente, para a Gestão do Trabalho e Educação na Saúde (BRASIL, 2006). Consiste em um processo dinâmico, precedido pela atuação conjunta de vários atores (municípios e estados) que convergem em prol de um processo de rearticulação dos recursos disponíveis a uma região/microrregião de saúde (FLEURY; MALFORT, 2007; STROSCHEIN; ZOCHE, 2012). Ao passo em que regionalização da gestão do SUS é reconhecida como pilar para o planejamento e desenvolvimento de iniciativas qualificadas para o enfrentamento das carências e necessidades do sistema, a PNEPS é visceralmente vinculada às Regiões de Saúde por meio criação de uma nova instância interfederativa interinstitucional – a Comissão Permanente de Integração Ensino-Serviço (CIES) – enquanto uma câmara técnica dos Colegiados Gestores Regionais (CGR)*, exigindo a elaboração dos Planos de Ação Regionais de Educação Permanente em Saúde (PAREPS) vinculados a Planos Estaduais Educação Permanente em Saúde (PEEPS), cujas ações são planejadas e monitoradas pelos instrumentos de planejamento e monitoramento da gestão do SUS. Ademais, esse ciclo é caracterizado pelo maior número de normativas da PNEPS e uma destinação de recursos equivalente. Foram trezentos e setenta milhões de reais, repassados pelo MS, na modalidade fundo a fundo*, entre 2007 e 2011, para implementação e execução da PNEPS através de SES e/ou Regiões de Saúde (BRASIL, 2007, 2008, 2009, 2010, 2011). Um marcador digno de nota para pauta, em 2009, é a instituição dos Projetos de Apoio ao Desenvolvimento Institucional do SUS (PROADI-SUS) como mecanismo alternativo para “entidades de saúde de reconhecida excelência” fazerem jus à certificação de Beneficente, atuando na realização de estudos de avaliação e incorporação de tecnologias; na capacitação de recursos humanos; no desenvolvimento de pesquisas de interesse público em saúde; ou

desenvolvimento de técnicas e operação de gestão em serviços de saúde (BRASIL, 2009; 2014). Constitui-se um dispositivo de formação de trabalhadores que não está necessariamente sustentado no referencial teórico da EPS mas que tem compartilhado o mesmo público alvo, todavia, operacionalizado fora das regras jurídicas atribuídas à gestão pública do SUS, à exemplo da contratação e pagamento de profissionais de referência. O terceiro ciclo tem início no segundo ano do governo Dilma Rousseff, em 2012, ano que demarca o início do desfinanciamento da PNEPS, após cinco anos contínuos (2007-2011), a revelia de qualquer justificativa institucional formal. Ano em que os esforços ministeriais se voltam para o fortalecimento da política de regulação, formação e provimento de médicos, iniciado durante os governos Lula, e culminaram com a criação do Departamento de Planejamento e Regulação da Provisão de Profissionais de Saúde (DEPREPS) na estrutura da SGTES e na instituição do Programa Mais Médicos (PMM), em 2013 (PINTO; CÔRTEZ, 2022; PINTO et al., 2017; BRASIL, 2013a; 2013b). Para além dos grandes polos educacionais, o COAPES formaliza o compromisso entre a gestão do SUS e as IES para o desenvolvimento de atividades educacionais associada ao desenvolvimento regional no enfrentamento dos problemas de saúde locais e a participação ativa da comunidade. Neste sentido, define que cada região de saúde estabelecerá um único COAPES, reunindo todas as IES, programas de residência em saúde e gestores de todas as esferas do SUS envolvidas, estabelecendo as atribuições de todos os envolvidos e ordenando que o contrato seja aprovado nas instâncias deliberativas do SUS (BRASIL, 2015; ZARPELON; TERCENIO; BATISTA, 2018). Aqui ocorre um importante desencontro no âmbito da pauta de educação na saúde no país, quando institui-se o Comitê Gestor Local do COAPES e designa-se à CIES, dispositivos fundamental da PNEPS, condição de eventual espaço de discussão. Ambas são compostas basicamente pelas representações dos mesmos atores institucionais, suscitando o inevitável esvaziamento da CIES, instâncias consultiva de uma política sem qualquer fomento a quase quatro anos, em detrimento da ocupação de um comitê juridicamente responsável pela gestão contratual que, dentre outras questões, regula o acesso de IES a serviços assistenciais mediante contrapartida direta ou indireta. Em última análise, um espaço para captação de recursos para qualificação do SUS. Apesar da ruptura institucional e a incorporação de uma política de austeridade fiscal, para a PNEPS não houveram mudanças significativas quanto a sua estrutura ou fomento, na verdade os movimentos do MS de Michel Temer, em parceria com Conselho Nacional de Secretários Estaduais de Saúde (CONASS), foram no sentido de retomada da implementação e a tentativa atualização das diretrizes da política às premissas do novo governo junto aos Estados que, em contraposição, consideraram as diretrizes suficientes e o momento inadequado para mudanças (BRASIL, 2018; CARDOSO et al., 2017; GONÇALVES et al., 2019; GONÇALVES; SCHERER, 2020). Outro movimento daquele MS, em novembro de 2017, com

vistas ao restabelecimento do processo de implementação da PNEPS, consistiu na instituição do Programa para o Fortalecimento das Práticas de Educação Permanente em Saúde no Sistema Único de Saúde (PRO EPS-SUS), apresentado como medida para recuperação do fluxo de financiamento para estimular, acompanhar e fortalecer a qualificação profissional, por meio de repasses de recursos aos estados e municípios, que, de fato, revelou-se excepcional e sem lastro político compatível com a proposição (BRASIL, 2017; 2018; CARDOSO et al., 2017; GONÇALVES et al., 2019). Por mais incongruente que possa parecer, apesar do golpe jurídico – midiático -parlamentar e a instauração de uma agenda de austeridade para o setor saúde, o período entre 2012 e 2018 constitui um único ciclo para a PNEPS na esfera nacional. É marcado pela pouca expressão da política, a concentração de esforços do MS para questão da provisão de profissionais médicos por meio do PMM e a tentativa falha de instituir o PROFAGS, um Programa direcionado para que instituições privadas ofertassem Formação Técnica em Enfermagem para Agentes Comunitários de Saúde - ACS e Agentes de Combates às Endemias - ACE entre 2018-2019. O quarto e último ciclo tem como marco o início do governo Bolsonaro que, diferente do anterior, assume irrestritamente uma agenda de políticas ultraconservadoras e ultra neoliberais que, dentre outras coisas, buscam minar o modelo de atenção à saúde desde a modalidade de alocação de recursos federais para Atenção Primária à Saúde (APS) instituindo arranjos institucionais frágeis que fortalecem o acesso universal não equânime, ao mesmo tempo que tem como prioridade favorecer o crescimento do capital privado nesse nível de atenção (ANDREAZZI; SANCHO; SCHUTZ, 2021; MENDES; MELO; CARNUT, 2022). Novamente, no campo da gestão do trabalho e da educação na saúde, não é atribuída relevância ao PNEPS e o foco é a degradação do PMM, duramente criticado desde sua proposição, pelo grupo que agora ocupa a SGTES. Outro foco importante é dado às categorias dos Agentes Comunitários de Saúde e dos Agentes de Combate às Endemias, categoria de maior projeção nas camadas sociais mais pobres e que, naquele momento, se posicionam ao lado do governo atraídos pela promessa de conclusão da formação técnica para as categorias (BRASIL, 2019a; 2019b). Lançado pela Portaria GM/MS nº 3.241/2020, o programa o Programa Saúde com Agente é marcado pela fragilidade desde a concepção até a operacionalização, da exclusão das Escolas de Saúde Pública e Escolas Técnicas do SUS da formulação da proposta, passando por uma tentativa descabida de designação da Escola Nacional de Administração Pública (ENAP), até encontrar curso na atuação do Conselho Nacional de Secretarias municipais de Saúde (CONASEMS) enquanto órgão executivo e na Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) enquanto certificadora nacional da formação (BRASIL, 2020; 2021b; REDE DE ESCOLAS TÉCNICAS DO SUS, 2020; GUIMARÃES, 2021). Se o terceiro ciclo é marcado pela prescindibilidade da PNEPS, no quarto ciclo há uma clara cisão com os fundamentos da política e com dispositivos históricos do SUS, a exemplo das Escolas

Técnicas e Escolas de Saúde Pública do SUS, presentes em todos os Estados e no Distrito Federal. Outra pista importante está na Lei Complementar nº 187/2021 que situa dentre as “entidade de saúde com reconhecida excelência” que fazem jus ao PROADI-SUS, entidades da educação (Art. 14. § 3º). Ademais, cabe resgatar que os achados de Gonçalves e Scherer (2020), Brasil (2018), e França et al. (2016), que descrevem as principais dificuldades para implementação da PNEPS no país e evidenciar que nada foi realizado para superação dessas dificuldades, a exemplo da retomada do financiamento e das dificuldades administrativas de estados e municípios para execução dos recursos.

Considerações Finais

Inicialmente observa-se que a análise documental está em vias de conclusão, de modo que não foi possível sistematizar todos os dados em processamento. Todavia, as informações produzidas e sistematizadas até aqui possibilitaram a caracterização de ciclos políticos bastante delimitados e evidencia o precoce sucateamento da PNEPS, mesmo antes do golpe institucional de 2016 e a instauração do contexto de austeridade seletiva. Ao mesmo tempo, sinaliza fraturas da Política de Gestão do Trabalho e da Educação na Saúde e o descompasso entre a pauta da provisão, a educação permanente enquanto uma política estruturante do trabalho em saúde e o trabalho enquanto fenômeno central, essencial à consolidação de um sistema nacional de saúde.

Referências

Andreazzi, Maria de Fátima Siliansky de, Sancho, Leyla Gomes e Schutz, Gabriel Eduardo. Agendas empresariais no sistema de saúde brasileiro, 2016-2019. *Serviço Social & Sociedade* [online]. 2021, n. 142 [Acessado 8 Novembro 2022], pp. 406-426. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/0101-6628.257>>. Epub 13 Set 2021. ISSN 2317-6318. <https://doi.org/10.1590/0101-6628.257>.

BOITO JR., Armando. Os atores e o enredo da crise política. In: JINKINGS, Ivana; DORIA, Kim e CLETO, Murilo. *Por que Gritamos Golpe?: para entender o impeachment e a crise política no Brasil*. São Paulo: Boitempo, 2016. p. 23 – 28. Disponível em: < <https://sintesc.org.br/files/1081/Texto%201%20Porque%20Gritamos%20Golpe.pdf>>. Acesso: mar/2022.

BRASIL. Congresso Nacional. Constituição da República Federativa do Brasil. Promulgada em 05 de outubro de 1988. [documento internet] 1988. Disponível em: < <http://www.planalto.gov.br/legislacao/>>.

_____. Lei no 8.080, de 19 de setembro de 1990. Dispõe sobre as condições para a promoção, proteção e recuperação da saúde, a organização e o funcionamento dos

serviços correspondentes e dá outras providências. [documento internet] 1990a. Disponível em: <<http://portal.saude.gov.br>>.

_____. Lei nº 8.142, de 28 de dezembro de 1990. Dispõe sobre a participação da comunidade na gestão do Sistema Único de Saúde (SUS) e sobre as transferências intergovernamentais de recursos financeiros na área da saúde e dá outras providências. [documento internet] 1990b. Disponível em: <<http://portal.saude.gov.br>>.

_____. Instituto Nacional de Assistência Médica da Previdência Social. Resolução nº 258 de 07 de Janeiro de 1991. Norma Operacional Básica do Sistema Único de Saúde/NOB SUS 01/91. Brasília: 1991. Disponível em: <http://siops.datasus.gov.br/Documentacao/Resolu%C3%A7%C3%A3o%20258_07_01_1991.pdf>.

_____. Instituto Nacional de Assistência Médica da Previdência Social. Portaria nº 234 de 07 de fevereiro de 1992. Norma Operacional Básica do Sistema Único de Saúde/NOB SUS 01/91. Brasília: 1992. Disponível em: <http://siops.datasus.gov.br/Documentacao/Portaria%20234_07_02_1992.pdf>.

_____. Ministério da Saúde. Portaria nº 545 de 20 de maio de 1993. Norma Operacional Básica do Sistema Único de Saúde/NOB SUS 01/93. Brasília: MDS, 1993. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/1993/prt0545_20_05_1993.html>.

_____. Ministério da Saúde. Norma Operacional Básica do Sistema Único de Saúde/NOB SUS 96. Brasília: MDS, 1997. Disponível em: <<http://www.desenvolvimentoqs.ufba.br/sites/desenvolvimentoqs.ufba.br/files/NOB%20-%20SUS%20%2096.pdf>>.

_____. Ministério da Saúde. BRASIL. Norma Operacional da Assistência à Saúde – NOAS SUS 01/2001. Brasília: MDS, 2001. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2001/prt0095_26_01_2001.html>.

_____. Ministério da Saúde. BRASIL. Norma Operacional da Assistência à Saúde 01/2002 – NOAS-SUS 01/02. Brasília: MDS, 2002. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2002/prt0373_27_02_2002.html>

_____. Ministério da Saúde. Conselho Nacional de Saúde. Princípios e Diretrizes para NOB/RH-SUS. 112 p. Série J. Cadernos Técnicos. 2. ed., rev. e atual. – Brasília: 2002. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/principios_diretrizes.pdf>

_____. Decreto nº 4.726, 09 de junho de 2003. Diário Oficial [da república Federativa do Brasil], Brasília, DF, 17 de jun. 2003. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/decreto/2003/D4726.htm>.

_____. Portaria GM/MS no 198/04, de 13 de fevereiro de 2004. Institui a Política Nacional de Educação Permanente em Saúde - como estratégia do Sistema Único de Saúde para a formação e o desenvolvimento de trabalhadores para o setor e dá outras providências. [documento internet] 2004b. Disponível em: <<http://dtr2001.saude.gov.br/sas/PORTARIAS/Port2004/GM/GM-198.htm>>.

_____. Ministério da Saúde. Conselho Nacional de Saúde. Princípios e Diretrizes para NOB/RH-SUS. 98 p. Série J. Cadernos Técnicos. 3. ed., rev. e atual. – Brasília: 2005. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/biblioteca/livros/nob_rh_2005.pdf>

_____. Ministério da Saúde. Secretaria Executiva. Departamento de Apoio à Descentralização. Coordenação-Geral de Apoio à Gestão Descentralizada. Diretrizes operacionais dos Pactos pela Vida, em Defesa do SUS e de Gestão. Série A. Normas e Manuais Técnicos. – Brasília: 2006. 76 p. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/PactosPelaVida_Vol1DiretOperDefesaSUSeGestao.pdf>.

_____. Ministério da Saúde. Portaria GM/MS nº 1.996/07, de 20 de agosto de 2007. Dispõe sobre as diretrizes para a implementação da Política Nacional de Educação Permanente em Saúde. [documento internet] 2007a. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2007/prt1996_20_08_2007.html>.

_____. Ministério da Saúde. Portaria GM/MS nº 2.813, de 20 de novembro de 2008. Define recursos financeiros do Ministério da Saúde para a Política Nacional de Educação Permanente em Saúde, e dá outras providências. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2008/prt2813_20_11_2008.html>.

_____. Ministério da Saúde. Portaria GM/MS nº 2.953, de 25 de novembro de 2009. Define recursos financeiros do Ministério da Saúde para a Política Nacional de Educação Permanente em Saúde, e dá outras providências. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2009/prt2953_25_11_2009.html>.

_____. Ministério da Saúde. Portaria GM/MS nº 4.033, de 17 de dezembro de 2010. Define recursos financeiros do Ministério da Saúde para a Política Nacional de Educação Permanente em Saúde, e dá outras providências. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2010/prt4033_17_12_2010.html>.

_____. Portaria GM/MS nº 4.279, de 30 de dezembro de 2010. Estabelece diretrizes para a organização da Rede de Atenção à Saúde no âmbito do Sistema Único de Saúde (SUS). Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2010/prt4279_30_12_2010.html>.

_____. Decreto nº 7.508, 28 de junho de 2011. Diário Oficial [da República Federativa do Brasil], Brasília, DF, 29 de jun. 2011. Disponível

em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2011/decreto/D7508.htm>. _____ . Ministério da Saúde. Portaria GM/MS nº 2.200, de 14 de setembro de 2011. Define recursos financeiros do Ministério da Saúde para a Política Nacional de Educação Permanente em Saúde, e dá outras providências. Disponível em: <http://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2011/prt2200_14_09_2011.html>. _____ . Conselho Nacional de Secretários Municipais de Saúde (CONASEMS). Reflexões aos novos gestores municipais de saúde 2013-2016. Brasília: 2014. Disponível em: < <http://164.41.147.224/conasems/portal25/Publicacoes/publicacoes/reflexoes-aos-novos-gestores-municipais-de-saude.pdf>>.

Cardoso, Maria Lúcia de Macedo et al. A Política Nacional de Educação Permanente em Saúde nas Escolas de Saúde Pública: reflexões a partir da prática. *Ciência & Saúde Coletiva* [online]. 2017, v. 22, n. 5 [Acessado 8 Novembro 2022] , pp. 1489-1500. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1413-81232017225.33222016>>. ISSN 1678-4561. <https://doi.org/10.1590/1413-81232017225.33222016>.

CHAMPAGNE, André-Pierre et al. Análise da implantação In Astrid Brousselle, François Champagne; André-Pierre Contandriopoulos e Zulmira Hartz (Org.) (2011) A avaliação: conceitos e métodos. Rio de Janeiro : Editora Fiocruz, 2011. p.

CONTANDRIOPOULOS, A. P.; CHAMPAGNE, F.; DENIS, J. L. & PINEAULT, R., 1997. A avaliação na área de saúde: Conceitos e métodos. In: Avaliação em Saúde: Dos Modelos Conceituais à Prática na Análise da Implantação de Programas (Z. M. A. Hartz, org.), pp. 29- 47, Rio de Janeiro: Editora Fiocruz.

DENIS; CHAMPAGNE, 1997;

DERMMAN, R. D. A agenda (des)constituente do golpe de 2016: um estudo das ameaças da Emenda Constitucional n. 95/2016 ao direito à saúde. (Dissertação). São Paulo, Brasil: FLACSO Sede Brasil, 2019. Disponível em: <https://repositorio.flacsoandes.edu.ec/handle/10469/16683>. Acesso em: jun/2022.

FLEURY, S.; OUVÉREY, A. M. Política de Saúde: Uma Política Social. In Giovanella L., Escorel S., Vasconcelos Costa Lobato L., De Noronha J., Carvalho A. (Eds.), Políticas e sistema de saúde no Brasil. Rio de Janeiro: SciELO – Editora FIOCRUZ. 2 ed. p. 25-58. 2008.

GARCIA, P. A. ANÁLISE CRÍTICA DO ANO DE 2016 E AS CONSEQUÊNCIAS PARA A SAÚDE PÚBLICA DO BRASIL. 2019; Disponível em: https://uniesp.edu.br/sites/_biblioteca/revistas/20190718164740.pdf. Acesso em abr/2022.

Gonçalves, Cláudia Brandão et al. A retomada do processo de implementação da Política Nacional de Educação Permanente em Saúde no Brasil. *Saúde em Debate* [online]. 2019, v. 43, n. spe1 [Acessado 8 Novembro 2022] , pp. 12-23. Disponível

em: <<https://doi.org/10.1590/0103-11042019S101>>. Epub 16 Set 2019. ISSN 2358-2898. <https://doi.org/10.1590/0103-11042019S101>.

GUIMARÃES, Cátia. Programa Saúde com Agente divide opiniões e expectativas. ESCOLA POLITÉCNICA DE SAÚDE JOAQUIM VENÂNCIO, Rio de Janeiro, 05, julho de 2021. Disponível

em: <<https://www.google.com/search?q=como+citar+reportagem+abnt&oq=COMO+CITAR+RE>

PORTAGEM+&aqs=chrome.2.69i57j0i512l9.8161j0j7&sourceid=chrome&ie=UTF-8>.

JINKINGS, Ivana; DORIA, Kim e CLETO, Murilo. *Por que Gritamos Golpe?: para entender o impeachment e a crise política no Brasil*. São Paulo: Boitempo, 2016. p. 23 – 28.

Disponível em: <<https://sintesc.org.br/files/1081/Texto%201%20Porque%20Gritamos%20Golpe.pdf>>. Acesso: mar/2022.

LÖWY, Michael. *Da tragédia à farsa: o golpe de 2016 no Brasil*. In: JINKINGS, Ivana; DORIA, Kim e CLETO, Murilo. *Por que Gritamos Golpe?: para entender o impeachment e a crise política no Brasil*. São Paulo: Boitempo, 2016.

Mendes, Áquilas, Melo, Mariana Alves e Carnut, Leonardo Análise crítica sobre a implantação do novo modelo de alocação dos recursos federais para atenção primária à saúde: operacionalismo e improvisos. Cadernos de Saúde Pública [online]. 2022, v. 38, n. 2 [Acessado 8 Novembro 2022] , e00164621. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/0102-311X00164621>>. Epub 11 Fev 2022. ISSN 1678-4464. <https://doi.org/10.1590/0102-311X00164621>.

MORETTI, B; REGO, A. P. M. Orçamento e saúde pública em tempos de austeridade. v. 1 n. 1 (2018): Anais do Encontro Internacional e Nacional de Política Social. 2018. Disponível em: <<https://periodicos.ufes.br/einps/article/view/20014>> Acesso em abr/2022. OLIVEIRA, M. M. Como fazer pesquisa qualitativa. Petrópolis: Vozes, 2007.

PAIM, Jairnilson Silva. *Sistema Único de Saúde (SUS) aos 30 anos*. Ciênc. saúde coletiva [online]. 2018, vol.23, n.6. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1413-81232018000601723&lng=pt&nrm=iso>. Acesso em 19 ago. 2018.

Pinto, Hêider Aurélio et al. Programa Mais Médicos: avaliando a implantação do Eixo Provimento de 2013 a 2015. Interface - Comunicação, Saúde, Educação [online]. 2017, v. 21, n. Supl 1 [Acessado 8 Novembro 2022] , pp. 1087-1101. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1807-57622016.0520>>. Epub 21 Ago 2017. ISSN 1807-5762. <https://doi.org/10.1590/1807-57622016.0520>.

Pinto, Hêider Aurélio e Côrtes, Soraya Maria Vargas Tendência à estabilidade institucional: regulação, formação e provimento de médicos no Brasil durante o governo Lula. *Ciência & Saúde Coletiva* [online]. 2022, v. 27, n. 7 [Acessado 8 Novembro 2022] , pp. 2531-2541. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1413-81232022277.18332021>>. Epub 17 Jun 2022. ISSN 1678- 4561. <https://doi.org/10.1590/1413-81232022277.18332021>.

PINTO, I. C. M; VIEIRA-DA-SILVA, L. M.; BAPTISTA, T. V. F. Ciclo de uma política pública de saúde: problematização, construção da agenda, Institucionalização, formulação, implementação e avaliação. In: PAIM, J; ALMEIDA FILHO, N (Org.). *Saúde Coletiva: teoria e prática*. Rio de Janeiro: Medbook, 2014. p. 69-81.

REDE DE ESCOLAS TÉCNICAS DO SUS, 2020. https://www.epsv.fiocruz.br/sites/default/files/files/2020_Manifesta%C3%A7%C3%A3o%20OT%C3%A9cnica%20Programa%20Sa%C3%BAde%20com%20Agente.pdf Rossi, Pedro e Dweck, Esther Impactos do novo regime fiscal na saúde e educação. *Cadernos de Saúde Pública* [online]. 2016, v. 32, n. 12 [Acessado 8 Novembro 2022] , e00194316. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/0102-311X00194316>>. Epub 15 Dez 2016. ISSN 1678-4464. <https://doi.org/10.1590/0102-311X00194316>.

Santos, Isabela Soares e Vieira, Fabiola Sulpino. Direito à saúde e austeridade fiscal: o caso brasileiro em perspectiva internacional. *Ciência & Saúde Coletiva* [online]. 2018, v. 23, n. 7 [Acessado 8 Novembro 2022] , pp. 2303-2314. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1413-81232018237.09192018>>. ISSN 1678-4561. <https://doi.org/10.1590/1413-81232018237.09192018>.

Silva, Cláudia Brandão Gonçalves e Scherer, Magda Duarte dos Anjos A implementação da Política Nacional de Educação Permanente em Saúde na visão de atores que a constroem. *Interface - Comunicação, Saúde, Educação* [online]. 2020, v. 24 [Acessado 8 Novembro 2022] , e190840. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/Interface.190840>>. Epub 19 Jun 2020. ISSN 1807-5762. <https://doi.org/10.1590/Interface.190840>.

SKKINER, M. PREVIDÊNCIA, DE DIREITO SOCIAL À MERCADORIA. In: Gustavo Teixeira Ramos et al. (coords.). *O golpe de 2016 e a reforma da previdência: narrativas de resistência*. Bauru: Canal 6, 2017. p. 323 – 328.

Stroschein, Karina Amadori e Zocche, Denise Antunes Azambuja Educação permanente nos serviços de saúde: um estudo sobre as experiências realizadas no Brasil. *Trabalho, Educação e Saúde* [online]. 2011, v. 9, n. 3 [Acessado 8 Novembro 2022] , pp. 505-519. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1981-77462011000300009>>. Epub 13 Dez 2011. ISSN 1981-7746. <https://doi.org/10.1590/S1981-77462011000300009>.

VIEIRA-DA-SILVA, L. M. Conceitos, abordagens e estratégias para a avaliação em saúde. In: HARTZ, Z. M. A.; VIEIRA-DA-SILVA, L. M. Avaliação em Saúde: dos modelos teóricos à prática na avaliação de programas e sistemas de saúde. Salvador: EDUFBA; Rio de Janeiro: FIOCRUZ, 2005. p. 15-39.

Zarpelon, Luís Fernando Boff, Terencio, Maria Leandra e Batista, Nildo Alves Integração ensino-serviço no contexto das escolas médicas brasileiras: revisão integrativa. *Ciência & Saúde Coletiva* [online]. 2018, v. 23, n. 12 [Acessado 8 Novembro 2022], pp. 4241-4248. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1413-812320182312.32132016>>. ISSN 1678-4561. <https://doi.org/10.1590/1413-812320182312.32132016>.

