SBAC

RBAC

Revista Brasileira de Análises Clínicas

Brazilian Journal of Clinical Analyses

Volume 57 - N° 02 - Supl 01 | Ano 2025

ISSN 2448-3877

50 CBAC
CONGRESSO BRASILEIRO DE ANÁLISES CLÍNICAS



Anais do Congresso

RBAC
Revista Brasileira de Análises Clínicas
Brazilian Journal of Clinical Analyses

Publicação oficial da Sociedade Brasileira de Análises Clínicas – SBAC
Official Publication of Brazilian Society of Clinical Analyses

Volume 56 - Número 2 supl.1 - 2024
Edição online - ISSN 2448-3877

Editor do Suplemento/*Suplement Editor*
Paulo Murillo Neufeld

Editora-chefe/*Editor-in-Chief*
Mauren Isfer Anghebem

Produção Editorial/*Publisher*
Editorarte Projetos de Comunicação e Editora Ltda.

Editores Associados/*Associate Editors*

Bacteriologia Clínica/*Clinical Bacteriological*
Joseli Maria da Rocha Nogueira

Bioquímica Clínica/*Clinical Biochemistry*
Mauren Isfer Anghebem

Citologia Clínica/*Clinical Cytology*
Júlio Cézar Merlin

Gestão e Controle da Qualidade/*Quality Management and Control*
Flávia Martinello

Hematologia Clínica/*Clinical Hematology*
Marcos Kneip Fleury

Imunologia e Virologia Clínica/*Clinical Immunology and Virology*
Dennis Armando Bertolini

Micologia Clínica/*Clinical Micology*
Sarah Gonçalves
Paulo Murillo Neufeld

Parasitologia Clínica/*Clinical Parasitology*
Lenilza Mattos Lima

Patologia Clínica Veterinária/*Veterinary Clinical Pathology*
Breno Fernando Martins de Almeida
Daniele Silvano Gonçalves

Corpo Editorial/*Editorial Board*

Adriana Dalpicolli Rodrigues - Brasil
Adriana Medianeira Rossato - Brasil
Alceu Toledo Júnior - Brasil
Alexandre Januário da Silva - EUA
Alexandre Sherlley Casimiro Onofre - Brasil
Amadeo Sáez-Alquézar - Brasil
Ana Cristina Rivas Da Silva - Brasil
Ana Paula Giolo Franz - Brasil
Andréa Regina De Souza Baptista - Brasil
Andrea Silva - Chile
Antônio Walter Ferreira - Brasil
Carlos Alberto Mayora Aita - Brasil
Carlos Álvarez - Chile
Carmen Paz Oplustil - Brasil
Claudia Regina Bonini - Brasil
Diogo André Pilger - Brasil
Eduardo Álvarez Duarte - Chile
Eleine Kuroki Anzai - Brasil
Fabiane Gomes de Moraes Rego - Brasil
Fabrício Souza Campos - Brasil
Fernando Finoketti - Brasil
Izabella Castilho R. dos Santos Weiss - Brasil
Jaime Antônio Abrantes - Brasil
José Antonio Mainardi de Carvalho - Brasil
Juliane Araújo Greinert Goulart - Brasil
Lisiane da Luz Rocha Balsan - Brasil
Luis Conrado Zaror Cornejo - Chile
Marcos Kneip Fleury - Brasil
Maria Elizabeth Menezes - Brasil
Maria Regina Reis Amendoeira - Brasil
Marileia Scartezini - Brasil
Marilise Brittes Rott - Brasil
Neci Matos Soares - Brasil
Patrício Godoy Martinez - Chile
Patrick Menezes Lourenço - Brasil
Pedro Alves d'Azevedo - Brasil
Pedro Henrique Gazzinelli Guimarães - EUA
Raíssa Nunes dos Santos - Brasil
Raul Girardi - Argentina
Ricardo David Couto - Brasil
Ricardo Luiz Dantas Machado - Brasil
Samuel Ricardo Comar - Brasil
Silvia Helena Rabelo dos Santos - Brasil
Simone Martins de Castro - Brasil
Tiana Tasca - Brasil
Valdiery Silva de Araújo - Brasil
Victor Silva - Chile
Viviana Galimbert Arruk - Brasil
Vlademir Vicente Cantarelli - Brasil

SBAC
Sociedade Brasileira de Análises Clínicas

DIRETORIA EXECUTIVA/*EXECUTIVE BOARD*

Maria Elizabeth Menezes (SC)
Presidente/*President*

Marcos Kneip Fleury (RJ)
Vice-Presidente/*Vice-President*

Juno Damasceno Silva (RJ)
Secretário-Geral/*General Secretary*

Vanderlei Eustáquio Machado (MG)
Secretário/*Secretary*

André Valpassos Pacifici Guimarães (RJ)
Tesoureiro/*Treasurer*

Jorge Luiz Joaquim Terrão (ES)
Tesoureiro Adjunto/*Assistent Treasurer*

Conselho Fiscal/*Fiscal Board*
Titulares/Holders
Cláudio José de Freitas Brandão (BA)
Marcello Ávila Mascarenhas (RS)
Flávia Martinello (SC)

Suplentes/*Alternates*
Iberê Ferreira da Silva Júnior (MT)
Fernando Luís Bacelar de Carvalho Lobato (MA)
Júlio Cezar Merlin (PR)

Endereço para correspondência/*Editorial Office*
Rua Vicente Licínio, 99 - Tijuca - Rio de Janeiro, RJ - Brasil CEP: 20270-902 – Fone: 21 2187-0800 E-mail: rbac@sbac.org.br

Diretoria Executiva

DIRETORIA EXECUTIVA SBAC
(BIÊNIO 2024/2025)

Presidente
Dra. Maria Elizabeth Menezes
Vice-Presidente
Dr. Marcos Kneip Fleury
Secretário Geral
Dr. Juno Damasceno Silva
Secretário
Dr. Vanderlei Eustáquio Machado
Tesoureiro
Dr. André Valpassos Pacifici Guimarães
Tesoureiro Adjunto
Dr. Jorge Luiz Joaquim Terrão

CONSELHO FISCAL:
Titulares
Dr. Cláudio José de Freitas Brandão
Dr. Marcello Ávila Mascarenhas
Dra. Flávia Martinello

Suplentes
Dr. Iberê Ferreira da Silva Júnior
Dr. Fernando Luís Bacelar de Carvalho Lobato
Dr. Júlio Cezar Merlin

CONSELHO DELIBERATIVO

MEMBROS NATOS
Dr. José Abol Corrêa
Dr. Humberto Marques Tibúrcio
Dr. Francisco Edison Pacifici Guimarães
Dr. Irineu Keiserman Grinberg
Dr. Jerolino Lopes Aquino
Dr. Luiz Fernando Barcelos

DIRETORES REGIONAIS
Região Sudeste
Dr. Paulo Aparecido Brandão Pinto
Região Sul
Dra. Marineusa Gimenes Hidalgo
Região Centro Oeste/DF
Dra. Maria Elisa Scheiffer
Região Norte/Nordeste
Dra. Lenira da Silva Costa

DIRETORES/COORDENADORES
Diretor Executivo
Dr. Luiz Fernando Barcelos
Coordenador da UNISBAC
Dr. Paulo Murillo Neufeld
Editora-chefe da RBAC e Coordenadora do TEAC
Dra. Mauren Isfer Anghebem

COORDENADORES DE COMISSÕES
ABNT/CB-36
Dr. Humberto Marques Tibúrcio
Ciência, Tecnologia e Informação
Dra. Maria Elizabeth Menezes
Científica
Dr. Marcos Kneip Fleury
Ensino UNISBAC
Dr. Paulo Murillo Neufeld
Ex-Presidentes
Dr. Irineu Keiserman Grinberg
Publicações
Dra. Lenilza Mattos Lima
Tecnologia da Informação e Inteligência Artificial
Dr. Humberto Marques Tibúrcio

PRESIDENTE DO 50° CBAC
Dr. Paulo Aparecido Brandão Pinto

COMISSÃO CIENTÍFICA DO 50° CBAC

Alceu de Oliveira Toledo Junior
Alverne Passos Barbosa
Antônio Walter Ferreira
Flávia Martinello
Francisco Edison Pacifici Guimarães
Gilcilene Maria dos Santos
José Abol Corrêa
Júlio Cezar Merlin
Lenilza Mattos Lima
Luiz Fernando Barcelos
Maria Elizabeth Menezes
Mauren Isfer Anghebem
Paulo Murillo Neufeld
Paulo Roberto Merísio
Pedro Alves d'Azevedo
Valdiery Araújo

PALESTRANTES DO 50° CBAC

- Alceu de Oliveira Toledo Jr
- Alverne Passos Barbosa
- Amadeo Saez-Alquezar
- Ana Cláudia de Matos Azevedo Furlanetto
- Ana Paula Giolo Franz
- André Mario Doi
- Andréa Piazza
- Antônio Walter Ferreira
- Armando Alves da Fonseca
- Berlley Silva Meira
- Caio Roberto Salvino
- Camila Malta Romano
- Carlos Alberto de Moura Aschoff
- Carlos Alberto von Mühlen
- Carolina Lazari
- Carolina Valenzuela
- Celso Hernandes Granato
- César Alex de Oliveira Galloro
- Cláudia Martins Carneiro
- Claudio José de Freitas Brandão
- Daniella Martins Alves
- Daniela Etlinger Colonelli
- Délio Ciriaco
- Douglas Lourenço Feitosa
- Fabrício Souza Campos
- Fernando Antunez
- Flávia Martinello
- Francisco Edison Pacifici Guimarães
- Gabriel Carballo
- Gabriel Corteze Netto
- Gilcilene Maria dos Santos
- Gustavo Alves Andrade dos Santos
- Gustavo Carvalho de Castro
- Helyana Blanski
- Humberto Façanha da Costa Filho
- Humberto Marques Tibúrcio
- Igor Renato Bertoni Olivares
- Ilana Camargo
- Ileana Lopez-Plaza
- Isabeth Silveira
- Jessica M. Colón-Franco
- Jorge Luiz Joaquim Terrão
- Jorge Luiz Mello Sampaio
- Joris Delangue
- Juliane Araújo Greinert Goulart
- Júlio Cezar Merlin
- Juno Damasceno Silva
- Kelyan Torres Tonisi
- Lenilza Mattos Lima
- Lisiane da Luz Rocha Balzan
- Luiz Fernando Barcelos
- Mara Cristina Scheffer
- Márcio Melo
- Marcos André Cavalcanti Bezerra
- Marcos Kneip Fleury
- Margareth Dalcomo
- Maria Elizabeth Menezes
- Maria Gabriela de Lucca Oliveira
- Mariléia Scartezini
- Marinês Dalla Valle Martino
- Mauren Isfer Anghebem
- Maurício Chiodini
- Mikaella Felix Formiga
- Milena Cabral
- Orildo dos Santos Pereira
- Paulo Aparecido Brandão Pinto
- Paulo Murillo Neufeld
- Paulo Roberto Merísio
- Pedro Alves d' Azevedo
- Rafael Noal Moresco
- Raissa Nunes
- Robson Ferreira Ferraz Santos
- Sandro Jorge Januário
- Silvio Roberto Foletto
- Telma Maria Araújo Moura Lemos
- Tiana Tasca
- Thiago Ruan de Lima Alcântara
- Thomas Chagas-Neto
- Valdiery Silva de Araújo
- Verónica I. Luzzi
- Wilson Cruvinel

Palavra da **Presidente** da SBAC



Maria Elizabeth Menezes, *PhD*

Caros associados, congressistas, expositores, professores e time da SBAC,

Chegamos ao 50° Congresso Brasileiro de Análises Clínicas, um dos maiores eventos da comunidade laboratorial no Brasil e na América Latina. Não se trata apenas de um marco temporal; esta edição é, mais uma vez, um divisor de águas para o nosso setor, como venho dizendo desde que a SBAC iniciou o movimento de criação de uma proposta de política nacional de saúde para os laboratórios. Mas, então, o que mudou desde a última edição do CBAC para cá? Por que estamos diante de um novo marco?

Em 2024, durante nosso congresso, a Sociedade Brasileira de Análises Clínicas lançou a Política Nacional de Diagnóstico Laboratorial (PNDL). Foi com base na ciência - em ciências políticas, em ciência técnica, em biotecnologia - que fundamentamos essa defesa: o Brasil precisa de uma política de estado que inclua os laboratórios de análises clínicas no plano de atenção do Sistema Único de Saúde (SUS).

Só que grandes mudanças exigem consistência, atitude e maturação. Assim, a SBAC trabalhou fortemente, no último ano, no sentido de: 1) engajar os pequenos e médios laboratórios na concretização dessa política, uma causa que pertence a cada um deles e que depende do engajamento de todos nós; 2) articular o apoio de outras instituições relevantes e vozes ativas no mundo da saúde; 3) fazer com que esse documento chegue às mãos das pessoas certas.

Mais recentemente, em maio, nós promovemos um encontro com lideranças nacionais da saúde pública, com o objetivo de construir uma pauta técnica e política a ser apresentada ao Ministério da Saúde, com foco na consolidação e institucionalização da Política Nacional de Diagnóstico Laboratorial. Estabelecemos, na ocasião, algumas ações prioritárias, entre elas a proposição de uma agenda com a Coordenação-Geral de Evidências em Saúde, de forma a posicionar a PNDL como política prioritária para o enfrentamento de doenças transmissíveis, de acordo com as diretrizes do programa Brasil Saudável, além de uma agenda de reuniões estratégicas para o avanço institucional da política.

E, então, chegamos ao 50° CBAC, quando essa discussão será ampliada para ganhar uma nova dimensão - ainda mais próxima de atingir o objetivo pelo qual trabalhamos até aqui. Teremos a mesa redonda "Política Nacional de Diagnóstico Laboratorial: construção coletiva e os caminhos para sua efetivação como política pública no SUS", com a participação de representantes do grupo estruturante da PNDL, liderado pela SBAC e que conta com CFF, FENAFAR, CBDL, FEBRALAC, Abramed e CFBM, que se reunirão com representantes do Ministério da Saúde e da Coordenação da Comissão Intersetorial Atenção à Saúde nos Ciclos de Vida (CIASCV), do Conselho Nacional de Saúde, além de parlamentares atentos ao tema. Também teremos um debate sobre "Convergência Regulatória e Inovação em Diagnóstico Laboratorial: Perspectivas para a Revisão das Resoluções ANVISA nº 786/2023", com participação da Anvisa, Abramed, CBDL, SBPC e outras instituições, com liderança da SBAC.

Não medimos esforços para que este seja um evento inesquecível, trazendo uma impecável agenda científica e unindo parceiros da indústria 5.0 a fim de levar a inovação tecnológica para a bancada. A SBAC está alinhada com as mais importantes sociedades científicas do mundo, e evidência disso é que teremos um simpósio pré-congresso em colaboração com a American for Diagnostics & Laboratory Medicine (ADLM) sobre qualidade laboratorial.

Como você pode ver, o CBAC é, mais do que nunca, o palco de uma discussão ampliada sobre o futuro das análises clínicas e seu papel na atenção primária, no manejo clínico e na segurança do paciente. Estamos abrindo caminhos para que ocupemos um papel de protagonismo na saúde. E vamos conseguir.

Que todos tenham um grande evento!

Palavra do Presidente do 50° CBAC

Dr. Paulo Aparecido Brandão Pinto



Prezados Colegas e Congressistas,

Nosso tão aguardado Jubileu de Ouro chegou, nossos 50 anos de CBAC, o Congresso Brasileiro de Análises Clínicas da nossa SBAC, a Sociedade Brasileira de Análises Clínicas.

Como anfitrião, a todos dou as boas-vindas e me sinto honrado em poder recebê-los no 50° Congresso Brasileiro de Análises Clínicas, que vai de hoje até 18 de junho, aqui em Campinas (SP), cidade do mais alto gabarito tecnológico, industrial e científico. Não por acaso eleita a sede dessa edição histórica do congresso.

Nos próximos dias, teremos aqui reunidos profissionais de altíssimo gabarito, pesquisadores de referência em suas áreas de atuação e líderes de expressão dentro da comunidade laboratorial no Brasil. Isso em uma programação que combina tradição e inovação, excelência da prática do diagnóstico laboratorial e modernidade tecnológica.

Quero destacar, nesse contexto, a Palestra Magna da médica pneumologista, pesquisadora sênior da Fiocruz, professora da PUC-RJ e consultora da OMS, Dra. Margareth Dalcolmo, referência em saúde pública no Brasil, que nos trará os aprendizados obtidos com a pandemia da Covid-19 e como essas lições podem nos preparar para ameaças futuras.

O 50° CBAC permanece com a proposta de difundir o conhecimento científico em nossa especialidade, levando as melhores práticas do diagnóstico laboratorial para a bancada. Assim, a grade científica traz conferências, mesas redondas, sessões interativas, encontros com especialistas, cursos teórico-práticos, minicursos, seminários de lâminas, workshops e principalmente diversos momentos de networking, para que possamos interagir com nossos colegas nacionais e internacionais.
A presença de representantes da comunidade laboratorial de diversos países e a troca de experiências entre profissionais de diferentes regiões do Brasil reforçam o caráter plural do nosso evento.

É preciso reconhecer que a programação científica do congresso se consolidou como um marco no ano para a comunidade laboratorial. No entanto, a SBAC, enquanto sociedade que representa os interesses dos pequenos e médios laboratórios, foi além.

Neste ano, teremos ainda o Fórum para Proprietários de Laboratórios, que trará debates sobre gestão, tendências e desafios do mercado, abordando desde inovações em automação até modelos sustentáveis de negócio. Queremos proporcionar uma experiência que transcenda o conhecimento técnico, criando também oportunidades reais de networking e transformação para o setor.

Nesse contexto, além de celebrar cinco décadas de contribuições para a medicina diagnóstica, o congresso terá uma área de exposição com as tecnologias mais avançadas disponíveis no setor - soluções que, hoje, estão ao alcance dos pequenos e médios laboratórios.

Teremos ainda o privilégio de receber uma atividade da ADLM, a Association for Diagnostics & Laboratory Medicine, anteriormente AACC, sobre Gestão e Qualidade, que abordará a Qualidade Laboratorial e o Gerenciamento de Riscos trazendo as melhores práticas da fase pré-analítica à acreditação. Será um momento imperdível, e a presença da ADLM em nosso congresso demonstra o profundo alinhamento da SBAC às mais importantes sociedades científicas internacionais.

Também os congressistas poderão participar do Encontro Científico da Revista Brasileira de Análises [RBAC] e da Sessão de Temas Livres, onde pesquisadores de todo o país e da América Latina apresentarão os resultados de seus estudos e pesquisas na área das análises clínicas e diagnóstico *in vitro*, em comunicações orais e posters.

Somada a toda à programação científica e de mercado laborativo, a SBAC preparou uma cuidadosa agenda social, com o intuito de aproximar e integrar os congressistas das diversas regiões do país e do estrangeiro.

Todo o esforço da SBAC para produzir um congresso de qualidade incontestável se associa ao clima bucólico da belíssima cidade de Campinas, compondo uma oportunidade única, onde ciência, cultura e lazer se juntam em prol do crescimento e desenvolvimento profissional da área das análises clínicas.

Agradecemos a vocês, congressistas e expositores, por fazerem parte desse **50º CBAC** um marco da nossa história, e agradecemos também por vocês acreditarem nesta Sociedade que vem trabalhando, ininterruptamente, nesses **57 anos**, em defesa das análises clínicas.

Muito obrigado e sejam todos muito bem-vindos!