ANÁLISE DO IMPACTO DA PANDEMIA POR COVID-19 NA TUBERCULOSE NO ESTADO DE PERNAMBUCO, NO PERÍODO DE 2018 A 2021: UMA ABORDAGEM NO TEMPO E NO ESPAÇO

NEVES, Mirlene Giovanna Aragão Baía¹; SCHINDLER, Haiana Charifker²; OLIVEIRA, André Luiz Sá³.

¹ Filição: Instituto Aggeu Magalhães, Mestrado Acadêmico em Saúde Pública

RESUMO. Identificado inicialmente em Wuhan, na China, o SARS-CoV-2 caracteriza-se como um vírus de alta transmissibilidade, sendo declarado como Pandemia em 11 de março de 2020, pela Organização Mundial da Saúde. Diante das mudanças na rotina de acompanhamento dos demais agravos, a exemplo da Tuberculose, em consequência da pandemia da COVID-19, o presente estudo tem como objetivo analisar o impacto da pandemia por COVID-19 na Tuberculose em Pernambuco no período de 2018 a 2021. Trata-se de um estudo ecológico, realizado no estado de Pernambuco, com população de estudo composta por casos confirmados de Tuberculose entre os anos de 2018 e 2021, além de casos confirmados para COVID-19 no período de 2020 e 2021. Serão analisados os indicadores de monitoramento da Tuberculose durante o período pré-pandêmico e também durante a pandemia, considerando variáveis socioeconômicas, além de variáveis diretamente relacionadas aos sinais e sintomas, variáveis laboratoriais e monitoramento do agravo. Ao final do estudo, é esperado que possamos compreender como se deu o comportamento dos indicadores de Tuberculose no estado de PE, durante a pandemia e se o período pandêmico interferiu ou não nestes indicadores.

Palavras-chave: tuberculose, covid-19, análise espacial, revisão integrativa, indicadores.

Introdução

Em detrimento da característica de alta transmissibilidade do SARS-CoV-2, o vírus se espalhou rapidamente, atingindo diversos países, levando a Organização Mundial de Saúde a declarar pandemia por COVID-19 em 11 de março de 2020. No Brasil, o primeiro caso foi identificado em 26 de fevereiro de 2020, em São Paulo, em um homem de 61 anos com histórico de viagem para a Itália. Desde o início da pandemia no país, a força de trabalho de diversos setores da saúde foram redirecionados para o enfrentamento do cenário pandêmico. Em 2006 o Brasil iniciou uma discussão sobre a situação das doenças negligenciadas no país, promovendo a primeira Oficina de prioridades em Doenças Negligenciadas, sendo escolhidas a partir de critérios epidemiológicos e sociodemográficos,

sete doenças, dentre elas a Tuberculose (TB). A Tuberculose trata-se de uma doença infecciosa e transmissível, causada pelo *Mycobacterium tuberculosis*, que afeta prioritariamente os pulmões, embora possa acometer outros órgãos e sistemas” (MS, 2019). Teixeira et al. (2020) afirmaram que apesar da tendência de decréscimo no número de casos de Tuberculose no Recife, ainda existem muitos desafios a serem enfrentados. Diante das mudanças na rotina de acompanhamento dos demais agravos, em consequência da pandemia da COVID-19, é de extrema importância analisar como se deu o monitoramento e acompanhamento dos casos de tuberculose, identificando os impactos causados pela pandemia nos indicadores deste agravo. Logo, o objetivo dessa proposta de estudo é analisar o impacto da pandemia por COVID-19 no comportamento da Tuberculose no município de Recife, Pernambuco.

Materiais e Métodos

Este estudo trata-se de um estudo ecológico, onde a ocorrência da doença ou condição relacionada à saúde é comparada à exposição de interesse entre agregados de indivíduos, a fim de verificar a possibilidade de associação entre elas. Nesse tipo de estudo as medidas de análise são representadas por grupos populacionais, não apenas o indivíduo (BARRETO E COSTA, 2003). O estudo também propõe-se a analisar os dados espacialmente, permitindo o georreferenciamento dos casos de COVID-19 e Tuberculose no estado de Pernambuco. Serão considerados como população do estudo, casos confirmados de Tuberculose entre os anos de 2018 e 2021, além de casos confirmados para COVID-19 no período de 2020 e 2021, em Pernambuco. A coleta de dados se dará através de busca de pacientes diagnosticados com Tuberculose e COVID-19, nos bancos de dados do Sistema de Informação de Agravos de Notificação - SINAN, na Secretaria Municipal de Saúde do Recife, no período de 2018 a 2021 e dos bancos do E-sus Notifica e Notifica PE, nos anos de 2020 e 2021. Os dados serão tabulados e analisados no Programa Excel for Windows. Na análise estatísticas serão apresentadas as distribuições de frequências e os percentuais no que se refere a descrição das características clínico-epidemiológicas dos casos. A pesquisa atenderá a todos os preceitos éticos estabelecidos pela Resolução 466/12 do Conselho Nacional de Saúde (CNS), incluído a anuência da Secretaria Estadual de Saúde do Estado de Pernambuco, a fim de preservar a legitimidade, privacidade e sigilo das informações.

Resultados e Discussão

No momento, o estudo está em fase final de conclusão do projeto, com previsão para qualificação ainda em dezembro de 2022.

Referências

1. Filho, N. A.; Barreto, M. L. Epidemiologia e saúde: Fundamentos, métodos, aplicações. 1. Ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2011.
2. Dantas, Matheus Medeiros, et al. "Perfil Epidemiológico dos casos de Tuberculose e Hanseníase no Estado da Paraíba". Journal of Medicine and Health Promotion. 2020; 5(4):122-133.
3. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Secretaria de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Desenvolvimento da Epidemiologia em Serviços. Guia de Vigilância em Saúde : volume único [recurso eletrônico] / Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Coordenação-Geral de Desenvolvimento da Epidemiologia em Serviços. – 3ª. ed. – Brasília : Ministério da Saúde, 2019.
4. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Boletim Epidemiológico da Tuberculose, 2021. Brasília –DF.
5. Nery, Joilda Silva. Efeitos do Programa Bolsa Família e da Estratégia de Saúde da Família em doenças infecciosas relacionadas à pobreza: tuberculose e hanseníase / Joilda Silva Nery. -- Salvador: J. S. Nery, 2016.
6. Organização Pan-Americana de Saúde. OMS lança plano de 10 anos para acabar com sofrimento causado por doenças tropicais negligenciadas. 2020. Disponível em: <<https://www.paho.org/pt/noticias/29-1-2021-oms-lanca-plano-10-anos-para-acabar-cmsufrimento-causado-por-doencas-tropicais>>. Acesso em: 03 de julho de 2021.

ANSIEDADE E DEPRESSÃO EM PROFISSIONAIS DE SAÚDE DA ATENÇÃO PRIMÁRIA QUE PRESTAM ATENDIMENTO A PACIENTES SUSPEITOS OU CONFIRMADOS PARA COVID-19 EM UM MUNICÍPIO DE PERNAMBUCO

BARROS, Jennifer Maiara da Silva Barros¹; GURGEL, Aline do Monte²; SOUSA, Fabiana de Oliveira Silva

¹ Instituto Aggeu Magalhães- Fiocruz, Departamento de Saúde Coletiva, LASAT;

² Instituto Aggeu Magalhães- Fiocruz, Departamento de Saúde Coletiva, LASAT;

³ Universidade Federal de Pernambuco - CAV, Departamento de Saúde Coletiva;

RESUMO. Ao final do ano de 2019, um novo coronavírus foi identificado. Se alastrando rapidamente causou grande colapso sanitário resultando em um estado de pandemia. Diante desse contexto cabe um olhar perante o trabalho em saúde, que tornou-se locus das respostas às demandas e consequências imediatas da pandemia. O objeto deste estudo são os trabalhadores da Atenção Primária à Saúde-APS, pois tiveram papel importante na resposta global a doença. Tem como objetivo avaliar a ocorrência de ansiedade e depressão entre profissionais de saúde que trabalham na APS e atendem pacientes suspeitos ou confirmados para Covid-19 em um município do estado de Pernambuco. Realizar-se-á um estudo descritivo, quantitativo e de corte transversal. Serão aplicados 3 questionários. Um sobre o perfil sociodemográfico e duas escalas quanto aos riscos para ansiedade e depressão. Os questionários são autoaplicados e estão sendo executados com trabalhadores de 36 unidades de saúde e 05 Núcleos Ampliados de Saúde da Família. No que tange aos resultados parciais da pesquisa: encontra-se em coleta de dados e chegou a 64.4 % do universo pretendido.

Palavras-chave: Saúde do trabalhador; Saúde Mental; Ansiedade; Depressão; Covid-19

Introdução

Ao final do ano de 2019, um novo coronavírus foi identificado como causa de um surto de pneumonia na cidade de Wuhan. Em fevereiro de 2020 foi registrado o primeiro caso de infecção no Brasil. No dia 11 de março de 2020 foi declarado estado de pandemia. Diante desse contexto, o trabalho em saúde tornou-se locus das respostas às demandas e consequências imediatas da pandemia da Covid-19. No Brasil defende-se que o trabalho em saúde deve pautar-se pelo ato de cuidar da vida e do outro. E, dessa forma, tomar como seu objeto central o mundo das necessidades de saúde dos usuários individuais e coletivos (PEREIRA; LIMA, 2008). Durante surtos e epidemias, o trabalho em saúde realizado na Atenção Primária à Saúde - APS também tem papel importante. Na resposta global à Covid-19 a APS ofertou atendimento resolutivo, além de manter a longitudinalidade e a

coordenação do cuidado em todos os níveis de atenção à saúde, com grande potencial de reconhecimento precoce de casos graves que devem ser manejados em serviços especializados (BRASIL, 2020). Percebe-se como o trabalho na APS tem papel fundamental no enfrentamento a emergências em saúde pública, como pandemias. Como afirma Souza et al. (2021) ser trabalhador(a) em atividade avaliada como essencial, estar na linha de frente do cuidado e/ou pertencer a grupo de maior exposição ao novo coronavírus é preditor de contaminação e de sofrimento psíquico/transtorno mental. Diante disso, este estudo tem como objetivo avaliar a ocorrência de ansiedade e depressão entre profissionais de saúde que trabalham na APS e atendem pacientes suspeitos ou confirmados para Covid-19.

Materiais e Métodos

Será realizado um estudo descritivo, quantitativo e de corte transversal, que envolve a quantificação de fenômenos dentro de um determinado período de tempo. O estudo será realizado no município de Vitória de Santo Antão-PE em 36 unidades de Saúde da Família, no período de abril a novembro de 2022. Serão avaliados os profissionais que trabalham na APS que prestam atendimento a pacientes suspeitos ou confirmados para a Covid-19. Farão parte do estudo todos os trabalhadores (universo) que integram as Equipes de saúde da família e Núcleo Ampliado de Saúde da Família- NASF-AB. O universo é constituído por 503 profissionais de acordo com dados do Cnes. Como critério de elegibilidade: trabalhadores que estão desenvolvendo suas atividades por ao menos seis (6) meses após o registro do primeiro caso de Covid-19 no município e que não tenham tido férias no mês anterior ao da coleta por período superior a 30 dias, como critério de exclusão: trabalhadores que estiverem de férias ou de licença no período da coleta. Para coleta dos dados serão aplicados três questionários. Todos os instrumentos são autoaplicados em formato virtual (*google forms*) e impresso. O primeiro questionário utilizado será para caracterização do perfil sociodemográfico e o segundo e terceiro escalas que indiquem os riscos para Transtorno de ansiedade generalizada (GAD 7), e Depressão maior: *Patient Health Questionnaire-9* (PHQ-9). Para execução da coleta de dados, foi realizada exposição do estudo em 2 reuniões do Colegiado da APS, reunião de equipe e capacitação, que contou com a presença de trabalhadores da APS, onde foi possível explanar o objetivo da pesquisa, criar multiplicadores e aplicar questionários impressos. Também foi enviado para todas as unidades de saúde questionários impressos elegendo um profissional da unidade de referência para recolhimento dos questionários, e disparado o envio dos questionários virtuais (*google forms*) *via Whatsapp* para grupos de trabalho, através da Coordenação da APS, Coordenação do NASF-AB, Apoiaadores território e Coordenação da Vigilância Ambiental. No que tange a análise de dados, a frequência de cada sintoma nas escalas é avaliada a partir da ocorrência nas últimas duas semanas em uma escala Likert de 0 a 3, tanto para GAD-7, quanto para

PHQ-9. Os dados serão analisados no programa SPSS e planilhas do Excel e explicados por meio de análise estatística. O estudo será realizado atendendo às recomendações constantes na Resolução do Conselho Nacional de Saúde/CNS no 466/2012. Para tanto, foi submetido ao comitê de ética do IAM- Fiocruz e obteve anuência da Secretaria Municipal de Saúde.

Resultados e Discussão

Como dados parciais do desenvolvimento da pesquisa, que está em seu processo de coleta, foi realizado a sistematização dos dados coletados em planilhas do Excel, tanto dos formulários impressos, quanto dos formulários virtuais, alcançando até o momento 324 questionários, o que representa um percentual de 64,4% em relação ao universo estabelecido.

Considerações Finais

Trabalhar com pacientes suspeitos e/ou confirmados para Covid-19 foi uma situação de elevado estresse e com grande sobrecarga física e emocional. Portanto, caso se repita o padrão observado em outros estudos, é provável que encontremos profissionais ainda mais sobrecarregados refletindo no grau de estresse no trabalho e nos casos de ansiedade e depressão.

Referências

- BRASIL. Ministério da Saúde. Protocolo De Manejo Clínico do coronavírus (COVID-19) na atenção primária à Saúde** Brasília: MS. 2020 (versão 07). Disponível em: <https://saude.rs.gov.br/upload/arquivos/202004/14140606-4-ms-protocolomanejo-aps-ver07abril.pdf>. Acesso em: 17 Jun. 2021
- PEREIRA, I.B.; LIMA, J. C. F. **Dicionário da Educação Profissional em Saúde**. 2. ed. Rio de Janeiro: Epsjv, 2008.
- SOUZA, S. F. de et al. Saúde Mental e trabalho no contexto da pandemia por COVID-19: proposta para vigilância em saúde. **Revista Baiana de Saúde Pública**, v.45, n.1 p. 125-139, abr. 2021. Disponível em: <https://rbsp.sesab.ba.gov.br/index.php/rbsp/article/view/3242/2779>. Acesso em: 17 jun. 2021

ASSOCIAÇÃO ENTRE OS SINTOMAS E OS DESFECHOS DOS CASOS GRAVES DA COVID-19, NO ESTADO DE PERNAMBUCO

AMARAL, Nathália Alves Castro¹; QUININO, Louisiana Regadas de Macedo²

¹ Instituto Aggeu Magalhães - Fundação Oswaldo Cruz/PE

RESUMO. Em dezembro de 2019, a cidade de Wuhan na China identificou uma doença de infecção viral com evolução considerada abrupta e causada por um novo coronavírus (SARS-CoV-2) pertencente à família *Coronaviridae* e que provoca a doença respiratória denominada COVID-19. Desde sua detecção a doença viral vem se difundindo para os continentes, e a Organização Mundial da Saúde (OMS) definiu-a como uma Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional. Segundo a OMS, 80% dos pacientes com COVID-19 apresentam sintomas leves e sem complicações, 15% evoluem para hospitalização que necessita de oxigenoterapia e 5% precisam ser atendidos em unidade de terapia intensiva. O trabalho proposto visa compreender o comportamento dos sintomas entre os pacientes graves com Covid-19 e seus respectivos desfechos. A base de dados analisada é pública e foi divulgada no site do SEPLAG-PE, a mesma tem em sua composição variáveis relacionadas aos sintomas apresentados pelos pacientes diagnosticados com Covid-19, no estado de Pernambuco, entre as datas de 13/03/2020 a 30/06/2022. Para alcançar os objetivos delineados, testes estatísticos serão realizados para avaliar a independência entre as variáveis Tipos de Desfecho (Recuperado ou Óbito) versus grupos com os sintomas que mais obtiveram frequência entre os pacientes avaliados.

Palavras-chave: Coronavírus. Infecções por Coronavírus. Síndrome Respiratória Aguda Grave.

Introdução

Em dezembro de 2019, a cidade de Wuhan na China identificou uma doença de infecção viral com evolução considerada abrupta em trabalhadores de um mercado de alimentos e animais, causada por um novo coronavírus (SARS-CoV-2). Esta possui origem zoonótica e semelhante aos vírus responsáveis pela Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e pela Síndrome Respiratória no Oriente Médio (MERS), o mesmo pertencente à família *Coronaviridae* e provoca a doença respiratória denominada COVID-19. Desde sua detecção a COVID-19 vem se difundindo para os continentes, e a Organização Mundial da Saúde (OMS) definiu-a como uma Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII) – ver mais alguma coisa sobre pandemia/ marcos/ onde primeiros casos foram identificados no mundo e no Brasil. Segundo a OMS, 80% dos pacientes com COVID-19 apresentam sintomas leves e sem complicações, 15% evoluem para hospitalização que necessita de oxigenoterapia e 5% precisam ser atendidos em unidade de terapia intensiva

(UTI). Os impactos dessa doença foram percebidos tanto no setor saúde quanto na economia mundial. A base de dados analisada é composta por variáveis relacionadas aos sintomas apresentados pelos pacientes diagnosticados com Covid-19, no estado de Pernambuco, entre as datas de 13/03/2020 a 30/06/2022. O trabalho proposto visa compreender o comportamento dos sintomas entre os pacientes graves com COVID-19 e seus respectivos desfechos. Para alcançar os objetivos delineados testes estatísticos serão realizados para avaliar a independência entre as variáveis *Tipos de Desfecho (Recuperado ou Óbito)* versus *grupos com os sintomas que mais obtiveram frequência entre os pacientes avaliados*. Desta forma, o objetivo geral busca avaliar a associação entre os sintomas e os desfechos dos casos graves da Covid-19, no estado de Pernambuco.

Material e Métodos

Desenho do estudo. Trata-se de um estudo ecológico observacional, com componentes descritivos e analíticos, utilizando bases de dados secundárias, visando avaliar a associação entre os sintomas e os desfechos dos casos graves da Covid-19, no estado de Pernambuco.

Local do estudo. O estudo abrangerá o estado de Pernambuco, o sétimo mais populoso do país, com 9.674.793 habitantes, o que corresponde a 4,5% da população brasileira, distribuídos em 185 municípios. Possui área territorial de 98.067.880 km² e a sexta maior densidade demográfica do Brasil, com 89,63 habitantes por km² (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, 2021). **População e período do estudo.** O estudo compreenderá todos os registros referentes aos casos graves da Covid-19, disponibilizados no site da SEPLAG-PE, entre o período de 13/03/2020 a 30/06/2022. **Critérios de elegibilidade.** Serão selecionados os casos graves da Covid-19, ou seja, os que apresentem Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG). Sendo assim, os indivíduos estudados devem ter enquadramento inicial de Síndrome Gripal (SG) com quadro respiratório agudo, caracterizado por pelo menos dois dos seguintes sinais e sintomas: febre (mesmo que referida), calafrios, dor de garganta, dor de cabeça, tosse, coriza, distúrbios olfativos ou distúrbios gustativos, além de apresentarem dispneia/desconforto respiratório OU pressão ou dor persistente no tórax OU saturação de O² menor que 95% em ar ambiente OU coloração azulada (cianose) dos lábios ou rosto. **Fonte de dados.** Os dados serão coletados do site da SEPLAG-PE, disponíveis publicamente. **Variáveis.** Raça/cor, sexo, faixa etária, desfecho e sintomas. **Análise estatística.** A análise será pautada em teste de independência entre as variáveis com o Teste Qui Quadrado e uma Regressão Logística, objetivando elencar qual grupo tem mais risco de morrer de Covid-19. **1. Teste Qui-Quadrado.** É o teste não paramétrico mais comum para teste associação/independência entre variáveis categóricas, o mesmo visa apresentar o quanto os valores esperados se desviam dos valores observados, tendo como princípio básico a comparação de proporções. Dessa forma podemos concluir se

os grupos se comportam de forma semelhante ou não. **2. Regressão Logística.** Os modelos de regressão logística ordinal vêm sendo aplicados nos últimos anos na análise de dados cuja resposta ou desfecho é apresentado em categorias com ordenação. A informação ordenada, na forma de escore, tem sido cada vez mais utilizada em estudos epidemiológicos, tais como, qualidade de vida em escalas intervalares, indicadores de condição de saúde e mesmo de gravidade das doenças. Estes modelos, dependendo do delineamento do estudo, permitem também calcular a estatística Odds Ratio (OR) ou a probabilidade de ocorrência de um evento.⁵ **Aspectos éticos.** Para este estudo será utilizada uma base de dados secundária, disponibilizada publicamente, através do site da SEPLAG-PE. Dessa forma, não será necessária a submissão e aprovação deste projeto ao Comitê de Ética e Pesquisa.

Resultados e Discussão

A base de dados foi selecionada de acordo com os critérios de elegibilidade.

Considerações Finais

A qualificação do Projeto de Mestrado está prevista para acontecer em 16/12/2021.

Referências

- FRATER, John L.; ZINI, Gina; D'ONOFRIO, Giuseppe; ROGERS, Heesun J.. COVID-19 and the clinical hematology laboratory. *International Journal Of Laboratory Hematology*, [S.L.], v. 42, n. 1, p. 11-18, jun. 2020. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/ijlh.13229>.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION. Oxygen sources and distribution for COVID-19 treatment centres. Geneva: World Health Organization, 2020. 6 p. Disponível em: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/331746>. Acesso em: 26 out. 2022.
- Marinelli, N. P., Albuquerque, L. P. de A., Sousa, I. D. B. de, Batista, F. M. de A., Mascarenhas, M. D. M., & Rodrigues, M. T. P. (2020). Evolução de indicadores e capacidade de atendimento no início da epidemia de COVID-19 no Nordeste do Brasil, 2020. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 29(3). <https://doi.org/10.5123/S1679-49742020000300008>
- SOUSA, Sidcleide Barbosa de. Análise de associação em dados relativos ao acompanhamento do crescimento infantil no município de Queimadas-PB. 2012. 33 f. TCC (Graduação) - Curso de Bacharelado em Estatística, Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande, 2012.
- ABREU, Mery Natali Silva; SIQUEIRA, Arminda Lucia; CAIAFFA, Waleska Teixeira. Regressão logística ordinal em estudos epidemiológicos. *Revista de Saúde Pública*, [S.L.], v. 43, n. 1, p. 183- 194, fev. 2009. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0034-89102009000100025>.

AVALIAÇÃO DO IMPACTO DA PANDEMIA DA COVID-19 NA QUALIDADE DE VIDA DOS INDIVÍDUOS COM DOENÇA FALCIFORME ATENDIDOS EM UM HEMOCENTRO DE REFERÊNCIA

RAMOS, Ana Cláudia Claudino Silva¹

¹ Discente do Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública – Mestrado Acadêmico IAM/FIOCRUZ

RESUMO. A pandemia da síndrome respiratória aguda grave (SRAG) causada pela infecção por coronavírus 2 (SARS-CoV-2) varreu o mundo e se tornou uma grande crise de saúde pública. Durante a situação pandêmica, os pacientes com doença falciforme foram incluídos na categoria de “alto risco” de complicações da população. O objetivo deste estudo é avaliar o impacto da pandemia da COVID-19 na qualidade de vida dos indivíduos com doença falciforme atendidos em um Hemocentro de referência. Trata-se de um estudo transversal, exploratório, com análise retrospectiva e abordagem mista (estudo quantitativo e qualitativo). Os instrumentos utilizados para a coleta de dados consistem em formulários que visam identificar e entender rapidamente o impacto da COVID 19 em pacientes com doença falciforme e que valoriza a percepção individual da pessoa, podendo avaliar qualidade de vida em diversos grupos e situações. A análise dos dados quantitativos se dará em planilhas do programa Microsoft® Office Excel versão 2019, e após sua compilação, serão apresentados por meio de tabelas e gráficos. Já, os dados qualitativos serão avaliados por meio da análise de conteúdo comparando com o que a literatura descreve. Os resultados esperados consistem em conhecer o grau de impacto da pandemia da COVID-19 em indivíduos com doença falciforme.

Palavras-chave: “Anemia Falciforme” / “Anemia, Sckile Cell” / “Anemia de Células Falciformes”; “Covid 19”; “Perfil de Impacto da Doença” / “Sickness Impact Profile” / “Perfil de Impacto de Enfermedad”.

Introdução

A COVID-19 é uma doença provocada pelo novo coronavírus desenvolvendo-se como uma virose leve em 80% dos casos, apresentando-se com sintomas gripais inespecíficos que inclui febre, mialgia, tosse seca, dor de garganta, congestão nasal e cefaléia (OMS, 2020). Contudo, importa dizer que, em 20% dos casos, os pacientes desenvolvem manifestações de disfunção pulmonar na forma de pneumonia intersticial grave, síndrome respiratória aguda, sepse e choque séptico (Gustin et al. 2020). A pandemia da síndrome respiratória aguda grave (SRAG) causada pela infecção por coronavírus 2 (SARS-CoV-2) varreu o mundo e se tornou uma grande crise de saúde pública (Alsayegh et al. 2020). Durante a pandemia da COVID-19, os pacientes com DF foram incluídos na categoria de “alto risco” da população.

Isso ocorre devido às alterações imunológicas, resultante do hipoesplenismo funcional, vasculopatia sistêmica, que os predispõe à disfunção orgânica e um alto risco de trombose (Alcântara et al. 2020). Diante deste panorama, o presente estudo tem como objetivo avaliar o impacto da pandemia da COVID-19 na qualidade de vida dos indivíduos com doença falciforme atendidos no Hemocentro de referência.