Índice

PÔSTERES E COMUNICAÇÃO ORAL

ÁREA: ASSISTÊNCIA E ATENÇÃO DIAGNÓSTICA

P-103 12

ÁREA: BACTERIOLOGIA CLÍNICA

P-010, P-036 12
P-047, P-050, P-052 13
P-053 15
P-054, P-058, P-061 16
P-080, P-099 17
P-128 19
P-153 20

ÁREA: BIOESTATÍSTICA E BIOINFORMÁTICA

P-015 21
P-059 22

ÁREA: BIOQUÍMICA CLÍNICA

P-016, P-017, P-018 23
P-019, P-021 24
P-028 25
P-041, P-042 26
P-043, P-044, P-046 27
P-049, P-063, P-096 28
P-125 29

ÁREA: CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO

P-165 29

ÁREA: CITOLOGIA CLÍNICA

P-035 30
P-106 31

ÁREA: DIAGNÓSTICO LABORATORIAL BASEADO EM EVIDÊNCIA

P-086, P-159 32

ÁREA: ENDOCRINOLOGIA E METABOLOGIA

P-081, P-100, P-148 33
P-158 34

ÁREA: ENSINO EM SAÚDE, ANÁLISES CLÍNICAS E EDUCAÇÃO CONTINUADA

P-024, P-150 37

ÁREA: GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

P-038, P-040, P-051 38
P-065 39
P-066, P-072 40
P-088, P-089, P-090 41
P-104, P-162, P-171 42

ÁREA: GESTÃO E LEGISLAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-074, P-105 44
P-145 46

ÁREA: HEMATOLOGIA CLÍNICA E IMUNOHEMATOLOGIA

P-007, P-032 47
P-060 48
P-062, P-071 50
P-076, P-082, P-087 51
P-130, P-141, P-146 52

ÁREA: IMUNOLOGIA CLÍNICA

P-009, P-020, P-068 54
P-126, P-160 55
P-169 56

ÁREA: LÍQUIDOS BIOLÓGICOS E URINÁLISE

P-006 58
P-031 59

ÁREA: MEDICINA VETERINÁRIA LABORATORIAL/ PATOLOGIA CLÍNICA VETERINÁRIA

P-030, P-084 60
P-112, P-113 61
P-114 62
P-115, P-116 64
P-117, P-157 66

ÁREA: MICOLOGIA CLÍNICA E MICOTOXICOLOGIA

P-005, P-122 69
P-161, P-163, P-164 70
P-166, P-167, P-168 71

ÁREA: PARASITOLOGIA CLÍNICA E IMUNOPARASITOLOGIA

P-069, P-118 72
P-149, P-154 73

Índice

ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-039 74
P-107 75
P-131 76
P-133, P-134, P-135 77
P-139 78
P-151 79
P-152 81

ÁREA: SAÚDE PÚBLICA E VIGILÂNCIA EM SAÚDE E AMBIENTAL

P-033 81
P-045, P-064, P-091 82
P-092, P-144 83

ÁREA: TOXICOLOGIA CLÍNICA E DOPING

P-073 84

ÁREA: VIROLOGIA CLÍNICA

P-013, P-097 85
P-110, P-136 86

PREMIAÇÃO

PRÊMIO PROF. DR. MATEUS MANDU

ÁREA: GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR 89

P-051 89

PRÊMIO SBAC

ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-139 89

PRÊMIO PNCP

ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-151 91

ÍNDICE REMISSIVO DE AUTORES 93

TEMAS LIVRES / RESUMOS

Pôsteres e Comunicação Oral

ÁREA: ASSISTÊNCIA E ATENÇÃO DIAGNÓSTICA

P-103

Prevalência de variantes de hemoglobina na triagem neonatal: análise de dados por regiões do Brasil

Ana Paula Nóbrega Teixeira Souza[1], Erika da Silva Monteiro[1], Aline da Silva Gomes Cabral[1], Silvana Fahel Fonseca[1], Alan Carvalho Dias[1], Carla Helena Amato Moreira[1], Alessandra de Freitas Andrade[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: O teste do pezinho é uma triagem neonatal que permite a detecção precoce de doenças metabólicas, genéticas, infecciosas e endócrinas, possibilitando tratamento imediato e prevenção de sequelas. Dentre as patologias triadas, destacam-se as hemoglobinopatias, como a anemia falciforme, problema de saúde pública no Brasil. **Objetivo:** Verificar a prevalência de variantes de hemoglobina na triagem neonatal realizada em um laboratório privado, presente em diferentes regiões brasileiras, entre janeiro de 2023 e abril de 2025. **Materiais e Métodos:** Estudo descritivo e retrospectivo baseado em análise de dados obtidos de um sistema informatizado. Todas os dados dos pacientes foram previamente anonimizadas. Foram analisadas informações demográficas e resultados do perfil de hemoglobinas de pacientes que realizaram triagem neonatal, entre janeiro de 2023 e abril de 2025. **Resultados e Discussão:** Nas 24.165 amostras foram encontradas variantes de hemoglobina em 650 (2,7%) dos casos, com maior ocorrência nas regiões Sudeste (33,8%) e Centro-Oeste (30,2%). A Hb S foi a variante mais prevalente; identificada em 498 (76,7%) pacientes, sendo em heterozigose em 490 (98,4%), em homozigose em seis amostras e em dupla heterozigose em duas amostras. A Hb C foi a segunda variante mais comum, identificada em 128 casos (19,7%), seguida da Hb D, presente em 18 amostras (2,8%). A doença falciforme foi identificada em oito pacientes (1,2%) e em oito casos (1,2%), a variante não pôde ser identificada, sendo indicadas análises moleculares. A prevalência da doença falciforme na amostra é semelhante à referida pelo PNTN (3,78:10.000 nascimentos), embora a distribuição geográfica dos casos seja diversa, provavelmente explicado pelo perfil da origem de amostras. **Conclusão:** As regiões Sudeste e Centro-Oeste apresentaram maior prevalência de variantes, sendo a Hb S em heterozigose a mais comum. Os casos de doença falciforme foram identificados em 1,2% das amostras com variantes, com registros nas regiões Sudeste e Norte.

Palavras-chave: hemoglobinopatias, teste do pezinho, triagem neonatal

ÁREA: BACTERIOLOGIA CLÍNICA

P-010

Avaliação de *Streptococcus pneumoniae* isolados em liquor no Estado de Mato Grosso no período de 2017 a 2024

Luciana Basili Dias[1*], Klaucia Rodrigues Vasconcelos[1], Elaine Cristina de Oliveira[1], Marco Andrey Pepato[1]

[1] *LACEN/MT – Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso – SES/MT*

E-mail: lu_basili@hotmail.com

Introdução: O *Streptococcus pneumoniae* é um dos principais agentes causadores de mortes por meningite no mundo. O surgimento generalizado de pneumococos resistentes a penicilina, uma nova vacina pneumococica conjugada e a prevalência de alguns sorotipos, vem chamando a atenção recentemente para a doença pneumocócica. **Objetivo:** Avaliar os isolados de *S. pneumoniae* em amostras de liquor quanto ao perfil de sensibilidade e sorotipos encontrados no Estado de Mato Grosso. **Material e Métodos:** O estudo foi de base retroprospectiva, aprovado pelo Comitê de Ética e pesquisa sob o nº CAAE: 65072322.3.0000.5166, o qual foi analisado isolados de *S. pneumoniae* provenientes de liquor recebidos pelo Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Mato Grosso no período de 2017 a 2024. **Resultados e Discussão:** Nesse período, foram encontradas 38 culturas positivas para *S. pneumoniae,* identificados pela metodologia de Espectrometria de Massa – MALDI-TOF. A maioria dos casos ocorreram no sexo masculino (63%) e a idade variou de um mês a 64 anos, sendo 24% em crianças. O perfil de sensibilidade aos antimicrobianos demonstrou 45,7% de resistência a penicilina, 42,8% de resistência a ceftriaxona e 100% de sensibilidade à vancomicina. Dos 20 isolados sorotipados o mais prevalente foi o sorotipo 19A (6), seguido do sorotipo 3 (4), 23A (2), 23B (2) e 9v, 4, 15C, 15A, 6C, 12F/44 (1). **Conclusão:** Os dados encontrados sugerem a importância da vigilância laboratorial para o monitoramento da resistência aos antimicrobianos e a prevalência dos sorotipos no Estado de Mato Grosso, sendo observado que o sorotipo de maior prevalência, 19A, apresentou 83% de resistência aos beta lactâmicos.

Palavras-chave: Meningite, *Streptococcus pneumoniae*, sensibilidade.

P-036

Incidência de Infecções Fúngicas: Comparativo Entre Dois Hospitais de Londrina-PR: Estudo Retrospectivo de Março de 2024 a Março de 2025

Mirella Garcia Saraiva Bueno[1]*, Lídia Freire Abdalla Nery[2], Cyra Mesquita de Araujo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] *Sabin Diagnóstico e Saúde, Londrina – PR;* [2] *Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília-DF*

*mirella.saraiva@sabin.com.br

Introdução e objetivos: Através do estudo realizado entre dois hospitais com diferentes perfis de pacientes, um de pequeno e outro de grande porte na cidade de Londrina-PR, foi realizada a análise do índice de infecções causadas por fungos nos pacientes internados, evidenciando a relação entre a complexidade das infecções fúngicas e como essas infecções impactam principalmente em pacientes imunocomprometidos. **Materiais e método:** Comparativo realizado em 1 ano (03/2024 a 03/2025). Dados obtidos a partir de relatórios gerados mensalmente pelo setor de Microbiologia com o objetivo de mapear as infecções dos hospitais em parceria com o

SCIH (Serviço de Controle de Infecção Hospitalar), este artigo dispensou submissão ao CEP. **Resultados e discussão:** Hospital de pequeno porte: No total de 1 ano de coletas microbiológicas foram identificados os seguintes microrganismos fúngicos: 14 *Candida albicans*, 4 *Candida glabrata*, 5 *Candida Tropicalis* e 1 *Trichosporon*. Hospital de grande porte: No total de 1 ano de coletas microbiológicas foram identificados os seguintes microrganismos fúngicos: 103 *Candida Albicans*, 52 *Candida Glabrata*, 37 *Candida Tropicalis*, 12 *Candida parapsilosis*, 6 *Penicillium spp.*, 4 *Fonsecaea spp.*, 5 *Aspergillus spp.*, 2 *Candida Krusei*, 2 *Paecelomyces spp.*, 1 *Candida guillermondii*, 1 *Rhinocladiella aquaspersa*, e 1 *Trichosporon spp*. **Conclusão:** É possível observar o alto número de infecções fúngicas no hospital de grande porte que possui grande parte dos seus pacientes internados imunocomprometidos. Isso acontece, pois, pacientes que apresentam deficiência em seu mecanismo de defesa imunológico estão muito mais suscetíveis a infecções por microrganismos em geral e principalmente os fungos. Este estudo permite evidenciar a importância do controle de infecções dentro do hospital principalmente as infecções fúngicas pois em sua maioria são infecções difíceis de tratar, com diagnóstico tardio e que pode evoluir a óbitos.
Palavras-chave: Fungos, Infecção, Hospitalar.

P-047

Prevalência e Suscetibilidade Bacteriana em Infeção da Corrente Sanguínea em Hospital de Atenção Primária de Nova Friburgo, Rio de Janeiro

Helvécio Cardoso Corrêa Póvoa[1] , Natalia Iorio Lopes Pontes Póvoa[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[2]*

[1] *Laboratório de Microbiologia Experimental e Aplicada, Instituto de Saúde de Nova Friburgo. UFF – Brasil;* [2] *Laboratório de Microbiologia (LabMicro) - DCB, ENSP/FIOCRUZ, RJ, Brasil.*

* joseli.maria@fiocruz.br

O sangue humano é naturalmente estéril. Quando há uma infeção, os microrganismos podem atingir a corrente sanguínea, o que é conhecido como bacteremia, que pode ou não evoluir para uma septicemia. Este tipo de infecção pode ser detectado através de uma cultura de sangue. Com o objetivo de estudar a prevalência de microrganismos isolados de amostras de hemoculturas, foi disponibilizado com autorização do Instituto de Saúde de Nova Friburgo, um banco de dados contendo os resultados das análises realizadas no período de agosto de 2023 a dezembro de 2024, mas sem identificação dos pacientes a fim de seguir o preconizado para a dispensa do CEP. Cento e trinta e sete hemoculturas que foram processadas utilizando uma máquina de hemocultura BACT/Alert, foram relacionadas neste banco, não só com a identificação das bactérias isoladas, mas também com os resultados dos testes de suscetibilidade antimicrobiana realizados. Entre estas amostras, 20,44% tiveram resultado de cultura positiva, sendo 60,71% pertencentes a pacientes do sexo feminino e 39,29% do sexo masculino. Os microrganismos mais comuns encontrados nas hemoculturas positivas foram *Staphylococcus* coagulase negativa (33,33%), *Staphylococcus aureus* (23,33%), *Klebsiella pneumoniae* (6,70%) e *Escherichia coli* (6,66%). Em uma amostra foi detectada uma *Escherichia coli* produtora de ESBL. Os microrganismos Gram-positivos foram 100% susceptíveis à vancomicina e apresentaram uma resistência considerável à oxacilina. Muitas bactérias Gram negativas mostraram-se resistentes às cefalosporinas. Este estudo confirma o aumento da prevalência de bactérias Gram-positivas, que tem sido reportado em várias regiões do mundo e corrobora com a literatura no que concerne à resistência dos bacilos Gram-negativos às cefalosporinas de primeira e segunda geração.

Palavras-chave: Infecções da corrente sanguínea, Prevalência, Resistência Bacteriana

P-050

Impacto da hemólise na dosagem de dihidrotestosterona por LC-MS/MS: reavaliando critérios de rejeição de amostras

Ana Carolina Gomes Pinheiro[1], Jose Eduardo Bueno[1], Vitoria da Silva Neves Lima[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Henrique Borges Kappel[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1] *Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: A hemólise pré-analítica pode alterar a ionização dos analitos na dosagem por cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas em tandem (LC-MS/MS), comprometendo a exatidão da dosagem. Essa interferência decorre de supressão de ionização eletrostática pela hemoglobina livre. Embora a hemólise justifique, na prática, a rejeição de amostras, sua magnitude e impacto clínico na dosagem de DHT ainda não estão bem definidos. **Objetivo:** Avaliar o impacto da hemólise na quantificação de DHT por LC-MS/MS, correlacionando a significância estatística da interferência com sua relevância clínica para subsidiar a decisão de aceitação ou rejeição de amostras. **Material e Métodos:** Analisaram-se 40 pares de alíquotas de soro, antes (condição ideal) versus depois (condição hemolisada). A hemólise foi induzida por agitação a 2000 rpm (4 min no total, incluindo 1 min em gelo seco) seguida de centrifugação a 3400 rpm por 10 min. Todas as amostras apresentaram grau de hemólise 3, conforme classificação visual padrão. As concentrações de DHT (ng/dL), obtidas por LC-MS/MS após extração, foram comparadas utilizando o teste de Wilcoxon para amostras pareadas, após verificação de normalidade por Shapiro-Wilk. **Resultados e Discussão:** As concentrações de DHT não apresentaram distribuição normal (Shapiro-Wilk, $p < 0,05$). Amostras hemolisadas (mediana: 11,80 ng/dL) exibiram níveis de DHT estatisticamente inferiores às ideais (mediana: 12,50 ng/dL) (Wilcoxon, $p=0,014$). A diferença percentual média de -3,78% (redução) indica uma interferência de pequena magnitude, sugerindo um leve efeito de supressão. Esta variação, embora detectável, situa-se dentro de limites aceitáveis para muitas aplicações clínicas, considerando a variabilidade biológica inerente. **Conclusão:** A hemólise reduz estatisticamente os níveis de DHT em 3,78%, mas essa variação está dentro dos limites fisiológicos e não compromete decisões clínicas na maioria dos cenários. Rejeição sistemática de hemólise leve a moderada pode ser excessiva; recomenda-se aceitar essas amostras, reservando a recusa para hemólise grave ou resultados limítrofes.

Palavras-chave: Alumínio, ICP-MS, Contaminação

P-052

Aplicação da Espectrometria de Massa MALDI-TOF na Identificação de Uropatógenos: Comparação com Métodos Convencionais em um Laboratório Clínico de Concórdia, SC

Monalisa Cássia Mazetto Picolli[1], Ana Paula Savoldi[1], Bernardo Mattiello Cazella[2]*

[1] *Aluna do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil;* [2] *Professor do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil.*

bernardo.cazella@professor.unc.br

Introdução: A espectrometria de massas por dessorção a laser assistida por matriz (MALDI-TOF MS, do inglês *Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry*) tem se consolidado como uma das mais modernas e eficazes ferramentas de diagnóstico na microbiologia clínica. Essa tecnologia permite a identificação de microrganismos a partir da análise dos perfis de proteínas ribossomais, que funcionam como "impressões

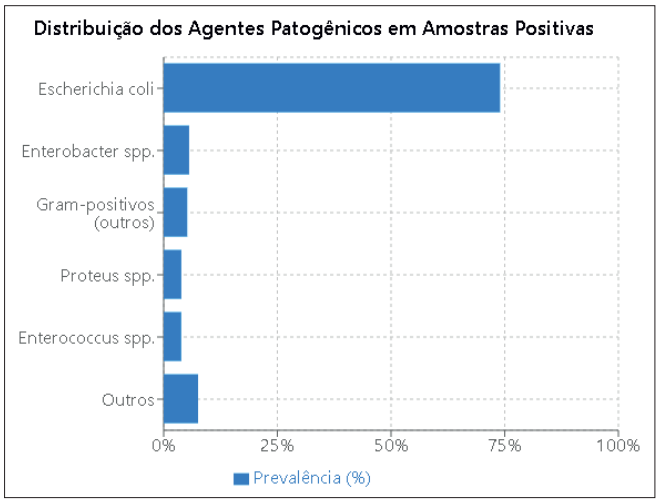
digitais" específicas de cada espécie bacteriana. O grande diferencial da técnica é a sua capacidade de oferecer resultados altamente confiáveis em um curto espaço de tempo, promovendo agilidade na tomada de decisões clínicas e contribuindo diretamente para a eficácia do tratamento antimicrobiano. Historicamente, a identificação de patógenos em laboratórios clínicos era baseada em métodos tradicionais, como a cultura bacteriana em meios seletivos e provas bioquímicas subsequentes. Esses métodos, embora amplamente aceitos e utilizados até hoje, apresentam limitações importantes. Além de exigirem entre 24 a 72 horas para a obtenção de resultados definitivos, dependem de conhecimento técnico especializado, apresentam riscos de erro humano na interpretação dos testes bioquímicos e, por vezes, podem gerar resultados inconclusivos. Tais fatores tornam o diagnóstico microbiológico um processo demorado e, em alguns casos, pouco resolutivo em situações de urgência. Com os avanços tecnológicos e a crescente demanda por diagnósticos rápidos e precisos, surgiu a necessidade de adotar metodologias que otimizem o fluxo de trabalho laboratorial. A introdução do MALDI-TOF MS na rotina da microbiologia clínica representa uma resposta a essa demanda. Diversos estudos apontam que essa técnica é capaz de identificar a maioria dos microrganismos clínicos em poucos minutos, com alta sensibilidade e especificidade, após o crescimento inicial das colônias em meio sólido. Além disso, o custo por análise após a aquisição do equipamento torna-se relativamente baixo, sendo viável mesmo em laboratórios de médio porte (Bizzini & Greub, 2010). No contexto das infecções do trato urinário (ITUs), a identificação precoce do agente etiológico é fundamental para evitar complicações, reduzir a prescrição empírica de antibióticos e prevenir o agravamento do quadro clínico. As ITUs representam uma das principais causas de procura por serviços de saúde e estão entre as infecções bacterianas mais comuns, especialmente em mulheres. Os principais agentes envolvidos são bacilos Gram-negativos da família Enterobacteriaceae, com destaque para *Escherichia coli*, que representa entre 70% e 90% dos casos comunitários (Flores-Mireles et al., 2015). Nesse cenário, a adoção do MALDI-TOF na rotina de identificação de uropatógenos pode representar um avanço significativo. Além de permitir a identificação de espécies com perfis bioquímicos semelhantes – cuja diferenciação por métodos tradicionais pode ser desafiadora – a espectrometria de massas também contribui para a redução do tempo de resposta, permitindo um tratamento antimicrobiano mais direcionado e eficaz desde os primeiros dias da infecção. A acurácia da técnica é amplamente reconhecida, com taxas de identificação corretas superiores a 95% para a maioria das bactérias clínicas, e até mesmo superiores a 99% para espécies como Escherichia coli e Enterococcus spp. (Cieslinski et al., 2023). Diante disso, torna-se relevante avaliar a aplicabilidade da técnica em diferentes contextos laboratoriais, inclusive em cidades de porte médio, como Concórdia, SC, onde laboratórios clínicos locais buscam soluções eficientes para melhorar a qualidade diagnóstica. Considerando-se a crescente utilização do MALDI-TOF no Brasil e no mundo, estudos que comparam sua eficácia com métodos tradicionais são essenciais para validar e expandir sua implementação em larga escala.

Objetivos: Este estudo teve como objetivo comparar a eficácia do MALDI-TOF com os métodos tradicionais de cultura e testes bioquímicos na identificação de uropatógenos, utilizando dados obtidos a partir da análise de amostras clínicas de urina processadas em um laboratório clínico localizado no município de Concórdia, SC.

Material e Métodos: Entre os anos de 2022 e 2023, foram realizadas 7.062 uroculturas em um laboratório clínico localizado em Concórdia, Santa Catarina. Das amostras analisadas, 7,4% apresentaram crescimento significativo de microrganismos, confirmando infecções do trato urinário. Para fins comparativos, 10% das amostras positivas foram analisadas simultaneamente por espectrometria de massas MALDI-TOF e pelos métodos tradicionais de identificação (cultura em meio sólido e testes bioquímicos). Os demais 90% foram processados exclusivamente pelos métodos convencionais. A identificação com MALDI-TOF seguiu protocolos padronizados de preparação da amostra e comparação com banco de dados proteômico.