Material e Métodos

Trata-se de um estudo transversal, exploratório, com análise retrospectiva e abordagem mista (estudo quantitativo e qualitativo). O período de realização do estudo foi a partir de março 2022 a abril 2023. A população do estudo é composta por pacientes portadores de doença falciforme atendidos no Hemocentro de Pernambuco. A amostra consiste de pacientes maiores de 18 anos de idade, de ambos os sexos, acometidos pela COVID-19 com resultado de teste positivo (RT-PCR ou testes rápidos). Os instrumentos utilizados para a coleta de dados consistem em formulários que visam identificar e entender rapidamente o impacto da COVID-19 em pacientes com doença falciforme e que valoriza a percepção individual da pessoa, podendo avaliar qualidade de vida em diversos grupos e situações. A análise dos dados quantitativos se dará em planilhas do programa Microsoft® Office Excel versão 2019, e após sua compilação, serão apresentados por meio de tabelas e gráficos. Já, os dados qualitativos serão avaliados por meio da análise de conteúdo comparando com o que a literatura descreve. Os resultados esperados consistem em conhecer o grau de impacto da pandemia da COVID 19 em indivíduos com doença falciforme.

Resultados e Discussão

A Pandemia da COVID-19 deflagrou uma grave crise sanitária, econômica, política e social. Sabe-se que a infecção pelo SARS-CoV-2 atingiu diversas faixas etárias em diferentes situações. Uma preocupação maior se deu com as pessoas portadoras de doenças crônicas, pois se tornavam mais vulneráveis a este vírus. A partir da revisão de literatura observou-se que os estudos publicados ascendem em três abordagens conclusivas: 1- Indivíduos portadores de doença falciforme infectados pela COVID-19 não apresentaram um desfecho mais grave do que a população geral; 2- Indivíduos portadores de doença falciforme devido às implicações fisiopatológicas podem constituir um grupo de risco ou podem ter um curso mais grave quando infectados pela COVID-19; 3- Uma maior conscientização e abordagem multidisciplinar dos indivíduos com doença falciforme favorece a obtenção de melhores resultados.

Considerações Finais

Sabe-se que a doença falciforme é um grave problema de saúde pública e nos tempos de pandemia da COVID-19, se tornou uma questão ainda mais preocupante. A característica de vaso oclusão dos vasos sanguíneos por glóbulos vermelhos anormais que resulta em dor aguda e crônica, bem como uma ampla gama de complicações que afetam todos os sistemas orgânicos, levando a danos no órgão-alvo e diminuição da qualidade de vida, colocou os indivíduos portadores de DF na categoria de alto risco para infecção pelo SARS-CoV-2 e complicações da doença.

Referências

Gustin C, Pimentel W, Sarsur M, Dadalto L. The bioethics of intervention as a possibility of social inclusion of patients with sickle cell disease in times of COVID-19. Rev. latino. bioet [Internet]. April 23, 2021 [cited April 8, 2021]; 20(2): 42-53. Available at: <https://doi.org/10.18359/rlbi.4703>.

Alsayegh F, Mousa, SA. Desafios no manejo da doença falciforme durante a pandemia de SARS CoV-2. 2020 2020. Disponível em: < <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/mdl-32873056>.

Alcântara RQ, Martins CA, Puton C, Macêdo PPR, Silva BCR, Bertholucci GP, et al. Sickle cell disease in the COVID-19 pandemic scenario: literature review, Hematology, Transfusion and Cell Therapy, Volume 42, Supplement 2, 2020, ISSN 2531-1379, <https://doi.org/10.1016/j.htct.2020.10.046>.

DENEGRINDO A PROMOÇÃO DE SAÚDE EM TEMPOS DE SINDEMIA GLOBAL: RELAÇÕES AGROECOLÓGICAS NO QUILOMBO DO BONFIM/PB

SILVA, Suzany L. G.¹

¹ Mestranda em Saúde Pública Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE

RESUMO. No primeiro momento da pandemia (SARS-CoV-2), com a epidemia da doença causada pelo coronavírus que só agravou a situação sindêmica global, ocorre a ampliação da pobreza, da fome no Brasil e demais vulnerabilidades sociais no auge da crise sanitária e econômica mundial em 2020. Neste período, na Paraíba, inicia a vivência coletiva de reencontro com os agricultores do Quilombo do Bonfim para acessar alimentos saudáveis. A articulação dos conceitos da promoção de saúde e territorialização das ações agroecológicas junto a agricultura tradicional quilombola é pertinente para transpor os limites do modelo de promoção de vida e para enfrentar as dificuldades na identificação da relevância dos saberes afroindígenas no campo da saúde coletiva. O objetivo deste projeto é sistematizar a experiência agroecológica na promoção de saúde entre pessoas da capital da Paraíba e os agricultores quilombolas com a nutrição/fornecimento de alimentos orgânicos. O método da sistematização de experiências busca o compartilhamento de aprendizagens e constrói abordagens teóricas para o aprimoramento das práticas de promoção de saúde via segurança alimentar e nutricional. Após autorização do Comitê de Ética e Pesquisa e o consentimento dos participantes realizaremos três oficinas e um quarto encontro para apresentação dos resultados e validação dos conhecimentos desta pesquisa-ação-participativa.

Palavras-chave: Promoção de Saúde. Agroecologia. Sistematização de Experiência.

Introdução

O pensamento ocidental oculta e diminui as contribuições que os conhecimentos afrobrasileiros e indígenas apontam enquanto arsenal de saberes (NASCIMENTO, 2009). A centralidade nos conhecimentos ocidentais como base das ciências da saúde, acaba por menosprezar contribuições que as diferentes culturas que vivem no país podem proporcionar para esta área de conhecimento e implanta a dificuldade na identificação da relevância dos saberes afroindígenas entre profissionais e usuários do sistema de saúde brasileiro. Esta proposição visa articular os conceitos da promoção de saúde, com o trabalho territorializado das ações agroecológicas com a agricultura tradicional quilombola é pertinente para transpor os limites do modelo de promoção de vida e para enfrentar as dificuldades na identificação da relevância dos saberes afroindígenas no campo da saúde coletiva e saídas para as contradições do antropoceno. Ao apresentar este caminho de organização epistemológica visamos ampliar as significações diante de uma revisão decolonial como destacado por PORTO-GONÇALVES (2009) "às populações indígenas e camponesas são portadoras de um

acervo cultural extremamente rico, assim com o de um conhecimento a respeito da biodiversidade das florestas e demais ecossistemas e, por isso, se constituem em importantes protagonistas para o desenvolvimento de tecnologias de ponta, como a biotecnologia, exatamente num momento em que o conhecimento se torna um dos principais trunfos para o futuro (p.42). Assim, a r-existência dos povos tradicionais do campo, das águas e da floresta pela biodiversidade e condições naturais de sobrevivência contra a retirada das condições dignas de viver desde seus territórios até a sua cultura, tem um sentido amplo para toda a humanidade. O objetivo deste projeto é sistematizar a experiência agroecológica na promoção de saúde entre pessoas da capital da Parahyba e os agricultores do território do Quilombo Bonfim a partir do fornecimento/nutrição com os alimentos orgânicos.

Materiais e Métodos

Esta é uma pesquisa-ação-participativa, portanto de abordagem qualitativa, a pesquisa sentipensante (SENTIPENSANTE, 2022). Seguindo orientada pela escrivência, enquanto pesquisadora negra e diante do vínculo com os agricultores quilombolas, ou seja, esse encontro é ampliado para outras vidas negras em seus territórios, fomentando essa articulação que visa a sistematização de experiência em agroecologia, assim definida por (JARA-HOLLIDAY, 2009). Os participantes convidados para a realização das oficinas e entrevistas com questionário semi-estruturado, como ferramentas necessárias para a organização deste estudo que ocorrerá nos territórios indicados. As oficinas seguirão os momentos: a)- Ponto de partida: O olhar para os registros marcantes vivenciados a partir da memória, relato oral, fotos; b)-Perguntas iniciais: apontadas de acordo com os objetivos de cada encontro; c)- recuperação do processo vivido! d)- reflexão de fundo abordando os aspectos relevantes em saúde e e)- ponto de chegada com as conclusões, avaliações sobre todo o processo. A entrevista visa o preenchimento de um bloco de informações, com os seguintes dados a serem levantados: identificação; caracterização da produção de alimentos; a caracterização territorial; o fluxo do atendimento em saúde, (informações sobre políticas públicas), descrição do consumo alimentar e nutricional.

Resultados e Discussão

Alguns dos resultados esperados para além do destaque da potência da agricultura quilombola na promoção de saúde é a esquematização da relação entre agroecologia e a defesa de territórios promotores da regeneração e manutenção da vida a partir de mudança de paradigmas nos sistemas alimentares.

Considerações Finais

Apresentar a mudança nos paradigmas das relações entre pessoas do campo e da cidade, num contexto político e sanitário profundamente violento e doloroso diante da sindemia global apontando a construção de uma tecnologia social para a promoção de saúde para uma renda mínima, trazendo maior segurança nutricional, financeira na comunidade conectada com a tecnologia ancestral quilombola.

Referências

HOLLIDAY, O. J. Para Sistematizar Experiências. 2. ed., **Revista Brasília**: MMA, 2006. 128 p. Disponível em: >http://www.mma.gov.br/estruturas/168/_publicacao/168_publicacao30012009115508.pdf<. Acesso em: 5 jul. 2022.

NASCIMENTO, E. L. (Org) Afrocentricidade Uma Abordagem Epistemológica Inovadora Coleção Sankofa, vol. 4 São Paulo: **Selo Negro**, 2009.

PORTO-GONÇALVES, C. W. O Latifúndio Genético e a R-existência Indígena-Camponesa. **GEOgraphia**, Niterói n. 4(8), p. 30-44, 2009.

SENTIPENSANTE. Vida, obra y conceptos principales de Orlando Fals Borda. **Sentipensante**. Disponível em: ><http://sentipensante.red/><. Acesso em: 11 fev. 2022.

DETERMINANTES INDIVIDUAIS E CONTEXTUAIS DA MORTALIDADE POR COVID-19 EM PERNAMBUCO: UMA ANÁLISE MULTINÍVEL

SILVA, Maria Tatiane Alves da¹; MAIA, Livia Teixeira de Souza²; SILVA, Ana Lúcia Andrade da¹; MIRANDA, Gabriella Morais Duarte¹.

¹ Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Coletiva.

² Universidade Federal de Pernambuco, Centro Acadêmico de Vitória, Núcleo de Saúde Coletiva.

RESUMO. A dimensão social permeia a temática da mortalidade por Covid-19, indicando diferentes fatores de riscos para a ocorrência do óbito. Dessa forma, o objetivo do estudo será analisar os fatores individuais e contextuais associados à mortalidade por Covid-19 no estado de Pernambuco a partir de uma abordagem multinível. Trata-se de um estudo com diversas abordagens metodológicas, contudo, o delineamento central será um caso-controle, onde os óbitos confirmados serão os casos e os indivíduos recuperados serão os controles. Inicialmente foi realizada uma análise descritiva da caracterização dos óbitos e, posteriormente, será realizada uma análise multinível, sendo consideradas as camadas individuais e contextuais (assistência à saúde e município). A pesquisa foi aprovada no Comitê de Ética e Pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães, sob o parecer nº 5.652.161. Ao comparar os casos e controles, nota-se diferenças na presença de sintomas e comorbidade, onde foi identificada uma maior proporção da presença de sintomas respiratórios (desconforto respiratório, dispneia e saturação O₂ < 95%) e de comorbidades. A análise multinível ainda não foi construída, mas espera-se que os resultados contribuam para a identificação dos grupos populacionais mais vulneráveis e com maior chance de óbito pela doença no estado.

Palavras-chave: COVID-19. Mortalidade. Determinantes Sociais da Saúde. Monitoramento das Desigualdades em Saúde.

Introdução

No início de 2020 foi confirmado um novo coronavírus da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG), denominado de SARS-CoV-2, sendo responsável por causar a Coronavirus Disease 2019 (Covid-19) (OPAS, 2020). No que diz respeito à mortalidade pela doença, a dimensão social permeia a temática, indicando fatores de riscos para a ocorrência do óbito. Logo, a análise da interação entre a mortalidade e os determinantes sociais é fundamental para a identificação das iniquidades sociais em saúde (RIBEIRO et al., 2021). Neste contexto, o

objetivo do presente estudo será analisar os fatores individuais e contextuais associados à mortalidade por Covid-19 no estado de Pernambuco a partir de uma abordagem multinível.

Materiais e Métodos

Devido aos objetivos, o presente estudo utilizará diferentes abordagens metodológicas. Contudo, como delineamento central, trata-se de um estudo do tipo caso-controle, onde os óbitos confirmados serão os casos e os indivíduos recuperados serão os controles. A área de abrangência do estudo será o estado de Pernambuco e a população será os casos de SRAG confirmados por Covid-19 e notificados no Centro de Informações Estratégicas da Vigilância em Saúde de Pernambuco (CIEVS-PE) durante os dois primeiros anos da pandemia (março/2020 a março/2022). Os dados serão coletados nas seguintes fontes: CIEVS-PE, Cadastro Nacional de Estabelecimentos de Saúde (CNES) e Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Em relação à análise dos dados, inicialmente foi realizada uma análise descritiva da caracterização dos óbitos confirmados por Covid-19 no estado. Posteriormente, será realizada uma análise multinível a partir das seguintes camadas: individuais (sexo, faixa etária, raça/cor, sintomas e comorbidades) e contextuais, composta por características referentes à assistência à saúde (número de leitos e tipo de prestador) e aos municípios (IDHM-Educação e IDHM-Renda). A pesquisa respeitou os princípios éticos da Resolução 510/16, sendo aprovada pelo Comitê de Ética e Pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães, sob o parecer nº 5.652.161, registro no CAAE: 60944122.8.0000.5190.

Resultados e Discussão

Nos dois primeiros anos da pandemia da Covid-19, no estado de Pernambuco, foram notificados 49.675 casos de SRAG, onde 29.987 (60,37%) dos indivíduos se encontravam com a classificação final como recuperados e 19.688 (39,67%) como óbitos. Nos casos destaca-se uma maior proporção no sexo masculino (53,46%), 70 anos ou mais (48,07%) e parda (56,15%). Nos controles destaca-se no sexo masculino (54,17%), 40 a 49 anos (40,62%) e parda (50,49%). No que diz respeito aos sintomas, destaca-se que casos apresentaram uma proporção maior dos seguintes sintomas respiratórios: dispneia (casos=80,56%; controles=73,88%); saturação O₂<95% (casos=73,43%; controles=62,50%); e desconforto respiratório (casos=45,34%; controles=35,47%). Em relação às comorbidades, nota-se uma proporção da presença de determinadas comorbidades nos casos, como doenças cardíacas ou vasculares (casos=43,21%; controles=22,96%) e diabetes (casos=30,83%; controles=16,88%). Neste contexto, os dados encontrados até o momento apontam que a faixa etária mais idosa, a presença de sintomas respiratórios e de comorbidade se encontram como fatores que

podem influenciar na ocorrência do óbito. De acordo com o Ministério da Saúde (2022), a faixa etária e a presença de determinadas comorbidades são considerados fatores de riscos para o agravamento da doença, necessitando de uma atenção à saúde que respeite as singularidades e especificidades.

Considerações Finais

A análise multinível ainda não foi construída, no entanto, por se tratar de uma proposta metodológica que se aproxima do conceito da epidemiologia social, espera-se que a análise multinível colabore para a investigação dos determinantes da mortalidade por Covid-19 no estado de Pernambuco, identificando fatores individuais e contextuais. Neste contexto, espera-se que os resultados do presente estudo contribuam para a identificação dos grupos populacionais mais vulneráveis e com maior chance de óbito por Covid-19 no território estadual, direcionando a adoção de políticas públicas voltadas para a redução da mortalidade da doença.

Referências

- OPAS, Organização Pan-Americana de Saúde. Folha informativa sobre a COVID-19. 2020. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/covid19> Acesso em: 10 mar 2022.
- RIBEIRO, Karina Braga et al. Social inequalities and COVID-19 mortality in the city of São Paulo, Brazil. *International Journal of Epidemiology*, v.50, n.3, p.732–742, 2021.
- BRASIL, Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Guia de vigilância epidemiológica: emergência de saúde pública de importância nacional pela doença pelo coronavírus 2019 – Covid-19. Brasília: Ministério da Saúde, 2022.

**DOENÇAS CRÔNICAS NÃO TRANSMISSÍVEIS - DIABETES
MELLITUS, HIPERTENSÃO ARTERIAL E DISLIPIDEMIA - NO ESTADO DE
PERNAMBUCO: VARIAÇÃO TEMPORAL E ANÁLISE DOS SEUS
DETERMINANTES SOCIOECONÔMICOS NUM CONTEXTO DE DESIGUALDADES NO
NORDESTE BRASILEIRO, EM 2006 E 2015/2016**

MELO, Silvia Pereira da Silva de Carvalho¹; CESSE, Eduarda Ângela Pessoa¹; LIRA, Pedro Israel Cabral de²; RODRIGUES, Heloisa de Melo³

¹ Instituto Aggeu Magalhães, departamento saúde coletiva, laboratório de avaliação, monitoramento e vigilância em saúde;

² Universidade Federal de Pernambuco, departamento de nutrição em saúde pública;

³ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia, departamento de estatística;

RESUMO. As Doenças Crônicas Não Transmissíveis (DCNT), representam um dos maiores problemas de saúde pública mundial na atualidade. Parte da carga das DCNT, incluindo o Diabetes Mellitus, Hipertensão Arterial Sistêmica e Dislipidemia, resulta das condições em que as pessoas nascem, vivem, trabalham e envelhecem, ou seja, da atuação dos determinantes sociais sobre sua saúde. O presente trabalho tem como objetivo analisar a prevalência e os determinantes socioeconômicos associados às DCNT em adultos no estado de Pernambuco, em 2006 e 2015/2016. Trata-se de um estudo transversal, baseado na III e IV Pesquisa Estadual de Saúde e Nutrição. Analisaram-se possíveis associações das DCNT com fatores, por meio de Regressão de logística, considerando-se como estatisticamente significantes aqueles com valor de $p < 0,05$. Os resultados encontrados em 2015/2016 foi uma prevalência de 62,5%, sendo maior entre os homens (68,1%), com aumento progressivo a partir da faixa etária de 30-39 anos, entre aqueles com menor grau de instrução (80,2%), de raça branca (69,1%) e que não recebiam bolsa família (70,1%). No modelo multivariado, as variáveis associadas à DCNT foram: sexo, idade, escolaridade, raça e bolsa família.

Palavras-chave: Doença crônica. Prevalência. Fatores Socioeconômicos.

Introdução

Evidências globais sugerem que os determinantes sociais são responsáveis por uma parte importante da distribuição de incapacidade e mortalidade por Doenças Crônicas Não Transmissíveis – DCNT (Marmot e Bell, 2019). Assim, a ocorrência das mais diversas doenças, incluindo as doenças crônicas, tendem a se agravar entre os grupos sociais que vivem em situações socialmente desfavoráveis, ou seja, entre os mais pobres, entre grupos

étnicos minoritários ou grupos que sofrem qualquer tipo de discriminação (Chor et al., 2015; Kivimäki et al., 2020). A presente pesquisa tem como objetivo analisar a variação temporal da prevalência das Doenças Crônicas Não Transmissíveis (Diabetes Mellitus, Hipertensão Arterial Sistêmica e Dislipidemia - hipertrigliceridemia isolada) e a associação dos determinantes socioeconômicos com a presença das DCNT em adultos do estado de Pernambuco nos anos de 2006 e 2015/2016 em um contexto de desigualdades no Nordeste brasileiro.

Materiais e Métodos

Trata-se de um estudo de corte transversal, de caráter analítico e de base populacional, utilizando dados da III Pesquisa Estadual de Saúde e Nutrição, em 2006 e da IV Pesquisa Estadual de Saúde e Nutrição, em 2015/2016 (IV PESN 2015/2016), no estado de Pernambuco. Esta pesquisa foi desenvolvida pela Universidade Federal de Pernambuco em parceria com o Instituto de Medicina Integral Professor Fernando Figueira, o Instituto Aggeu Magalhães, Fiocruz-PE e a Secretaria de Saúde do Estado de Pernambuco. A variável dependente foi construída a partir da presença de pelo menos uma das seguintes DCNT: Diabetes, Hipertensão Arterial Sistêmica e dislipidemia - hipertrigliceridemia isolada. Para análise de variação temporal da prevalência de DCNT entre os anos 2006 e 2015/2016 será realizado intervalo de confiança de 95% (IC95%). Para analisar os possíveis determinantes socioeconômicos associados à DCNT nos anos de 2006 e 2015/2016 serão realizadas inicialmente análises univariadas ($p < 0,20$) e posteriormente o modelo estatístico através da Regressão de logística multivariada (valor de $p < 0,05$).

Resultados e Discussão

Como base nos dados de 2016 foi observado prevalência de DCNT de 62,5%, sendo maior entre os homens (68,1%), com aumento progressivo a partir da faixa etária de 30-39 anos, entre aqueles com menor grau de instrução (80,2%), de raça branca (69,1%) e que não recebiam bolsa família (70,1%). No modelo multivariado, as variáveis associadas à DCNT foram: sexo, idade, escolaridade, raça e bolsa família. A prevalência de DCNT observada é considerada elevada quando comparada com outros estudos nacionais (Simões et al. 2021; Malta et al., 2021). Os fatores associados ao desfecho encontrados (sexo, idade, escolaridade, raça/etnia e benefício social) também foram observados em pesquisas nacionais e internacionais (Marmot e Bell, 2019; Kivimäki et al., 2020; Mesenburg et al. 2021; Simões et al., 2021;) e confirmam a influência dos determinantes sociais no processo saúde doenças das DCNT, sobretudo na população estudada. Entre os fatores associados destaca-se a escolaridade, a qual se coloca como um importante indicador socioeconômico, pois implica em riscos diferenciados no processo saúde-doença, especialmente devido

ao ambiente vulnerável de vida das pessoas, aumentando assim o risco das DCNT dessa população.

Considerações Finais

Estes resultados sugerem a necessidade de se intensificar as ações voltadas para os determinantes socioeconômicos, bem como de priorizar a intersetorialidade na agenda de saúde, mediante políticas públicas de saúde que possam reduzir as iniquidades sociais, especialmente no estado de Pernambuco, que já é vulnerável pelo seu contexto econômico e social, com vistas ao seu melhor controle das DCNT.

Referências

- Marmot, M.; & Bell, R. (2019). Social determinants and non-communicable diseases: time for integrated action. *BMJ*, 28. <https://doi.org/10.1136/bmj.l251>.
- Chor, D., Andreozzi, V., Fonseca, M. J.M., Cardoso, L.O., James, S. A., Lopes, C.S. et al. (2015). Inequalities in BMI trajectories: 8-year follow-up of the Pró-Saúde study in Rio de Janeiro, Brazil. *Public Health Nutrition*, 18, 3183-3191. <http://dx.doi.org/10.1017/S1368980015001032>
- Kivimäki, M., Batty, G.D., Pentti, J., Shipley, M.J., Sipilä, P.N., Nyberg, S.T., et al. (2020). Association between socioeconomic status and the development of mental and physical health conditions in adulthood: a multi-cohort study. *Lancet*, 5,140–149. [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(19\)30248-8](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(19)30248-8)
- Malta, D.C., Gomes, C.S., Barros, M.B.A., Lima, M.G., Almeida, W.S., Micheletti, A.C. et al. (2021) Doenças crônicas não transmissíveis e mudanças nos estilos de vida durante a pandemia de COVID-19 no Brasil. *Rev Bras Epidemiol*. 24. E210009.
- Simões, C.T.; Meira, K.C., Santos, J., & Câmara, D.C.P. (2021). Prevalências de doenças crônicas e acesso aos serviços de saúde no Brasil: evidências de três inquéritos domiciliares. *Ciênc. Saúde Colet*, 26(9), 3991- 4006. <https://doi.org/10.1590/1413-81232021269.02982021>
- Mesenburg, M.A., Curi, Hallal P., Menezes, A.M.P., Barros, A.J.D., Horta, B.L., & Barros, F.C. (2021). Doenças crônicas não transmissíveis e covid-19: resultados do estudo Epicovid-19 Brasil. *Rev Saude PublicA*, 55(38). <https://doi.org/10.11606/s1518-8787.2021055003673>

EVOLUÇÃO DA MORBIMORTALIDADE DA TUBERCULOSE NO ESTADO DE PERNAMBUCO, NO PERÍODO DE 2001 A 2020

DIAS, Camila Costa¹; GOMES, Elaine Christine de Souza²

¹Instituto Aggeu Magalhães, Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública, Mestrado Acadêmico em Saúde Pública.

²Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Parasitologia, Laboratório de Esquistossomose.

RESUMO. A tuberculose mantém-se como um problema de grande relevância para a saúde pública mundial. Estima-se que aproximadamente 2 bilhões de pessoas estejam infectadas pelo *Mycobacterium tuberculosis* no mundo. O estudo tem como objetivo analisar a evolução da morbimortalidade da tuberculose no estado de Pernambuco, no período de 2001 a 2020. Trata-se de um estudo ecológico observacional, com componentes descritivos e analíticos, utilizando bases de dados secundárias e ferramentas de geoprocessamento. Serão analisados o perfil epidemiológico e sociodemográfico, a tendência temporal, o padrão espacial de distribuição e a avaliação de risco para a ocorrências de casos e óbitos por tuberculose. Para o perfil epidemiológico e sociodemográfico, serão calculadas as frequências absolutas e relativas dos casos e óbitos da doença segundo as variáveis selecionadas do banco de dados do Sinan e SIM, assim como o coeficiente de incidência e mortalidade. Para a análise da tendência temporal, será aplicado o modelo de regressão linear segmentada (*joinpoint regression*). Será utilizado o método de Estimativa de Densidade Kernel (EDK) para construção de mapas de risco e utilizados os Índices de Moran Global e Local para avaliação da autocorrelação espacial. A avaliação de risco ocorrerá por meio da análise espacial de varredura, utilizando o software *SaTScan*.

Palavras-chave: Tuberculose, Sistema de Informação, Análise Espacial.

Introdução

A tuberculose (TB) é uma doença infectocontagiosa, causada por um bacilo álcool ácido resistente, o *Mycobacterium tuberculosis*. Sua infecção se dá de pessoa a pessoa, através da inalação de partículas expelidas pelo indivíduo doente, acometido pela forma pulmonar bacilífera da TB, por meio da tosse, fala ou espirro (BERTOLOZZI *et al.*, 2014; BRASIL, 2019). Embora seja uma doença milenar, que possui tratamento gratuito e medidas de prevenção e controle estabelecidas, a TB mantém-se como um problema de grande relevância para a saúde pública mundial (BRASIL, 2019; RODRIGUES *et al.*, 2007). Estima-se que um quarto da população esteja infectada pelo *Mycobacterium tuberculosis* no mundo, o que corresponde a aproximadamente 2 bilhões de pessoas (WHO, 2021).