Resultados e Discussão: A análise microbiológica revelou que o agente etiológico mais frequentemente isolado foi *Escherichia coli*, responsável por 73,96% dos casos positivos. Outros agentes detectados incluíram *Enterobacter* spp. (5,59%), microrganismos Gram-positivos diversos (5,17%), *Proteus* spp. (3,87%) e *Enterococcus* spp. (3,85%). Esses achados refletem o padrão epidemiológico esperado para infecções urinárias comunitárias e hospitalares. Nos 10% das amostras analisadas com ambas as metodologias, o MALDI-TOF permitiu a identificação rápida e precisa de todos os microrganismos presentes, incluindo *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Enterobacter* spp. e *Enterococcus* spp.. A taxa de precisão foi de 100%, com tempo de identificação significativamente reduzido em comparação aos métodos tradicionais. Esses resultados estão em consonância com estudos anteriores. Ferreira et al. (2010) reportaram que o uso do MALDI-TOF reduziu em até 24 horas o tempo de diagnóstico em relação aos métodos convencionais, além de aumentar a taxa de acerto para identificação de espécies Gram-negativas, como E. coli. Nos casos em que apenas os métodos tradicionais foram utilizados, observou-se um tempo de processamento mais longo, especialmente quando múltiplos testes bioquímicos foram necessários para a diferenciação de espécies com características fenotípicas semelhantes. Além disso, o uso do MALDI-TOF também minimiza a possibilidade de erros de identificação causados por resultados bioquímicos inconclusivos ou ambíguos. Cieslinski et al. (2023) demonstraram que o MALDI-TOF tem uma taxa de precisão de 99% para as principais bactérias patogênicas, como *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp., que são comuns em infecções urinárias. A principal vantagem observada foi o tempo de resposta reduzido do MALDI-TOF, que, após o crescimento em meio sólido, pode identificar um microrganismo em minutos. Isso contrasta com os métodos convencionais que, além do tempo de incubação, demandam várias etapas adicionais de interpretação de testes bioquímicos, muitas vezes sujeitos à variabilidade técnica. A integração do MALDI-TOF com os fluxos laboratoriais pode representar uma mudança significativa na abordagem diagnóstica, melhorando o tempo de resposta para prescrição de antimicrobianos direcionados.

Tabela 1.



Conclusão: A espectrometria de massa por dessorção a laser assistida por matriz (MALDI-TOF MS) mostra-se como uma ferramenta extremamente promissora e eficaz para a identificação de patógenos em amostras clínicas, especialmente em uroculturas. Os resultados obtidos pelo laboratório de Concórdia demonstram que o MALDI-TOF, quando associado aos métodos tradicionais, promove uma identificação bacteriana rápida, precisa e segura, com grandes vantagens em termos de agilidade, padronização e redução do tempo de resposta diagnóstica. Apesar do custo inicial elevado, os benefícios clínicos e operacionais tornam o investimento justificável, especialmente em contextos com alta demanda laboratorial. A adoção dessa tecnologia representa um importante passo rumo à modernização da microbiologia clínica e à melhoria da qualidade do atendimento ao paciente, contribuindo diretamente para o uso racional de antimicrobianos e para o combate à resistência bacteriana.

Palavras-chave: Espectrometria de massa. MALDI-TOF. Identificação de patógenos.

Referências:
Ferreira L, Sánchez-Juanes F, González-Avila M, Cembrero-Fuciños D, Herrero-Hernández A, González-Buitrago JM, Muñoz-Bellido JL. Direct identification of urinary tract pathogens from urine samples by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol. 2010 Jun;48(6):2110-5. doi: 10.1128/JCM.02215-09. Epub 2010 Apr 14. PMID: 20392910; PMCID: PMC2884468.

Cieslinski J, Ribeiro VST, Lima CK de, Kraft L, Suss PH, Tuon FF. Sonication as a tool for disrupting biofilms and recovering microorganisms in bladder catheters. Braz J Nephrol [Internet]. 2023Sep;45(3):373–7. Available from: https://doi.org/10.1590/2175-8239-JBN-2022-0129en

Bizzini, A., & Greub, G. (2010). Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, a revolution in clinical microbial identification. Clinical Microbiology and Infection, 16(11), 1614-1619.

Flores-Mireles, A. L., Walker, J. N., Caparon, M., & Hultgren, S. J. (2015). Urinary tract infections: epidemiology, mechanisms of infection and treatment options. Nature Reviews Microbiology, 13(5), 269–284.

P-053

Comparação Entre Meios Cromogênicos E CLED/ MacConkey Para Uroculturas

Maria Ellis da Silva Mantovani[1], Maíra Amélia Mafessoni Herpich[1], Tanna Luiza Gottert Benini[1], Bernardo Mattiello Cazella[2] *

[1] Aluna do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil; [2] Professor do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil.

* bernardo.cazella@professor.unc.br

Introdução: As infecções do trato urinário (ITUs) representam uma das infecções bacterianas mais comuns na prática clínica, afetando pessoas de todas as idades, com maior incidência em mulheres. O diagnóstico laboratorial rápido e preciso é fundamental para o manejo adequado da doença, especialmente em casos recorrentes, gestantes, pacientes imunocomprometidos e em idosos. A identificação correta do agente etiológico e a determinação de seu perfil de sensibilidade antimicrobiana são fundamentais para a instituição de uma terapia antimicrobiana eficaz e racional. A urocultura permanece como o método padrão-ouro para a detecção de uropatógenos, sendo tradicionalmente realizada em meios de cultura como o CLED (Cystine Lactose Electrolyte Deficient) e o MacConkey. Ambos são eficazes no crescimento de microrganismos gram-negativos e apresentam capacidade razoável de diferenciação bacteriana, especialmente entre lactose- fermentadores e não-fermentadores. No entanto, esses meios geralmente requerem etapas adicionais de testes bioquímicos para a identificação definitiva das espécies bacterianas, o que pode retardar o tempo de liberação dos resultados. Nas últimas décadas, os meios cromogênicos têm ganhado espaço como alternativa moderna e eficaz. Esses meios contêm substratos específicos que, ao serem metabolizados pelas enzimas bacterianas, originam colônias coloridas distintas, facilitando a identificação visual direta de algumas espécies. Essa abordagem permite a diferenciação presuntiva de uropatógenos como *Escherichia coli*, *Enterococcus* spp., *Proteus* spp. e *Klebsiella* spp. com maior rapidez. A literatura destaca que esses meios reduzem a necessidade de testes adicionais e contribuem para a agilidade no diagnóstico (Vadivelu et al., 2025).

Objetivo: O objetivo do presente estudo foi comparar a eficácia dos meios cromogênicos com os meios tradicionais CLED/MacConkey na identificação de uropatógenos em uroculturas processadas entre 2022 e 2023 em um laboratório de análises clínicas localizado em Concórdia, Santa Catarina. Avaliou-se a capacidade de diferenciação das espécies bacterianas, tempo de resposta e aspectos práticos da rotina laboratorial.

Material e Métodos: Entre os anos de 2022 e 2023, o laboratório de análises clínicas em Concórdia-SC realizou um total de 7.062 exames de urocultura. Todas as amostras foram processadas segundo os protocolos técnicos estabelecidos para coleta, armazenamento e semeadura. As amostras foram coletadas de pacientes ambulatoriais, com faixa etária variada e histórico clínico compatível com suspeita de ITU. Os critérios para positividade foram baseados na contagem de unidades formadoras de colônias (UFC) conforme os pontos de corte recomendados pelas diretrizes microbiológicas vigentes. Dentre as uroculturas analisadas, 7,4% apresentaram crescimento bacteriano significativo, compatível com infecção do trato urinário, enquanto 92,6% não apresentaram crescimento ou apresentaram crescimento abaixo dos valores considerados clinicamente relevantes. A análise dos dados bacteriológicos demonstrou que o patógeno mais frequentemente isolado foi *Escherichia coli* (73,96%), seguido por *Enterobacter* spp. (5,59%), outros Gram- positivos (5,17%), *Proteus* spp. (3,87%) e *Enterococcus* spp. (3,85%). Com o objetivo de avaliar comparativamente os meios cromogênicos e os meios tradicionais CLED/MacConkey, foi selecionada de forma aleatória uma amostra de 15% dos casos positivos para ITU. As amostras selecionadas foram semeadas paralelamente em placas contendo os três tipos de meios: CLED, MacConkey e um meio cromogênico comercialmente disponível. Após a incubação por 18 a 24 horas a 35-37°C, as colônias bacterianas foram avaliadas quanto à morfologia, cor, tempo de crescimento e facilidade de identificação visual. A interpretação foi realizada por microbiologistas experientes, que também analisaram a necessidade de testes bioquímicos complementares para a confirmação das espécies

Resultados e Discussão: Os dados obtidos revelaram que os meios cromogênicos proporcionaram uma diferenciação visual superior das colônias bacterianas, especialmente para os principais agentes etiológicos das ITUs. As colônias de Escherichia coli, por exemplo, apresentaram coloração magenta característica, permitindo a identificação presuntiva com alto grau de confiabilidade. Em contraste, nos meios CLED e MacConkey, embora o crescimento tenha ocorrido normalmente, a diferenciação visual não foi tão clara, o que exigiu testes bioquímicos adicionais para confirmação. Situação semelhante foi observada com *Enterococcus* spp., cujas colônias apresentaram coloração verde nos meios cromogênicos, permitindo sua diferenciação precoce e precisa. Já no CLED, a visualização e distinção entre enterococos e outras bactérias Gram-positivas foi mais desafiadora, demandando análise complementar. Além disso, as colônias de *Enterobacter* spp. e *Proteus* spp. também foram mais facilmente diferenciadas no meio cromogênico, principalmente por apresentarem cores distintas e morfologias específicas. Isso reduziu significativamente a necessidade de testes adicionais como TSI, LIA, e outros testes bioquímicos de rotina. Apesar dessas vantagens, não foram observadas diferenças significativas quanto à taxa de isolamento dos microrganismos ou ao tempo de crescimento inicial entre os dois tipos de meio. Todos permitiram crescimento adequado das bactérias presentes nas amostras em tempo compatível com a rotina laboratorial. Conforme demonstrado em estudo anterior conduzido por Bouslah et al. (2018), os meios cromogênicos apresentam alta taxa de concordância com os métodos tradicionais no isolamento de E. coli, mas com o benefício adicional de uma interpretação visual mais rápida e direta, otimizando o tempo até o diagnóstico definitivo. Uma limitação relatada na literatura e considerada em nosso estudo refere- se à possibilidade de falha na diferenciação de cepas que não expressam as enzimas específicas responsáveis pela mudança de cor no meio cromogênico. No entanto, essa limitação não foi significativa nas amostras analisadas no presente estudo. Cabe destacar também a diferença de custos entre os meios analisados. Os meios CLED e MacConkey são significativamente mais baratos e, por isso, continuam sendo amplamente utilizados, principalmente em laboratórios de pequeno e médio porte. Contudo, o uso exclusivo desses meios pode prolongar o tempo até o diagnóstico definitivo, devido à necessidade de identificação complementar por testes bioquímicos. Já os meios cromogênicos, embora mais onerosos, mostraram-se vantajosos pela agilidade na identificação e possibilidade de liberação antecipada dos resultados. Essa vantagem pode ser particularmente relevante em cenários onde decisões clínicas precisam ser tomadas com rapidez, como em gestantes, idosos e pacientes imunossuprimidos.

Conclusão: Os resultados obtidos neste estudo indicam que os meios cromogênicos representam uma ferramenta eficiente e prática para o diagnóstico laboratorial de infecções do trato urinário. Sua capacidade de diferenciação visual mais rápida e precisa das colônias bacterianas, especialmente de E. coli e *Enterococcus* spp., contribui significativamente para a agilidade no diagnóstico e início precoce do tratamento. Apesar disso, os meios tradicionais CLED e MacConkey continuam tendo papel importante na rotina laboratorial, especialmente por sua acessibilidade e capacidade de crescimento de uma ampla gama de microrganismos. Considerando o custo-benefício e a estrutura dos serviços de saúde, a adoção combinada das duas abordagens pode representar uma estratégia equilibrada entre eficiência diagnóstica e sustentabilidade econômica. A adoção progressiva dos meios cromogênicos deve ser acompanhada por treinamentos específicos para os profissionais, visando padronizar a leitura das colônias e reduzir os erros interpretativos. Além disso, estudos multicêntricos e com maior amostragem podem contribuir para a consolidação dessas evidências e para a formulação de protocolos otimizados para laboratórios clínicos de diferentes perfis.

Palavras-chave: Meios cromogênicos. Urocultura, Infecção do trato urinário.

Referências

Vadivelu N, Parmar RD, Shingala H, Mehta KD. Comparison of chromogenic and cysteine lactose electrolyte deficient agar for identification of uropathogens in Gujarat, India. Afr J Lab Med. 2025 Feb 10;14(1):2551. doi: 10.4102/ajlm.v14i1.2551. PMID: 40061864; PMCID: PMC11886582.

Bouslah Z, Mahjoub R, Allagui Z, Dabboussi M, Zouaoui M, Bibi A. Apport des milieux chromogènes Uriselect4® et CPS ID3® dans l'isolement et l'identification des germes responsables d'infections urinaires [Contribution of the Uriselect4® and the CPS ID3® chromogenic media to the isolation and identification of urinary tract infections bacteria]. Ann Biol Clin (Paris). 2020 Feb 1;78(1):47-53. French. doi: 10.1684/abc.2019.1512. PMID: 31974073.

P-054

Coinfecção por *Stenotrophomonas Maltrophilia* e *Rhizobium Radiobacter*: estudo de caso

Márcio José Evangelista Júnior[1]*, Mayara dos Santos Alves[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde, Campinas - SP; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

*marcio.junior@sabin.com.br

Introdução: Infecções *por Stenotrophomonas maltophilia* são desafiadoras pela resistência intrínseca e adquirida a múltiplos antimicrobianos. A coinfecção com *Rhizobium radiobacter*, embora rara, pode dificultar ainda mais a condução clínica. **Objetivo:** Este estudo relata um caso em hospital privado de Campinas, SP. **Materiais e métodos:** Foram utilizadas informações do banco de dados hospitalar informatizado, com dispensa de submissão ao CEP. A identificação e os testes de sensibilidade foram realizados por sistema automatizado, disco-difusão e E-test, com base na norma BrCAST. **Resultados e discussão:** Paciente masculino, 57 anos, foi internado para cirurgia de revascularização do miocárdio com troca de prótese aórtica, com profilaxia cirúrgica com cefuroxima por 24h. Após o procedimento, houve agravamento do quadro clínico associado ao tempo prolongado de circulação extracorpórea. Iniciou-se piperacilina/tazobactam e coleta de secreção traqueal pós-broncoaspiração. Com piora clínica e febre, iniciou-se teicoplanina. As culturas identificaram *S. maltophilia* e *R. radiobacter*. O antibiograma revelou sensibilidade aumentada à exposição de sulfametoxazol/trimetoprima e resistência a levofloxacino para *S. maltophilia*. *R. radiobacter* apresentou sensibilidade apenas à amicacina e sensibilidade aumentada à exposição de meropenem, sendo resistente a cefalosporinas de 3ª geração, fluoroquinolonas, glicopeptídeos e piperacilina/tazobactam. Optou-se por terapia combinada com sulfametoxazol/trimetoprima e meropenem. No entanto, o paciente evoluiu a óbito no dia seguinte. **Conclusão:** O caso ilustra os desafios impostos por coinfecções com microrganismos multirresistentes. *S. maltophilia* apresenta resistência intrínseca e mecanismos adaptativos relevantes. Já *R. radiobacter*, embora raro em humanos, pode apresentar perfis de resistência inesperados. A realização dos testes de sensibilidade foi essencial para orientar a terapêutica, destacando a importância da vigilância laboratorial frente ao cenário crescente de resistência antimicrobiana.

Palavras-chave: *Stenotrophomonas maltrophilia*.; *Rhizobium radiobacter*; Coinfecção.

P-058

Perfil de resistência do *streptococcus agalactiae* isolado em gestantes de um laboratório de análises clínicas Salvador – Bahia

Luiz Carlos Senna Carvalho dos Santos[1]*, Híbera Lopes Campos Brandão[1], Thais Morais Pomponet[1], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2], Cyra Mesquita de Araújo[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde, Salvador - BA; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

* luiz.santos@sabin.com.br

Introdução: Atualmente uma grande preocupação para a população mundial, são os perfis de resistência dos microrganismos. O *Streptococcus agalactiae,* presente na microbiota de membranas mucosas no trato geniturinário e intestinal, está relacionado a infecções em gestantes e neonatos. Ainda persistem desafios clínicos e diagnósticos na prevenção efetiva dessa infecção, uma vez que a não realização de testes de sensibilidade aos antimicrobianos pode aumentar o risco de transmissão para os recém-nascidos. **Objetivos:** O objetivo deste estudo foi verificar o perfil de resistência do *S. agalactiae* aos antibióticos que possam ser usados com eficácia no tratamento. **Material e Métodos:** Com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP, resultados dos testes de sensibilidade das culturas de secreção vaginal e perianal, foram obtidos do banco de dados, sem identificação individual. As amostras semeadas e triadas em meio cromogênico (ChromID STREPTO B), identificadas pela metodologia automatizada, sendo o teste de sensibilidade realizado por disco difusão. **Resultados e Discussão:** Foram avaliados 250 resultados de culturas para *Streptococcus agalactiae*, sendo 67 (26,8%) positivas. Destes, 38 (56,70%) de swab vaginal e 29 (43,30%) swab perianal. O teste de sensibilidade apresentou: penicilina com 0% de resistência, clindamicina (0%) e eritromicina (25,37%). Foram encontrados 02 casos de D-teste positivos (resistência indutível provavelmente codificada pelo gene erm), indicando a não utilização de nenhum macrolídeos ou lincosaminas como opção terapêutica. **Conclusão:** Os dados encontrados demonstram que a maioria das cepas *de S. agalactiae* continua **sensível à penicilina**. No entanto, há relatos crescentes de resistência a outros antibióticos, o que torna uma preocupação para os casos de pacientes alérgicos. Identificou-se uma taxa elevada de resistência à eritromicina, corroborando com os dados de literatura. A realização do teste de sensibilidade é fundamental para orientar a antibioticoprofilaxia intraparto, **evitando falhas profiláticas** que podem resultar em infecções neonatais.

Palavras-chave: *Streptococcus agalactiae;* Resistência bacteriana; Gestantes;

P-061

Título: Perfil dos Patógenos Respiratórios em um Laboratório Privado de São José dos Campos no Ano de 2024

Camila Cristina Sant'ana de Lima[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1], Cláudia Regina Faria[1], Ana Patricia Fonseca Ikeda[1]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde

Introdução e Objetivos:
São muitos os agentes responsáveis pelas infecções respiratórias e sua incidência pode sofrer variações sazonais. Conhecer o patógeno prevalente em uma determinada população e período pode ajudar nas medidas de controle e tratamento.

Materiais e Método
Trata-se de um trabalho observacional descritivo acerca dos exames para detecções de patógenos causadores de infecções respiratórias realizados em um laboratório privado da cidade de São José dos Campos/SP, obtidos de um banco de dados sem identificação individual,com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP (Art. 1º, item V, resolução 510/2016). Os testes contemplados nesse estudo foram: Coronavírus 19 (SARSCOV2) por imunocromatografia e por PCR, Influenza A e B por imunocromatografia e por PCR e painel molecular contemplando SARSCOV2, Influenza A e B e vírus Sincicial Respiratório (VSR) realizados no período de janeiro a dezembro de 2024.

Resultado(s) e Conclusão(ões)
No período avaliado foram realizados 453 testes para coronavírus pelo método imunocromatográfico e em 60 deles foram detectados a presença do antígeno, foram realizados 206 testes de PCR para coronavírus em que 33 foi detectado a presença do RNA viral, realizamos 199 testes por imunocromatografia para Influenza onde tivemos 33 testes positivos para Influenza A e 23 testes positivos para Influenza B, realizamos 04 testes para Influenza por PCR nenhum detectado e 34 painéis incluindo SARSCOV2, Influenza A, Influenza B e VSR onde encontraram-se 02 positivos para o SARSCOV2, 02 positivos para Influenza A, 09 positivos para Influenza B e 01 teste positivo para o VSR. No ano foram realizados 896 testes para pesquisa de patógenos respiratórios onde tivemos uma positividade de 163 pacientes representando 18,2%. A maior incidência foi pelo vírus SARSCOV2 com 58,3% do total de casos positivos, seguido por Influenza A com 21,5%, Influenza B com 19,6% e Vírus Sincicial Respiratório com apenas 0,6% dos casos positivos.