Em 2020, estima-se que ocorreram aproximadamente 10 milhões de casos de TB e 1,5 milhão de óbitos pela doença no mundo, aumentando, pela primeira vez em mais de uma década, em relação ao ano anterior. O Brasil encontra-se em 20º lugar na lista dos 30 países com mais alta carga para TB, que juntos concentram mais de 80% dos casos globais de TB, e em 19º no que se refere à coinfeção TB-HIV no mundo (WHO, 2020, 2021). O estado de Pernambuco possui uma detecção anual com aproximadamente de 4500 casos novos de TB e, atualmente, ocupa o 5ª lugar em coeficiente de incidência (45,9 casos por 100 mil habitantes) e 4º em coeficiente de mortalidade (3,1 óbitos por 100 mil habitantes) no ranking nacional. Já em comparação aos outros estados da Região Nordeste, é destaque como o estado com piores indicadores da doença, ocupando o primeiro lugar em incidência e em mortalidade (BRASIL, 2022). Diante desse contexto, o objetivo do estudo é analisar a evolução da morbimortalidade da tuberculose no estado de Pernambuco, no período de 2001 a 2020.

Materiais e Métodos

Trata-se de um estudo ecológico observacional, com componentes descritivos e analíticos, utilizando bases de dados secundárias e ferramentas de geoprocessamento. A população será composta pelos casos novos para TB notificados no Sinan, que correspondem ao tipo de entrada “caso novo”, “não sabe” e “pós óbito”, e os óbitos declarados no SIM, que apresentarem códigos referentes à TB (A15 a A19), na causa básica, de acordo com a 10ª versão da Classificação Internacional de Doenças e Problemas Relacionados à Saúde – (CID 10), notificados no período de 01 de janeiro de 2001 a 31 de dezembro de 2020. Utilizando a base do Sinan e do SIM, serão selecionados os casos novos e os óbitos por tuberculose e serão calculadas as frequências absolutas e relativas por ano e pelo período de estudo, de acordo com as variáveis selecionadas para descrever o perfil epidemiológico e sociodemográfico. Em seguida serão calculadas as taxas de incidência e mortalidade por ano e pelo período total do estudo (2001 a 2020). Para analisar a tendência temporal da incidência e da mortalidade da tuberculose, será utilizado o modelo de regressão linear segmentada (joinpoint regression), o qual permitirá estimar a variação anual percentual dos indicadores e identificar pontos em que houver modificação da tendência (pontos de inflexão. Ao analisar o *padrão espacial de distribuição dos casos e óbitos por tuberculose, eles serão georreferenciados a partir do endereço de residência utilizando softwares e plataformas de geocodificação de dados. Também serão construídos mapas temáticos com os indicadores calculados anteriormente, por ano e pelo período total do estudo, utilizando o software QGIS. Para verificar a agregação espacial dos casos e óbitos de TB, será utilizado o método de Estimativa de Densidade Kernel (EDK) para construção de mapas de risco que analisará o comportamento de padrões de distribuição dos pontos e estimará a intensidade pontual da doença em toda a região de estudo, identificando áreas de risco*

(áreas quentes) para ocorrência da TB (DRUCK *et al.*, 2004). Com o objetivo de analisar a existência de dependência espacial entre os municípios será utilizado o Índice de Moran Global, avaliando a autocorrelação espacial entre todo o conjunto de dados. Já para analisar o padrão de distribuição e a intensidade dos aglomerados (clusters), será utilizado o Índice de Moran Local, para identificar a relação existente entre uma área de risco e seu entorno.

Referências

- BERTOLOZZI, M. R. *et al.* O controle da tuberculose: um desafio para a saúde pública. **Rev Med**, São Paulo, v. 93, n. 2, p. 83–89, 2014.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Boletim Epidemiológico de Tuberculose**. Brasília, 2022.
- DRUCK, S. *et al.* **Análise espacial de dados geográficos**. Brasília: EMBRAPA, 2004. Disponível em: <http://www.dpi.inpe.br/gilberto/livro/analise/>. Acesso em: 18 out. 2021.
- Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Manual de Recomendações para o Controle da Tuberculose no Brasil**. Brasília: Ministério da Saúde, 364 p. 2019.
- RODRIGUES, L. *et al.* Resposta brasileira à tuberculose: contexto, desafios e perspectivas. **Rev. Saúde Pública**, v. 41, suppl. 1, p. 1–2, 2007.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **Global Tuberculosis Report 2020**. Genebra, 2020.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **Global Tuberculosis Report 2021**. Genebra, 2021.

EVOLUÇÃO DO CONHECIMENTO SOBRE ATIVIDADE FÍSICA E COMPORTAMENTO SEDENTÁRIO E SEU EMPREGO NO CAMPO DA SAÚDE COLETIVA NO BRASIL

OLIVEIRA, Rebeca de Castro¹; BARBOSA, Jessyka Mary Vaconcelos^{1,2}; CESSE, Eduarda Ângela Pessoa¹; SOUZA, Wayner Vieira¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Departamento de Saúde Pública, Recife, Pernambuco, Brasil.

RESUMO. A atividade física (AF) insuficiente é considerada um fator de risco para as Doenças Crônicas Não Transmissíveis (DCNT). Outro fator relevante é o comportamento sedentário (CS), também associado a riscos aumentados para DCNT, além da mortalidade por todas as causas. O presente estudo objetiva analisar a evolução histórica da produção do conhecimento sobre AF e CS e seu emprego no campo da saúde coletiva no Brasil, entre os anos 1990-2021. Será realizada uma revisão bibliográfica de forma sistemática, de acompanhamento longitudinal, com amostragem por etapas e análise de rede de citações de estudos. O procedimento metodológico do estudo compreenderá quatro etapas: 1) seleção de seis autores do campo da AF e saúde pública (sementes); 2) seleção das publicações mais citadas, a partir das sementes; 3) extração dos dados; e 4) síntese dos conteúdos dos artigos incluídos, análises estatísticas descritivas com software SPSS e visualização do mapa de rede de citações com software Pajek. Com os resultados alcançados, espera-se contribuir com as perspectivas atuais e futuras de produção do conhecimento do campo científico da AF e do CS no Brasil e com futuras pesquisas que planejem analisar e mapear o fluxo da pesquisa científica.

Palavras-chave: Atividade Física. Comportamento Sedentário. Bibliometria. Brasil.

Introdução

A prática de atividade física (AF) regular, é uma das mais importantes metas para a saúde pública atual, devido os seus benefícios para a saúde e qualidade de vida. E a AF insuficiente vem sendo responsável por mais de 5 milhões de mortes a cada ano (LEE et al., 2012). Um outro fator altamente prevalente no cotidiano atual, é o comportamento sedentário (CS) (SUZUKI et al., 2010). Muitas horas em comportamentos sedentários, foram associados a riscos aumentados para várias condições clínicas, além da mortalidade por todas as causas (PATTERSON et al., 2018). Existem limitações na literatura sobre o desenvolvimento histórico da produção científica nos campos da AF, do CS e suas relações com a saúde no Brasil. Em nenhum estudo foi observado a utilização de métodos com abordagem da análise de rede de citações (ARC). A ARC é uma ferramenta que permite uma representação visual dos direcionamentos possíveis de um campo de pesquisa. A análise oferece uma abordagem

mais abrangente e objetiva para mapear um fluxo de pesquisa de uma determinada área e suas relações estruturais (LECY; BEATTY, 2012). Desde o seu desenvolvimento, a análise de citações vem sendo usada como método para verificar as direções e o progresso científico de uma determinada área do conhecimento (VARELA et al., 2018). O objetivo do estudo é analisar a evolução histórica da produção do conhecimento sobre da atividade física e comportamento sedentário e seu emprego no campo da saúde coletiva no Brasil, entre os anos 1990-2021.

Materiais e Métodos

Será realizada uma revisão bibliográfica de forma sistemática, de acompanhamento longitudinal, com amostragem por etapas e análise de rede de citações de estudos. O procedimento metodológico do estudo compreenderá quatro etapas: 1) seleção de seis autores do campo da atividade física e saúde pública, a partir da lista de produtividade do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), com residência no Brasil e que serão considerados as sementes do estudo; 2) seleção das publicações mais citadas a partir das sementes, serão considerados quatro níveis de amostragem e a cada nível, serão selecionados os três artigos mais citados de cada referência incluída no nível anterior, obtendo uma amostra final de 486 artigos (estudos originais, realizados no Brasil, considerando, pelo menos, um dos domínios da AF e/ou CS); 3) extração dos dados, com informações sobre o primeiro autor e coautores, ano e idioma da publicação, local de residência, afiliação e sexo dos autores e coautores, periódicos dos artigos publicados e tipo de estudo. O tipo do estudo dos artigos será classificado com base nas seguintes categorias da pesquisa epidemiológica em AF, considerando também o CS: a) níveis de AF e/ou CS, medição e tendências; b) determinantes da AF e/ou CS; c) resultados da AF e/ou CS para a saúde; d) intervenções no campo da AF e/ou CS; e e) política e prática no campo da AF e/ou CS. Essa classificação surgiu a partir da série específica sobre AF publicada no ano de 2012 na *The Lancet* (HALLAL et al., 2012). Também será realizada uma síntese dos conteúdos de todos os artigos incluídos; e 4) análises estatísticas descritivas com o software SPSS versão 20 e visualização do mapa de rede de citações com o software Pajek 5.14.

Resultados e Discussão

Com relação a esta seção, ainda não há resultados concluídos. Foi realizado um piloto inicial do primeiro desenho do processo de amostragem das sementes e de seleção dos artigos a serem incluídos. A partir desse piloto, mudanças foram realizadas e o processo de amostragem foi replanejado e está sendo executado. Ao final, espera-se obter: a) o mapeamento da rede de publicações do campo científico da AF e do CS e saúde, com as

tendências da produção científica e as principais lacunas existentes; b) as configurações estabelecidas de comunicação entre autores e/ou instituições de pesquisas e as produções colaborativas das cinco regiões do Brasil e a comunidade internacional; e c) uma linha histórica para compreensão dos desdobramentos do campo de pesquisa e prática em AF e CS na saúde coletiva no Brasil.

Considerações Finais

Os resultados futuros obtidos por esta tese poderão contribuir com o campo científico da AF e do CS e com as perspectivas atuais e futuras de produção do conhecimento da área. A tese também pretende trazer um novo procedimento metodológico que pode contribuir com futuras pesquisas que planejem analisar o conhecimento e mapear o fluxo da pesquisa científica.

Referências

- BAUMAN, A. E. et al. Correlates of physical activity: why are some people physically active and others not? **Lancet**, v. 380, n. 9838, p. 258-271, 2012.
- HALLAL, P. C. et al. Global physical activity levels: surveillance progress, pitfalls, and prospects. **Lancet**, v. 380, n. 9838, p. 247-257, 2012.
- LECY, J.; BEATTY, K. Structured Literature Reviews Using Constrained Snowball Sampling and Citation Network Analysis. 2012.
- LEE, I. M. et al. Impact of Physical Inactivity on the World's Major Non-Communicable Diseases. **Lancet**, v. 380, n. 9838, p. 219-29. 2012.
- PATTERSON, R. et al. Sedentary behaviour and risk of all-cause, cardiovascular and cancer mortality, and incident type 2 diabetes: a systematic review and dose response meta-analysis. **European Journal of Epidemiology**, 2018.
- SUZUKI, C. S.; MORAES, S. A. de; FREITAS, I. C. M. de. Média diária de tempo sentado e fatores associados em adultos residentes no município de Ribeirão Preto-SP, 2006: projeto OBEDIARD. **Revista Brasileira de Epidemiologia**, São Paulo, v. 4, n. 13, p.699-712, 2010.

**FATORES ASSOCIADOS AO RISCO DA OCORRÊNCIA DE HANSENÍASE:
PERSPECTIVAS CLÍNICAS, OPERACIONAIS E ESPACIAIS, EM JOÃO PESSOA (PB),
2001 – 2019**

MENDES, Micheline da Silveira¹; OLIVEIRA, André Luiz Sá²; SCHINDLER, Haiana Charifker³

¹Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Coletiva;

²Instituto Aggeu Magalhães, Núcleo de Estatística e Geoprocessamento;

³Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Imunologia;

RESUMO. A hanseníase é uma doença infecciosa, potencialmente incapacitante e um problema de saúde pública. A análise de sua situação epidemiológica, incluindo o espaço, amplia o poder de decisão da gestão pública. Assim, o estudo tem por objetivo, analisar as características sócio-clínico epidemiológicas e operacionais dos casos de hanseníase e os fatores associados à dinâmica espacial do risco de ocorrência da hanseníase, no município de João Pessoa, no período de 2001 a 2019. Trata-se de um estudo ecológico com análise espacial e seccional, utilizando os casos novos de hanseníase de 2001 a 2019, residentes em João Pessoa-Paraíba, com dados secundários do Sinan. Resultaram 2058 casos novos, como população desse estudo, obtendo-se proporção maior de pessoas do sexo feminino (50,6%), pardas (56,1%), de escolaridade no fundamental incompleto (47,9%) e com idade entre 16 e 30 anos (25,7%). O diagnóstico ocorreu com maior frequência na atenção terciária (74,6%), com predominância da classificação paucibacilar (50,2%) e identificou indivíduos com incapacidade no diagnóstico (26,7%). Entre os menores de 15 anos, 12,3% apresentaram alguma incapacidade no diagnóstico e 67,1% dos contatos não foram examinados. Os resultados preliminares apontam que o diagnóstico da hanseníase em João Pessoa está sendo realizado tardiamente, o que contribui para a manutenção da doença.

Palavras-chave: Hanseníase. Mapa de Risco. Determinantes Sociais da Saúde.

Introdução

A hanseníase é uma doença tropical negligenciada, que se mantém como importante problema de saúde pública. Sua magnitude e transcendência são reconhecidas, juntamente com o estigma que a acompanha (OLIVEIRA et al., 2020). Em 2020, Brasil, Índia e Indonésia reportaram 74% dos casos novos de hanseníase. No mesmo ano, o Brasil notificou 17.979 casos novos, o estado da Paraíba, 399 casos novos, o que equivale a uma taxa de detecção de 9,88, por 100 mil habitantes, enquanto o município de João Pessoa, teve uma detecção

de 8,56 por 100 mil habitantes (BRASIL, 2021; WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2021). Sabe-se que o risco de adoecer de hanseníase não é homogêneo nos países, estados ou municípios, e assim, incluir a variável espaço nas análises epidemiológicas ampliam as possibilidades de análise e poder de decisão da gestão pública (RAMOS et al., 2022). Nesse contexto, o estudo tem por objetivo analisar as características sócio-clínico epidemiológicas e operacionais dos casos de hanseníase e os fatores associados à dinâmica espacial do risco de ocorrência da hanseníase, no município de João Pessoa, no período de 2001 a 2019.

Materiais e Métodos

Trata-se de um estudo ecológico com análise espacial, quantitativa e seccional, utilizando os casos novos de hanseníase de 2001 a 2019, tendo como unidade de análise o setor censitário. O local do estudo é a cidade de João Pessoa (Paraíba). As variáveis selecionadas, para atender ao objetivo deste estudo foram divididas em: sociodemográficas, clínicas, operacionais e relacionadas ao território. A base de dados do Sinan disponibilizada teve seus registros avaliados quanto à qualidade. Foram também utilizados dados dos do IBGE. Os dados preliminares foram processados e analisados, utilizando-se o software Microsoft Excel. Posteriormente, os casos serão georreferenciados e será verificada a existência de dependência espacial. Para identificação dos fatores associados e análise do modelo de risco será aplicado o modelo clássico de regressão linear múltipla, e após, a Regressão Ponderada Geograficamente, explicando o modelo de risco obtido. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães/Fiocruz – processo nº 4.573.230.

Resultados e Discussão

Na análise das 2418 notificações de hanseníase, de 2001 a 2019, em João Pessoa, observou-se duplicidade aceitável (0,3%), completitude dos campos de acompanhamento ruim ou muito ruim (>20% de incompletitude) e consistência entre “classificação operacional” e “esquema terapêutico inicial” foi excelente (99,6%), enquanto “classificação operacional” e “forma clínica”, baixa (50,7%). Ao aplicarem-se critérios de inclusão e exclusão, resultaram 2058 casos novos, como população deste estudo e observou-se maior frequência do diagnóstico na atenção terciária (74,6%). A análise demográfica demonstrou proporção maior do sexo feminino (50,6%). de pessoas pardas (56,1%) e de escolaridade no fundamental incompleto (47,9%), enquanto a distribuição etária demonstrou empate nas faixas 16 a 30 e de 31 a 45 anos de idade (25,7%). A análise das variáveis clínicas evidenciou a predominância da classificação paucibacilar (50,2%), da forma clínica tuberculoide (34,1%) e da não realização do exame de baciloscopia (66,3%), e demonstrou que 26,7% tinham alguma incapacidade no diagnóstico. Entre os 176 menores de 15 anos: maior ocorrência entre 10 e 14 anos (64,2%),

forma paucibacilar (65,3%), com 67,1% de contatos não examinados. Identificou-se que 12,3% tinham alguma incapacidade no diagnóstico, sendo 1,9% com incapacidade grau 2. Os resultados preliminares apontam que o diagnóstico da hanseníase em João Pessoa está sendo realizado tardiamente, o que contribui para manutenção da doença.

Referências

- BRASIL. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Painel de Indicadores Epidemiológicos. Brasília, DF. MS, 2021. Disponível em: <http://indicadoreshanseníase.aids.gov.br/>. Acesso em: 30 out. 2021.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, Diretoria de Pesquisas, Coordenação de População e Indicadores Sociais, Estimativas da população residente com data de referência 1o de julho de 2019, 2020. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/pb/joao-pessoa.html>. Acesso em: 02 set. 2020.
- OLIVEIRA et al. Análise epidemiológica da hanseníase por sexo na Paraíba. RSD [Internet]. 2020; 9(8): 1 - 15. Disponível em: <https://doi.org/10.33448/rsd-v9i8.5778>. Acesso em: 30 out. 2021.
- RAMOS, et al. Evolução temporal e distribuição espacial da hanseníase em município de baixa endemicidade no estado de São Paulo. Epidemiologia e Serviços de Saúde [online]. 2022, v. 31, n. 1. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1679-49742022000100018>. Acesso em: 15 nov. 2022.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION. Weekly Epidemiological Record. [Geneva], WHO; 2021. Disponível em: <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/345048/WER9636-eng-fre.pdf>. Acesso em: 30 out. 2021.

FORMAÇÃO PARA O SUS NA AGENDA POLÍTICA: ANÁLISE DAS RESIDÊNCIAS EM SAÚDE EM PERNAMBUCO

SANTOS, Juliana Siqueira¹; NETO, Pedro Miguel dos Santos²

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Fiocruz-PE, Departamento de Saúde Coletiva (NESC):

² Instituto Aggeu Magalhães, Fiocruz-PE;

RESUMO. A pesquisa analisa as residências em saúde como estratégia de Estado na regulação da formação de profissionais para o SUS. Tem como objetivo analisar a implementação da política de residência em área profissional da saúde no estado de Pernambuco, Brasil. Trata-se de estudo de caso que utiliza a Abordagem do Ciclo de Políticas como referencial teórico analítico para analisar o contexto da prática. Utiliza pesquisa documental, entrevistas com atores-chaves e análise de conteúdo temática. Na primeira etapa da pesquisa investigou-se a política de residências em saúde entre 2010 e 2021, nos aspectos gestão, características dos programas de residência e recursos investidos, identificando as categorias: atores da política e governança; expansão da formação e financiamento; áreas temáticas prioritárias; formação nas residências multiprofissionais em saúde. Foram identificadas experiências de gestão com participação dos diversos atores locais, investimento incremental em bolsas de residência, e ampliação das residências multiprofissionais em saúde. Pode-se afirmar que as residências em saúde se apresentam como uma política de Estado em Pernambuco, se consolidando, ao longo do período estudado, apesar da frágil regulação nacional. Faz-se necessário ainda, aprofundar a análise, obtendo uma compreensão processual e interpretativa dos caminhos percorridos e visão dos diversos atores no contexto da prática.

Introdução

A omissão em relação à agenda da gestão do trabalho e da educação na saúde tem trazido graves consequências para o sistema único de saúde, destacando-se a baixa capacidade do estado de orientar a formação dos profissionais para o SUS. Para que a formação desses profissionais esteja, de fato, voltada para as necessidades de saúde da população existem inúmeros desafios, especialmente no que se refere aos processos regulatórios no âmbito da política de gestão do trabalho e educação na saúde. Dentre as ações desenvolvidas pelo Ministério da Saúde na busca de integrar educação e trabalho em saúde, destacam-se as residências em área profissional da saúde, como ensino de pós-graduação na forma de educação em serviço, que se apresentam como estratégia para formar profissionais para uma atuação diferenciada no SUS, pressupondo construção interdisciplinar, trabalho em equipe, dispositivo de educação permanente, e reorientação das lógicas tecnoassistenciais

(NASCIMENTO; OLIVEIRA, 2006; SILVA et al., 2016). Nesse sentido, considerando as potencialidades pedagógicas e políticas para a transformação do modelo de atenção, coube-nos questionar como as residências em saúde, enquanto política pública, tem se efetivado como estratégia que pretende ser inovadora no campo da educação e como parte dos dispositivos de formação permanente para o SUS? Para tanto, tomamos como base o caso de Pernambuco, e pretendemos iniciar esse debate conhecendo as estratégias de gestão e organização das residências em saúde no estado, atores sociais, conteúdo da política, bem como as características dessas residências. Parte-se do pressuposto que a institucionalização e o fortalecimento da política de residências em saúde em todas as instâncias do SUS é importante estratégia para consolidar a atuação do Estado na regulação da formação de profissionais de saúde e para o aprimoramento da política de gestão do trabalho e educação na saúde. O estudo tem, portanto, como objetivo analisar a implementação da política de residências em saúde no estado de Pernambuco, Brasil.

Material e Métodos

Trata-se de uma pesquisa social, do tipo estudo de caso, exploratória, com abordagem de métodos mistos, com pesquisa documental e entrevistas com atores-chaves. O referencial teórico-analítico utilizado será a Abordagem do Ciclo de Políticas (ACP) proposta por Stephen Ball e Richard Bowe (BALL;BOWE,1992; BALL, 1993). Na primeira etapa da pesquisa, utilizou-se a pesquisa documental e dados governamentais. A secretaria estadual de saúde de Pernambuco disponibilizou documentos como legislações, relatórios e atas, e as seguintes informações dos programas de residência em área profissional da saúde, no período de 2010 a 2021: instituição, programa, categorias profissionais, ano, vagas credenciadas, órgão financiador. Os dados foram organizados em planilha do software Microsoft Excel. Foram selecionados 36 documentos relevantes ao objetivo do estudo. Utilizou-se as análises descritiva e de conteúdo temática. A pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisas do Instituto Aggeu Magalhães, parecer número 5.078.594/2021.

Resultados e Discussão

Produziu-se uma análise baseada na teoria e na perspectiva dos pesquisadores, organizada nas seguintes categorias temáticas: atores da política e governança; expansão da formação e financiamento; áreas temáticas prioritárias; formação nas residências multiprofissionais em saúde. Observou-se o desenvolvimento de estratégias e arranjos locais que visam o aprimoramento das práticas de governança, importantes para o enfrentamento da frágil coordenação nacional e precária regulamentação. Embora os ajustes locais não tenham alcançado mudanças estruturais, até onde pôde ser verificado, é no contexto da prática, onde se verifica a política em uso, onde ela de fato se efetiva, e no qual ocorrem os ajustes

secundários, ou seja, as adaptações e recriações que os atores precisam fazer para dar conta da própria política. Evidenciou-se o papel decisivo da política de financiamento de bolsas de residência com recursos do tesouro estadual e do Ministério da Saúde (2010-2015), resultando em expressiva expansão de vagas de residência (258,57%). Em relação às áreas temáticas prioritárias, verifica-se ampliação da oferta de formação em áreas estratégicas para atender à organização das redes de atenção à saúde (RAS) no estado, destacando-se as redes de urgência e emergência, materno infantil, atenção às doenças crônicas, atenção oncológica, atenção psicossocial e atenção primária à saúde. Houve maior incremento nas vagas das residências multiprofissionais em saúde (397,89%), comparado às uniprofissionais (143,48%). Entende-se que as residências multiprofissionais se constituem como um dispositivo contra-hegemônico, que opera estratégias de resistência contra a reprodução acrítica da visão de mundo que predomina nas instituições de ensino, ao modelo tecnicista da educação superior e ao modelo de especialidades da residência médica, para alcançar o objetivo de enfrentar as desigualdades sociais e regionais.

Considerações Finais

Observou-se que os movimentos locais de organização coletiva dos espaços de governança da política de residência em área profissional da saúde contribuíram para uma certa estabilidade na gestão e financiamento, a despeito dos diferentes contextos nacionais e das mudanças na concepção, diretrizes e rumos da política nacional, especialmente a partir de 2016. Compreendendo que a política está sujeita a interpretação e recriação pelos atores que atuam nos territórios onde se desenvolve, a pesquisa forneceu pistas de como os atores locais transformam a política original, adaptando-a. Faz-se necessário aprofundar a análise visando obter uma compreensão processual e interpretativa dos caminhos percorridos e visão dos diversos atores no contexto da prática.

Referências

- BALL, S.J; BOWE, R. Subject departments and the 'implementation' of National Curriculum policy: an overview of the issues. *Journal of Curriculum Studies*, London, v. 24, n. 2, p. 97-115, 1992.
- BALL, S.J. What Is Policy? Texts, Trajectories and Toolboxes. *Discourse: Studies in The Cultural Politics of Education*, London, v. 13, n. 2, p. 10-17, 1993.
- NASCIMENTO, D.D.G.; OLIVEIRA, M.A.C. A política de formação de profissionais da saúde para o SUS: considerações sobre a residência multiprofissional em saúde da família. *Rev. Min. Enf.*, v.10, n.4, p.435-439, 2006.
- SILVA, C.T. et al. Residência Multiprofissional como espaço intercessor para a educação permanente em saúde. *Texto & contexto enfermagem*, Florianópolis, v. 25, n. 1, 2016.

HANSENÍASE NO ESTADO DE PERNAMBUCO: ANÁLISE TEMPORAL, ESPACIAL E DE SOBREVIDA

BARBOSA, Celivane Cavalcanti¹, BONFIM, Cristine Vieira do^{2,3}; MEDEIROS, Zulma Maria de^{4,5}; Wayner Vieira de Souza¹

¹Instituto Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Departamento de Saúde Pública, Recife, Pernambuco, Brasil.

²Universidade Federal de Pernambuco, Programa de Pós-graduação em Saúde Coletiva, Recife, Pernambuco, Brasil.

³Fundação Joaquim Nabuco, Diretoria de Pesquisas Sociais, Recife, Pernambuco, Brasil.

⁴Universidade de Pernambuco, Programa de Pós-graduação Stricto Sensu em Ciências da Saúde, Recife, Pernambuco, Brasil.

⁵Instituto Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Departamento de Parasitologia, Recife, Pernambuco, Brasil.

RESUMO. O Brasil é um dos países que não alcançou a meta de eliminação da hanseníase. Este perfil reverbera nos estados a exemplo de Pernambuco. Esse estudo objetiva analisar a distribuição temporal e espacial dos casos novos e óbitos por hanseníase no estado de Pernambuco, tempo médio decorrido até a cura e fatores associados ao desfecho desses casos, no período 2000 a 2019. Os dados serão do Sistema de Informação de Agravos de Notificação e Sistema de Informações sobre Mortalidade. A revisão sistemática pesquisou artigos nas bases de dados PubMed, Science Direct, Scopus, Scielo e BVS publicados em inglês e português. No estudo ecológico os municípios de residência serão a unidade de análise e calculará as taxas de detecção geral, menores de 15 anos, grau 2 de incapacidade e a taxa de mortalidade. A tendência temporal será por meio da regressão *Joinpoint*. A análise espacial utilizará a estatística Espacial Scan para detectar clusters significativos. O estudo de coorte atenderá a análise de sobrevida (o tempo decorrido entre as datas do diagnóstico e alta por cura) e será feita a associação dos fatores sociodemográficos, clínicos e espaciais. Espera-se, com os resultados, auxiliar no planejamento de atividades de controle, prevenção e tratamento da hanseníase.

Palavras-chave: Hanseníase. Estudos de Séries Temporais. Análise Espacial. Análise de Sobrevida.

Introdução

A hanseníase ainda é detectada continuamente em países como o Brasil, a Índia e a Indonésia, sendo responsáveis por 79% dos casos novos de hanseníase mundialmente em 2019 (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2021). Neste mesmo ano, o estado de

Pernambuco registrou uma taxa de detecção geral de 26,24/100.000 habitantes, ocupando a terceira colocação em número de casos novos na região Nordeste. Enquanto, as taxas de detecções em menores de 15 anos foi 7,38/100.000 habitantes e grau 2 de incapacidade física no momento do diagnóstico foi 17,82/1 milhão de habitantes além de serem registrados 187 óbitos por hanseníase (BRASIL, 2021, PERNAMBUCO, 2021). Entende-se a necessidade de realizar estudos sobre análises temporais, espaciais e sobrevida para auxiliar nas intervenções de combate à hanseníase. Então, pode-se constituir indicadores para avaliar os resultados do programa de controle dessa doença. Dessa forma, este trabalho objetiva analisar a distribuição temporal e espacial dos casos novos e óbitos por hanseníase no estado de Pernambuco, tempo médio decorrido até a cura e fatores associados ao desfecho desses casos, no período 2000 a 2019.

Materiais e Métodos

O estudo será realizado no Estado de Pernambuco e conforme objetivos serão aplicados uma revisão sistemática, um estudo ecológico e um estudo de coorte. O período será entre 1º de janeiro de 2000 a 31 de dezembro de 2019, resultando em 20 anos de análise. Os casos novos (o indivíduo que nunca recebeu qualquer tratamento específico para a doença), casos novos em menores de 15 anos, casos novos com grau 2 incapacidade no diagnóstico serão extraídos do Sinan. E os óbitos relacionados à hanseníase serão retirados do SIM. No banco de dados serão analisadas as duplicidades, completitude e inconsistência. Posteriormente, calcularão os indicadores detecção geral, menores de 15 anos, grau 2 de incapacidade e a taxa de mortalidade. Para a revisão sistemática utilizou as palavras-chave “Leprosy”, “Mycobacterium leprae”, “Survival”, “Survival Analysis”, “Survival Rate, Proportional Hazards Models” e “Kaplan-Meier Estimate”, estas foram pesquisadas em várias formas de combinações. A tendência temporal será através da regressão *Joinpoint* (por pontos de inflexão). As tendências serão classificadas em estacionária, crescente e decrescente. A análise espacial utilizará a estatística Espacial *Scan* para detectar *clusters* significativos com o auxílio do modelo de Poisson. A análise de sobrevida será calculada a partir do tempo decorrido entre as datas do diagnóstico e alta por cura e será feita a associação dos fatores sociodemográficos, clínicos e espaciais, utilizado o método de Kaplan-Meier, o teste de log-rank, as razões de risco (*hazard ratios*) e o modelo de regressão de Cox. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães/Fiocruz-PE sob o parecer número 5.245.542 em 16 fevereiro de 2022.

Resultados e Discussão

Nesta seção, o objetivo finalizado foi da revisão sistemática, sendo incluídos 28 artigos, provenientes do Brasil, Índia, Bangladesh, Filipinas e Indonésia. Os métodos

aplicados foram Kaplan - Meier method, que deriva o log-rank test, Cox's proportional hazards regression, o qual origina o Hazard Ratio. O tempo médio decorrido até os seguintes desfechos foram: (I) hanseníase (2,3 anos) na população de contatos, (II) recidiva (5,9 anos), (III) manifestações clínicas antes, durante e após o tratamento – comprometimento funcional do nervo (5,2 anos), reações hansênicas (4,9 anos), incapacidade física (8,3 anos) na população de pacientes com hanseníase. Sendo assim, o uso de análise de sobrevida possibilitará a avaliação de programas nacionais de hanseníase.

Considerações Finais

A primeira revisão sistemática a investigar sistematicamente o tempo médio decorrido até os desfechos: (I) hanseníase, (II) recidiva e (III) manifestações clínicas antes, durante e após o tratamento. Os futuros resultados deste estudo poderão auxiliar no processo de tomada de decisão para o enfrentamento dos problemas de saúde pública da hanseníase.

Referências

- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Boletim Epidemiológico. Hanseníase 2021, Brasília, DF, Número especial, janeiro 2021. 56p.
- PERNAMBUCO. Óbitos - Pernambuco. Disponível em: <<http://tabnet.saude.pe.gov.br/cgi-bin/tabnet?tab/tabsim/obito.def>> Acesso em: 20 jan. 2021.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION. Leprosy. Disponível em: <https://apps.who.int/neglected_diseases/ntddata/leprosy/leprosy.html>. Acesso em: 02 fev. 2021.

MÃOS SOLIDÁRIAS: UMA CONTRIBUIÇÃO DA EDUCAÇÃO POPULAR PARA A SAÚDE DO CAMPO NO CONTEXTO DA PANDEMIA DE COVID 19:

SILVA, Carolina Veras Pessoa¹; ALBUQUERQUE, Paulette Cavalcanti de Albuquerque²; MÉLLO, Livia Milena Barbosa de Deus³.

¹Mestranda em Saúde Pública: Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães.

²Doutora em Saúde Pública: Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães.

³Doutora em Saúde Pública: Universidade Federal de Pernambuco.

RESUMO. Este estudo objetiva analisar como as experiências de educação popular da Campanha Mãos Solidárias contribuíram para a Saúde do Campo durante a pandemia de COVID-19 em assentamentos e acampamentos da Reforma Agrária no estado de Pernambuco. Trata-se de um estudo de caso, de abordagem qualitativa, cujas fontes de dados serão entrevistas com representantes dos movimentos sociais e instituições parceiras, educadores populares em saúde do campo, comunidades envolvidas na campanha Mãos Solidárias, além das mídias sociais da campanha, jornais e produções acadêmicas. Os dados serão analisados através da Análise do Discurso. Espera-se contribuir para a saúde do campo através da sistematização das práticas de educação popular e solidariedade desenvolvidas no contexto da pandemia pelos movimentos sociais, visando o incentivo de políticas públicas que fomentem e fortaleçam as iniciativas tomadas, o compartilhamento científico entre os saberes populares compartilhados nessa experiência com a sociedade civil.

Palavras-chave: Educação Popular. Saúde do Campo. Pandemia de COVID-19.

Introdução

No Brasil, o cenário da pandemia evidenciou e aprofundou diversas disparidades socioeconômicas, políticas, culturais, éticas, científicas, além de geográficas, epidemiológicas e demográficas, tendo os espaços territoriais e populacionais mais vulneráveis sofrido impactos significativos, devido às más condições de moradia, renda, saneamento e saúde (PERISSÉ, 2019). A Rede Brasileira de Pesquisa em Soberania e Segurança Alimentar (REDE PENSSAN) realizou um inquérito populacional de análise da IA no Brasil no contexto da pandemia da Covid-19 e apresentou como resultado que somente 44,8% dos brasileiros apresentavam condições de SA, sendo que dos 55,2% que se encontravam em algum nível de IA, sendo 9% destes em situação de fome (FERREIRA; CAMARGO, 2021). Esses números são mais expressivos na população negra, que apresenta 24,4% da sua população com grau moderado ou grave de IA sendo maior

entre o sexo feminino e em famílias de menor escolaridade. Quanto às regiões do país, o Norte e Nordeste apresentam os maiores percentuais de perda de emprego, redução dos rendimentos familiares, endividamento e corte nas despesas de itens essenciais para a família, todos referidos como efeito da pandemia (FERREIRA; CAMARGO, 2021). Diante desse cenário de aprofundamento das iniquidades e de desassistência institucional, os movimentos sociais prontamente organizaram sua capacidade de mobilização e solidariedade ativa através da campanha Mãos Solidárias no estado de Pernambuco. O Movimento dos Trabalhadores Rurais Sem Terra (MST) juntamente com dezenas de outras organizações iniciaram o projeto a partir das Marmitas e Máscaras Solidárias em março de 2020, no início da pandemia de COVID-19 (ALBUQUERQUE; MÉLLO, 2020; MÃOS SOLIDÁRIAS, 2020). Dentre as ações da campanha destaca-se o curso de Agentes Populares de Saúde (AgPS), as ações de segurança alimentar para redução dos impactos da fome tais como a Marmita Solidária, os Roçados Solidários e a criação de Bancos Populares de Alimentos em comunidades majoritariamente negras, afetadas economicamente pelo contexto da pandemia. As ações se expandiram para o interior do estado, completando dois anos em março de 2022, sendo um exemplo vivo de solidariedade ativa (ALBUQUERQUE; MÉLLO, 2020; MÃOS SOLIDÁRIAS, 2020). Portanto, a partir da compreensão das iniquidades em saúde aprofundadas com a pandemia, este estudo busca compreender como as experiências de educação popular desenvolvidas na campanha de solidariedade Mãos Solidárias contribuíram para a saúde do campo no estado de Pernambuco durante a pandemia de COVID-19.

Material e Métodos

Desenho do Estudo: Trata-se de um estudo de caso, de abordagem qualitativa, de natureza aplicada, de caráter exploratório. O estudo de caso é utilizado na compreensão de fenômenos sociais complexos e eventos contemporâneos. O que caracteriza o estudo de caso qualitativo é a escolha do objeto a ser estudado, sendo o seu conhecimento gerado mais concreto, contextualizado e voltado para a interpretação do leitor. **Período e local do estudo:** O período estudado compreenderá os anos de 2020 a 2022, desde o surgimento da Campanha Mãos Solidárias, no início da pandemia de COVID-19. O local de estudo é o estado de Pernambuco, com enfoque nos assentamentos e acampamentos da Reforma Agrária coordenados pelo MST. **Sujeitos da Pesquisa:** Os sujeitos da pesquisa serão informantes-chave (MINAYO, 2007), ou seja, sujeitos com atributos que facilitam a obtenção de dados, devido a sua inserção social no meio onde a observação se processa. Assim os sujeitos da pesquisa serão representantes dos movimentos sociais e instituições parceiras da Campanha Mãos Solidárias assim como acampados e assentados da reforma agrária que participaram das formações de Agentes Populares de Saúde do Campo, do I Encontro

Nordeste dos Agentes Populares de Saúde do Campo e compõem o coletivo de saúde do MST. **Análise dos Dados.** Para análise dos dados das entrevistas e documentos, será utilizada a técnica de análise do discurso (AD) por considerar presente na linguagem um lugar de conflito ideológico e social, constituídos de processos histórico-sociais e identificar o papel do sujeito no cenário enunciado.

Resultados e Discussão

Resultados Esperados: espera-se trazer contribuições para a saúde do campo através da sistematização das práticas de educação popular e solidariedade desenvolvidas no contexto da pandemia pelos movimentos sociais, visando o incentivo de políticas públicas que fomentem e fortaleçam as iniciativas tomadas, o compartilhamento científico entre os saberes populares compartilhados nessa experiência com a sociedade civil, além do seu fortalecimento através de iniciativas financiadoras de projetos voltados ao reconhecimento e sustentabilidade da produção desses saberes populares de saúde. Esse trabalho foi aprovado no processo de qualificação e será submetido ao comitê de ética e pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães - Fiocruz Pernambuco seguindo a Resolução da Comissão Nacional de Ética em Pesquisa n.º 196/96 na versão 2012, Resolução do CNS nº 510/2016. Os participantes serão convidados a assinar o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE) de forma a garantir o sigilo pessoal na investigação e na divulgação dos resultados da pesquisa.

Considerações Finais

Não se aplica

Referências

- PÉRISSÉ, A. *et al.* **Nota técnica covid-19 e vulnerabilidades - considerações sobre proteção social nas favelas.** Comitê Fiocruz. 2019. Disponível em: <https://portal.fiocruz.br/sites/portal.fiocruz.br/files/documentos/nota_tecnica_-_enfrentar_covid_19_com_protecao_social_28-05-20.pdf> Acesso em 07.09.22.
- FERREIRA, R. B. S; CAMARGO, C. L. **Vulnerabilidade da população negra brasileira frente à evolução da pandemia por COVID-19.** Revista CUIDARTE, 2021.
- ALBUQUERQUE, P. C; MÉLLO, L. M. B. de D. **O Povo Cuidando Do Povo Em Defesa Do Sus.** Boletim GT EdPopSaúde/Abrasco. Ano 1, n. 1. 2020. MOVIMENTOS DA EPS. Pag 7-8.
- MINAYO, M. C. de S. **O desafio do conhecimento.** 10. ed. São Paulo: HUCITEC, 2007.

O QUE PODE UM SANITARISTA? DESCOBERTAS A PARTIR DO LUGAR DO NASF-AB

SILVA, Gerson da¹; ARAÚJO JÚNIOR, José Luiz do Amaral Correa de¹; FARIAS, Sidney Feitoza¹

¹Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Coletiva.

RESUMO. Os Núcleos Ampliados de Saúde da Família e Atenção Básica (NASF-AB) surgem em 2008 como estratégia de ampliação e qualificação do escopo de ações de saúde da Atenção Primária à Saúde (APS). A partir de 2011 há a inserção do sanitarista e sua atuação delimita-se em subáreas como epidemiologia, política, planejamento e gestão e ciências sociais e humanas. Porém os registros dessa atuação tendem a estarem limitados em uma das áreas. Compreende-se, entretanto, que essa atuação deva ocorrer nas dimensões técnico-pedagógicas e institucionais, para além da clínico-assistencial. Dessa forma, o objetivo do estudo é analisar a atuação do profissional sanitarista no NASF-AB como dispositivo de fortalecimento do cuidado em saúde. Será realizado um estudo exploratório com métodos qualitativos, mediante entrevistas em profundidade com os sanitaristas do NASF-AB das Regiões de Saúde Metropolitana I e II do estado do Rio de Janeiro e utilizadas as indicações da pesquisa clínico-qualitativa para análise dos dados. Será sistematizado um quadro de competências da atuação nas três dimensões do apoio o qual será validado por meio da técnica de grupo focal.

Palavras-chave: Área de Atuação Profissional. Saúde Coletiva. Atenção Primária à Saúde.

Introdução

Os NASF-AB surgem em 2008 como estratégia de ampliação e qualificação do escopo de ações de saúde da APS com uma equipe multiprofissional alicerçada no referencial teórico do matriciamento em duas dimensões: a clínico-assistencial e a técnico-pedagógica (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2010; MELO et al, 2018). Inicialmente foram incorporadas 13 categorias profissionais no seu rol de atuação, porém, a partir de 2011, outras categorias foram inseridas, dentre elas o sanitarista enquanto graduado na área de saúde com pós-graduação em saúde pública/coletiva ou graduado direto em uma dessas áreas (BRASIL, 2011). No que se refere ao seu campo de atuação, há consensos de que este tenha se conformado a partir de subáreas como epidemiologia, política, planejamento e gestão e ciências sociais e humanas em saúde que lhes dão competências específicas para o exercício profissional (PAIM, 2008). Porém, observa-se que as formações, sobretudo

nos casos de pós-graduação, tendem a estar organizadas em determinadas subáreas como aquelas socialmente ditas “da gestão”, limitando em certa medida algumas compreensões do que o profissional teria de contribuição na dimensão clínico-assistencial, por exemplo (SOBRAL; BARROS; CARNUT, 2017). Tal enfoque ocorre não apenas nas formações, mas também nas seleções de sanitaristas para o NASF-AB como, por exemplo, o Rio de Janeiro que reproduz o trabalho desse profissional como de um agente de vigilância em saúde (RIOSAUDE, 2020). Dessa forma, o estudo tem como objetivo geral analisar a atuação do profissional sanitarista no NASF-AB como dispositivo de fortalecimento do cuidado em saúde.

Material e Métodos

O estudo se caracteriza por uma pesquisa qualitativa exploratória cujo objeto será a atuação dos sanitaristas no NASF-AB. Será utilizada como técnica a entrevista em profundidade guiada por um roteiro semiestruturado sobre o perfil dos indivíduos e sua atuação. A população selecionada abrange 3 sanitaristas das Regiões de Saúde Metropolitana I e II do estado do Rio de Janeiro. O tratamento dos dados das entrevistas será realizado conforme as indicações de Turato (2003) do método clínico-qualitativo que compreende sete etapas: edição do material para análise; leitura flutuante; construção das unidades de análise; construção de códigos de sentido; refinamento geral dos códigos e construção de categorias; discussão; validade. Os dados coletados serão sistematizados em uma representação gráfica das competências necessárias para as atividades de cada dimensão do apoio. O material produzido será validado com a técnica de grupo focal a partir da primeira versão do material avaliando-se a conformação de: cada item em cada componente; avaliação global por componente; e encadeamento entre os componentes. Itens consensuais serão mantidos e não consensuais serão retirados ou adaptados até que se haja consenso.

Resultados e Discussão

O projeto encontra-se em fase de avaliação do Comitê de Ética em Pesquisa não possuindo resultados registrados. Contudo, parte-se do pressuposto que as ações compartilhadas pelos sanitaristas no NASF-AB são capazes de melhor desenvolver a organização do serviço e de suas intervenções, bem como produzir cuidados que vão à contramão do modelo biomédico.

Considerações Finais

A viabilidade do projeto se dá pelo baixo custo de realização com recursos disponibilizados pelo pesquisador, bem como sua aproximação com a temática e dos atores-chave da pesquisa.

Referências

- BRASIL. **Portaria n. 2.488, de 21 de outubro de 2011.** Aprova a Política Nacional de Atenção Básica, estabelecendo a revisão de diretrizes e normas para a organização da Atenção Básica, para a Estratégia Saúde da Família (ESF) e o Programa de Agentes Comunitários de Saúde (PACS). Brasília: MS, 2011. Disponível em: [https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2011/prt2488_21_10_2011.html#:~:text=Aprova%20a%20Pol%C3%ADtica%20Nacional%20de,Comunit%C3%A1rios%20de%20Sa%C3%BAde%20\(PACS\).](https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2011/prt2488_21_10_2011.html#:~:text=Aprova%20a%20Pol%C3%ADtica%20Nacional%20de,Comunit%C3%A1rios%20de%20Sa%C3%BAde%20(PACS).) Acesso em: 13 ago. 2022.
- MELO, Eduardo Alves et al. Mudanças na Política Nacional de Atenção Básica: entre retrocessos e desafios. **Saúde Debate**, Rio de Janeiro, v. 42, ed. 1, p. 38-51, Setembro 2018. DOI 10.1590/0103-11042018S103. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sdeb/a/Vs4dLSn6T43b6nPBCFg8F3p/?lang=pt>. Acesso em: 2 jul. 2022. MINISTÉRIO DA SAÚDE (Brasil). Secretaria de Atenção à Saúde. Departamento de Atenção Básica. **Diretrizes do NASF: Núcleo de Apoio a Saúde da Família:** Cadernos de Atenção Básica, n. 27. 1. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2010. 152 p. ISBN 978-85-334-1697-0. Disponível em: http://189.28.128.100/dab/docs/publicacoes/cadernos_ab/abcd27.pdf. Acesso em: 12 ago. 2022. PAIM, Jarinilson Silva. **Reforma Sanitária Brasileira: contribuição para a compreensão e crítica.** Salvador: EDUFBA, 2008.
- RIOSAUDE - EMPRESA PÚBLICA DE SAÚDE DO RIO DE JANEIRO S/A (Rio de Janeiro-RJ). **Edital Nº 114/2020.** Regulamenta o processo seletivo destinado a contratação de profissionais para compor a equipe NASF-AB por tempo determinado para a Empresa Pública de Saúde do Rio de Janeiro S/A – RIOSAUDE, a fim de atuar nas clínicas da família da atenção primária das cap 2.1,3.1,3.3, 5.1 e 5.2. Rio de Janeiro, 2020.
- SOBRAL, Lorena Franco; BARROS, Évelin Lúcia; CARNUT, Leonardo. A área de política, planejamento e gestão em saúde nas graduações em saúde coletiva no Brasil. **Trab. Educ. Saúde**, Rio de Janeiro, v. 15, ed. 3, p. 879-894, set./dez. 2017. DOI 10.1590/1981-7746-sol00076. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/tes/a/CWXstSfgMpynRdRSskkjYQ/?lang=pt>. Acesso em: 2 jul. 2022.
- TURATO, Egberto Ribeiro. **Tratado da metodologia da pesquisa clínico-qualitativa: construção teórico-epistemológica, discussão comparada e aplicação nas áreas da saúde e humanas.** 2. ed. Petrópolis: Vozes, 2003. 685 p.

“OCUPAR E RESISTIR”: UMA ANÁLISE DO ACESSO À SAÚDE DE SUJEITOS E FAMÍLIAS VÍNCULADAS AOS MOVIMENTOS SOCIAIS DE LUTA POR MORADIA NO RECIFE – PE

MELO, Lorena¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães/Fiocruz – PE, Programa em Saúde Pública, Redes integradas em Saúde: avaliação do acesso e gestão do trabalho e da educação (RIS-AcesSUS)

RESUMO. O presente projeto, é delineado no campo dos estudos em saúde pública, arraigado nos autores da perspectiva da Reforma Sanitária em Saúde no Brasil. Com o objetivo de analisar as condições do acesso à Saúde nos territórios ocupados por comunidades que lutam por moradia em Recife, a pesquisa de mestrado percorre o caminho das produções acadêmicas qualitativas. O desenvolvimento da pesquisa está em curso, após o processo de qualificação e ajustes, onde foram feitos ajustes metodológicos para a construção do *corpus* de análise. Far-se-á uso de dados secundários. Estima-se que o produto deste trabalho também contribua com visibilidade desta lacuna agudizada na atual conjuntura e que fomente estratégias políticas para a promoção da equidade em saúde que fortemente o acesso dos sujeitos, famílias e comunidades que lutam por moradia.

Palavras-chave: Acesso. Equidade. Territórios.

Introdução

A distribuição desigual do espaço geográfico, nas cidades urbanas e rurais, apresenta-se como indicador das questões que se expressam como determinações sociais em saúde, que é latente nas condições de vida da população pauperizada residentes nesses espaços. As altas taxas de adensamento populacional, contrastada com o déficit habitacional compõe os desafios historicamente presentes no cotidiano dos territórios localizado na periferia dos grandes centros urbanos. Esta realidade traz implicações para a dinâmica de assistência à saúde dessas populações em seu cotidiano, uma vez que o modelo de atenção à saúde, neste caso com ênfase na Atenção Primária em Saúde, desde a PNAB de 2017, têm-se implementado um tipo de acesso aos serviços com viés burocrático, com enfoque somente na população cadastrada. Destaca-se que, o estado de calamidade pública vivenciado nas cidades brasileiras no período da pandemia da Covid-19, agudizou tais problemáticas e no atual contexto, com o vírus e suas mutações em alto índice de circulação por todo território brasileiro, tais famílias enfrentam diversas ações de despejo. Para os movimentos que lutam por moradia, militar pelo direito à cidade é também lutar pelo acesso a necessidades básicas,

como a Saúde. À guisa do atual contexto da relação saúde e territórios ocupados cabe indagar: quais às condições para o acesso ao Sistema Único de Saúde (SUS) vivenciados por sujeitos e famílias que reivindicam o direito à moradia no Recife - PE. Nesse sentido, a proposta deste projeto visa analisar as condições do acesso à Saúde nos territórios ocupados por comunidades que lutam por moradia em Recife. Para alcançá-lo foram delineados os seguintes objetivos específicos: a) relacionar as implicações do contexto territorial e o acesso à saúde; b) mapear a linha de cuidado em saúde da população que residem em territórios ocupados; c) traçar proposições de gestão do cuidado em saúde às famílias e comunidades que residem em territórios ocupados.