Palavras-chave: SARSCOV2, Influenza A e B, Vírus Sincicial Respiratório (VSR)

P-080

Micobactérias Não-Tuberculosas: Estudo de Prevalência em um Laboratório Privado do Brasil

Marcia de Melo Monteiro[1]*, Gélida de Jesus Pessoa[1], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2], Cyra Mesquita De Araujo[2], Lídia Freire Abdalla Nery[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde, Manaus-AM; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília-DF

*marcia.melo@sabin.com.br

Introdução: Micobactérias não-tuberculosas (MNT) são microrganismos ambientais que podem causar infecções, sobretudo pulmonares, especialmente em indivíduos imunocomprometidos. Estudos indicam aumento na incidência dessas infecções nas últimas décadas, com a prevalência nos EUA passando de 2,4 para 15,2 casos por 100.000 habitantes entre 1980 e 2013. **Objetivo**: Estimar a prevalência e caracterizar as espécies de MNT identificadas em amostras clínicas em um laboratório privado do Brasil. **Materiais e métodos:** Estudo retrospectivo baseado na análise de 2.817 amostras pulmonares e extrapulmonares processadas em 2024. A identificação das micobactérias foi realizada por espectrometria de massa e sequenciamento do gene *hsp65* pela técnica de Sanger. Este estudo dispensou tramitação no sistema CEP/CONEP. Os resultados foram obtidos em um banco de dados informatizado sem identificação individual. **Resultados e discussão:** Das 2.817 culturas, 104 (3,69%) apresentaram crescimento de micobactérias, sendo 51 (47%) classificadas como MNT. As espécies mais frequentes foram: *M. Abscessus* (n=12), *Mycobacterium spp*. (n=10), *M. fortuitum* (n=5), *M. chelonae* (n=4), *M. wolinskyi* (n=3), *M. intracellulare* (n=3) e complexo *M. avium* (n=2). Outras espécies com um caso cada incluíram: *M. timonense*, *M. intracellulare* subsp. *chimaera*, *M. bolletii*, *M. senegalense*, *M. iranicum*, *M. abscessus* subsp. *massiliense*, *M. kansasii*, *M. paraense*, *M. mucogenicum* e *M. peregrinum*. **Conclusão:** As MNT são patógenos emergentes com crescente relevância clínica. A identificação precisa das espécies é essencial para o manejo adequado, devido às diferenças em virulência e sensibilidade antimicrobiana.

Palavras-chave: Micobactérias não-tuberculosas; Prevalência; Infecções do trato respiratório.

P-099

Avaliação da presença do Gene *mecA* em *Staphylococcus aureus* resistentes à meticilina (MRSA) em amostras de swab nasal de pacientes ambulatoriais pré-cirúrgicos

Maria Ellis da Silva Mantovani[1], Maíra Amélia Mafessoni Herpich[1], Tanna Luiza Gottert Benini[1], Bernardo Mattiello Cazella[2]*

[1] Aluna do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil; [2] Professor do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil.

* bernardo.cazella@professor.unc.br

Introdução: *Staphylococcus aureus* é uma bactéria Gram-positiva amplamente disseminada, capaz de colonizar a pele e as mucosas humanas, com predileção pelas fossas nasais. Estima-se que aproximadamente 20% da população sejam portadores nasais persistentes de S. aureus, enquanto outros 30% apresentem colonização intermitente. Essa capacidade de colonização contribui significativamente para sua disseminação tanto em ambientes hospitalares quanto na comunidade, sendo uma das principais causas de infecções associadas aos cuidados de saúde e de doenças potencialmente graves. Historicamente, infecções provocadas por S. aureus eram associadas a altas taxas de mortalidade antes da introdução dos antimicrobianos. Em indivíduos saudáveis, a bactéria costuma causar infecções cutâneas leves; no entanto, em contextos de resistência antimicrobiana, torna-se um agente oportunista capaz de provocar infecções graves, como pneumonias, sepse e endocardites. A descoberta da penicilina, na década de 1940, representou um divisor de águas na medicina, proporcionando um tratamento eficaz contra uma série de infecções bacterianas, incluindo aquelas provocadas por *S. aureus*. No entanto, a eficácia desse antibiótico foi rapidamente comprometida pela emergência de cepas produtoras de β-lactamases, enzimas que inativam os antibióticos β-lactâmicos. Com o intuito de contornar essa resistência, foi desenvolvida a meticilina, um antibiótico β-lactâmico sintético inicialmente eficaz contra cepas produtoras de β-lactamases. Ainda assim, *S. aureus* demonstrou notável capacidade adaptativa e, pouco tempo depois, surgiram cepas resistentes à meticilina, conhecidas como *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA). A resistência à meticilina, em especial, é uma preocupação crescente. De acordo com o Centers for Disease Control and Prevention (CDC), cerca de 5% da população norte-americana é portadora de cepas resistentes de MRSA, o que reforça a necessidade de medidas de triagem e controle, sobretudo em ambientes cirúrgicos e hospitalares. A resistência à meticilina é conferida, principalmente, pela presença do gene *mecA*, que codifica a proteína de ligação à penicilina PBP2a. Esta proteína possui baixa afinidade pelos antibióticos β-lactâmicos, conferindo ao microrganismo resistência à maioria dos fármacos dessa classe e dificultando o tratamento das infecções. O MRSA é reconhecido como um importante patógeno associado a infecções nosocomiais e complicações pós-operatórias, especialmente em pacientes submetidos a procedimentos cirúrgicos invasivos, como cirurgias ortopédicas. Nesse contexto, a identificação precoce de portadores assintomáticos, por meio de triagens pré-operatórias, torna-se uma medida preventiva crucial para o controle da disseminação hospitalar e redução de infecções relacionadas à assistência à saúde. Algumas instituições já adotam protocolos que incluem a coleta de swabs nasais para triagem obrigatória de MRSA em pacientes

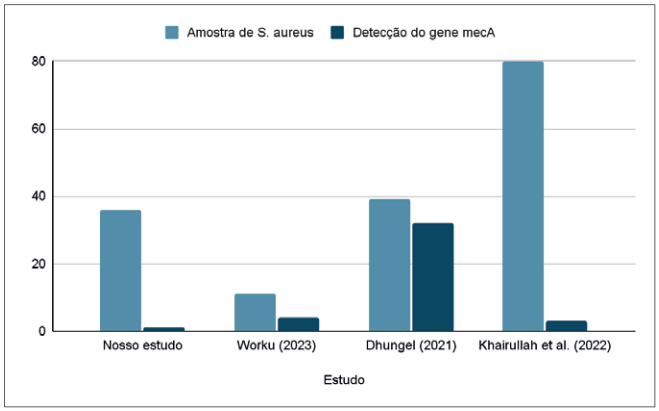
ambulatoriais no período pré-cirúrgico. A técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) tem se mostrado uma ferramenta eficaz e sensível para a detecção do gene *mecA*, permitindo a identificação rápida e precisa de cepas resistentes, e favorecendo a adoção de estratégias terapêuticas e de isolamento adequadas.

Objetivo: Avaliar a presença do gene *mecA* em isolados de *Staphylococcus aureus* provenientes de amostras de swab nasal de pacientes ambulatoriais em período pré-cirúrgico, bem como comparar os resultados obtidos com dados previamente descritos na literatura científica.

Material e Métodos: No ano de 2024, foram analisadas 36 amostras de swab nasal coletadas de pacientes ambulatoriais atendidos em um laboratório de análises clínicas no município de Concórdia, Santa Catarina. Esses pacientes estavam agendados para procedimentos cirúrgicos ortopédicos e foram submetidos à triagem de acordo com o protocolo obrigatório de uma instituição hospitalar. A extração do DNA genômico foi realizada a partir das amostras obtidas, seguida da amplificação do gene *mecA* por PCR convencional, utilizando primers específicos previamente descritos na literatura. A confirmação da presença do gene foi realizada por meio de eletroforese em gel de agarose. Além da análise laboratorial, foi conduzida uma pesquisa bibliográfica na base de dados PubMed, com o objetivo de identificar a frequência de detecção do gene *mecA* em isolados de Staphylococcus aureus, conforme relatado em estudos previamente publicados.

Resultados e Discussão: Das 36 amostras de *Staphylococcus aureus* analisadas no laboratório de análises clínicas de Concórdia/SC, o gene *mecA* foi detectado em apenas uma amostra, representando uma taxa de positividade de 2,8%. Este resultado demonstra uma baixa prevalência de cepas resistentes à meticilina (MRSA) entre os pacientes ambulatoriais avaliados. Quando comparados a dados da literatura, observa-se uma variação considerável nas taxas de detecção do gene *mecA*. No estudo conduzido por Worku (2023), foram analisadas 40 amostras de estafilococos, das quais 11 (27,5%) apresentaram o gene *mecA*; entre essas, 4 amostras pertenciam à espécie *Staphylococcus aureus*, correspondendo a 36,4% de positividade entre os isolados dessa espécie. Já Dhungel (2021) analisou 524 amostras clínicas provenientes de diferentes materiais biológicos (sangue, urina e escarro), identificando 39 isolados de *S. aureus*, dos quais 32 apresentaram o gene *mecA* — uma taxa de 82,1%. De modo semelhante, Khairullah et al. (2022) analisaram 109 amostras de leite de vacas leiteiras e 41 amostras de swab de mãos de fazendeiros em uma fazenda leiteira na Indonésia, totalizando 150 amostras. Destas, foram isolados 80 (53,33%) *Staphylococcus aureus*. Entre os isolados, 42 (15%) apresentaram resistência à oxacilina e 10 (12,5%) à cefoxitina (ambos antibióticos β-lactâmicos, frequentemente utilizados como marcadores fenotípicos para triagem de resistência à meticilina). Utilizando o meio ORSAB (Oxacillin Resistance Screening Agar Base, um meio seletivo cromogênico específico para triagem de MRSA) como teste confirmatório, 20 isolados (47,62%) foram classificados como MRSA. No entanto, quando submetidos à análise genotípica por PCR, apenas 3 desses isolados (30%) foram positivos para o gene *mecA*. A discrepância entre os achados pode ser explicada, em parte, pelas diferenças metodológicas e pelo perfil das populações estudadas. Enquanto os estudos de Worku, Dhungel e Khairullah et al. investigaram amostras clínicas e ambientais variadas, muitas associadas a contextos hospitalares, produtivos ou a infecções ativas, o presente estudo restringiu-se a pacientes ambulatoriais em período pré-cirúrgico ortopédico, caracterizando uma população de menor risco. Além disso, os estudos mencionados incluíram diferentes espécies de estafilococos, não se limitando exclusivamente a *Staphylococcus aureus*, o que pode influenciar nas taxas globais de resistência observadas. A baixa taxa de positividade identificada em nosso estudo pode, portanto, refletir uma menor circulação de MRSA nesta população específica e/ou sugerir a efetividade do protocolo institucional de triagem pré-operatória, contribuindo para a prevenção de infecções cirúrgicas associadas a cepas resistentes. A Figura 1 ilustra a comparação entre os estudos mencionados, apresentando o número total de amostras de *Staphylococcus aureus* analisadas em cada um deles e, ao lado, a quantidade de amostras positivas para o gene *mecA*.

Figura 1. Comparação da detecção do gene *mecA* em amostras de *Staphylococcus aureus* entre diferentes estudos



Fonte: os autores

Conclusão: Neste estudo, investigou-se a presença do gene *mecA* em isolados de *Staphylococcus aureus* provenientes de swabs nasais de pacientes ambulatoriais em período pré-cirúrgico, buscando também comparar os resultados com dados já descritos na literatura científica. A baixa taxa de positividade identificada (2,8%) sugere uma possível efetividade do protocolo de triagem obrigatória adotado pela instituição de saúde em Concórdia/SC, refletindo uma menor circulação de cepas resistentes entre os pacientes avaliados. A aplicação da PCR como método de detecção demonstrou-se eficaz e adequada para esse tipo de monitoramento. A comparação com estudos anteriores evidenciou uma ampla variação nas taxas de detecção do gene *mecA*, possivelmente influenciada por fatores como o perfil populacional, o tipo de amostra, o contexto clínico e a presença (ou ausência) de medidas preventivas. Além disso, os dados analisados ressaltam a importância da vigilância epidemiológica não apenas em ambientes hospitalares, mas também em contextos comunitários e até agropecuários. Portanto, conclui-se que a adoção de estratégias preventivas, como a triagem pré-operatória, aliada ao monitoramento genético da resistência bacteriana, constitui uma ferramenta fundamental no controle da disseminação do MRSA. Recomenda-se, ainda, a continuidade de pesquisas que explorem diferentes populações e ambientes, com vistas a ampliar o conhecimento sobre a resistência antimicrobiana e fortalecer políticas de controle e prevenção.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*. MRSA. *mecA*.

Referências:

BONVEGNA, M. et al. Ocorrência de estafilococos coagulase-negativos resistentes à meticilina (MRCoNS) e *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA) em suínos e ambientes de fazenda no noroeste da Itália. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34198805/. Acesso em: 01 maio 2025.

DHUNGEL, S. et al. *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA): prevalência, padrão de suscetibilidade antimicrobiana e detecção do gene mecA entre pacientes cardíacos de um centro cardíaco de atendimento terciário em Katmandu, Nepal. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34483665/. Acesso em: 01 maio 2025.

ILIYA, S. et al. Análise fenotípica e suscetibilidade a antibióticos de *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina no Condado de Kiambu, Quênia. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32683350/. Acesso em: 01 maio 2025.

NANDHINI, P. et al. Desenvolvimentos recentes no tratamento de *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA): uma revisão. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35625250/. Acesso em: 01 maio 2025.

NEIL, J. et al. Detecção rápida de MRSA por espectrometria de massa em tandem da proteína de resistência PBP2a intacta de 80 kDa. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34526615/. Acesso em: 01 maio 2025.

TAQVEEM, A. et al. *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina entre estudantes: taxa de transporte nasal, fatores contribuintes e suscetibilidade antimicrobiana. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39459377/. Acesso em: 01 maio 2025.

TKADLEC, J. et al. Epidemiologia de *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina na Eslováquia, 2020 – surgimento de um clone epidêmico do USA300 na comunidade e em hospitais. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37341582/. Acesso em: 01 maio 2025.

WATANABE, A. et al. Levantamento ambiental de estafilococos resistentes à meticilina em um hospital no Japão. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34556616/. Acesso em: 01 maio 2025.

WORKU, S. et al. Epidemiologia molecular de *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina entre pacientes diagnosticados com infecção de sítio cirúrgico em quatro hospitais na Etiópia. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38136715/. Acesso em: 01 maio 2025.

KHAIRULLAH, A. R. et al. Detection of mecA gene and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from milk and risk factors from farms in Probolinggo, Indonesia. *F1000Research*, v. 11, p. 722, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.12688/f1000research.122225.3. Acesso em: 01 maio 2025.

NANDHINI, P. et al. Recent developments in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) treatment: a review. *Antibiotics (Basel)*, v. 11, n. 5, p. 606, 29 abr. 2022. Disponível em: https://doi.org/10.3390/antibiotics11050606. Acesso em: 01 maio 2025.

P-128

Análise de resistência *in vitro* e virulência *in vivo* de cepas bacterianas isoladas da cavidade oral de pacientes internados na UTI do Hospital Municipal de Nova Friburgo

Nicolas Alves Rascov[1], Natália Iorio Lopes pontes Póvoa[2], Helvécio Corrêa Póvoa[2], Flávia Maia Silveira[2], Joseli Maria da Rocha Nogueira[3]*

[1]Discente na Universidade Federal Fluminense/Instituto de Saúde de Nova Friburgo; [2] Docente na Universidade Federal Fluminense/Instituto de Saúde de Nova Friburgo; [3] Laboratório de Microbiologia – DCB – ENP – Fundação Oswaldo Cruz - FIOCRUZ.

*Email: joseli@ensp.fiocruz.br

1. Introdução

A cavidade bucal possui um microssistema específico formado por mais de quinhentas espécies de microrganismos, que podem fazer parte da colonização fisiológica do hospedeiro, dificultando a colonização por espécies mais patogênicas. Porém, em situações de desequilíbrio, podem perder sua função e até mesmo desencadear doenças. A condição crítica de indivíduos sob terapia intensiva e o ambiente hospitalar propiciam a transformação de sua microbiota bucal, tornando-os alvo de microrganismos que não são comumente isolados da cavidade oral, por vezes, bactérias multirresistentes à droga (MDR). Especialmente em pacientes sob ventilação mecânica, a boca constantemente aberta atua como porta de entrada para bactérias do ambiente hospitalar, acarretando maior risco para infecções hospitalares, que possuem alta taxa de complicações e mortalidade. Assim, a condição crítica dos indivíduos sob terapia intensiva e o ambiente hospitalar propiciam a transformação de sua microbiota bucal anfibiôntica após 48h de internação na Unidade de Terapia Intensiva (UTI), tornando-os alvo de microrganismos que não são comumente isolados da cavidade oral, por vezes, bactérias MDR (LITWIN et al., 2020). Entretanto, alguns indivíduos no momento da admissão na UTI já podem estar colonizados por bactérias MDR, por colonização comunitária prévia à internação hospitalar, o que reforça a importância da realização de análises microbiológicas logo que um indivíduo é internado na UTI (PUZNIAK et al., 2020). Os microrganismos que foram investigados neste estudo, *S. aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *P. aeruginosa* e *A. baumannii*, estão frequentemente associados à multirresistência a antibióticos e possuem capacidade de formar biofilme e sobreviver a pressão seletiva de antimicrobianos, alterando a expressão de fatores de virulência. Apesar de sua importância, existem poucos estudos sobre fatores associados à virulência desses organismos e sua prevalência em pacientes internados em Unidades Intensivas de Saúde.

2. Objetivos

O objetivo geral deste estudo foi caracterizar as cepas de bactérias isoladas da cavidade oral de pacientes internados na UTI, determinando seu perfil de resistência e virulência. Já os objetivos específicos foram avaliar o perfil de resistência das bactérias através de testes de susceptibilidade a antimicrobianos, realizar testes fenotípicos de detecção de enzimas relevantes para resistência, detectar produção ou não de biofilme e avaliar a virulência das bactérias por modelo de interação dos microrganismos com o nemátodo *Caenorhabditis elegans*.

3. Materiais e métodos

O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Federal Fluminense campus Nova Friburgo (UFF/NF) (CAAE:28822020.8.0000.5626 /Parecer: 3.941.233 e CAAE: 48295915.8.0000.5626/Parecer:1.236.518), e todos os participantes e/ou seus responsáveis foram informados da natureza e objetivos do estudo e, com sua concordância, assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE) e, quando o participante foi legalmente incapaz, assinou o Termo de Assentimento Livre e Esclarecido (TALE). As amostras foram coletadas de 88 pacientes internados, até 12 horas após a admissão e internação na UTI. A partir das amostras clínicas, foram isoladas 40 cepas bacterianas, sendo elas 28 de *Staphylococcus aureus*, 9 de *Klebsiella pneumoniae*, 2 de *Pseudomonas aeruginosa* e 1 de *Acinetobacter baumannii*. Os testes de susceptibilidade a antimicrobianos foi feito seguindo as orientações do CLSI (Clinical Laboratory Standard Institute), onde tapetes bacterianos foram feitos em placas de ágar Mueller-Hinton (MH) a partir de suspensões bacterianas em 0,5 na escala MacFarland, e então discos de antibióticos adequados à cada gênero bacteriano foram dispostos com distância mínima de 2,5cm entre si. As placas foram incubadas em 37°C por 24 horas e então os halos de inibição foram medidos com paquímetro. A avaliação da formação do biofilme foi realizada a partir de alíquotas de 20µL de suspensões bacterianas ajustadas à escala 0,5 MacFarland em microplacas de poliestireno contendo 180µL de TSB acrescido de 1% de glicose, onde foram realizadas etapas de lavagem, fixação e coloração do biofilme com solução de safranina a 0,1%. As medidas de absorbância do conteúdo dos poços foram feitas em espectrofotômetro a 492 nm. Os valores obtidos foram analisados com base em dois parâmetros: DOf (densidade óptica final) – média dos valores dos três poços da amostra subtraída pela média dos seis valores do branco; e DOc (densidade óptica de corte) – média dos valores de DO do branco somada a três vezes o desvio padrão dos valores do branco. As amostras foram definidas como não produtoras de biofilme, produtoras fracas, moderadas ou fortes. Staphylococcus epidermidis ATCC 35984 e S. aureus ATCC 33591 foram usadas como controles positivos (produtoras de biofilme) e o meio de cultivo acrescido de glicose foi usado como branco. Já para a avaliação de interação com *C. elegans*, foram feitas culturas das bactérias em TSB sem glicose (37 °C durante 18-24 horas, que após crescimento foram transferidas para placas de NGM (Nematode Growth Medium), formando tapetes bacterianos. Após 24 horas de incubação, 20 vermes em fase larval L4 foram transferidos para placas, com auxílio de agulha microbiológica e estereoscópio. As placas de NGM foram foram incubadas a 20°C por 7 dias e a cada 24 horas foi feita a contagem dos nematódeos vivos, mortos e desaparecidos da placa. Parâmetros como o comportamento, desenvolvimento e morfologia corporal foram observados.