Material e Métodos

Entende-se que para alcançar o objetivo proposto a análise dos aspectos enveredados na realidade dos sujeitos e famílias residentes em ocupações, onde a incidência política na defesa do direito à moradia atribui sentido à luta por condições dignas de vida no território. Nesse sentido, a compreensão dos determinantes sociais, cujo fundamento está estruturado nas desigualdades oriundas na estrutura do modo de produção capitalista, junto ao conceito de acesso à saúde fomentará categorias analíticas calcadas na realidade concreta imbuída na dialética das relações sociais, com o território e com as políticas públicas, transversais as categorias de raça, classe e gênero. O caminho ser percorrido para o desenvolvimento da pesquisa tem como campo metodológico a pesquisa qualitativa. Far-se-á o uso de dados secundários disponibilizados pelos Conselhos Municipais de Saúde e da Cidade - ambos circunscritos no município do Recife – PE, onde o *corpus* analítico é formado pela sistematização de são 68 atas de registros das reuniões. Este material será analisado com a finalidade de encontrar elementos que subsidiem planos, projetos ou ações direcionadas as populações que residem em ocupações no município. O período de construção analítica e elaboração de sínteses iniciais tem ocorrido desde outubro do corrente ano. O *corpus* de análise é formado com registros de 5 anos, de 2017 a 2022¹. A técnica utilizada para a análise dos dados será Análise do Discurso Crítico (ADC), por compreender que a perspectiva crítica embasar toda a política de saúde por estar alinhada aos princípios da RFS.

Resultados e Discussão

Conforme explanado nos objetivos da pesquisa, almeja-se que este projeto possa trazer contribuições reflexivas diante da imbricada relação entre saúde e o direito de morar com dignidade circunscrita no acesso às políticas públicas de qualidade. Pauta esta, pleiteada por diversos movimentos no campo e na cidade. Da mesma forma que amplie o diálogo entre a pesquisa científica e as necessidades da sociedade.

Considerações Finais

Estima-se que o produto deste trabalho também contribua com visibilidade desta lacuna agudizada na atual conjuntura e que fomente estratégias políticas para a luta e defesa do direito à saúde aos sujeitos, famílias e comunidades que lutam por moradia.

Referência Bibliográfica

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE SAÚDE COLETIVA (ABRASCO). Previne Brasil: destruição da APS no SUS?. ABRASCO. YouTube. Disponível: <https://www.youtube.com/watch?v=zBcK3OsH4kg&t=9212s&ab_channel=TVAbrasco>. Acesso: 19 jul 2022.

_____. Contra a reformulação da PNAB – nota sobre a revisão da Política Nacional de Atenção Básica. ABRASCO. Disponível em: <https://www.abrasco.org.br/site/noticias/posicionamentos_oficiais-abrasco/contrareformulacao-da-pnab-nota-sobre-revisao-da-politica-nacional-de-atencao_basica/29798/>. Acesso: 15 jul 2020.

GALINDO, Ernesto Pereira. Galindo, Ernesto Pereira. A Cor da moradia: apontamentos sobre raça, habitação e pandemia. Boletim de Análise Político-Institucional – Artigos. Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (Ipea). 2021. Disponível: <<http://repositorio.ipea.gov.br/handle/11058/10528>>. Acesso: 30 jun 2022.

IRINEU, Lucineudo Machado *et al.* Análise de Discurso Crítica: conceitos-chave. Org.: Lucineudo Machado Irineu *et al.* 1. ed.– Campinas, SP. Pontes Editores, 2020. 232 p. Disponível: < <http://www.uece.br/gpadc/conceitoschave/>> . Acesso: 18 nov 2022.

¹ Vale salientar que, devido ao contexto de pandemia o conselho municipal da cidade não realizou atividades no ano de 2020.

PADRÕES ESPACIAIS E TEMPORAIS DA MORTALIDADE POR COVID-19 NO RECIFE, PERNAMBUCO, 2020 A 2022

VILA NOVA, Alan Henrique de Oliveira¹; **SILVA, Amanda Priscila de Santana**²; **MOREIRA, Rafael da Silveira Moreira**³

^{1,2,3} Programa de Pós-graduação em Saúde Pública. Instituto Aggeu Magalhães. Fundação Oswaldo Cruz

RESUMO. A COVID-19 é o maior evento de saúde pública do século, fazendo a OMS reconhecer a doença como uma Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional. O estudo tem como objetivo descrever a ocorrência e a distribuição espacial e temporal da mortalidade por COVID 19 no Recife, Pernambuco, entre março de 2020 a março de 2022. Trata-se de um estudo ecológico realizado na cidade do Recife, cujo a população consistirá em todos os óbitos confirmados para COVID-19 registrados no SIM. Serão traçados o perfil epidemiológico, a análise espacial e temporal dos óbitos por COVID-19. Foram registrados no SIM 6.009 óbitos por COVID-19. A taxa de mortalidade foi de 363,42 por 100.000 habitantes. A maior proporção de óbitos foi do sexo masculino. As faixas etárias de 70 anos e mais e de 30 a 59 anos apresentaram queda e declínio nas taxas de mortalidade, respectivamente.

Palavras-chave: Mortalidade. COVID-19. Análise espacial.

Introdução

A pandemia de COVID-19 pode ser considerada o maior desafio que a humanidade já enfrentou desde a Segunda Guerra Mundial. Em todo o mundo já foram confirmados até maio de 2022 mais de 6.285.171 óbitos pela COVID-19. Até outubro de 2022, foram registradas mais de três milhões de mortes em todo o mundo. O Brasil já ultrapassou 650.000 óbitos pela doença e é o país com maior número de mortes do mundo, seguido dos Estados Unidos e da Índia. Até 13 de outubro de 2022, o estado de Pernambuco e a cidade do Recife já haviam registrado 22.331 e 6.474 óbitos por COVID 19, respectivamente. O objetivo deste estudo foi descrever a distribuição espacial e temporal da mortalidade por COVID-19 no Recife, Pernambuco, de 2020 a 2022.

Material e Métodos

Trata-se de um estudo ecológico realizado na cidade do Recife, Pernambuco, com todos os óbitos confirmados para COVID-19 com codificação CID B34.2 + U07.1 e B34.2 + U07.2,

ocorridos em residentes de Recife entre o período de março de 2020 a março de 2022 registrados no SIM. As características epidemiológicas foram analisadas a partir das frequências absolutas e relativas dos óbitos por COVID-19 na cidade do Recife e por distrito sanitário, para as variáveis contidas no SIM. Foram calculadas as taxas de mortalidade por causa específica, taxa média de mortalidade por causa específica, e taxas de mortalidade específica para as variáveis sexo e faixa etária. Para análise espacial foram utilizadas as taxas de mortalidade por COVID-19 para construção de mapas temáticos. Para identificar a dependência espacial entre as observações foi aplicada a autocorrelação espacial pelo índice de Moran global. Para análise da série temporal foram identificadas as frequências absolutas dos óbitos por COVID-19 por semana epidemiológica, o que permitirá realizar a análise temporal do evento para o município e Distritos Sanitários de residência, por meio da regressão de joinpoint.

Resultados e Discussão

No período estudado foram registrados no SIM 6.009 óbitos por COVID-19 na cidade do Recife. Desses, 13 (0,21%) foram óbitos maternos e 7 (0,11%) óbitos infantis e fetais. A maior proporção de óbitos foi do sexo masculino 3.161 (52,60 %). A taxa de mortalidade para o período estudado foi de 363,42 por 100.000 habitantes. Após o cálculo das taxas de mortalidade para a variável sexo, foi possível identificar maior taxa para o sexo masculino, com 191,17 por 100.000 habitantes conforme a Tabela 01.

Tabela 1. Distribuição das taxas de mortalidade por COVID-19 segundo a variável sexo. Recife, PE, Brasil, 2020 a 2022.

	2020-2022		
	FA	FR%	TM/100.000 hab.
Feminino	2.848	47,40	172,24
Masculino	3.161	52,60	191,17
Total	6.009	100	363,42

FA: Frequência absoluta; FR: Frequência relativa; TM/100.000 hab: Taxa de mortalidade por 100.000 habitantes

Foi possível identificar queda nas taxas de mortalidade por COVID-19 nas faixas etárias de 70 a 80 anos e mais entre 2020 a 2022. Para as faixas etárias de 30 a 59 anos houve aumento das taxas de mortalidade entre 2020 e 2021, com destaque para a faixa etária de 50 a 59 anos, como mostra a Tabela 02.

Tabela 2. Distribuição das taxas de mortalidade por COVID-19 segundo a variável faixa etária. Recife, PE, Brasil, 2020, 2021 e 2022.

	2020			2021			2022		
	FA	FR (%)	TM	FA	FR (%)	TM	FA	FR (%)	TM
<1 ano	4	0,1	0,24	4	0,14	0,24	1	0,37	0,06
1 a 9	4	0,1	0,24						
10 a 19	6	0,2	0,36	4	0,14	0,24	2	0,74	0,12
20 a 29	17	0,6	1,03	24	0,82	1,45	4	1,49	0,24
30 a 39	62	2,2	3,75	121	4,12	7,32	4	1,49	0,24
40 a 49	152	5,4	9,19	296	10,07	17,90	12	4,46	0,73
50 a 59	375	13,4	22,68	579	19,69	35,02	31	11,52	1,87
60 a 69	672	24,0	40,64	734	24,97	44,39	54	20,07	3,27
70 a 79	730	26,1	44,15	654	22,24	39,55	72	26,77	4,35
80 ou mais	778	27,8	47,05	524	17,82	31,69	89	33,09	5,38
Total	2800	100,0	169,34	2940	100,00	177,81	269	100,00	16,27

FA: Frequência absoluta; FR: Frequência relativa; TM: Taxa de mortalidade

Considerações Finais

Torna-se necessário aprofundar as análises epidemiológicas, a partir das técnicas de análise espacial e análise de séries temporais para melhor compreensão da dimensão da mortalidade na cidade do Recife.

Referências

- BRASIL. Ministério da Saúde. Portaria MS/GM nº 188, de 3 de fevereiro de 2020. Declara Emergência em Saúde Pública de importância Nacional (ESPIN) em decorrência da Infecção Humana pelo novo Coronavírus (2019-nCoV) [Internet]. Diário Oficial da União, Brasília (DF), 2020 fev 4 [citado 2020 mar 4]; Seção Extra:1. Disponível em: <http://www.in.gov.br/web/dou/-/portaria-n-188-de-3-de-fevereiro-de-2020-241408388>
- Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância Epidemiológica. Boletim Epidemiológico 4 de 22/01/2020. Novo coronavírus (2019-nCoV) [Internet]. Brasil; 2020 [acessado em 3 maio 2020]; 51. Disponível em: https://www.saude.gov.br/images/pdf/2020/janeiro/23/Boletim_epidemiologico_SVS_04.pdf
- Cardoso, P. V., Seabra, V. D. S., Bastos, I. B., & Porto Costa, E. D. C. (2020). a Importância Da Análise Espacial Para Tomada De Decisão: Um Olhar Sobre a Pandemia De Covid-19. Revista Tamoios, 16(1), 125–137. <https://doi.org/10.12957/tamoios.2020.50440>
- Huang, C., Wang, Y., Li, X., Ren, L., Zhao, J., Hu, Y., Zhang, L., Fan, G., Xu, J., Gu, X., Cheng, Z., Yu, T., Xia, J., Wei, Y., Wu, W., Xie, X., Yin, W., Li, H., Liu, M., ... Cao, B. (2020). Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. The Lancet, 395(10223), 497–506. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5)
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. IBGE Estados 2021. <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/pe/recife.html>. Acesso Jul 2022.

6. Júnior, L. C. S., Gaujac, C., Andrade, R. A. R., & Amaral, R. C. do. (2021). Morbidade por problemas mentais – análise de séries temporais no período anterior e durante a pandemia do COVID-19. *Research, Society and Development*, 10(2), e32910212602. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i2.12602>
7. Kang, D., Choi, H., Kim, J., & Choi, J. (2020). International Journal of Infectious Diseases Spatial epidemic dynamics of the COVID-19 outbreak in China. *International Journal of Infectious Diseases*, 94(January), 96–102. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.03.076>
8. Latorre, M. do R. D. de O., & Cardoso, M. R. A. (2001). Análise de séries temporais em epidemiologia: uma introdução sobre os aspectos metodológicos. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, 4(3), 145–152. <https://doi.org/10.1590/s1415-790x2001000300002>
9. Nucci, L. B., Souccar, P. T., & Castilho, S. D. (2016). Spatial data analysis and the use of maps in scientific health articles. *Rev of the Brazilian Med Association*, 62(4), 336–341. <https://doi.org/10.1590/1806-9282.62.04.33654>. SECRETARIA DE SAÚDE DO RECIFE. Boletim epidemiológico COVID-19 nº 120/2022. Recife, 2022.
10. World Health Organization. Novel Coronavirus (2019-nCoV): Situation Report, 3. 2021. Available online: <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/330762/nCoVsitrep23Jan2020-eng.pdf> (accessed on 10 Feve 2020).
11. World Health Organization. Statement on the second meeting of the International Health Regulations (2005) Emergency Committee regarding the outbreak of novel coronavirus (2019-nCoV) [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2020 [cited 2020 Mar 4]. Available from: [https://www.who.int/news-room/detail/30-01-2020-statementon-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreakof-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/news-room/detail/30-01-2020-statementon-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreakof-novel-coronavirus-(2019-ncov))
12. World Health Organization. Timeline: WHO response COVID-19. <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/interactive-timeline> (acessado em 02/Dez/2020).

RAZÃO E PROPORÇÃO DO PROGRAMA MAIS MÉDICOS PARA O BRASIL, NO ALCANCE DAS METAS DOS INDICADORES DO PROGRAMA PREVINE BRASIL, NA ATENÇÃO PRIMÁRIA À SAÚDE.

BARBOSA DE SAMPAIO, Maria Goretti¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães – IAM, FIOCRUZ/Pernambuco

RESUMO. Sendo o Programa Mais Médicos para o Brasil, uma expressão de uma política pública que tem por finalidade, inserir profissionais médicos na Atenção Primária à Saúde (APS), em regiões prioritárias para o Sistema Único de Saúde (SUS). A presente pesquisa tem o objetivo geral de analisar a influência, no diálogo crítico permanente com a realidade em sentido teórico e prático, no encontro entre o Programa Mais Médicos para o Brasil, na proposta de revisitação de seus pontos focais, para o alcance dos indicadores do Programa Previne Brasil. E consiste de modo específico, estabelecer a cobertura do Programa Mais Médicos para o Brasil, estimar indicadores, e identificar a associação do Programa Mais Médicos para o Brasil, para com os indicadores do Previne Brasil. O delineamento metodológico abrange um estudo de caso no período de 2022, subsidiado em processo de avaliação e monitoramento quadrimestral e semestral, associado às alocações dos profissionais e as especificidades dos territórios. Considerando como resultado do encontro estabelecido entre ambos os programas, na contribuição de uma proposta, “caracterizando corretamente o problema”, para uma dada realidade dos territórios, na Atenção Primária à Saúde (APS), sobretudo como instrumento para a melhoria nas práticas do trabalho em saúde.

Palavras-chave: 1. Programa Mais Médicos para o Brasil 2. Indicadores do Programa Previne Brasil 3. Atenção Primária à Saúde.

Introdução

Programa Mais Médicos para o Brasil (PMMB)

A presente pesquisa busca estabelecer o encontro entre o Programa Mais Médicos para o Brasil nos territórios, pontuando a proposta de revisitação de fragilidades e potências que permeiam para o alcance dos indicadores do Previne Brasil. O Programa Mais Médicos para o Brasil é a expressão de uma política pública que tem por finalidade inserir profissionais médicos na atenção primária, em regiões prioritárias para o SUS, mediante a oferta de curso de especialização por instituição pública de educação superior e atividades de ensino, pesquisa e extensão, com componente assistencial mediante integração ensino-serviço, nos termos do art. 14 da Lei no 12.871/2013, e do art. 2o da Portaria Interministerial no

1.369/MS/MEC/2013 e do art. 2º da Portaria Interministerial no 1.369/MS/MEC/2013, que institui o Programa Mais Médicos, altera as Leis no 8.745, de 9 de dezembro de 1993, e no 6.932, de 7 de julho de 1981, e dá outras providências como: - Reordenação da oferta de cursos de Medicina e de vagas para residência médica, priorizando regiões de saúde com menor relação de vagas e médicos por habitante e com estrutura de serviços de saúde em condições de ofertar campo de prática suficiente e de qualidade para os alunos; - estabelecimento de novos parâmetros para a formação médica no País; e promoção, nas regiões prioritárias do SUS, de **aperfeiçoamento de médicos na área de atenção básica em saúde**, mediante integração ensino-serviço, inclusive por meio de intercâmbio internacional. O programa Mais Médicos para o Brasil é constituído por 03 (três) grandes eixos: Infraestrutura, Formação e Provimento. E tem como objetivos principais:

- Aperfeiçoar Médicos na APS, em regiões prioritárias do SUS, mediante especialização com componente assistencial que integra o ensino-serviço;
- Aprimorar a formação médica no Brasil, com maior experiência no campo de prática;
- Ampliar a inserção do médico em formação nas Unidades do SUS, com conhecimento sobre a saúde da população brasileira;
- Fortalecer a política de educação permanente com a integração ensino-serviço, com atuação de IES públicas na supervisão acadêmica dos médicos;
- Promover a troca de conhecimentos e experiências entre profissionais da saúde brasileiros e médicos formados em instituições estrangeiras;
- Aperfeiçoar médicos nas políticas públicas de saúde no Brasil e na organização e funcionamento do SUS.

Programa Previne Brasil

A Portaria GM/MS no 3.222/2019 definiu o rol de indicadores do Programa Previne Brasil e as ações estratégicas que foram contempladas para a inclusão de novos indicadores a partir de 2021. E no que tange ao Programa Previne Brasil, com a Portaria GM/MS no 3.222/2019 que define o rol de indicadores do Programa Previne Brasil e as ações estratégicas que foram contempladas para a inclusão de novos indicadores a partir de 2021, e desde 2017, a metodologia de alocação dos recursos federais para a atenção básica dos municípios se tornou centro das discussões. Esses questionamentos aconteceram devido a publicação da nova versão da Política Nacional da Atenção Básica (PNAB). Gerou também questionamentos sobre a participação do Ministério da Saúde na manutenção das equipes e serviços e o reconhecimento da força de trabalho e equipes não cofinanciadas pela união. Em 2019 foi pactuado, no âmbito da Comissão Intergestores Tripartite (CIT), um modelo misto de cofinanciamento federal para atenção básica dos municípios, chamado de “Previne

Brasil". O novo modelo de financiamento altera algumas formas de repasse das transferências para os municípios, que passam a ser distribuídas com base em quatro critérios:

- captação ponderada;
- pagamento por desempenho;
- incentivo para ações estratégicas;
- incentivo financeiro com base em critério populacional.

Um dos componentes do chamado "Previne Brasil" busca induzir a identificação qualificada da população adscrita nos territórios sob responsabilidade das equipes de atenção básica, por intermédio de cadastro da população residente, a chamada Captação Ponderada. Nesse sentido é fundamental o trabalho dos Agentes Comunitários de Saúde (ACS), visando qualificar o registro nas Fichas de Cadastro Individuais da população residente em suas áreas de atuação. Além da Captação Ponderada, outro componente que chamamos atenção é o Pagamento por Desempenho. O componente Desempenho trabalha com Indicadores que medem resultados finais e intermediários relacionados à atenção à saúde, com foco na coordenação do cuidado e cuidado longitudinal realizados pelas equipes e serviços de atenção básica. Nesse sentido, tanto a identificação da população sob responsabilidade das equipes de AB, quanto a busca ativa da população alvo com condições crônicas, crianças, gestantes, entre outros, são fundamentais na rotina de trabalho dos ACS e por consequência no resultado de tais avaliações que ocorrem a cada quadrimestre.

Nessa lógica, demonstra-se que é estruturado no Previne Brasil, um modelo misto de financiamento para a Atenção Primária à Saúde, subdividido em :

- Captação Ponderada que se baseia no número de pessoas cadastradas sob responsabilidade das equipes;
- População que se baseia no quantitativo populacional;
- Programas que se baseia na implementadas de programas, estratégias, e ações que refletem na melhoria do cuidado na Atenção Primária à Saúde (APS);
- Pagamento por desempenho baseado por resultados alcançados por indicadores de saúde;
- Para o ano 2022, o pagamento por desempenho se estabelece subsidiado no alcance dos seguintes indicadores preconizados pelo Ministério da Saúde:

1. Pré-natal

- Proporção de gestantes com pelo menos 6 (seis) consultas pré-natal realizadas, sendo a 1° até a 12° semana de gestação;
- Proporção de gestantes com realização para sífilis e HIV;
- Proporção de gestantes com atendimento odontológico realizado.

2. Saúde da Criança

- Proporção de crianças de 1 (um) ano de idade vacinadas na APS contra Difteria, Tétano Coqueluche, Hepatite B, infecções causadas por *Haemophilus Influenzae* tipo b e Poliomielite Inativada.

3. Saúde da Mulher

- Proporção de mulheres com coleta de citopatológico na APS.

4. Doenças Crônicas

- Proporção de pessoas com hipertensão com consulta e pressão arterial aferida no semestre;
- Proporção de pessoas com diabetes com consulta e hemoglobina glicada solicitada no semestre.

A avaliação de desempenho se constitui em parâmetros, metas e pesos. Os parâmetros representam o valor de referência utilizado para indicar a performance ideal que se espera alcançar, revelando o que a literatura nacional e internacional aponta sobre os processos aferidos nos indicadores. Já as metas representam a quantificação do valor de referência do alcance da qualidade esperada para o indicador no contexto do pagamento por desempenho na Atenção Primária à Saúde (APS). E por último, os pesos são os fatores de multiplicação de cada indicador na nota final.

Avaliação de Desempenho: Parâmetros, Metas e Pesos:

Acoes estratégicas	Indicador	Parametro	Meta 2022	Peso
Pré-natal	Proporção de gestantes com pelo menos 6 (seis) consultas pré-natal realizadas, sendo a 1º(primeira) até a12º(decima segunda) semana de gestação;	100%	45%	1
	Proporção de gestantes com atendimento odontológico realizado;	100%	60%	2
	Proporção de gestantes com realização de exames para sífilis e HIV.	100%	60%	1
Saude da Mulher	Proporção de mulheres com coleta de citopatológico na Atencao Primaria à Saude.	80%	40%	1
Saude da Criança	Proporção de crianças de 1(um) ano de idade vacinadas na APS contra Difteria, Tétano, Coqueluche, Hepatite B, infecções causadas por Haemophilus influenza tipo b e Poliomielite Inativada.	95%	95%	2

Acoes estratégicas	Indicador	Parametro	Meta 2022	Peso
Doenças Crônicas	Proporção de pessoas com hipertensão, com consulta e pressão arterial aferida no semestre;	100%	50%	2
	Proporção de pessoas com diabetes, com consulta e hemoglobina glicada no semestre;	100%	50%	1

Avaliação de Desempenho: Período de Avaliação e Medição:

Acoes estratégicas	Indicador	Avaliação	Medição
Pré-natal	Proporção de gestantes com pelo menos 6 (seis) consultas pré-natal realizadas, sendo a 1º(primeira) até a12º(decima segunda) semana de gestação;	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 12(doze) meses
	Proporção de gestantes com atendimento odontológico realizado;	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 12(doze) meses
	Proporção de gestantes com realização de exames para sífilis e HIV.	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 12(doze) meses
Saude da Mulher	Proporção de mulheres com coleta de citopatológico na Atencao Primaria à Saude.	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 36(trinta e seis) meses
Saude da Criança	Proporção de crianças de 1(um) ano de idade vacinadas na APS contra Difteria, Tétano, Coqueluche, Hepatite B, infecções causadas por Haemophilus influenza tipo b e Poliomielite Inativada.	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 12(doze) meses
Doenças Crônicas	Proporção de pessoas com hipertensão, com consulta e pressão arterial aferida no semestre;	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 6(seis) meses
	Proporção de pessoas com diabetes, com consulta e hemoglobina glicada no semestre;	A cada 4(quatro) meses	Ultimos 6(seis) meses

Programa Mais Médicos para o Brasil – PMMB / ALAGOAS

O Programa Mais Médicos para o Brasil (PMMB) é parte de um amplo esforço do Governo Federal, com apoio de estados e municípios, para a melhoria do atendimento aos usuários do Sistema Único de Saúde (SUS). Além de levar mais médicos para regiões onde há escassez ou ausência desses profissionais, o programa prevê, ainda, mais investimentos para construção, reforma e ampliação de Unidades Básicas de Saúde (UBS), além de novas vagas de graduação, e residência médica para qualificar a formação desses profissionais. Assim, o programa busca resolver a questão emergencial do atendimento básico ao cidadão, mas também cria condições para continuar a garantir um atendimento qualificado no futuro para aqueles que acessam cotidianamente o SUS. Além de estender o

acesso, o programa provoca melhorias na qualidade e humaniza o atendimento, com médicos que criam vínculos com seus pacientes e com a comunidade.



Quantitativo de vagas em geral

PROJETO MAIS MÉDICOS PARA O BRASIL (PMMB) - ALAGOAS

VAGAS PMMB MAIO DE 2022			
VAGAS TRANSFERIDAS PARA PMMB		VAGAS NÃO TRANSFERIDAS PARA PMMB	
DESOCUPADAS	Ocupadas	DESOCUPADAS	Ocupadas
25	11	47	150
36		197	
TOTAL DE VAGAS PMMB: 233			

FONTE: SGP/16 DE MAIO DE 2022

DIMENSIONAMENTO DE VAGAS – PROFISSIONAIS ATIVOS

REGIÃO DE SAÚDE	QTD DE PROFISSIONAIS	QTD DE VAGAS DESOCUPADAS
1° Regiao	7	8
2° Regiao	11	4
3° Regiao	14	1
4° Regiao	6	3
5° Regiao	20	4
6° Regiao	17	7
7° Regiao	32	6
8° Regiao	3	3
9° Regiao	23	6
10° Regiao	16	2

Fonte: Planilha OAPS, atualizada em 06/06/2022.

4 - A justificativa da presente pesquisa reside no seu objetivo geral de analisar a proporção da influência do Programa Mais Médicos para o Brasil, na razão do alcance dos indicadores.

Material e Métodos

Dimensionar o problema em Estudo de Caso de 02 regiões sanitárias, como unidades de análise definidas:

1. Cenário da Pesquisa;

Duas regiões sanitárias do Estado de Alagoas com adesão ao Programa Mais Médicos para o Brasil (uma de perfil macro e outra de perfil de extrema pobreza).

2. Elementos do Plano de Pesquisa;

- Número de profissionais envolvidos;
- Número de Supervisores e tutores envolvidos;
- Número de regiões sanitárias envolvidas no Estado;
- Número de municípios envolvidos por cada região sanitária ;

3. Fragilidades e Oportunidades na Revisitação dos pontos focais do Programa Mais Médicos para o Brasil nessa influência:

3.1 Oportunidades

- Revisitação dos pontos focais do Programa Mais Médicos para o Brasil nessa influência; na Identificação e mapeamento dos vazios assistenciais, e, na cobertura em áreas historicamente desassistidas
- Integração ensino-serviço, através dos supervisores e especializações;

3.2 Fragilidades

- Verificar causalidade reversa, na associação se foram os indicadores que causaram o Programa Mais Médicos para o Brasil;
- Mesura da participação do Estado ao longo da linha do tempo;
- Desalinhamento com as normativas municipais;

4. Processo de Avaliação; Quadrimestral e Semestral

Resultados e Discussão

Discussão em resultados possíveis, ponderando, se onde ha maior adesão ao Programa Mais Médicos para o Brasil, coexiste ou não, baixo alcance das metas em relação aos indicadores.

Considerações Finais

Visto que as evidências demonstram que sistemas de saúde com fortalecimento na atenção Primária à Saúde conseguem os melhores resultados, maior equidade, e menores taxas de crescimento em despesas em saúde, as considerações finais são direcionadas em caminhos e mecanismos na contribuição / construção de uma proposta “caracterizando corretamente o problema”, para uma dada realidade, estabelecida no encontro entre o Programa Mais Médicos para o Brasil e os indicadores do Programa Previne Brasil.

Referências

Biblioteca Virtual em Saúde do Ministério da Saúde //bvsmms.saude.gov.br
 DEMO, P. Metodologia Científica em Ciências Sociais. São Paulo: Atlas, 1995. Indicadores de saúde e sistemas de Informação :<https://bvsmms.saude.gov.br>
 PORTARIA DE CONSOLIDAÇÃO No 1, DE 2 DE JUNHO DE 2021 - DOU - Imprensa Nacional /Publicado em: 08/06/2021 | Edição: 105 | Seção: 1 | Página: 10
 PORTARIA GM/MS nº102, de 20 de janeiro de 2022 - DOU - Imprensa Nacional PORTARIA GM/MS nº2979, de novembro de 2019 - DOU - Imprensa Nacional PORTARIA GM/MS nº2254, de setembro de 2021 - DOU - Imprensa Nacional.

REDE DE ATENÇÃO INTEGRAL À SAÚDE DA MULHER EM SITUAÇÃO DE VIOLÊNCIA E SUAS INTERSECCIONALIDADES: UMA ANÁLISE DOS LIMITES E POSSIBILIDADES NO MUNICÍPIO DE RECIFE-PE

SANTOS, Daianny de Paula¹, LYRA, Tereza Maciel¹, SANTOS, Naíde Teodósio Valois¹

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Pública, Programa de Pós-graduação em Saúde Pública

RESUMO. Na violência contra a mulher, a articulação em redes de cuidado é eixo fundamental na garantia da integralidade da atenção em saúde. Pretende-se analisar a integralidade da Rede de atenção à saúde da mulher em situação de violência, atendida na cidade do Recife, na perspectiva da interseccionalidade. Estudo exploratório-descritivo, com base em método misto sequencial, com uso de abordagens quantitativa e qualitativa. Os dados serão coletados através das seguintes etapas: (1) banco de dados de notificação de casos de violência interpessoal em mulheres, de 20 a 59 anos, inseridos no SINAN, entre 2015 e 2020; (2) Análise documental e (3) entrevistas semiestruturada. Serão utilizadas ferramentas computacionais como Microsoft Excel 2010 for Windows, assim como “Statistical Package for the Social Science” – SPSS®. Os dados qualitativos serão processados à luz da Análise de Conteúdo. Serão entrevistados profissionais, gestores, usuárias e coletivos sociais. Com os resultados obtidos, espera-se contribuir com a estruturação de políticas de saúde, linhas de cuidados em violência e atenção à saúde da mulher.

Palavras-chaves: Violência contra a mulher; Necessidades e demandas de serviços de saúde; Integralidade em saúde.

Introdução

A violência contra a mulher apresenta expressiva magnitude e transcendência social, sendo determinada pelo gênero, raça e classe que operam nas trajetórias de vida, configurando-se em um desafiador problema de saúde pública. As Redes de Atenção à Saúde tem sido uma ferramenta fundamental para a organização do sistema, sendo capaz de atuar sobre o panorama epidemiológico, no qual se fundamenta pelo princípio da integralidade (AYRES et al., 2012; SOUZA et al., 2012). Há necessidade de ultrapassar a lógica organizativa dos serviços que se baseiam nos ciclos de vida, para um enfrentamento articulado às dinâmicas sociais e as necessidades de atenção à saúde. Essa integração é eixo fundamental na garantia do cuidado (CONNELL; PEARSEN, 2015; DAVIS; 2016; SAFFIOTI, 2004). Assim, para contribuir na compreensão sobre a Rede integral de atenção à saúde à mulher em

situação de violência, neste estudo será utilizado a interseccionalidade como luz teórica na análise desta referida rede. A interseccionalidade é uma ferramenta analítica que investiga como as relações interseccionais de poder interferem nas interações sociais em sociedades marcadas pela diversidade. Desse modo, este estudo tem como objetivo analisar a integralidade na estruturação da Rede de atenção à saúde da mulher em situação de violência, atendida na cidade do Recife, sob a ótica da interseccionalidade.

Materiais e Métodos

Trata-se de um estudo exploratório-descritivo, a ser desenvolvido com base em método misto sequencial (quantitativo e qualitativo) que busca compreender a integralidade da rede de atenção à saúde da mulher em situação de violência, atendida no município de Recife-PE. Aborda o estudo de caso do tipo único, ao analisar a modelagem da rede de atenção à saúde da mulher em situação de violência atendida na cidade do Recife-PE. O estudo será conduzido no município do Recife que dispõe em seus territórios serviços de referência municipal e estadual de atenção e proteção à mulher em contextos de violência. A coleta de dados desta pesquisa obterá dados quantitativos (Dados inseridos no SINAN, no período de 2015 a 2020) e qualitativos (análise documental e entrevistas semiestruturadas com informantes-chave). Será adotado como participantes atores sociais relevantes na construção e efetivação desta rede (usuárias, profissionais e gestores em saúde, coletivos e movimentos sociais). A análise dos dados será feita utilizando estratégia da triangulação de métodos quantitativos (análise descritiva) e qualitativos (análise de conteúdo para as entrevistas semiestruturadas e análise documental). Serão utilizadas ferramentas computacionais como Microsoft Excel 2010 for Windows, assim como “Statistical Package for the Social Science” – SPSS®. Os dados qualitativos serão processados à luz da Análise de Conteúdo. Este estudo está em conformidade com as Resoluções nº 196/1996, nº 466/2012 e nº 510/2016 do Conselho Nacional de Saúde. O projeto foi submetido à apreciação do Comitê de Ética em Pesquisa do Instituto Aggeu Magalhães para início do campo de coleta de dados.

Resultados e Discussão

No tocante a este tópico, ainda não há resultados concluídos. Foi realizada uma revisão do marco teórico da tese, assim como a estruturação dos instrumentos para a coleta de dados (roteiro de consulta aos documentos e roteiro de entrevista semi-estruturada). Pretende-se a partir da finalização destes materiais, o início imediato do campo da pesquisa e sistematização dos achados documentais. Ao final, espera-se obter: (1) o perfil epidemiológico estratificado interseccionalmente dos casos de violência contra a mulher na cidade do Recife (2015 a 2020) com vistas a subsidiar a compreensão da determinação do agravo no município; (2) Territorialização da rede, destacando suas potencialidades e fragilidades; (3) Discursos e

resgate das histórias dos atores sociais envolvidos nesta construção, considerando a presença da interseccionalidade nestas vivências.

Considerações Finais

Espera-se que os achados futuros referentes a esta rede contribuam na análise das linhas de cuidado no SUS em contextos de violência, assim como, possibilite compreender de forma mais abrangente o processo de construção, formatação e proposição de melhorias na estruturação das políticas de saúde direcionadas às mulheres na cidade do Recife.

Referências

- AYRES J.R.C.M, FRANÇA JI, CALAZANS G.J, SALETTI F.H.C. O conceito de vulnerabilidade e as práticas de saúde: novas perspectivas e desafios. In: Czeresnia, D, Freitas, CM (Orgs.) Promoção da saúde: conceitos, reflexões, tendências. Rio de Janeiro: Fiocruz, 2003, p.117-139.
- DAVIS, A. Mulheres, Raça e Classe. 1. ed. São Paulo: BoiTempo, 2016. 244p
- CONNELL, R.P.; PEARSE, R. Gênero: uma perspectiva global: Compreendendo gênero - Da esfera pessoal à Política - No mundo Contemporâneo. São Paulo: nVersos, 2015. 325p
- SAFFIOTI H.I. Gênero, Patriarcado e Violência. São Paulo: Editora Expressão Popular; 2004. p.46- 49

RETROCESSOS NA REGULAÇÃO DE AGROTÓXICOS NA LEGISLAÇÃO BRASILEIRA E AS REPERCUSSÕES SOBRE A SAÚDE

ANDRADE LIMA, Amanda de¹;

¹ Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Coletiva

RESUMO. Sob a justificativa de aumentar a produção agrícola, o Brasil tornou-se um dos maiores consumidores de agrotóxicos do mundo, o que compromete a saúde da população e o meio ambiente. Os impactos do uso desses agentes variam desde intoxicações agudas e crônicas, destruição de biomas, perda da biodiversidade à mudanças climáticas, culminando com o aquecimento global. A liberação crescente de novos registros de agrotóxicos nos últimos anos, aliada às mudanças normativas que flexibilizam o registro e uso desses agentes, evidenciam que a lei brasileira tem se tornado cada vez mais permissiva, com repercussões negativas para o ambiente e a saúde humana. As mudanças normativas propostas na legislação brasileira que regula os agrotóxicos vão comprometer a garantia constitucional do direito à saúde, agravando o problema ambiental e de saúde pública associado ao uso desses agentes no Brasil. As consequências das alterações jurídicas pretendidas pelo PL nº 1459/2022 vão reduzir a proteção e a preservação de direitos estabelecidos constitucionalmente, se coadunando com a atual tendência política brasileira de redução de direitos sociais e retrocessos legislativos, demonstrando a importância da realização do presente estudo por meio de análise documental da legislação brasileira federal publicadas no período de 2016 a 2022.

Palavras-chave: Agrotóxicos; Saúde; Retrocessos na legislação brasileira.

Introdução

As legislações recentemente publicadas e os projetos de lei em tramitação sobre a regulação dos agrotóxicos no Brasil vêm provocando retrocessos normativos que expõem o ambiente e a população (GURGEL, 2017, p. 9), inclusive, as gerações futuras a situações de risco crescentes ao ampliar permissões e fragilizar fiscalizações e normatizações. A hegemonia do pensamento econômico neoliberal vem provocando o esvaziamento de normas de proteção de diversos direitos sociais e princípios constitucionais coletivos. No Brasil, desde os anos 90, o modo de produção do agronegócio vem se expandindo e se fortalecendo no cenário político econômico (GURGEL; GUEDES; FRIEDRICH, 2021, p. 137), de maneira que nos últimos anos a supressão de direitos e proteção social é crescente e intencionalmente permissivo na regulação de agrotóxicos.

Atualmente, tramita no Senado Federal é o Projeto de Lei nº 1459/2022, um substitutivo ao Projeto de Lei (PL) nº 6.299/2002 da Câmara dos Deputados, que visa uma preocupante e ampla modificação da Lei nº 7.802 de 1989, para modificar e flexibilizar o sistema de registro e uso de agrotóxicos no Brasil, violando alguns artigos constitucionais e infralegais, por exemplo, ao retirar do Ministério da Saúde a análise da toxicidade e dos efeitos à saúde humana dos agrotóxicos e concentrar em um único órgão, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), o poder de decisão de concessão de registro de um produto agrotóxico sem avaliação técnica dos efeitos sobre a saúde e o meio ambiente, consoante a proposta prevista no art. 4º do mencionado PL, bem como ao restringir a competência legislativa dos estados e municípios de estabelecerem medidas mais protetivas que o disposto em legislação federal, conforme a proposta contida no art. 9º do supracitado PL, além de diversas outras pretensões de modificações no sistema de regulação de agrotóxicos. Desse modo, é necessário analisar o cumprimento da garantia constitucional do direito à saúde decorrente das mudanças normativas referentes à regulação de agrotóxicos na legislação brasileira no período de 2016 a 2022.

Materiais e Métodos

A pesquisa foi desenvolvida através de análise documental de normas federais sobre a regulação dos agrotóxicos na legislação brasileira durante o período de 2016 a 2022, incluindo decisões judiciais do Supremo Tribunal Federal (STF) e Superior Tribunal de Justiça (STJ) pertinentes à matéria e Projetos de Lei em tramitação durante o período do estudo, além da consulta a artigos científicos, a publicações e aos sítios eletrônicos da Imprensa Nacional, bem como do Mapa, Anvisa e Ibama para o levantamento do corpus da pesquisa. Serão excluídas as legislações estaduais, municipais e internacionais por não serem objeto de estudo do presente projeto.

Resultados e Discussão

Agrotóxicos são substâncias (químicas, físicas ou biológicas) tóxicas que viciam o ambiente no qual é aplicado, de modo que gradativamente será necessário utilizar uma maior quantidade dessa droga para se obter o resultado pretendido, sob pena de não atingir o efeito almejado, em face ao aumento da resistência das pragas aos agrotóxicos, às custas de maiores danos ao ambiente, à população e aos animais, afastando-se cada vez mais do meio ambiente ecologicamente equilibrado e uma vida saudável preconizados pela Constituição Federal de 1988 (art.225), a Constituição Cidadã.

Considerações Finais

O trabalho ainda está em andamento, na fase de permanente pesquisa, leitura e desenvolvimento da redação para encorpar o projeto e com isso trazer maior visibilidade e reflexão para os danos à saúde provocados pelos retrocessos na regulação de agrotóxicos na legislação brasileira. Por fim, acredito que concluirei as análises em até 04 meses, a fim de que a defesa pública possa ser realizada em abril de 2023.

Referências

GURGEL, Aline Monte *et al.* Reflexos da perda do controle estatal sobre os agrotóxicos no Brasil e sua regulação pelo mercado. **Revista Eletrônica de Comunicação, Informação e Inovação em Saúde**, v. 11, n. 3, 2017.

GURGEL, Aline Monte; GUEDES, Clenio Azevedo; FRIEDRICH, Karen. Flexibilização da regulação de agrotóxicos enquanto oportunidade para a (neco) política brasileira: avanços do agronegócio e retrocessos para a saúde e o ambiente. *Desenvolvimento e Meio Ambiente*, v. 57, 2021.

SOBRE LUTAR PELA AMOROSIDADE

CARPES, Lucas¹; MONTEIRO, André²

¹ Instituto Aggeu Magalhães, Departamento de Saúde Pública, Laboratório de Saúde, Ambiente e Trabalho

RESUMO. Este trabalho pesquisa a forma com que mulheres negras da periferia de Belo Horizonte produzem ações de saúde e sociais para mulheres da periferia urbana. Considerando sistemas de poder produtores de desvantagens simbólicas e materiais como racismo, sexismo e o capitalismo busca-se compreender se as ações proporcionadas por essas mulheres têm sido relevantes, proporcionando saúde para suas usuárias e membras, utilizando metodologias participativas. Para a análise dos dados utiliza-se produções teórico-militantes do feminismo negro brasileiro e estadunidense, de contribuições do campo psicológico da esquizoanálise, da saúde coletiva e da justiça ambiental de forma a atingir uma análise interseccional.

Palavras-chave: *Interseccionalidade. Racismo ambiental. Potência de ação.*

Introdução

O Brasil, pós-golpe parlamentar de 2016 e a vitória eleitoral de Jair Bolsonaro em 2018, renova sua exaltação de ideários racistas, sexistas e excludentes. Não por essas ideias terem necessariamente se atualizado, o que em certa medida acontece — à exemplo da reestruturação de órgãos governamentais como FUNAI e Fundação Palmares para fins contrários à sua formulação inicial —, mas sim por se apresentarem renovadas diante de uma realidade de autorização para livre circulação desses discursos, agora pouco ou nada velados, nos espaços sociais. O Sistema Único de Saúde, institutos de pesquisa como a Fiocruz, além de empresas públicas como Petrobrás e Correios vêm sendo atacadas, seja pela descrença ou pela privatização, por uma gestão baseada em princípios econômicos elitistas que corroboram para o agravamento da desigualdade social no país. Dessa forma, faz-se necessário empenhar esforços na disputa pela transformação social também no campo da produção de subjetividades, visto que esses movimentos vêm sendo possíveis pelo amparo de parte considerável da população brasileira. A ideologia racista não só direciona o bem público para o benefício do indivíduo branco, mas, ao mesmo tempo, conduz o maquinário repressor estatal em direção aos corpos e espaços negros. O racismo é ao mesmo tempo ideia e ação, onde seu movimento produz o controle dos corpos negros pela manipulação da morte. Se no período colonial havia a autorização de matar sob a justificativa

do corpo negro como propriedade privada, hoje tem-se aval para matar esse corpo nos territórios favelados desde que se esteja sob o signo “bandido”. Diante dessa inventividade do racismo de se adaptar aos tempos é que se faz necessária uma resposta, no mínimo, igualmente inventiva no sentido do fazer viver. Nessa perspectiva, a resistência de mulheres negras frente a exclusão se faz importante não só por estarem na base da pirâmide social, mas por suas experiências ao longo das transformações do racismo terem tido certo êxito. Seu produto tem sido a vida da população negra em corpos, territórios e afetos, uma vida que não só persiste em subsistência material, mas que comporta amorosidade e luta; quem não apenas sobrevive diante da violência das máquinas do Estado e do capital, mas que ousa enfrentar e se apropria, a todo o tempo, de suas burocracias e estratégias. A Coletiva Mulheres da Quebrada (MDQ), coletivo de mulheres que atuam no Aglomerado da Serra, região periférica de Belo Horizonte, concentra suas ações no que Collins (2019, p. 100) definiu como espaços seguros, reconhecendo que não há espaço para ser negra nos ambientes públicos, senão, ser aquilo que a sociedade racista espera da mulher negra, tal como nos tempos coloniais. Dessa forma, sua aposta de luta é na garantia de espaços onde mulheres negras podem experimentar a fala livre da opressão, de experimentar serem livres da opressão. A MDQ concilia aos espaços seguros a produção de afetividade entre mulheres, formando duas premissas no enfrentamento ao racismo: o território livre da opressão e a afirmação da amorosidade e cuidado como forma de relação principal. Essa característica da luta antirracista promovida pela MDQ caminha para o que Almeida (2022, p. 39) define como “território de afeto” entendido como “campo de ação política que se exprime pela manutenção, criação ou redefinição de espaços potencializados”. A autora cria esse conceito a partir de sua pesquisa em territórios quilombolas e a relação que essa população estabelece com o lugar e entre si, destacando que essa relação não se dá a partir da identidade jurídica quilombola. Com efeito, busco nesta pesquisa aproximar esse conceito da experiência militante da MDQ, sendo necessário caminhar como Almeida entendendo “afeto” pela compreensão de Espinoza (2009), onde, a depender desse afeto, tem-se a potência de agir aumentada ou diminuída. Busca-se analisar como as Mulheres da Quebrada produzem saúde no enfrentamento das violências raciais, de gênero e de classe, partindo do pressuposto de que a experiência quilombola apresentada por Almeida (2022) também ocorre com outros espaços onde mulheres negras atuam em conjunto.

Materiais e Métodos

O trabalho consiste em uma pesquisa utilizando a metodologia cartográfica acerca de uma vivência junto à MDQ como integrante da coletiva e pesquisador. O método cartográfico exige que o sujeito da pesquisa mergulhe na experiência junto de seu objeto em um mesmo plano de produção (PASSOS e BARROS, 2009) e foi escolhido por permitir que tracemos um

caminho, partindo de onde o aprendiz-pesquisador encontra com o campo e seus objetos. Por meio de entrevistas e da participação voluntária nas ações da Coletiva, busca-se fazer coemergir no processo cartográfico a MDQ e suas ações como objeto e este aprendiz-pesquisador como sujeito, tendo parte do território existencial (ALVAREZ e PASSOS, 2009) da MDQ como campo.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, Mariléa de. **Devir quilomba**: antirracismo, afeto e política nas práticas de mulheres quilombolas. São Paulo: Elefante, 2022.
- ALVAREZ, Johnny; PASSOS, Eduardo. Pista 7: Cartografar é habitar um território existencial. *In*: PASSOS, Eduardo; KASTRUP, Virgínia; DA ESCÓSSIA, Liliana (org.). **PISTAS DO MÉTODO DA CARTOGRAFIA**: Pesquisa-intervenção e produção de subjetividade. Porto Alegre: Sulina, 2009. cap. 7, p. 131-149.
- COLLINS, Patricia Hill. O poder da autodefinição. *In*: COLLINS, Patricia Hill. **Pensamento feminista negro**. São Paulo: Boitempo, 2019. cap. 5, p. 179-215.
- PASSOS, Eduardo; BARROS, Regina Benevides de. Pista 1: A cartografia como método de pesquisa-intervenção. *In*: PASSOS, Eduardo; KASTRUP, Virgínia; DA ESCÓSSIA, Liliana (org.). **PISTAS DO MÉTODO DA CARTOGRAFIA**: Pesquisa-intervenção e produção de subjetividade. Porto Alegre: Sulina, 2009. cap. 1, p. 17-31.
- SPINOZA, BARUCH. **Ética**. Belo Horizonte: Autêntica, 2009.

**TERAPIA ANTIRRETROVIRAL: UMA ANÁLISE DOS FATORES RELACIONADOS À
ADESÃO AO TRATAMENTO ENTRE CRIANÇAS E ADOLESCENTES COM
DIAGNÓSTICO POSITIVO PARA HIV POR TRANSMISSÃO VERTICAL
ACOMPANHADOS EM UM SERVIÇO DE ATENÇÃO ESPECIALIZADA (SAE) ENTRE
1987 E 2017.**

SANTOS, Emanuelle Milayne Araújo dos¹; MIRANDA, Gabriella Morais Duarte², MENDES, Antônio da Cruz Gouveia³

¹ Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz, Departamento de Saúde Coletiva, LABSIS

² Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz, Departamento de Saúde Coletiva, LABSIS

³ Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz, Departamento de Saúde Coletiva, LABSIS

RESUMO. A adesão de crianças e adolescentes à terapia antirretroviral (TARV) é o pilar da qualidade de vida e imunossupressão do vírus, a compreensão quanto a sua dimensão é essencial a fim de delimitar as barreiras e desafios que levam a adesão, não adesão ou falha terapêutica. O estudo busca analisar os fatores relacionados à adesão à terapia antirretroviral entre crianças e adolescentes com diagnóstico positivo para HIV por transmissão vertical acompanhados em um Serviço de Atenção Especializada (SAE) entre 1987 e 2017. Trata-se de uma pesquisa de abordagem quantitativa e qualitativa, descritivo-analítica, observacional e longitudinal a partir da análise de uma coorte retrospectiva fixa. A análise quantitativa será realizada a partir de uma fonte de dados com as variáveis de prontuários de todas as crianças e adolescentes de 0-19 anos de idade, com diagnóstico positivo para HIV/aids por via de transmissão vertical cadastradas no serviço de acompanhamento HIV/Aids do IMIP. A análise qualitativa se dará por entrevistas com quatro profissionais de saúde do serviço e quatro famílias acompanhadas pelo serviço. Posteriormente será realizado uma análise estatística univariada e multivariada quantos aos fatores relacionados à adesão, assim como será realizado a técnica de condensação de significados para análise das entrevistas.

Palavras-chave: Transmissão Vertical. Crianças e Adolescentes. Adesão. Terapia antirretroviral.

Introdução

A terapia antirretroviral (TARV) em crianças proporciona uma melhor qualidade de vida, possibilita a sobrevivência, desenvolvimento e crescimento infantil. A realização da profilaxia adequada nas gestantes e em RN é de máxima importância tanto para o tratamento quanto para a prevenção a fim de que se possa chegar à estabilidade imunológica e supressão viral, tendo em vista, que a evolução da doença sem tratamento é rápida e traz uma série de

infecções oportunistas. Para isto, é necessária uma boa adesão à TARV de forma contínua e assídua. Um aspecto a ser levado em consideração são os determinantes e condicionantes que levam a não adesão ao tratamento e os fatores que englobam as vulnerabilidades e estigmas impostos às famílias/cuidadores e crianças/adolescentes. Diante disso, o estudo pretende analisar fatores relacionados à adesão à terapia antirretroviral entre crianças e adolescentes com diagnóstico positivo para HIV por transmissão vertical (TV) acompanhados em um Serviço de Atenção Especializada (SAE) entre 1987 e 2017.