4. Resultados e Discussão

Os antibiogramas revelaram alto perfil de resistência antimicrobiana, com 87% das cepas tendo resistência contra algum dos antibióticos testados. 85,7% dos *S. aureus* foram identificados como resistentes, sendo 78,5% classificados como MRSA (resistentes à meticilina). *A. baumannii* demonstrou resistência a todos os medicamentos. *K. pneumoniae* teve 55,55% de resistência e todas as cepas testadas se mostraram multiplamente resistentes. A

prevalência de resistência múltipla foi de 78,8%, classificando mais de dois terços das bactérias encontradas como MDR. Os testes fenotípicos visaram detectar produção de AmpC plasmidial em *A. baumannii* e *P. aeruginosa*, B-lactamases de espectro expandido (ESBL) em *K. pneumoniae* e resistência induzível à clindamicina em *S. aureus*. 50% de *P. aeruginosa* e 66,6% de *K. pneumoniae* deram positivo. No teste de produção de biofilme em microplacas de poliestireno, apenas 4 cepas constaram como não produtoras, e cinco cepas revelaram forte produção de biofilme, com as outras estando entre fraca e média produção. Já no modelo de interação com *C. elegans*, exemplares de *P. aeruginosa* e *A. baumannii* tiveram pouco aumento no número de vermes, porém não houve alta taxa de mortalidade. Já em *K. pneumoniae*, foram detectados mais vermes mortos, apesar da alta taxa de reprodução. Tanto *Acinetobacter baumannii* quanto *Pseudomonas aeruginosa* são descritas na literatura como possivelmente tóxicas para *C. elegans*. Para *P. aeruginosa*, observa-se morte lenta por infecção e colonização do intestino, ou morte rápida devido às toxinas (Khan *et al*, 2018). Entretanto, os resultados das cepas estudadas neste projeto não causaram a morte expressiva dos animais, apesar da menor taxa de reprodução. Já a bactéria *Klebsiella pneumoniae* é descrita na literatura como passível de causar diversos danos ao nemátodo C. elegans, podendo afetar seu metabolismo e causar estresse oxidativo, por exemplo (Kamaladevi; Balamurugan, 2017).

5. Conclusão

Conclui-se que a resistência antimicrobiana é elevada em pacientes internados na UTI do hospital municipal de Nova Friburgo na janela de tempo observada. A formação de biofilme comprovada no ensaio em microplacas de poliestireno demonstra possível virulência alta nas cepas. Os testes fenotípicos se mostraram eficientes para determinar mecanismos de resistência, principalmente para detecção de ESBL em *Klebsiella pneumoniae*. O estudo *in vivo* com *C. elegans* mostrou diferença significativa nas taxas de reprodução e mortalidade, indicando que mais estudos com este modelo devem ser realizados, a fim de compreender o que gera essa diferença de resultados.

Palavras-chave: Resistência Bacteriana a Múltiplas Drogas; Fatores de Virulência; Unidade de Terapia Intensiva

6. Referências bibliográficas:

KAMALADEVI, Arumugam; BALAMURUGAN, Krishnaswamy. Global proteomics revealed Klebsiella pneumoniae induced autophagy and oxidative stress in Caenorhabditis elegans by inhibiting PI3K/AKT/mTOR pathway during infection. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, v. 7, p. 393, 2017.

KHAN, Fazlurrahman; JAIN, Saurabh; OLOKETUYI, Sandra Folarin. Bacteria and bacterial products: Foe and friends to Caenorhabditis elegans. Microbiological research, v. 215, p. 102-113, 2018.

PUZNIAK, L. et al. Epidemiology and regional variation of nonsusceptible and multidrug-resistant Pseudomonas aeruginosa isolates from intensive versus non-intensive care units across multiple centers in the United States. Diagn Microbiol Infect Dis. v. 99, n. 2. 2020. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33130502/ Acesso em: 22 mar. 2025.

LITWIN, A. et al. Characteristics of Microbial Factors of Healthcare-Associated Infections Including Multidrug-Resistant Pathogens and Antibiotic Consumption at the University Intensive Care Unit in Poland in the Years 2011-2018. Int J Environ Res Public Health. vol. 17, n. 19. Disponível em: https://encr.pw/icu-poland Acesso em: 2 fev. 2025.

P-153

Potencial de Derivados de Isoniazida no Combate à Tuberculose Resistente

Larissa de Souza Brianezi*[1], Laiz Mangini Cicchelero[2], Ingrid Beatriz Campanha[1], Lorena Moran Bombonato[3], Tamires Leite Valverde[2], Heloisa Signorini Azevedo[4], Maria Júlia Maeda[4], Ana Carolina Pizaia Machado[4], Jean Eduardo Meneguello[5], Fabio Vandresen[6], Katiany Caleffi-Ferracioli[7], Regiane Bertin de Lima Scodro[7], Rosilene Fressatti Cardoso[7]

[1]Acadêmica de Pós-Graduação (Mestrado) em Biociências e Fisiopatologia, Universidade Estadual de Maringá. Maringá/PR; [2] Acadêmica de Pós-Graduação (Doutorado) em Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Maringá; [3] Acadêmica de Pós-Graduação (Mestrado) em Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Maringá; [4] Acadêmica de Graduação, Universidade Estadual de Maringá; [5]Acadêmico de Pós-Graduação (Pós Doutorado) em Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Maringá; [6]Docente – Departamento Acadêmico de Química, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Londrina/PR; [7]Docente – Departamento de Análises Clínicas e Biomedicina, Universidade Estadual de Maringá.

*larissabrianezi@hotmail.com

Introdução: A eliminação da tuberculose (TB) como problema de saúde pública enfrenta dificuldades devido aos isolados de *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) resistentes aos antimicrobianos disponíveis, como a isoniazida (INH). Neste cenário, o estudo de derivados de INH pode apoiar alternativas terapêuticas. **Objetivos:** Determinar a atividade de moléculas derivados de INH pela concentração inibitória mínima (CIM) de cepas *Mtb* resistentes à INH e multirresistente (MDR). **Material e Métodos:** Foram testados os antimicrobianos INH e rifampicina (RIF), e 10 derivados de INH **1,3,6,8,9,10,11,12,13,16** contra a cepa de referência pansusceptível *Mtb* $H_{37}Rv$, um isolado resistente INH (4250) e um isolado MDR (73A). As cepas são da micobacterioteca do Laboratório de Bacteriologia Médica da Universidade Estadual de Maringá e os derivados de INH com colaboração da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. A CIM foi determinada utilizando o ensaio *Resazurin Microtiter Plate Assay* (REMA). **Resultados e Discussão:** A cepa *Mtb* $H_{37}Rv$ apresentou CIMs de 0,03 µg/mL para RIF e 0,06 µg/mL para INH. Entre os derivados testados, o **01** apresentou a menor CIM (0,5 µg/mL), enquanto os demais compostos apresentaram valores entre 4 e 512 µg/mL. O isolado 4250, resistente à INH devido à mutação na região *katG*, teve CIM de 0,03 µg/mL para RIF, 2 µg/mL para INH e entre os derivados variou a CIM de 2 a 1024 µg/mL. O **16** apresentou a menor CIM (2 µg/mL), sendo o mais promissor como anti-*Mtb*, seguido dos derivados **1,3,6,9** com CIM 8 µg/mL. Para o isolado 73A, as CIMs foram 16 µg/mL para RIF e 2 µg/mL para INH. O derivado **16** demonstrou atividade anti-*Mtb* com CIM de 8 µg/mL, enquanto os demais testados apresentaram CIMs mais altas, como o **10** (512 µg/mL) e **12** (1024 µg/mL). **Conclusão:** Os derivados apresentaram promissora atividade anti-*Mtb*, com destaque para **16.** Estudos adicionais com mais isolados são necessários.

Palavras-chave: tuberculose; isoniazida; resistência a múltiplos medicamentos.

ÁREA: BIOESTATÍSTICA E BIOINFORMÁTICA

P-015

Perfil Epidemiológico De Testes Para Diagnóstico Da Dengue Em Um Laboratório Particular De Médio Porte Entre Janeiro De 2018 E Janeiro De 2025 No Município De Uberaba-MG

Rodolfo Nunes de Almeida*[1], Ana Carolina Ferreira Costa[2], Cassio Murilo Damascena Ortiz [3], Fabiana Silva Lazarini [4], Fabiano Lucas Moraes de Castro[5], Gabriela Abrão Lemos Borges[6], Karla de Lima Cardoso[7], Micaela Aparecida Gonzaga de Almeida[8], Luana Beatriz Rocha[9], Andreza Leão Ramos[10]

[1]Supervisor de Área Analítica - Laboratório Unimed Uberaba; [2]Coordenadora Pré-Analítico - Laboratório Unimed Uberaba; [3]Analista de Laboratório Pleno - Laboratório Unimed Uberaba; [4]Supervisora de Área Analítica - Laboratório Unimed Uberaba; [5]Gerente - Laboratório Unimed Uberaba; [6]Supervisora de Analítica - Laboratório Unimed Uberaba; [7]Supervisora de Atendimento - Laboratório Unimed Uberaba; [8]Analista Administrativo - Laboratório Unimed Uberaba; [9]Líder da Unidade Matriz - Laboratório Unimed Uberaba; [10]Líder da Unidade Complexo Unimed Saúde - Laboratório Unimed Uberaba

*rodolfo.almeida@unimeduberaba.com.br

Introdução

Incessante arbovirose causada por um *Flavivírus*, a dengue detém quatro sorotipos identificados no Brasil: DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4, que apresentam distintos genótipos e linhagens, sendo DENV-1 o mais explosivo, causando grandes epidemias em curto prazo e alcançando milhares de pessoas rapidamente, através do seu principal vetor o mosquito *Aedes aegypti* com hábitos antropofílicos, preferencialmente diurnos e essencialmente urbanos, que se desenvolve principalmente em depósitos de água (FLORENZANO et al., 2024; GUIMARÃES et al., 2024).

A primeira epidemia clínica e laboratorialmente confirmada no Brasil ocorreu entre 1981 e 1982, em Boa Vista-RR, envolvendo os sorotipos 1 e 4. Quatro anos depois, novos surtos atingiram o Rio de Janeiro e capitais do Nordeste. Desde então, a dengue se mantém endêmica no país, com epidemias relacionadas à introdução de novos sorotipos e à expansão do vetor (DA SILVA et al., 2024; BRASIL, 2025a).

Uberaba, no Triângulo Mineiro, a 481 km de Belo Horizonte, tem 337.836 habitantes, sendo 51,9% mulheres e 48,1% homens. A faixa etária predominante está entre 35 e 44 anos (16,15%), com 2,49% acima dos 80 anos (IBGE, 2022).

Em 2024, Uberaba registrou 2.824 notificações de dengue, com predominância do sorotipo DENV-2. Em janeiro de 2025, foram notificados 24 casos, conforme dados do SINAN (BRASIL, 2025b).

Objetivos

Objetivo geral:

- Evidenciar dados atualizados sobre exames utilizados no auxílio diagnóstico da dengue no município de Uberaba-MG.

Objetivos específicos:

- Suprir a escassez de relatos recentes na literatura científica sobre o perfil epidemiológico e laboratorial da dengue em Uberaba-MG.
- Apresentar dados de exames realizados em um laboratório particular de médio porte.
- Contribuir com informações relevantes para o diagnóstico de casos de dengue em uma população atendida por uma operadora de saúde suplementar com mais de 110 mil beneficiários.

Material e Métodos

Este estudo é transversal, descritivo, analítico e retrospectivo, com abordagem quantitativa.

Os dados foram obtidos do sistema interno SHIFT® (a partir de 2024) e da ferramenta Business Intelligence – BI® (dados anteriores), abrangendo exames de dengue realizados em Uberaba-MG entre janeiro de 2018 e janeiro de 2025, com informações sobre sexo e idade. Dados pessoais e sensíveis, como nome, CPF e outros identificadores, foram excluídos para garantir a confidencialidade.

As proporções de testes de Dengue Antígeno NS1, Teste Rápido IgM e Sorologia IgM foram estratificadas anualmente com auxílio do Microsoft Excel®, considerando número total de exames, sexo e faixa etária.

Para 2024 e 2025, foram analisados os dados de janeiro, visando comparar a positividade dos testes com o total realizado no mês, destacando o aumento típico de casos no período, quando há maior circulação viral e transmissibilidade.

Resultados e Discussão

Os dados laboratoriais anteriores a maio de 2023 foram extraídos da ferramenta Business Intelligence – BI®, que não permitia distinguir entre testes positivos e negativos. Com a adoção do sistema SHIFT® em maio de 2023, passou a ser possível emitir relatórios personalizados com estratificação das positividades.

Ano/ Mês	Total de Testes	NS1 (Total)	Sorologia IgM	teste Rápido IgM	% Masculino	% Feminino	Faixa Etária (30-49 anos)	Casos Notificados	Sorotipo Predominante
2018	325	266	52	7	43,3%	56,7%	25%	232	DENV-2
2019	4.126	3.473	607	46	43,5%	56,5%	24%	742	DENV-2
2020	1.416	963	435	18	43,5%	56,5%	29%	271	DENV-2
2021	1.336	968	361	7	45,2%	54,8%	30%	Sem dados de notificação	Sem dados de notificação
2022	4.829	4.165	632	32	42,9%	57,1%	28%	Sem dados de notificação	Sem dados de notificação
2023	11.512	10.151	1.231	130	42,5%	57,5%	26%	3.144	DENV-1
2024 (Ano)	10.358	8.948	1.231	179	41,0%	59,0%	27%	2.824	DENV-2
2024 (Jan)	419	406 (32+/374–)	1 (0+/1–)	12 (2+/10–)	42,0%	58,0%	27%	8	DENV-2
2025 (Jan)	1.022	960 (266+/694–)	68 (12+/40–)	10 (3+/7–)	42,0%	58,0%	40%	24	DENV-2

Comparando 2018 a 2024, observou-se um aumento de 3.087,08% na testagem, com predominância do sexo feminino e da faixa etária de 30 - 49 anos. O pico ocorreu em 2023 e 2024, com destaque para os testes de antígeno NS1. Os anos com maior número de casos notificados foram 2019 (742), 2023 (3.144) e 2024 (2.824). Em 2018–2019, também houve significativa participação de idosos. O sorotipo DENV-2 predominou, exceto em 2023 (DENV-1).

Em janeiro de 2025, os testes aumentaram 143,9% em relação a janeiro de 2024. Os testes NS1 cresceram 136,7%, e os positivos saltaram de 32 para 266 (+731,3%). A sorologia IgM passou de 1 teste negativo para 68 testes, sendo 12 positivos. Os testes rápidos reduziram-se levemente (-16,7%), com aumento nos positivos (+50%) e queda nos negativos (-30%). A representatividade da faixa 30–49 anos subiu de 27% para 40%. Os casos notificados triplicaram, e o DENV-2 manteve-se predominante.

Guimarães et al. (2024) apontam o DENV-1 como o sorotipo mais isolado em Goiás entre 2014 e 2024, seguido do DENV-2, com maior incidência no sexo feminino, sem detalhamento etário.

Florenzano et al. (2024) evidenciaram que a região Sudeste teve o maior número de casos nos primeiros trimestres de 2023 e 2024, com maior frequência no sexo feminino (54,5% em 2023 e 55,2% em 2024) e predominância da faixa etária de 20–39 anos (35,6% em 2023; 34,7% em 2024). O DENV-1 foi o sorotipo mais isolado em 2023 (91,8%), mas em 2024, o DENV-2 teve crescimento (32,1%), com aumento de 3,43 vezes nos casos positivos em relação a 2023.

Essas mudanças de sorotipo coincidem com o que aponta o Ministério da Saúde (BRASIL, 2025a): epidemias ocorrem com a introdução ou mudança do sorotipo em circulação. Picos em anos como 2019 e 2023 têm sido atribuídos a condições climáticas e alterações sorotípicas (PEREIRA et al., 2024).

Além disso, variáveis climáticas, especialmente temperatura, impactam diretamente o vetor e a replicação viral (GOMES et al., 2024), o que corrobora as oscilações anuais observadas nos dados laboratoriais.

Conclusões

A comparação entre os dados laboratoriais de 2018 a 2024 e a literatura científica sobre a dengue no Triângulo Mineiro e em Minas Gerais revela uma tendência comum de aumento nos testes diagnósticos e casos notificados, condizentes com os boletins epidemiológicos da região.

Os dados demostram predominância do sexo feminino e da faixa etária de 30 a 49 anos, padrão também descrito na literatura.

O sorotipo DENV-2 foi predominante na maioria dos anos, exceto em 2023, quando houve prevalência do DENV-1. A literatura científica destaca que a circulação dos diferentes sorotipos pode variar significativamente entre as regiões e ao longo do tempo, influenciando a gravidade e a extensão dos surtos.

Foram identificadas inconsistências entre os dados laboratoriais e os registros do SINAN, como ausência de notificações ou número de testes positivos superior aos casos oficialmente notificados, sugerindo falhas na notificação compulsória em Uberaba-MG. Isso reforça a necessidade de integração entre dados laboratoriais e sistemas oficiais para melhor monitoramento e controle da doença.

Palavras-chave: Dengue, Epidemiologia, Uberaba, Triângulo Mineiro

Referências

BRASIL, Ministério da Saúde. **Dengue**. 2025a. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/dengue. Acesso em: 3 fev. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Sistema de Informação de Agravos de Notificação – SINAN**. 2025b. Disponível em: https://portalsinan.saude.gov.br/dados-epidemiologicos-SINAN. Acesso em: 4 fev. 2025.

DA SILVA, Júlia Coelho et al. Casos de dengue no Brasil: Evolução dos casos notificados nos últimos 10 anos. **Research, Society and Development**, v. 13, n. 8, p. e10713846640-e10713846640, 2024.

FLORENZANO, Beatriz Moraes et al. Análise comparativa do perfil epidemiológico dos casos de dengue no Brasil durante o primeiro trimestre dos anos de 2023 e 2024: um estudo ecológico. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, v. 6, n. 8, p. 1459-1470, 2024.

GUIMARÃES, Eduarda Gabrielly Santana et al. O perfil epidemiológico de Dengue em Goiás, Brasil, entre 2014 e 2024. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, v. 6, n. 3, p. 1475-1486, 2024.

IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA –. **Censo demográfico 2022: resultados**. Rio de Janeiro: IBGE, 2022. Disponível em: https://www.ibge.gov.br. Acesso em: 4 fev. 2025.

PEREIRA, C. F. et al. Perfil epidemiológico da dengue em Minas Gerais entre os anos de 2014 e 2023 na perspectiva do SUS. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 1, 2024.

GOMES, J. P. M. et al. Relação entre temperatura do ar e incidência de dengue: estudo de séries temporais em Minas Gerais, Brasil (2010-2019). **Cadernos de Saúde Pública**, v. 40, n. 3, e00076723, 2024.