Materiais e Métodos

Trata-se de uma pesquisa de abordagem quantitativa e qualitativa, analítica, observacional e longitudinal a partir da análise de uma coorte retrospectiva fixa. O estudo será realizado no ambulatório do Hospital-Dia Pediátrico Engenheiro Manoel Figueira do Instituto de Medicina Integral Professor Fernandes Figueira (IMIP), composto por todas as crianças e adolescentes de 0 a 19 anos de idade, com diagnóstico positivo para HIV/Aids por via de transmissão vertical cadastradas no serviço de acompanhamento HIV/Aids do IMIP, no período de janeiro de 1987 e dezembro de 2017, totalizando 30 anos de registros. Também participarão do estudo quatro profissionais que atuam no acompanhamento das crianças e adolescentes e quatro famílias/cuidadores que são assistidas pelo Serviço de Acompanhamento HIV/Aids do IMIP. Para realização da abordagem quantitativa foi construído um novo banco de dados contemplando as variáveis relacionadas às características demográficas e sociais das crianças e adolescentes, dados maternos e informações relacionadas à primeira e última consulta realizadas, considerando o período final de análise deste estudo. Foi utilizado como fonte de dados um banco de dados gerado por outro projeto de pesquisa. A análise qualitativa será realizada a partir da análise da percepção dos profissionais e das famílias/cuidadores acerca da adesão à TARV por meio de entrevista semiestruturada. Foi realizada análise estatística univariada e posteriormente multivariada para identificação dos fatores relacionados à adesão. Para análise das entrevistas será realizada através da técnica de condensação dos significados, sendo adotado o modelo proposto por Kvale. Além disso será realizado uma avaliação síntese através da técnica de triangulação de dados. O estudo está em processo de apreciação no Comitê de Ética em Pesquisa sendo adotados todos os parâmetros da Resolução 466/12 do Conselho Nacional de Saúde.

Resultados e Discussão

Do total de 572 crianças e adolescentes com diagnóstico positivo para HIV por TV acompanhadas no serviço, 535 (93,5%) realizaram terapia medicamentosa. Mais da metade das crianças tinham amamentado e sido internadas por complicações relacionadas ao HIV.

A maioria tinha desenvolvimento neuropsicomotor adequado, nasceu a termo e não apresentou intercorrências clínicas ao nascer. Mais de 75% das crianças realizaram a primeira consulta com seis meses ou mais de idade e 56,3% tinham como motivo a sorologia positiva para o vírus. Os esquemas terapêuticos em sua maioria eram TARV. Na primeira consulta, 75,9% das crianças e adolescentes registraram carga viral igual ou superior a 5000, caindo para 23,7% na última consulta registrada. Pouco mais de 54,0% fizeram ao longo do acompanhamento, um ou dois esquemas terapêuticos. Observou-se uma maior proporção de crianças e adolescentes oriundos da região metropolitana, não adotados, do sexo feminino, não brancos, com renda igual ou menor a um salário-mínimo. A moradia era satisfatória, as mães tinham até a 8ª série, recebiam benefício social e trabalhavam no lar. As mães eram em sua maioria jovens adultas cujo diagnóstico foi tardio, após o parto. No modelo de regressão logística multivariada convencional foram identificados que a falha no esquema medicamentoso (OR: 157,07); a elevada carga viral na última consulta (OR: 10,19); a moradia inadequada (OR: 2,59); e o diagnóstico da materno realizado no parto e após o parto (OR: 6,85; OR: 2,86) comportam-se como fatores de risco para não adesão à TARV.

Considerações Finais

De acordo com os resultados iniciais apresentados é possível verificar alguns dos fatores que se associam com a adesão trazendo a perspectiva das vulnerabilidades, determinantes sociais e clínicos que abrangem os elementos decisórios e influentes na adesão das crianças/adolescentes a fim de evitar complicações e falhas nos esquemas medicamentosos. Espera-se que os dados quantitativos e qualitativos possam delimitar a gênese multifatorial que engloba uma boa adesão ou não, além de auxiliar a implementação de ações e medidas que favoreçam à adesão à terapia antirretroviral.

Referências

- FREITAS, Claudia Helena Soares de Moraes et al. Inequalities in access to HIV and syphilis tests in prenatal care in Brazil. *Cad. Saúde Pública*, v. 35, n.6, p. e00170918, 2019.
- GRECO, Dirceu Bartolomeu. Trinta anos de enfrentamento à epidemia da Aids no Brasil, 1985-2015. *Ciência & Saúde Coletiva*, n. 21, v.5, p. 1553-1564, 2016.
- HOLANDA, Eliane Rolim de et al. Adesão ao tratamento de crianças soropositivas ao HIV: uma análise conceitual. *Aquichan*, v. 12, n. 3, p. 228-240, 2012.

UM RIO QUE CORRE EM MIM: NARRATIVAS DE MULHERES ATRAVESSADAS PELO MEGAPROJETO DE TRANSPOSIÇÃO DO RIO SÃO FRANCISCO

SOBREIRA, Tamara Gomes Pacheco¹; **COSTA, André Monteiro**²

¹ Mestranda em Saúde Pública pelo Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ) no Laboratório de Saúde, Ambiente e Trabalho (LASAT)

² Pesquisador titular do Departamento de Saúde coletiva do Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ), coordenador do Laboratório de Saúde, Ambiente e Trabalho (LASAT)

RESUMO. A transposição do rio São Francisco através da sua implementação engendrou inúmeras problemáticas e violências de gênero as mulheres atravessadas por este megaempreendimento que atende a uma lógica de desenvolvimento assentada na matriz da colonialidade. Assim, este estudo se propõe a compreender os sentidos atribuídos pelas mulheres das comunidades do município de Sertânia aos fenômenos produzidos pela transposição do Rio São Francisco em suas vidas. Para responder aos objetivos desta pesquisa, será realizado um estudo de abordagem qualitativa, uma pesquisa narrativa através da entrevista narrativa e da análise Crítica do Discurso em uma perspectiva Feminista. Desse modo, pretendemos fortalecer as críticas tecidas pelos feminismos decoloniais e ecofeminismos à colonialidade, ao capitalismo, seus megaempreendimentos e suas relações com a produção de violências de gênero.

Palavras-chave: violência de gênero 1. colonialidade 2. feminismos 3.

Introdução

Diante das singularidades climáticas do semiárido do nordeste brasileiro e de suas implicações sociais e econômicas, vários projetos de enfrentamento à seca foram propostos como o projeto iniciado em 2007 de integração do Rio São Francisco com as Bacias Hidrográficas do Nordeste Setentrional, conhecido como a transposição do Rio São Francisco. Ao longo de 15 anos de execução das obras de integração do rio, inúmeras problemáticas ressoam nas comunidades atravessadas por este megaprojeto, expondo-as a processos de conflitos e vulnerabilização (BEZERRA, 2016; GONÇALVES, 2018; SILVA, 2019; COSTA; DINIZ, 2021). Megaempreendimentos como este, alinhados ao modelo neoliberal desenvolvimentista, possuem suas raízes na estrutura moderna-colonial-capitalista que produz secularmente uma ordem social de hierarquização e subordinação entre os povos. Assim, em função do “desenvolvimento”, da acumulação econômica, alguns grupos historicamente subalternizados estão mais sujeitos a contextos de violências, como as

mulheres. A matriz de poder da colonialidade, alicerçada no racismo, no capitalismo, no heteropatriarcado, estrutura uma lógica de existência e de relacionamento social que submete as mais diversas mulheres a contextos de violências de gênero. Violências que incidem sobre pessoas em função da sua identidade de gênero e/ou orientação sexual (STREY; AZAMBUJA; JAEGER, 2004). As problemáticas engendradas pelos megaprojetos de desenvolvimento ressoam de forma diferente na vida das mulheres que vivem nos territórios submetidos à expropriação. Nestes contextos de conflitos ambientais, há violação e exploração dos corpos de mulheres e meninas, sobrecarga de trabalho doméstico e de cuidado com a família por agravamento das condições de saúde, assim como a negação dessas mulheres enquanto sujeitos políticos (FURTADO; ANDRIOLLI, 2020). A partir da complexidade e dos aspectos sócio-históricos e políticos que permeiam as questões sobre violência de gênero em contextos de megaprojetos de desenvolvimento, a perspectiva epistemológica utilizada na construção desta pesquisa é tecida a partir das contribuições dos feminismos decoloniais e dos ecofeminismos. Feminismos que tecem uma crítica ao modelo moderno colonial, reconhecendo que as relações de poder pós experiência colonial permanecem se reproduzindo e demarcando abismos entre o norte e o sul global. Que compreendem que a relação entre as categorias mulheres, natureza e animais é estabelecida a partir da compreensão de que diferentes formas de dominação, exploração e opressão estão interconectadas e se reforçam mutuamente (LUGONES, 2014; 2020; SAFIOTTI, 2001; 2015; CARNEIRO, 2003; SEGATO, 2012; GONZALEZ, 2020; OYEWUMI, 2021). Nesse sentido, este estudo se propõe a compreender os sentidos atribuídos pelas mulheres das comunidades do município de Sertânia aos fenômenos produzidos pela transposição do Rio São Francisco em suas vidas.

Materiais e Métodos

A presente pesquisa trata-se de um estudo de abordagem qualitativa, uma pesquisa narrativa. Aqui pretende-se sentirpensar (FALS-BORDA, 2009) junto às participantes da pesquisa, a partir de suas histórias de vida, em busca do *coracionar* da ciência, transcendendo as barreiras de sua suposta superioridade epistêmica (PORTO; ROCHA; FINAMORE, 2021). A utilização da pesquisa narrativa como método nesse estudo é uma escolha política que objetiva exaltar a fala das mulheres, suas histórias e perspectivas acerca dos fenômenos que as atravessam (LANGDON, 1993; SANTANA; TAVARES, 2017). O estudo será realizado no período de dezembro de 2022 a maio de 2023 em Sertânia/PE junto às mulheres cis e trans das comunidades vulnerabilizadas pela construção do Eixo Leste da transposição do rio São Francisco. A técnica de coleta de dados utilizada será a Entrevista Narrativa (EN), técnica em profundidade com características específicas que a diferencia das entrevistas convencionais pergunta-resposta como a não estruturação prévia da entrevista e o emprego da comunicação

cotidiana na contação e na escuta da narração (JOVCHELOVITCH; BAUER, 2002). A técnica de análise a ser utilizada na interpretação dos dados será a Análise Crítica do Discurso em uma perspectiva Feminista (ACDF) uma abordagem comprometida com a análise das relações de poder e dominação entre os gêneros e suas implicações na linguagem (CARBALLO, 2014).

Resultados e Discussão

Através deste estudo, busca-se fortalecer as discussões insurgentes tecidas pelos feminismos decoloniais e ecofeminismos em sua crítica à colonialidade, ao capitalismo e suas relações com a produção de violências de gênero, assim como contribuir com a análise crítica acerca dos modelos de desenvolvimento neoliberal, seus megaempreendimentos e implicações sobre a vida das diversas mulheres latinoamericanas.

Considerações Finais

A reflexão sobre modelos de desenvolvimento capitalista, seus megaempreendimentos e sua relação com a exploração da natureza, dos territórios e dos(as) corpos(as) das mulheres é emergente nas pesquisas feministas. Os feminismos decoloniais e os ecofeminismos nos convidam a romper com a matriz colonial de poder e propõem novas possibilidades de construção de caminhos para a transformação social na busca por experiências sociais mais justas e equânimes.

Referências

- BEZERRA, V. C. R. Injustiça ambiental e saúde: a perspectiva dos agricultores familiares afetados pela transposição do rio São Francisco. 2016. (Dissertação de Mestrado em Saúde Pública) - Instituto Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Recife, 2016.
- CARBALLO, J. A. Análisis crítico del discurso con perspectiva feminista. *In: AZKUE, I. M. et al. (Orgs.). Otras formas de (re)conocer: Reflexiones, herramientas y aplicaciones desde la investigación feminista.* Bilbao: Hegoa, 2014.
- CARNEIRO, S. Enegrecer o feminismo: a situação da mulher negra na América Latina a partir de uma perspectiva de gênero. *In: Ashoka Empreendimentos Sociais. Takano Cidadania. Racismos contemporâneos.* Rio de Janeiro: Takano, 2003.
- COSTA, A. M. DINIZ, P. C. Territórios tutelados e processos de vulnerabilização: história social da transposição. *In: Transvergente, o desafio de ver além do megaprojeto da transposição do São Francisco.* SANTOS, S. E. B *et al.*(org.). Belo Horizonte: editora dialética, 2021.
- FALS-BORDA, O. Una sociología sentipensante para América Latina. Bogotá: CLACSO Siglo del Hombre Editores, 2009.

FURTADO, F. P.; ANDRIOLLI, C. Mulheres atingidas por megaprojetos em tempos de pandemia: conflitos e resistências. Rio de Janeiro: Estudos sociedade e agricultura. 2021. v. 21. n. 1. p. 66-93.

GONÇALVES. G. M.S. *et al.* A transposição do rio São Francisco e a saúde do povo Pipipã, em Floresta, Pernambuco. São Paulo: Saúde e Sociedade, 2018. v. 27. n. 3. p.909-921.

GONZALÉZ, L. Por um feminismo afro-latino-americano. *In: Pensamento feminista hoje: perspectivas decoloniais.* HOLLANDA, H. B. de (org.). Rio de Janeiro: Bazar do Tempo, 2020. p. 38–51.

JOVCHELOVITCH, S.; BAUER, M. Entrevista narrativa *In: Pesquisa qualitativa com texto, imagem e som: um manual prático.* BAUER, M.; GASKELL, B. (orgs). 2. ed. Rio de Janeiro: editora vozes, 2002.

LANGDON, E. J. “O dito e o não-dito”: reflexões sobre narrativas que famílias de classe média não contam. Santa Catarina: Revista Estudos feministas. 1993. v. 93. n. 1. p. 155-158.

LUGONES, M. Rumo a um feminismo descolonial. Santa Catarina: Revista Estudos Feministas, 2014. v. 22. n. 3. p. 935–952.

LUGONES, M. Colonialidade e gênero. *In: Pensamento feminista hoje: perspectivas decoloniais.* HOLLANDA, H. B. de (org.). Rio de Janeiro: Bazar do Tempo, 2020.

OYEWUMI, O. A invenção das mulheres: construindo um sentido africano para os discursos ocidentais de gênero. Rio de Janeiro: Bazar do tempo, 2021.

PORTO, M. F. S. ; ROCHA, D. F.; FINAMORE, R. Saúde coletiva, território e conflitos ambientais: bases para um enfoque socioambiental crítico. Rio de Janeiro: Ciência & Saúde Coletiva, 2014. v.19, n.10, p.4071-4080.

SAFIOTTI, H. I. B. Contribuições Feministas para o estudo da violência de gênero. São Paulo: cadernos Pagu, 2001. n.16. p. 115-136.

SANTANA, L.C.S.; TAVARES, M. S. Podemos contar? a potência da narrativa como ferramenta metodológica e de enfrentamento à violência de gênero. *In: V SEMINÁRIO INTERNACIONAL ENLAÇANDO SEXUALIDADES*, 2017. Bahia. Anais. UNEB, 2017.

SEGATO, R. L. Gênero e colonialidade: em busca de chaves de leitura e de um vocabulário estratégico descolonial. Coimbra: Revista E-cadernos CES, 2012. v. 18. p 106-131.

SAFIOTTI, H. Gênero, patriarcado e violência. 2. ed. São Paulo: Expressão popular, 2015.

SILVA, G. “GRITO DA TERRA”: narrativas acerca do fenômeno de desapropriação na transposição do Velho Chico. (Trabalho de Conclusão do Curso em Psicologia) - Universidade de Pernambuco, Garanhuns, 2019. Disponível em: <<https://www.asabrazil.org.br/semiarido>>. Acesso em 19 de junho de 2021.

STREY, M. N.; AZAMBUJA, M. P. R.; JAEGER, F. P. Violência, gênero e políticas públicas. Porto Alegre: EDIPURCS, 2004.

VALIDAÇÃO DO PROTOCOLO *PROTECTED CODE STROKE (AMERICAN HEART ASSOCIATION)* PARA O ATENDIMENTO PROTEGIDO DO AVC AGUDO

OLIVEIRA, Antonio Ygor Modesto de¹; **BRESANI, Cristiane Campello**²; **BRAGA, Maria Cynthia**³

¹ Instituto Aggeu Magalhães/Fiocruz Pernambuco, Programa de Pós-graduação em Saúde Pública, Mestrado Acadêmico em Saúde Pública;

² Instituto Aggeu Magalhães/Fiocruz Pernambuco, Departamento de Virologia e Terapia Experimental;

³ Instituto Aggeu Magalhães/Fiocruz Pernambuco, Departamento de Parasitologia

RESUMO. A Covid-19 configura importante problema de saúde pública no Brasil e no mundo, e dentre suas manifestações encontra-se o Acidente Vascular Cerebral. O AVC associado à Covid-19 é de difícil diferenciação, e sua não identificação durante o atendimento em serviços de emergência pode dificultar o manejo clínico e a segurança dos profissionais e demais pacientes. Dessa forma, a American Health Association desenvolveu o Protected Code Stroke (PCS), um algoritmo para manejo seguro do AVC agudo no contexto pandêmico. Objetivo: Traduzir o PCS para a língua portuguesa do Brasil e validar seu conteúdo visando a aplicação em pacientes admitidos nos serviços de atendimento ao AVC agudo do SUS. Métodos: O processo de tradução e validação do conteúdo do PCS se dará através de cinco etapas: I - Tradução para o português do Brasil, II - Síntese das traduções, III - Tradução de volta para o idioma de origem, IV - Avaliação por comitê de juízes, V - Teste da tradução.

Palavras-chave: Covid-19. Acidente Vascular Cerebral. Triagem.

Introdução

A Covid-19 representa um importante problema de saúde pública no Brasil, onde se expandiu progressivamente e de forma desigual no território, atingindo principalmente as populações com maior vulnerabilidade social e, levando o país a ser considerado o epicentro da doença, alcançando a marca de mais de 34,6 milhões de casos confirmados e quase 700 mil óbitos em setembro de 2022 (ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE, 2022; RAYMUNDO et al., 2021; SANSONE; BOSCHIERO; MARSON, 2022). Dentre as muitas manifestações da Covid-19 encontra-se o Acidente Vascular Cerebral (AVC), sendo difícil diferenciá-lo do AVC por outras causas, dificultando o diagnóstico diferencial entre os dois eventos (DAFER; OSTERAAS; BILLER, 2020; MARKUS; BRAININ, 2020). Este fator, dentre outros, dificulta a suspeição clínica de AVC associado à Covid-19 por parte das equipes em unidades de

atendimento e favorecem a transmissão intra-hospitalar da Covid-19, caso medidas de biossegurança não sejam adotadas. Buscando conferir proteção adicional aos profissionais de saúde e pacientes vítimas de AVC, a Sociedade Americana do Coração (*American Heart Association - AHA*) desenvolveu o *Protected Code Stroke* (PCS), um algoritmo para o manejo do AVC hiperagudo durante a pandemia de Covid 19 (KHOSRAVANI et al., 2020). Este projeto tem o objetivo de traduzir, adaptar culturalmente e validar o conteúdo do *Protected Code Stroke* para o atendimento protegido de pacientes com AVC agudo.

Materiais e Métodos

O processo de tradução e validação do conteúdo do protocolo *Protected Code Stroke* para o português do Brasil se dará em cinco etapas definidas com base na recomendação COSMIN (*Consensus-based Standards for the Selection of Health Measurement Instruments*) e na metodologia proposta por Beaton e colaboradores (BEATON et al., 2007; MOKKINK et al., 2012).

1. Tradução do protocolo para o português do Brasil: 2 tradutores realizarão a tradução do PCS para o português do Brasil de forma independente;
2. Síntese das traduções: As duas traduções da etapa anterior serão consolidadas em uma única versão.
3. Retrotradução ao idioma de origem (*back-translation*): A versão consolidada da etapa anterior será traduzida de volta ao idioma de origem do PCS. A versão retrotraduzida será comparada com a versão original, e se as diferenças forem mínimas, a versão da etapa 2 seguirá para a etapa seguinte;
4. Avaliação semântica, idiomática, conceitual e cultural por comitê de especialistas: Um comitê de juízes irá avaliar o grau de equivalência semântica, idiomática, conceitual e cultural através da técnica delphi, julgando o grau de equivalência de cada ítem. Os itens julgados como equivalentes por menos de 80% dos especialistas serão ajustados e submetidos novamente para avaliação, até que todos os itens possuam no mínimo 80% equivalência.
5. Teste da versão pré-final: Nessa etapa o protocolo será aplicado com 40 profissionais de saúde, com o objetivo de avaliar a clareza e a receptividade pelo público-alvo que o utilizará nos serviços de saúde.

A validade de conteúdo será alcançada durante o processo de tradução, nas etapas 4 e 5, após todos os itens do instrumento serem considerados equivalentes semanticamente, idiomáticamente, conceitualmente e culturalmente por parte do comitê de especialistas, e considerados compreensíveis pelo público-alvo. A validade de constructo será evidenciada através da análise da confiabilidade interobservador, onde dois profissionais irão aplicar o

instrumento de forma independente em uma amostra de 100 pacientes admitidos na emergência neurológica do Hospital da Restauração, e posteriormente será avaliado o grau de concordância das duas aferições através do índice Kappa. A presente pesquisa será conduzida pautada na Resolução nº 466/2012 do Conselho Nacional de Saúde que dispõe de pesquisas com seres humanos, estando em processo de submissão ao Comitê de Ética em Pesquisa.

Referências

- BEATON, D. et al. Recommendations for the Cross-Cultural Adaptation of the DASH & QuickDASH Outcome Measures. **Institute for Work & Health**, p. 45, 2007.
- DAFER, R. M.; OSTERAAS, N. D.; BILLER, J. Acute Stroke Care in the Coronavirus Disease 2019 Pandemic. **Journal of Stroke and Cerebrovascular Diseases**, v. 29, n. 7, p. 104881, jul. 2020.
- KHOSRAVANI, H. et al. Protected Code Stroke. **Stroke**, v. 51, n. 6, p. 1891–1895, jun. 2020.
- MARKUS, H. S.; BRAININ, M. COVID-19 and stroke—A global World Stroke Organization perspective. **International Journal of Stroke**, v. 15, n. 4, p. 361–364, 29 jun. 2020.
- MOKKINK, L. B. et al. **COSMIN checklist manual**. Amsterdam: EMGO Institute for Health and Care Research, 2012.
- ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE. **Brazil: WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard**.
- RAYMUNDO, C. E. et al. Spatial analysis of COVID-19 incidence and the sociodemographic context in Brazil. **PLOS ONE**, v. 16, n. 3, p. e0247794, 1 mar. 2021.
- SANSONE, N. M. S.; BOSCHIERO, M. N.; MARSON, F. A. L. Epidemiologic Profile of Severe Acute Respiratory Infection in Brazil During the COVID-19 Pandemic: An Epidemiological Study. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, 1 jul. 2022.

**TRABALHOS CLASSIFICADOS
IX JORNADA CIENTÍFICA**

Programa de Pós-Graduação em Biociências e Biotecnologia em Saúde

- NÍVEL DOUTORADO

1º LUGAR

ALUNO: Larissa Krokovsky

ORIENTADOR: Dra. Constância Flávia Junqueira Ayres

TÍTULO DO TRABALHO: Dinâmica da infecção pelos Zika e Mayara em mosquitos *Culex quinquefasciatus* e *Aedes aegypti* em modelo animal.

- NÍVEL MESTRADO

1º LUGAR

ALUNO: Iasmyn Dayanne Santos do Nascimento

ORIENTADOR: Dra. Norma Lucena Cavalcanti Licínio da Silva

TÍTULO DO TRABALHO: Isolamento e caracterização de vesículas extracelulares derivadas do estroma medular de paciente com leucemia aguda na infância.

Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública

- NÍVEL DOUTORADO

1º LUGAR

ALUNO: Juliana Siqueira Santos

ORIENTADOR: Dr. Pedro Miguel dos Santos Neto

TÍTULO DO TRABALHO: Formação para o SUS na agenda política: Análise das residências em saúde em Pernambuco.

- NÍVEL MESTRADO

1º LUGAR

ALUNO: Lorena Karla Melo da Silva

ORIENTADOR: Dra. Paulette Cavalcanti de Albuquerque

TÍTULO DO TRABALHO: “Ocupar e resistir”: Uma análise do acesso à saúde de sujeitos e famílias vinculadas aos movimentos sociais de luta por moradia do Recife-PE.

MENÇÕES HONROSAS
IX JORNADA CIENTÍFICA

Programa de Pós-Graduação em Biociências e Biotecnologia em Saúde

- NÍVEL DOUTORADO

2º LUGAR

ALUNO: Alexandre Freitas da Silva

ORIENTADOR: Dr. Gabriel da Luz Wallau

TÍTULO DO TRABALHO: Caracterização do viroma de RNA de mosquitos silvestres.

ALUNO: Andreza Pâmela Vasconcelos

ORIENTADOR: Dra. Norma Lucena Cavalcanti Licínio da Silva

TÍTULO DO TRABALHO: Determinantes genéticos da resistência ao tratamento quimioterápico na leucemia da infância.

OBS. Houve empate técnico para esta menção honrosa, por esse motivo não houve o 3º lugar

- NÍVEL MESTRADO

2º LUGAR

ALUNO: Juliana Ellen de Melo Gama

ORIENTADOR: Dra. Sheila Andrade de Oliveira

TÍTULO DO TRABALHO: Avaliação da capacidade infectiva do vírus chikungunya à hepatócitos e células estreladas hepáticas e sua participação na progressão da severidade da lesão hepática em modelos murinos experimentais.

3º LUGAR

ALUNO: Pedro Henrique Lopes Ferreira Dantas

ORIENTADOR: Dr. Antônio Mauro Rezende

TÍTULO DO TRABALHO: Metagenômica de componentes particulados do ar capturados por drones autônomos.

Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública

- NÍVEL DOUTORADO

2º LUGAR

ALUNO: Henrique Gonçalves Dantas de Medeiros

ORIENTADOR: Dr. José Luiz do Amaral Correa de Araújo Júnior

TÍTULO DO TRABALHO: A política de saúde no contexto de austeridade fiscal e crise do estado brasileiro após 2016.

3º LUGAR

ALUNO: Rebeca de Castro Oliveira

ORIENTADOR: Wagner Vieira de Souza

TÍTULO DO TRABALHO: Evolução do conhecimento sobre atividade física e comportamento sedentário e seu emprego no campo da saúde coletiva no Brasil.

- NÍVEL MESTRADO

2º LUGAR

ALUNO: Gerson da Silva

ORIENTADOR: Dr. José Luiz do Amaral Correa de Araújo Júnior

TÍTULO DO TRABALHO: O que pode um sanitarista? Descobertas a partir do lugar do NASF-AB.

3º LUGAR

ALUNO: Andresa Lira Silva

ORIENTADOR: Dr. André Monteiro Costa

TÍTULO DO TRABALHO: A agroecologia e a auto-organização na construção da soberania alimentar no sertão de Pernambuco.