P-059

Aplicativo "Previna Diabetes": uma Ferramenta Digital para Organização de Dados do Rastreamento do Risco para Diabetes Tipo 2 com Questionário FINDRISC

Waldemar Volanski[1], Liana Signorini[1], Ademir Luiz do Prado[2], Glaucio Valdameri[3], Vivian Rotuno Moure Valdameri[3], Marciane Welter[3], Mauren Isfer Anghebem[4], Marcel Henrique Marcondes Sari[3], Geraldo Picheth[3], Fabiane Gomes de Moraes Rego[3]

[1]PG Ciências Farmacêuticas UFPR, Lab. Prefeitura Municipal de Curitiba; [2]PG Ciências Farmacêuticas UFPR, Instituto Federal do Paraná; [3]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [4]Dep. Análises Clínicas UFPR / Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: O *Diabetes mellitus* tipo 2 (DM2) acomete cerca de 11% da população brasileira e se constitui em um problema crescente de Saúde Pública. Estratificar o risco para DM2 é importante para o paciente e estudos epidemiológicos. O questionário validado "*Finnish Diabetes Risk Score*" ou FINDRISC aplica perguntas simples e classifica o risco para DM2 em 10 anos (https://diabetes.org.br/calculadoras/findrisc/), é amplamente utilizado. As calculadoras para FINDRISC não permitem compilar os dados de diferentes indivíduos, processo relevante para pesquisa acadêmica epidemiológica. **Objetivo:** Desenvolver aplicativo para estratificar o risco para DM2 com base no questionário FINDRISC, simples, intuitivo e gratuito que permita arquivamento dos dados em planilha. **Materiais e Método**s: O projeto tem aprovação do Comitê de Ética (CAAE: 39460414.0.0000.0102). Aplicando as ferramentas HTML, CSS (com o framework Bulma) e JavaScript foi implementado digitalmente o questionário FINDRISC. A ferramenta utiliza os dados: idade, peso, altura, circunferência abdominal, histórico familiar e clínico de diabetes, uso de medicamentos para pressão alta, alimentação e prática de atividade física. A pontuação estabelecida no questionário classifica o risco, em muito baixo (< 7), baixo (7?12), moderado (12?14), alto (15?20) e muito alto (>20). Os dados inseridos são enviados e armazenados via Google Apps Script, em planilha eletrônica, permitindo análises epidemiológicas futuras sobre fatores de risco e incidência de DM2. A versão Android foi criada com WebView, encapsulando a aplicação web em um contêiner móvel, facilitando seu uso em dispositivos móveis. **Resultados e discussão**: O aplicativo (app) foi designado "Previna Diabetes" e está disponível como app web e para Android (https://previnadiabetes.netlify.app/) de forma gratuita. O app visa promover a conscientização, estimular a adoção de medidas preventivas e fornecer dados para pesquisas científicas. **Conclusão**: O aplicativo "Previna Diabetes" versão 1.0 oferece uma interface intuitiva, acesso facilitado, resultados imediatos e compilação de dados em planilha permitindo análises estatísticas.

Palavras-chave: Software, Rastreamento, Diabetes tipo 2

ÁREA: BIOQUÍMICA CLÍNICA

P-016

Prevalência do Diabetes Mellitus Gestacional na População Atendida pelo Sistema Único de Saúde em Curitiba (2014-2023) Utilizando Dados Laboratoriais

Waldemar Volanski[1,2], Liana Signorini[1,2], Ademir Luiz do Prado[1,3], Glaucio Valdameri[1], Vivian Rotuno Moure Valdameri[1], Rosângela Roginski Réa[4], Mauren Isfer Anghebem[5,6], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Lab. Prefeitura Municipal de Curitiba; [3]Instituto Federal do Paraná; [4]Unidade de Diabetes - Serviço de Endocrinologia e Metabologia do HC-UFPR; [5]Dep. Análises Clínicas UFPR; [6]Escola Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: O Diabetes mellitus Gestacional (DMG) é uma condição em que há elevação da glicemia que inicia ou é diagnosticada durante a gravidez, inferior à hiperglicemia que caracteriza o diabetes manifesto. Globalmente, a Federação Internacional de Diabetes (IDF, 2025) estima que cerca de 16% dos nascidos vivos provenham de gestações afetadas por hiperglicemia. O DMG acarreta riscos para mãe e feto, como pré-eclâmpsia e macrossomia fetal. Fatores como idade materna avançada, sobrepeso/obesidade e histórico familiar contribuem para o risco. O estudo HAPO demonstrou a associação contínua entre glicemia materna e desfechos adversos, fundamentando critérios diagnósticos mais sensíveis (IADPSG/OMS). **Objetivo:** Estimar a prevalência do DMG utilizando dados laboratoriais e critérios da *International Association of the Diabetes and Pregnancy Study Groups* (IADPSG). **Materiais e Métodos:** O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética (CAAE: 39460414.0.0000.0102). Foram analisados registros laboratoriais não-identificados (n= 99.694) do Laboratório Municipal de Curitiba no período de 2014 a 2023, entidade terciária que atende o Sistema Único de Saúde (SUS) na cidade de Curitiba – Paraná, Sul do Brasil. Os dados foram processados utilizando Python e Pandas. O critério para DMG (IAPDSG) foi TOTG com 75-g sendo as glicemias (mg/dL) jejum ≥ 92 e <126; 1-h ≥ 180; ou 2-h ≥ 153 e <200 (SBD, 2024). As gestantes em estudo estavam no período de 24 a 28 semanas de gestação. **Resultados:** Um total de 10.845 casos de GDM foram identificados com prevalência estimada de 10,9 % (95%IC 10,7?11,1%). A idade (anos; média±desvio padrão) das gestantes com DMG foi 32,1±6,5 vs 30,9±6,2 de normoglicêmicas (p<0,001, teste t-Student, two-sided). Em meta-análise a frequência combinada de DMG no Brasil foi 14%, mostrando variações regionais e de critérios para diagnóstico do DMG. **Conclusão:** A frequência observada para DMG foi 10,9% para uma população de Curitiba-PR com predomínio de Euro-brasileiras (78,9%) e Afro-brasileiras (18,9%).

Palavras-chave: Diabetes gestacional, Frequência, Sul do Brasil

P-017

Aplicando a Hemoglobina Glicada (HbA1c) para Monitorar o Controle Glicêmico Inadequado no Sistema Único de Saúde Utilizando Somas Cumulativas (CuSum) e Gráficos de Shewhart

Liana Signorini[1,2], Geraldo Picheth[1], Mauren Isfer Anghebem[3,5], Ademir Luiz do Prado[1,4], Marina Cavalin[1], Glaucio Valdameri[1], Vivian Rotuno Moure Valdameri[1], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Waldemar Volanski[1,2], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Lab. Prefeitura Municipal de Curitiba; [3]Dep. Análises Clínicas UFPR; [5]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR; [4]Instituto Federal do Paraná

Introdução: O Brasil ocupa a sexta posição em prevalência do *Diabetes mellitus* (DM) com estimativa de 16,6 milhões de afetados em 2024. A hiperglicemia crônica no DM está associada a múltiplas complicações e a concentração da hemoglobina glicada (HbA1c) é um biomarcador do controle glicêmico. Identificar a evolução do número de indivíduos com controle glicêmico inadequado é relevante para o Sistema Único de Saúde (SUS) estabelecer políticas públicas e dar suporte com base em evidência para intervenções neste processo patológico, otimizando recursos como aquisição de insumos, medicamentos, equipamentos e testes laboratoriais. **Objetivo:** Aplicar estatística da soma cumulativa (CUSUM) e gráficos de Shewhart (média±desvio padrão) para identificar a evolução do número de indivíduos que convivem com diabetes que apresentam controle glicêmico inadequado. **Materiais e Métodos:** O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CAAE 68027317.7.0000.0102). Um total de registros laboratoriais, não-identificados, de 122.852 indivíduos atendidos pelo Laboratório Municipal de Curitiba – PR (SUS) foram obtidos com resultados da HbA1c (quantificada por HPLC, Variant II Turbo BioRad Laboratories) entre janeiro de 2016 e dezembro de 2019. O controle glicêmico inadequado foi definido como HbA1c >8,0% (>64 mmol/mol). **Resultados e Discussão:** As frequências anuais para HbA1c >8,0% foram 2016 (19,5%), 2017 (18,8%), 2018 (17,0%) e 2019 (17,4%). A média para o período foi 18,2 ± 1,2% (CV=6,4%). Aplicando a soma cumulativa (CUSUM) foi observado um incremento linear no período (2016-2019): 19,5%; 38,3%; 55,3% e 72,7%. Identificado o incremento ano a ano estável, aplicamos a média±2desvios padrões (Shewhart) como limites para identificar variações com probabilidade de 95% de confiança. **Conclusão:** Aplicando CUSUM e Shewhart na frequência de indivíduos com controle glicêmico inadequado (HbA1c >8,0%) propomos que frequências anuais de HbA1c menores que 15,8% e superiores a 20,5% são indicadores, respectivamente, de melhora e piora no número de indivíduos com controle glicêmico inadequado.

Palavras-chave: Gestão do diabetes, Controle glicêmico, Hemoglobina glicada

P-018

A Proteína C Reativa de Alta Sensibilidade (PCR-as) na COVID-19

Ademir Luiz do Prado[1,2], Waldemar Volanski[1,3], Liana Signorini[1,3], Roberto Surek Gonçalves da Silva[1], Glaucio Valdameri[1], Vivian Rotuno Moure Valdameri[1], Mauren Isfer Anghebem[4,5], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Instituto Federal do Paraná; [3]Lab. Prefeitura Municipal de Curitiba; [4]Dep. Análises Clínicas UFPR; [5]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: A pandemia de COVID-19 tem como agente o vírus SARS-CoV-2 e afetou mais de 39 milhões de brasileiros, com número de mortes superior a 700 mil em dados atuais. A ação viral produz, no hospedeiro, por diferentes mecanismos, uma produção exacerbada de citocinas e mediadores químicos. De síntese hepática, a proteína C reativa (PCR) é um marcador de fase aguda inespecífico, disponível no laboratório clínico de longa data. **Objetivo:** Avaliar a capacidade discriminante da PCR de alta-sensibilidade (PCR-as) em pacientes com COVID-19 atendidos em unidade hospitalar, em estudo caso-controle, durante o processo pandêmico. **Materiais e Métodos:** O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CAAE: 43948621.7.3001.0096). A COVID-19 foi caracterizada com testes imunológicos rápidos em pacientes atendidos no Hospital de Clínicas da UFPR, Curitiba-PR, Brasil. Dois grupos foram caracterizados: COVID negativo (controles, n=40.885) e COVID positivo (n=15.694). A PCR-as foi quantificada por método automatizado turbidimétrico no equipamento Alinity - Abbott. As comparações entre os grupos foram realizadas pelo teste t-Student (two-tailed) e curva ROC (*Receiver Operating Characteristic*). **Resultados e Discussão:** As

concentrações de PCR-as no grupo controle (49,1% de homens com idade média de 52 (30-65) anos) comparada com o grupo COVID positivo (55,4% de homens com idade média de 56 (39-67) anos) foram respectivamente (mediana; intervalo interquartil), 3,7 (0,9-10,3) mg/L vs. 5,2 (1,5-12,3); P<0,001. Aplicando a curva ROC para discriminação da COVID-19 com a PCR-as, foi estabelecido o critério de corte de >8,46 mg/dL, com sensibilidade de 48,5% e especificidade de 78,1%, com área sobre a curva (AUC)= 0,665, P<0,001. A AUC observada sugere uma discriminação considerada pobre (critério AUC entre 0,6 – 0,7). **Conclusão:** A PCR-as isoladamente não permitiu diferenciar pacientes com COVID-19 em atendimento hospitalar. Na COVID-19, a PCR-as deve ser interpretada no contexto do histórico clínico do paciente, associada a outros biomarcadores.

Palavras-chave: Proteína de fase aguda, Marcadores inflamatórios, COVID-19

P-019

O Índice de Massa Corpórea (IMC) como Auxiliar na Discriminação de Risco para o *Diabetes mellitus* Gestacional em uma População Brasileira

Yusra Al-Lahham[1], Adriana Telegisnki[1], Waldemar Volanski[1,2], Suzana Nesi França[3], Bruno Quintanilha Faria[1], Marciane Weter[1], Mauren Isfer Anghebem[4,5], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Lab. Prefeitura Municipal de Curitiba; [3]Unid. Endocrinologia Pediátrica, Departamento de Pediatria, HC-UFPR; [4]Dep. Análises Clínicas UFPR; [5]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: O Diabetes mellitus gestacional (DMG) é a complicação de maior frequência na gravidez afetando cerca de 16% das gestações no mundo. O DMG aumenta o risco de comorbidades para a gestante e o feto. Entre os diferentes fatores que aumentam o risco para DMG está o incremento ponderal. O Índice de Massa Corporal (IMC), razão entre o peso (quilogramas) e a altura (metros) ao quadrado (kg/m^2), é um parâmetro que discrimina diferentes relações associadas ao peso, especialmente a obesidade. **Objetivo:** Determinar a magnitude da contribuição do IMC no risco para DMG. **Materiais e Métodos:** Projeto aprovado pelo Comitê de Ética (CAAE:68027317.7.0000.0102). Gestantes, 18 a 44 anos, 24-28 semanas de gestação, atendidas no Hospital de Clínicas da Universidade Federal do Paraná, foram classificadas em grupo DMG (n=199) com critérios da SBD (2024) e comparadas com gestantes sem DMG (grupo controle; n= 404). Foram coletados dados antropométricos e laboratoriais (automação LabMax 400; Labtest SA). As comparações foram realizadas pelo teste t-Student independente (two-sided), correlação de Pearson; curvas ROC e odds ratio (OR). Um valor de p<0,05 foi considerado significativo. **Resultados e Discussão:** Os dois grupos apresentaram correlação fraca e positiva (p<0,001) com a glicemia de jejum (r=0,38) e com a idade (r=0,19). Gestantes com DMG apresentaram IMC (kg/m^2; média±desvio padrão) 31,3±5,2 significativamente maior (p<0,001) comparado ao controle, 27,7±5,1. A curva ROC, utilizando o IMC como marcador, discriminou o DMG com uma sensibilidade de 65,8% e especificidade de 67,8% para um valor de corte >29,0 kg/m^2; e área sob a curva (AUC) de 0,708 (critério moderado: 0,7-0,8), com p<0,001. A razão de chance (OR) considerando IMC >29,0 kg/m^2 foi 3,93 (95%IC, 2,74?5,62). **Conclusão:** Gestantes com IMC > 29 kg/m^2 apresentam sensibilidade e especificidade de cerca de 65% para DMG e uma chance próxima a 4 vezes maior para apresentarem este processo patológico.

Palavras-chave: Diabetes gestacional, Fatores de risco, IMC

P-021

Perfil De Troponina I Acima Do Ponto De Corte Para Infarto Agudo Do Miocárdio Em Um Laboratório De Análises Clínicas De Teresina – PI

Adriana de Oliveira Silva Viana[1]*, Sylvio José Colonna Romano[1], Carlos David Valentim[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] Laboratório Bioanálise (Grupo Sabin), Teresina; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

* adriana.viana@sabin.com.br

Introdução

O infarto agudo do miocárdio (IAM) continua sendo uma das principais causas de morbimortalidade global, demandando uma abordagem clínica ágil e precisa. Nesse contexto, a utilização de biomarcadores cardíacos consolidou-se como uma ferramenta essencial, com destaque para a troponina, reconhecida por sua elevada sensibilidade e especificidade na detecção de lesão miocárdica[1].

As troponinas são componentes fundamentais do complexo regulador da contração muscular nos músculos estriados e cardíacos. Elas são compostas por três proteínas: Troponina T (cTnT), Troponina I (cTnI) e Troponina C, que estão presentes tanto no músculo esquelético quanto no cardíaco, sendo codificadas por genes distintos [2] .

As isoformas mais relevantes para o diagnóstico do IAM são a Troponina T (cTnT) e a Troponina I (cTnI). De acordo com Motta, 2009[3], esses marcadores são considerados precoces para o diagnóstico e permanecem elevados por um período prolongado, podendo ser detectados após 24 horas do início dos sintomas.

De acordo com o Painel de Monitoramento da Mortalidade CID-10 do Ministério da Saúde[4], a taxa de mortalidade por infarto agudo do miocárdio no estado do Piauí apresentou uma redução de 27,33%, saindo de 1.866 óbitos em 2022 para 1.356 em 2024, o maior percentual de queda entre as unidades da federação.

Diante deste contexto, a avaliação do perfil de troponina I com resultados acima do ponto de corte para IAM contribui para o entendimento epidemiológico local e para o direcionamento de estratégias de prevenção e tratamento.

Objetivos

Avaliar o perfil dos resultados de Troponina I acima do ponto de corte, a partir de 0,12 ng/mL, em um laboratório privado de Teresina-PI.

Material e Métodos

Trata-se de um estudo transversal, baseado na análise dos resultados do exame Troponina I, coletados entre os meses de Setembro de 2024 a março de 2025, em um laboratório privado de Teresina-PI. Foram incluídos nesse estudo resultados de troponina I de pacientes de ambos os sexos e de todas as faixas etárias, que apresentavam suspeita clínica de infarto agudo do miocárdio.

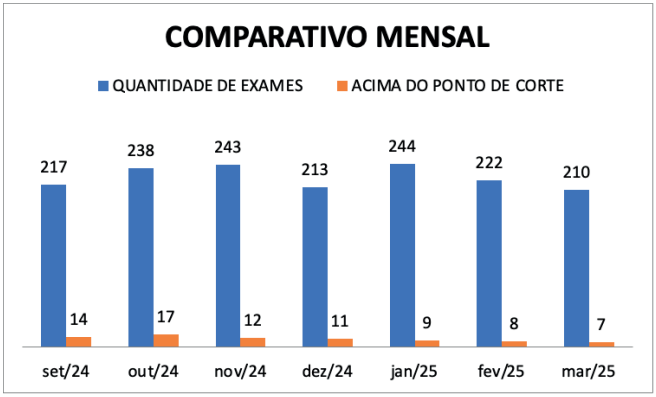
Os dados da quantidade total de exames realizados e dos resultados sugestivos de infarto no período foram obtidos por meio do sistema de informação laboratorial, com dispensa de tramitação no sistema CEP. Os valores de referência utilizados seguiram o padrão estabelecido pelo kit utilizado no laboratório, ponto de corte para diagnóstico de IAM de 0,12 ng/mL, com sensibilidade de 95% e especificidade de 93%. As informações foram tabuladas no software Microsoft Excel e o critério de exclusão desse estudo foi às duplicidades de cadastro.

Resultados e Discussão

A dosagem da Troponina I tem se consolidado como o principal marcador laboratorial na detecção de lesão miocárdica. Segundo Miranda e Lima 2014[6], as troponinas são consideradas o padrão-ouro para o diagnóstico do infarto agudo do miocárdio (IAM), pois são capazes de se elevar mesmo em infartos de pequena extensão, ainda que não haja aumento concomitante da CK-MB. Os autores destacam, ainda, que a troponina miocárdica pode apresentar elevação em outras condições clínicas, como miosites, miocardites, embolia pulmonar, trauma cardíaco e insuficiência renal.

Após o levantamento da quantidade de exames realizados durante o período avaliado (figura 01), foi identificado que das 1587 análises de troponina realizadas, 78 apresentaram resultados acima do ponto de corte de 0,12 ng/mL, representando 4,91% do total. Esse percentual reforça o papel da troponina como marcador precoce de injúria cardíaca, especialmente em contextos de atendimento emergencial. A maior concentração de resultados alterados foi observada no mês de outubro, o que pode estar relacionado ao aumento na demanda por atendimentos cardiológicos ou a fatores sazonais, como temperaturas elevadas nessa época do ano.

Figura 1. Quantidade de Troponina I realizada no período



Segundo os autores Bringel, 2013[7], Henriques et al., 2006[8] e Martins, 2009[9], as troponinas são proteínas reguladoras localizadas nos filamentos finos dos músculos cardíaco e esquelético, e atuam no controle da interação dependente de cálcio (Ca^{2+}) entre a actina e a miosina — processo essencial para a contração e o relaxamento muscular. Para exercer essa função, a troponina forma um complexo composto por três subunidades polipeptídicas: Troponina C (TnC), Troponina T (cTnT) e Troponina I (cTnI), que se ligam, respectivamente, ao cálcio, à tropomiosina e à actina.

As Troponinas T (TnT) e I (TnI) são os biomarcadores mais específicos para o infarto agudo do miocárdio (IAM), ao contrário da Troponina C (TnC), que possui isoformas presentes no músculo esquelético e, por isso, não apresenta valor diagnóstico para lesões miocárdicas[10]. A elevação de TnT e TnI ocorre entre 4 e 8 horas após o início dos sintomas, atingindo o pico entre 36 e 72 horas. Os níveis permanecem elevados por um período de 4 a 7 dias no caso da TnI, e de 10 a 14 dias para a TnT [11].

De acordo com as recomendações da *International Federation of Clinical Chemistry* e da *National Academy of Clinical Biochemistry*, considera-se troponina elevada quando os valores estão acima do percentil 99 em uma população de referência saudável, com coeficiente de variação (CV) intraensaio inferior a 10%[12]. Assim, para que a troponina seja utilizada de forma eficaz no diagnóstico de infarto agudo do miocárdio (IAM), é necessário observar uma elevação e/ou queda significativa nos níveis do biomarcador, com pelo menos um valor acima do percentil 99, considerando as características da população de referência, como sexo, etnia e outros fatores individuais[13].

Conclusão

O presente estudo reforça a importância da Troponina I como biomarcador laboratorial essencial na detecção precoce de lesão miocárdica, especialmente em contextos de emergência. Esses dados corroboram a literatura vigente, que destaca a Troponina como padrão-ouro para o diagnóstico do infarto agudo do miocárdio, desde que interpretada em conjunto com achados clínicos e eletrocardiográficos. Assim, o uso criterioso e contextualizado desse biomarcador contribui significativamente para decisões clínicas mais assertivas e intervenções oportunas.

Palavras-chave: Troponina I, Infarto agudo do miocárdio, Biomarcador.

Referências

1. Reichlin T, Hochholzer W, Bassetti S. Diagnóstico precoce de infarto do miocárdio com ensaios sensíveis de troponina cardíaca. N Engl J Med. 2009;361(9):858-867.

2. Janaina MCS, Francisca LACL, Lara MMG, Lia SBR, Nayra FSS, Nelson ABR, Wanderson GP. Troponina elevada e a relação com lesões cardiovasculares. Research, Society and Development, v. 12, n. 7, e3912742373, 2023.

3. Motta, V. T. (2009). Bioquímica clínica para o laboratório – princípios e interpretações. (5a ed.), MedBook.

4. BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Painel de monitoramento de mortalidade – CID-10. Brasília: Ministério da Saúde, [2025]. Disponível em: https://svs.aids.gov.br/daent/centrais-de conteudos/paineis-de-monitoramento/mortalidade/cid10/. Acesso em: 4 maio 2025.

5. Torres DR, Cardoso GCP, De Abreu DMF, Soranz DR, De Oliveira EA. Aplicabilidade e potencialidades no uso de ferramentas de Business Intelligence na Atenção Primária em Saúde. Ciênc. saúde coletiva [periódico na internet] (2021/Mar).https://doi.org/10.1590/1413-81232021266.0379202.

6. Miranda MR, Lima LM. Marcadores bioquímicos do infarto agudo do miocárdio. Revista médica de Minas Gerais. 2014; 24(1): 95-102.

7. Bringel, ML. O laboratório no diagnóstico do infarto agudo do miocárdio. 2013. 54 f. Monografia (Farmácia). Universidade Católica de Brasília, Brasília, 2013.

8. MARTINS, C. S. Troponina: Estrutura, Fisiopatologia e Importância Clínica para Além da Isquemia Miocárdica. Arq. Med. Porto, v. 23, n. 6, p. 221-240, nov. 2009.

9. Henriques S, Manuela L, Herberto J, Jorge NA. Biomarcadores cardíacos nas síndromes coronárias agudas. Sociedade portuguesa de medicina interna. 2006; 13 (2).

10. Nicolau JC, Timerman A, Marin-Neto JA, Piegas LS, Barbosa CJDG, Franci A, et al. Diretrizes da Sociedade Brasileira de Cardiologia sobre Angina Instável e Infarto Agudo do Miocárdio sem Supradesnível do Segmento ST (II Edição, 2007). Arq Bras Cardiol. 2007;89(2):e89–e131.

11. Pesaro, AEP; Serrano J, Carlos V; Nicolau JC. Infarto agudo do miocárdio - síndrome coronariana aguda com supradesnível do segmento ST. Rev. Assoc. Med. Bras.2004 50 (2).

12. Agirbasli M. Universal Definition of MI: Above 99 Percentile of Upper Reference Limit (URL) for hs-cTn: Yes, but Which URL? Am J Emerg Med. 2019;37(3):510. doi: 10.1016/j.ajem.2018.12.052.

13. Sandoval Y, Apple FS. The Global Need to Define Normality: The 99th Percentile Value of Cardiac Troponin. Clin Chem. 2014;60(3):455-62. doi: 10.1373/clinchem.2013.211706.

P-028

Impactos na Gestante ao Receber o Diagnóstico de Diabetes Mellitus Gestacional

Adriana Teleginski[1], Yusra Al-Lahham[1], Waldemar Volanski[1,2], Rosângela Roginski Réa[3], Inajara Rotta[1], Solena Ziemer Kusma Fidalski[4], Mauren Isfer Anghebem[5,6], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Lab. Prefeitura Municipal de Curitiba; [3]Unid. Diabetes do Serv. Endocrinol. e Metabologia do Hospital de Clínicas UFPR; [4]PG em Saúde Coletiva; [5]Dep. Análises Clínicas UFPR; [6]Escola Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: A gravidez é um período de profundas alterações físicas, hormonais e emocionais na gestante. O *Diabetes mellitus* gestacional (DMG) é a complicação mais frequente da gestação e amplia os riscos de complicações para a gestante e seu feto. As orientações transmitidas por profissionais da saúde para a gestante que convivem com DMG devem considerar, além das informações com base em protocolos científicos, o momento emocional da gestante, buscando minimizar as emoções negativas esperadas. Conhecer e hierarquizar os sentimentos das gestantes no momento do diagnóstico de DMG tem potencial para endereçar este tópico de forma objetiva, efetiva e humanizada. **Objetivo**: Capturar através de questionário a percepção dos sentimentos em gestantes que receberam o diagnóstico de DMG. **Materiais e Métodos**: Estudo observacional-transversal, envolvendo gestantes (n=76) com idade média 31,8±5,6 anos no período entre 24 e 28 semanas de gestação com DMG em curso, atendidas pelo Hospital de Clínicas da UFPR entre setembro de 2019 e fevereiro de 2020 (CAAE 17512719.1.0000.0096). Para o questionário, duas questões descritivas foram aplicadas: Q1. Como você descreve seu sentimento após receber o diagnóstico de DMG? ; Q2. Quais os medos que você teve após receber o diagnóstico de DMG? Os resultados em texto foram capturados e expressos como "Nuvem de Palavras" (TagCrow, https://tagcrowd.com/), ferramenta que apresenta os termos hierarquizadas por maior frequência. **Resultados**: Entre as respostas, "medo" (40%), "tristeza" (19%), "preocupação" (16%) e "bebê" (16%) foram as palavras de maior frequência, também sendo mencionado "depressão", "ansiedade", "desespero", "péssima" e "assustada". **Conclusão**: Os sentimentos das gestantes face ao diagnóstico de DMG destacam medo, tristeza e preocupação. Estas questões devem ser consideradas pelo laboratório de análises clínicas na elaboração de estratégias e abordagens direcionadas para este grupo particular de pacientes visando minimizar as percepções negativas ao diagnóstico e buscando dar esclarecimento quanto as medidas de cuidado e controle.

Palavras-chave: Diabetes gestacional, Percepções, Orientação laboratorial

P-041

Associação do Polimorfismo rs2071559 do Gene do Receptor 2 do Fator de Crescimento Endotelial Vascular (*VEGFR2)* com o Diabetes Mellitus Tipo 2 em Mulheres Sul-Brasileiras

Christiane Mayrhofer Grocoske de Lima[1], Mateus Santana Lopes[1], Marcelo Pereira da Silva Filho[1,2], Patricia Sthefani Calixto[1], Nathalia Marçallo Peixoto Souza[1], Paula Rothbarth Silva[1], Mauren Isfer Anghebem[3,4], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Lab Prefeitura Municipal de Curitiba; [3]Dep. Análises Clínicas UFPR; [4]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: O *Diabetes mellitus* tipo 2 (DM2) é uma doença crônica e multifatorial, caracterizada por resistência à insulina e hiperglicemia, cujos mecanismos fisiopatológicos envolvem uma complexa interação entre fatores genéticos e ambientais. Estima-se que 589 milhões de adultos no mundo convivem com o diabetes, sendo aproximadamente 90% dos casos classificados como DM2. O gene *VEGFR2* (OMIM: 191306) codifica um receptor essencial para a angiogênese e a regulação da função vascular, processos frequentemente alterados em indivíduos com DM2. O polimorfismo rs2071559 (-604T>C), localizado na região promotora do *VEGFR2*, pode modular sua expressão gênica, resultando em alterações na angiogênese e na resposta inflamatória, fatores essenciais no desenvolvimento e progressão de complicações no DM2. **Objetivos:** Investigar a associação do polimorfismo rs2071559 do gene *VEGFR2* com o DM2. **Materiais e Métodos:** Estudo caso-controle aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CAAE 01038112.0.0000.0102). A amostra foi composta por 201 mulheres adultas, sendo 112 normoglicêmicas (controles) e 89 casos com DM2. A idade mediana (IQR) foi 49 (45-56) anos. A genotipagem do rs2071559 foi realizada pela técnica PCR-RFLP utilizando a enzima de restrição *Mva1269*. **Resultados e discussão:** Os grupos foram pareados por idade e ambos estavam em equilíbrio de Hardy-Weinberg. As frequências genotípicas e alélicas não diferiram entre os grupos (p>0,05). O alelo-C, de menor frequência, apresentou 36,6% (IC 95%; 30-43) para o grupo controle e 39,9% (IC 95%; 33-47) para o DM2. As frequências observadas para o alelo-C foram semelhantes as descritas para populações do leste-asiático (35%) e americana (36%), e inferiores aos de populações europeias (49%), sul-asiáticas (55%) e africanas (67%). **Conclusão:** O polimorfismo rs2071559 do gene *VEGFR2* não foi associado ao DM2 na população estudada, composta primariamente por Euro-brasileiros (76%) e afro-brasileiros (22%), em Curitiba-PR, Sul do Brasil.

Palavras-chave: SNPs, Hiperglicemia, Receptor 2 do fator de crescimento endotelial vascular

P-042

Associação do Polimorfismo rs11594656 do Gene do Receptor da Interleucina-2 (*IL2RA)* em Crianças que Convivem com o *Diabetes Mellitus* tipo 1

Marciane Welter[1], Natália Betinardi[1], Giovanna Balsanelli Hidalgo[1], Julia Budag[1], Glaucio Valdameri[1], Vivian Rotuno Moure Valdameri[1], Mauren Isfer Anghebem[2,3], Geraldo Picheth[1], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Dep. Análises Clínicas UFPR; [3]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: *Diabetes mellitus* tipo 1 (DM1) é uma doença autoimune na qual o sistema imunológico destrói as células beta do pâncreas produtoras de insulina, afetando 0,23% da população brasileira. A predisposição ao DM1 envolve uma complexa interação de fatores genéticos e ambientais. A Interleucina-2 *(IL-2)* é uma citocina essencial para a função e a regulação das células T, que são cruciais para a resposta imune. O gene que codifica o receptor da Interleucina-2 (*IL-2RA),* OMIM 147730, tem sido associado ao DM1. O polimorfismo rs11594656 no gene IL-2RA, está localizado em uma região intergênica 5' regulatória do *IL-2RA*. **Objetivos:** Associar o polimorfismo de único nucleotídeo rs11594659 no gene *IL2RA* com DM1 desenvolvido na infância. **Material e Métodos:** O estudo tem aprovação no comitê de ética em pesquisa da Universidade Federal do Paraná (CAAE: 24676613.6.0000.0102). Uma amostra de 320 indivíduos, classificados em DM1 (n=151) e normoglicêmicos (controles, n=169), com critérios da SBD (2024), foram coletadas no Hospital de Clínicas da UFPR em Curitiba-PR, Sul do Brasil. A genotipagem para o rs11594656 foi realizada com sondas fluorescentes TaqMan® (C_11646696_10) por PCR em tempo real. As etnias predominantes na amostra foram Euro-brasileira (75%) e Afro-brasileira-brasileira (24%). **Resultados e discussão:** Os grupos foram pareados por gênero e idade com mediana de 11 (9-13) anos. O polimorfismo está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE) nos dois grupos. Os grupos não diferiram quanto às frequências genotípicas (p=0,783) e alélicas (p=0,471). As frequências do alelo de menor frequência (alelo-A) para o grupo DM1 foi 25,8 % (95%IC; 21,0?31,0%) e para o grupo controle 23,4% (95%IC; 19,0?28,0%). As frequências do alelo-A observadas foram similares às populações Americanas (26%) e Européia (29%) e superiores à Africanos (2%) e Asiáticos (20%). **Conclusão:** O polimorfismo rs11594656 do gene *IL-2RA* não foi associado ao DM1 de início precoce, na população em estudo.

Palavras-chave: Diabetes tipo 1, Variabilidade genética, IL-2RA

P-043

Associação do Polimorfismo rs17854725 do Gene Serina Protease Transmembrana 2 (*TMPRSS2*) com a COVID-19 severa

Nathalia Marçallo Peixoto Souza[1], Camila Ourives Oliveira Rocha[1], Karla do Rocio Cabral[2], Gislaine Custodio[2], Meri Bordignon Nogueira[3], Indianara Rotta[2], Mauren Isfer Anghebem[3,4], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Hospital de Clínicas da UFPR; [3]Dep. Análises Clínicas UFPR; [4]Escola de Medicina e Ciências da Saúde PUCPR

Introdução: A evolução da infecção respiratória aguda causada pelo vírus SARS-CoV-2 ou COVID-19 pode ser modulada por polimorfismos de único nucleotídeo em genes associados a entrada do vírus na célula do hospedeiro ou na expressão da resposta imune. O gene *TMPRSS2* (localização 21q22.3) codifica a Serina Protease Transmembrana 2 (OMIM 602060), que é responsável pela clivagem da glicoproteína viral *Spike* (subunidade S2), mediando a entrada do SARS-CoV-2 na célula hospedeira. O polimorfismo rs17854725 (A>G), localizado no éxon 9 do gene TMPRSS2, gera uma variante sinônima onde uma Adenina é substituída por uma Guanina, associada a suscetibilidade à COVID-19. **Objetivo:** Associar o polimorfismo rs17854725 (A>G) com COVID-19 severa. **Materiais e Métodos:** O projeto foi aprovado em comitê de ética (CAAE: 43948621.7.3001.0096; 43948621.7.3003.5225; 43948621.7.0000.0102). Amostras de 364 indivíduos atendidos no Hospital de Clínicas da UFPR entre 2020 e 2022 foram testadas para COVID-19 (diferentes reagentes imunológicos IgG/IgM) e classificadas em grupo controle (n=130; negativo COVID e sem outras complicações) e grupo COVID (n=117, positivos). O grupo COVID estava em internação hospitalar (UTI) decorrente da viremia, caracterizando a severidade do processo. Os grupos foram pareados por idade (mediana 57 anos) e gênero (homens 56%), representando a população do Sul do Brasil com etnia predominantemente Euro-brasileira (76%) e Afro-brasileira (22%). A genotipagem foi realizada com sondas fluorescentes TaqMan® (C___1723032_10) em PCR tempo-real. **Resultados e discussão:** Grupos em equilíbrio de Hardy-Weinberg (p>0,05). As frequências genotípicas (AA, AG e GG) não diferiram significativamente entre os grupos (P= 0,401). A frequência do alelo-G foi semelhante (P= 0,543) nos grupos controle (47,7%; 95%IC; 42?54%) e COVID (50,4%; 95%IC; 44?57%), e comparável às populações Europeias (54%) e Sul Asiática (44%), sendo superior à Africanos (34%) e a Leste Asiáticos (12%). **Conclusão:** O polimorfismo rs17854725 do gene *TMPRSS2* não foi associado com a forma severa da COVID-19 na população estudada.

Palavras-chave: SNP, COVID-19, Severidade

P-044

Associação do Polimorfismo rs237025 no Gene *Sumo4* com Susceptibilidade ao *Diabetes Mellitus* Tipo 2 em uma População Sul Brasileira

Paula Rothbarth Silva[1], Mateus Santana Lopes[1], Patricia Sthefani Calixto[1], Nathalia Marçallo Peixoto Souza[1], Dayane Ferreira Aguiar[1], Julia Fernandes Antunes[1], Mauren Isfer Anghebem[2,3], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Dep. Análises Clínicas UFPR; [3]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: SUMO4 (pequeno modificador semelhante à ubiquitina 4) é uma proteína envolvida na regulação do fator nuclear kappa B (NFkB), um importante regulador transcricional do processo inflamatório. No *Diabetes mellitus* tipo 2 (DM2), uma patologia que afeta cerca de 11% da população brasileira, há um quadro de inflamação crônica de baixa intensidade que contribui para a resistência à ação da insulina. Variabilidades no gene que codifica a SUMO4, portanto, é um alvo de interesse no DM2. O polimorfismo rs237025 (A>G; M55V) no gene *SUMO4* condiciona uma substituição de Metionina por uma Valina na posição 55 da proteína, e promove incremento em 5,5 vezes na transcrição do NFkB. **Objetivo:** Associar o polimorfismo rs237025 do *SUMO4* com o DM2. **Material e Métodos:** O estudo caso-controle foi aprovado pelo Comitê de Ética (CAAE: 01038112.0.0000.0102). Foram coletadas amostras de 275 indivíduos, classificados com critérios da SBD (2024) em grupo controle (normoglicêmicos; n=135, média 46 anos; M/F, 47/88) e grupo DM2 (n=140, 50 anos; M/F, 51/89), pareados por gênero e idade. Genotipagem realizada com sondas fluorescentes TaqMan (C_175678357_10) em sistema de PCR em tempo real. Os grupos foram coletados no Hospital de Clínicas da UFPR, Curitiba-PR, uma população do Sul do Brasil, com predominâncias de Euro-brasileira (76%) e Afro-brasileiros (22%). **Resultados e discussão:** Polimorfismo em equilíbrio de Hardy-Weinberg (p>0,05) nos dois grupos. As frequências alélicas e genotípicas não diferiram (p>0,05) entre os grupos. A frequência do alelo-G (MAF) para o rs237025 foi 45,6% (95%IC, 40-51) vs. 48,2% (95%IC, 42-54) nos grupos controle e DM2, respectivamente. A frequência do alelo-G observada foi similar às populações Europeias (52%), Americanos miscigenados (40%), Sul Asiáticos (41%), e superior a Africanos (23%) e Asiáticos do Leste (26%) [comparação Ensembl]. **Conclusão:** O polimorfismo rs237025 no gene SUMO4 não foi associado ao diabetes tipo 2 na população em estudo.

Palavras-chave: Diabetes tipo 2, TAB2/SUMO4, SNP

P-046

Polimorfismo rs2285053 do Gene *MMP-2* está Associado à Proteção contra o Diabetes Mellitus tipo 1 de Início Precoce em uma População do Sul do Brasil

Mateus Santana Lopes[1], Christiane Mayrhofer Grocoske de Lima[1], Nathalia Marçallo Peixoto Souza[1], Paula Rothbarth Silva[1], Marcia Xavier da Silva Varella[1], Rafaela Cirillo de Melo[1], Mauren Isfer Anghebem[2,3], Marcel Henrique Marcondes Sari[1], Geraldo Picheth[1], Fabiane Gomes de Moraes Rego[1]

[1]PG Ciências Farmacêuticas – UFPR; [2]Dep. de Análises Clínicas da UFPR; [3]Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: A MMP-2 (metalopeptidase de matriz 2) é uma protease expressa por alguns tipos celulares como fibroblastos e queratinócitos, que atua na remodelação da matriz extracelular degradando colágeno tipo IV. Um polimorfismo de único nucleotídeo (rs2285053), localizado na região promotora do gene *MMP2* (OMIN: 120360; cromossomo 16q12.2), elimina o sítio de ligação do ativador transcricional Sp1 e diminui a expressão da proteína, criando uma condição molecular associada a complicações do diabetes, como retinopatia diabética. **Objetivos:** Investigar a frequência dos genótipos e alelos do polimorfismo rs2285053 e sua possível associação com a susceptibilidade ou proteção ao diabetes tipo 1 (DM1). **Material e métodos**: A pesquisa foi aprovada pelo comitê de ética (CAAE: 24676613.6.0000.0102) e as amostras foram obtidas no Hospital de Clínicas da UFPR, Curitiba-PR. Crianças (idade <14 anos) que convivem com o DM1 (n=145) e normoglicêmicas (controles; n=155), de acordo com diretrizes da SBD 2024, foram estudadas. As amostras foram genotipadas por PRC-RFLP com endonuclease de restrição *Hinfl* (Invitrogen™). **Resultados e discussão**: Os grupos diferiram significativamente nas frequências genotípicas (p=0,013) e alélicas (p=0,003), evidenciando que o polimorfismo rs2285053 do gene *MMP-2* foi associado à proteção ao DM1. As frequências do alelo-T nos grupos DM1 e controle foram, respectivamente, 7,9% (95%IC; 5 – 11%) e 15,8% (95%IC; 12 – 20%). As frequências observadas para o alelo-T no grupo controle foram similares a Africanos (12%), Americanos (18%) e Europeus (11%). Portadores do alelo-T tem 2,17 vezes (Odds Ratio; 0,46; 95%IC: 0,27-0,77) menos chance de desenvolver DM1, quando comparados aos portadores do alelo-C. **Conclusão:** O alelo-T do polimorfismo rs2285053 do gene *MMP2* foi associado a proteção contra o DM1, em estudo tipo caso-controle, em crianças do Sul do Brasil.

Palavras-chave: Diabetes tipo 1, Metaloproteinase de matriz-2, SNP

P-049

Impacto da Pipetagem Fora de Capela de Fluxo Laminar (ISO Classe 5) na Contaminação por Alumínio em Plasma Analisado por ICP-MS

Ana Carolina Gomes Pinheiro[1], Jose Eduardo Bueno[1], Nadia Portela Aguiar[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Henrique Borges Kappel[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: A determinação de alumínio (Al) em amostras por espectrometria de massas com plasma indutivamente acoplado (ICP-MS) é crítica e susceptível à contaminação. Boas práticas recomendam capelas de fluxo laminar (ISO Classe 5) para pipetagem. Contudo, a validação da imprescindibilidade desta medida e a quantificação do seu impacto na concentração e variabilidade do Al necessitam investigação para otimizar protocolos. **Objetivos:** Quantificar o impacto da pipetagem fora de capela de fluxo laminar (ISO Classe 5) na concentração e variabilidade do alumínio em amostras clínicas por ICP-MS. **Material e Métodos:** Foram coletadas 26 amostras de plasma heparina em tubos para traços de elementos (Greiner-Bio-One). Cada amostra foi dividida em pares: cada par, uma alíquota foi pipetada em capela de fluxo laminar (ISO Classe 5) e a outra em ambiente limpo sem controle de pressão. As amostras foram processadas por ICP-MS (Agilent Technologies) e apresentadas em µg/L. Para normalidade foi utilizado Shapiro–Wilk, e médias comparadas por teste t pareado de Student. **Resultados e Discussão**: Amostras pipetadas fora da capela apresentaram média de 3,25 µg/L (±0,76), enquanto as sob capela apresentaram 2,53 µg/L (±0,50). Ambos os grupos mostraram distribuição normal (p = 0,07 e p = 0,64). O teste t pareado revelou diferença entre as condições (t = 6,2717; p = 0,000001), com aumento médio de 0,699 µg/L nas amostras fora da capela. Em termos percentuais, a concentração foi 27,64% superior, sugerindo maior exposição das amostras a partículas e superfícies contaminadas no ambiente externo. A dispersão dos dados foi maior fora da capela (0,76 µg/L vs 0,50 µg/L), o que reforça a hipótese de variação técnica associada à ausência do fluxo laminar. **Conclusão:** Pipetar fora da capela aumentou risco de contaminação por Al. Recomenda-se utilização das capelas de fluxo laminar como medida preventiva e de padronização analítica para assegurar a confiabilidade dos resultados laboratoriais.

Palavras-chave: Alumínio, ICP-MS, Contaminação

P-063

Avaliação da Estabilidade de Serotonina em Amostras Submetidas a Processo de Extração e Armazenamento em Placa de Análise para Cromatografia Líquida de Alta Performance

Saulo Martins de Sá Mandel[1], Ana Carolina Gomes Pinheiro[1], Jose Eduardo Bueno[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: A determinação de serotonina em soro por cromatografia líquida de alta performance (HPLC) com detector eletroquímico é amplamente utilizada em contextos clínicos. Contudo, sua estabilidade após preparo e armazenamento em placas de análise ainda é incerta. Temperatura ou tempo podem comprometer a integridade analítica e a confiabilidade dos resultados. A viabilidade do uso de amostras armazenadas após o preparo é controversa. **Objetivos:** Avaliar a estabilidade de amostras de soro submetidas a preparo e armazenadas por até quatro dias em placa, sob refrigeração, antes da análise por HPLC. **Material e Métodos:** Quinze amostras de soro foram preparadas segundo instruções do kit para dosagem de serotonina (Chromsystems). Após preparo, as amostras foram armazenadas em placas do tipo *assay plate* (Axygen) com capacidade para 96 poços, a uma temperatura de 3–4 °C. Amostras foram analisadas nos dias 0, 1, 3 e 4 por HPLC com detector eletroquímico (Chromsystems). As medições foram reportadas como mediana (mínimo-máximo) e comparadas usando teste de Friedman. **Resultados e Discussão:** As concentrações de serotonina mantiveram-se estáveis ao longo dos quatro dias, sem diferença estatística ou clínica relevantes entre os dias de análise, indicando boa estabilidade analítica durante o período de armazenamento. A concentração de serotonina no dia 0 apresentou mediana de 153,42 ng/mL, com valores variando entre 30,01 e 529,70 ng/mL, e permaneceu semelhante nos dias subsequentes: dia 1 (mediana = 145,90 ng/mL; mín–máx = 27,24 – 529,70), dia 3 (mediana = 151,27 ng/mL; mín–máx = 26,20 – 534,60) e dia 4 (mediana = 157,52 ng/mL; mín–máx = 29,01 – 533,72), $p = 0,1031$. **Conclusão:** A refrigeração das amostras em placas a 3–4 °C permite análise confiável por até quatro dias. Estudos com mais amostras, tempos prolongados e diferentes condições são recomendados para ampliar a validade dos achados.

Palavras-chave: serotonina, HPLC, armazenamento

P-096

Marcadores Metabólicos como Ferramentas para Avaliação da Nefropatia em Ratos Diabéticos: Efeitos do Óleo de Baru (*Dipterix alata*) em Modelo Experimental de Diabetes Mellitus Tipo 2 (DM2)

Naiane Silva Cardoso[1], Júlia Rosental de Souza Cruz[1], Isis Giovanna de Oliveira[1], Maria Rita Rodrigues[1], Ana Paula de Melo Loureiro[2], Fernanda Borges de Araújo Paula[1*]

[1]*Departamento de Análises Clínicas e Toxicológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL-MG), Alfenas, MG, Brasil. Universidade Federal de Alfenas;* [2]*Departamento de Análises Clínicas e Toxicológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil.*

*fernanda.paula@unifal-mg.edu.br

A nefropatia diabética é uma complicação frequente do Diabetes Mellitus tipo 2 (DM2), relacionada ao descontrole glicêmico e ao estresse metabólico. Marcadores bioquímicos metabólicos são ferramentas relevantes para monitorar o controle glicêmico, a progressão da lesão renal e a eficácia de estratégias terapêuticas. O óleo de baru (*Dipteryx alata*), rico em ácido oleico, tem potencial para estimular a liberação do peptídeo-1 semelhante ao glucagon (GLP-1). No entanto, seus efeitos isolados em modelos de doenças metabólicas ainda são pouco investigados. O objetiv deste estudo foi avaliar os efeitos do óleo de baru sobre o controle glicêmico, a função renal e o perfil metabólico em ratos saudáveis e diabéticos. Ratos Wistar machos foram divididos em grupos saudáveis e diabéticos. O DM2 foi induzido por dieta hiperlipídica e estreptozotocina (35 mg/kg). Os animais foram tratados por 90 dias com óleo de baru (0,75; 1,5; 3,0 g/kg), metformina (200mg/Kg), gliclazida (10mg/Kg) ou combinações de óleo e fármaco. Foram realizados testes de tolerância à glicose, determinações de insulina (ELISA), glicose (Enzimático-Trinder), frutosamina (NBT), ureia (Cinético-UV), creatinina (Jaffé modificado) e albuminúria (Imunoturbidimetria) em analisadores automatizados. A análise metabolômica renal foi realizada por LC-MS/MS para quantificação de ATP, ADP, AMP, succinato e lactato. O tratamento com óleo de baru aumentou os níveis séricos de insulina, reduziu os níveis séricos de glicose, frutosamina e creatinina bem como a albuminúria em ratos diabéticos. A metabolômica revelou acúmulo de succinato, fumarato e lactato, além de redução de AMP, ADP e ATP nos animais diabéticos não tratados. O tratamento com óleo, principalmente associado à metformina, favoreceu o reequilíbrio desses marcadores. A associação entre óleo e antidiabéticos tradicionais mostrou-se promissora para o manejo da nefropatia diabética, destacando a importância dos marcadores bioquímicos na prática clínica. Apoio: Capes (Código de financiamento 001), CNPq (Chamada Nº 01/2019).

Palavras-chave: Nefropatia Diabética; *Dipterix alata;* perfil metabolômico.

P-125

Impacto de Diferentes Métodos de Descongelamento do Pool de Amostras Usado como Controle Interno

Vanessa Fontes Pereira Coutinho[1,2], Julio Marcos Banzato[1,2], Alexandre Hiroshi Utiyama[1,2], Débora Ribeiro Ramadan[1,2], Carolina Xavier Lima Piccinini[1,2*]

[1]Associação Fundo de Incentivo a Pesquisa (AFIP Medicina Diagnóstica), São Paulo, Brasil; [2]Laboratório Brasil Apoio, São Paulo, Brasil

*carolina.piccinini@afip.com.br

Introdução: O controle de qualidade interno (CQI) é fundamental em laboratórios clínicos para assegurar a confiabilidade dos processos analíticos. Embora materiais comerciais sejam amplamente utilizados, pools de amostras de pacientes podem complementar o CQI, otimizando execuções e identificando desvios. **Objetivo:** Avaliar o impacto de diferentes métodos de descongelamento na precisão e exatidão de pools de CQI. **Métodos:** Um pool de 2000 mL de soro humano foi preparado, homogeneizado, aliquotado (10 mL) e armazenado a -20 °C. Três métodos de descongelamento foram testados: i) Temperatura ambiente (18–22 °C) por 40 min (referência), ii) Banho-maria a 37 °C por 30 min e iii) Banho-maria em temperatura ambiente por 40 min. Foram analisados cinco analitos (alfa-glicoproteína, fator reumatoide, frutosamina, Proteína C reativa ultrassensível e capacidade total de ligação ao ferro) no equipamento Siemens Atellica Solution®. Cada método foi repetido por cinco dias, com quatro medições diárias. Precisão foi avaliada pelo coeficiente de variação (CV%) e exatidão pelo viés. **Resultados:** A alfa-glicoproteína apresentou maior precisão nos dois métodos, sendo mais evidente no banho-maria a 37°C (CV% de 2,5% vs. 3,3%). Para o fator reumatoide, o banho-maria também melhorou a precisão em comparação com o método de referência (CV% de 9,1% vs. 21,9%). A frutosamina não mostrou variações relevantes. O banho a 37°C reduziu significativamente os níveis médios de Proteína C reativa ultrassensível (IC 95%). Ambos os métodos alternativos melhoraram a precisão na medição da capacidade total de ligação ao ferro, com destaque para o banho-maria em temperatura ambiente (CV% de 0,7% vs. 1,3%). **Conclusão:** Não foi identificada uma metodologia de descongelamento claramente superior. A eficácia depende da execução cuidadosa em todas as etapas do processo, reforçando a importância da validação no uso de pools no CQI.

Palavras-chave: Controle de qualidade interno; Pool de amostras; Precisão analítica.

ÁREA: CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO

P-165

Impacto da *Curcuma Longa* na Hematopoiese e na Morfologia Esplênica em um Modelo Animal Submetido à Quimioterapia com Docetaxel

Isabella Morais Tavares[1], João Francisco Velasquez Matumoto[2], Guilherme Donadel[3], Emerson Luiz Botelho Lourenço[4], Leonardo Garcia Velasquez[5*]

[1]Médica Oncologista e acadêmica do Doutorado em Ciência Animal da Universidade Paranaense – UNIPAR; [2]Acadêmico do curso de Farmácia da Universidade Paranaense - UNIPAR; [3]Acadêmico do Doutorado em Ciência Animal da Universidade Paranaense – UNIPAR; [4]Docente do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal com Ênfase em Produtos Bioativos da Universidade Paranaense – UNIPAR; [5]Docente do Programa de Pós-Graduação em Plantas Medicinais e Fitoterápicos na Atenção Básica da Universidade Paranaense – UNIPAR.

*E-mail do relator: leogavelasquez@gmail.com *

Introdução: A quimioterapia com docetaxel está associada à toxicidade hematológica significativa, comprometendo a eficácia terapêutica. A *Curcuma longa* tem se destacado como potencial agente adjuvante devido às suas propriedades anti-inflamatórias e antioxidantes. **Objetivos**: Avaliar o impacto da administração oral de *Curcuma longa* sobre parâmetros hematológicos e peso relativo do baço em ratos Wistar submetidos à quimioterapia com docetaxel. **Material e Métodos**: O presente estudo teve aprovação ética pelo CEPEEA da Universidade Paranaense sob protocolo 40130/2023. Ratos Wistar machos foram alocados em 15 subgrupos e tratados por 7, 14 ou 21 dias com: (1) controle; (2) docetaxel; (3) docetaxel + Curcuma longa 25 mg/kg; (4) docetaxel + Curcuma longa 50 mg/kg; (5) docetaxel + Curcuma longa 500 mg/kg. Foram avaliados hemograma completo e peso relativo do baço. **Resultados e Discussão**: O docetaxel promoveu alterações hematológicas típicas de mielossupressão, com redução de hemácias, hemoglobina, leucócitos e plaquetas. A coadministração de *Curcuma longa*, especialmente nas doses de 25 e 50 mg/kg, atenuou a queda desses parâmetros, sugerindo efeito hematoprotetor. O peso relativo do baço aumentou de forma tempo e dose-dependente nos grupos tratados com *Curcuma longa*, com esplenomegalia acentuada em 21 dias na dose de 500 mg/kg, sugerindo possível estímulo à hematopoese extramedular. **Conclusão**: A administração de *Curcuma longa* promoveu efeito protetor sobre os parâmetros hematológicos em ratos submetidos à quimioterapia com docetaxel, com impacto positivo também sobre a morfologia esplênica. Esses achados reforçam o potencial da *Curcuma longa* como agente adjuvante na oncologia.

Palavras-chave: Câncer. *Curcuma longa*. Hematologia.

ÁREA: CITOLOGIA CLÍNICA

P-035

Tendência Temporal dos Diagnósticos Histopatológicos de Colo Uterino no Sistema Único de Saúde (SUS) na Última Década (2015-2024)

Daniela Etlinger-Colonelli*, Sandra Lorente

Instituto Adolfo Lutz

e-mail: dani_etlinger@yahoo.com.br

Introdução

O câncer do colo do útero ainda representa um importante problema de saúde pública, especialmente nos países em desenvolvimento. Em 2020, foram estimados mais de 600 mil novos casos e aproximadamente 340 mil óbitos em todo o mundo[1]. No Brasil, o Instituto Nacional de Câncer (INCA) projeta cerca de 17 mil novos casos anuais para o triênio 2023–2025[2].

Desde a implementação do Programa Viva Mulher, no âmbito do Sistema Único de Saúde (SUS), o rastreamento de lesões precursoras tem sido realizado, prioritariamente, por meio do exame citopatológico periódico[3]. Embora a citologia tenha se mostrado eficaz na detecção precoce de lesões escamosas, a identificação de adenocarcinomas ainda representa um desafio, sobretudo em mulheres jovens. Estudos realizados em países da Europa e nos Estados Unidos, com rastreamento baseado na citologia, apontaram uma tendência de aumento nas taxas de adenocarcinomas em relação aos carcinomas escamosos do colo do útero ao longo dos anos[4,5].

A menor sensibilidade da citologia na detecção de lesões glandulares, em comparação à detecção de lesões escamosas, pode estar relacionada principalmente à localização anatômica destas células e à maior dificuldade em reconhecer anormalidades de células glandulares. O adenocarcinoma *in situ* (AIS) é considerado o precursor do adenocarcinoma invasor (AI) do colo uterino e a classificação atipias de células glandulares utilizada no exame citológico indica um aumento de risco de AIS ou AI e não um precursor de adenocarcinoma[6].

Objetivo

Analisar a frequência dos diagnósticos histopatológicos cervicais e identificar a tendência temporal de cada categoria diagnóstica no período de 2015 a 2024, com base nos exames realizados na rede pública de saúde brasileira.

Material e método

Análise retrospectiva de dados obtidos a partir do banco público (Tabnet/DATASUS) de laudos histopatológicos cervicais realizados no SUS e registrados no Sistema de Informação do Câncer (SISCAN) entre os anos de 2015 a 2024. Foram incluídos todos os exames histopatológicos cervicais com diagnóstico conclusivo. As variáveis extraídas incluíram o número absoluto de diagnósticos classificados como benignos, neoplasia intra-epitelial cervical (NIC) I, NIC II, NIC III, carcinoma escamoso invasivo (CEI), AIS e AI, além do número total de exames realizados por ano. Para as análises, os casos com diagnóstico de "outras neoplasias" foram excluídos do estudo.

Os dados foram organizados em planilha eletrônica e analisados utilizando a linguagem de programação Python (versão 3.11) com as bibliotecas *pandas*, *matplotlib*, *scipy* e *seaborn*. As proporções anuais de cada diagnóstico foram calculadas com base no número total de exames histopatológicos realizados em cada ano.

Para avaliar a existência de tendência temporal foi realizada regressão linear simples, considerando o ano como variável independente e a proporção de cada categoria diagnóstica como variável dependente. A significância estatística foi estabelecida em $p < 0,05$. O coeficiente de determinação (R^2) foi utilizado para avaliar a qualidade do ajuste do modelo.

Por tratar-se de um estudo com base em dados secundários agregados, sem identificação dos pacientes, este projeto não requer submissão ao Comitê de Ética em Pesquisa, conforme Resolução CNS 510/2016. No entanto, todas as boas práticas de sigilo e integridade de dados foram rigorosamente seguidas.

Resultados e discussão

Neste estudo, foi analisada a tendência temporal das alterações citológicas de 2015 a 2024, com foco na proporção de casos benignos, lesões intraepiteliais de baixo e alto grau (NIC I, II e III), carcinoma epidermoide (CEI), adenocarcinoma i*n situ* (AIS) e adenocarcinoma invasor (AI). A tabela 1 mostra a distribuição do total de exames e as frequências dos diagnósticos histopatológicos realizados pelo SUS e disponíveis no DATASUS.

Como demonstrado na Tabela 1, observa-se um aumento progressivo no número de biópsias ao longo dos anos, com uma redução pontual em 2020 e 2021, atribuída ao impacto da pandemia de COVID-19, que comprometeu a continuidade dos programas de rastreamento do câncer do colo do útero em diversos países, incluindo o Brasil [7,8]. No contexto nacional, o Instituto Nacional de Câncer (INCA) emitiu nota técnica recomendando a suspensão temporária dos atendimentos de rotina nos serviços de rastreamento, priorizando apenas os casos sintomáticos ou de seguimento oncológico [9]. O redirecionamento de recursos, a sobrecarga dos serviços de saúde e as medidas de distanciamento social também contribuíram para a redução da cobertura [10,11].

Tabela 1. Distribuição do total de exames histopatológicos do colo do útero e as frequências de diagnósticos entre 2015 e 2024, no Brasil.

ANO	Benigno n %	NIC I n %	NIC II n %	NIC III n %	CEI n %	AIS n %	AI n %	Total n
2015	13.681	5.885	3.102	3.831	1.051	73	124	27.747
	49,3	21,2	11,2	13,8	3,8	0,3	0,4	-
2016	15.206	6.768	3.499	4.571	1.175	101	148	31.468
	48,3	21,5	11,1	14,5	3,7	0,3	0,5	-
2017	18.717	8.061	4.001	5.406	1.462	103	177	37.927
	49,4	21,3	10,5	14,3	3,9	0,3	0,5	-
2018	18.366	7.650	3.949	5.700	1.536	149	236	37.586
	48,9	20,4	10,5	15,2	4,1	0,4	0,6	-
2019	20.081	8.643	4.622	6.731	1.822	164	290	42.353
	47,4	20,4	10,9	15,9	4,3	0,4	0,7	-
2020*	12.559	5.724	3.124	5.079	1.517	120	234	28.357
	44,3	20,2	11,0	17,9	5,3	0,4	0,8	-
2021*	15.518	7.198	3.554	6.010	1.649	150	295	34.374
	45,1	20,9	10,3	17,5	4,8	0,4	0,9	-
2022	18.543	8.935	4.446	7.284	1.465	174	282	41.129
	45,1	21,7	10,8	17,7	3,6	0,4	0,7	-
2023	21.424	8.838	5.177	8.785	1.577	173	281	46.255
	46,3	19,1	11,2	19,0	3,4	0,4	0,6	-
2024	20.858	8.273	4.581	8.100	1.559	221	296	43.888
	47,5	18,9	10,4	18,5	3,6	0,5	0,7	-
TOTAL	174.953	75.975	40.055	61.497	14.813	1.428	2.363	371.084
	47,1	20,5	10,8	16,6	4,0	0,4	0,6	-

* Pandemia COVID-19

NIC: neoplasia intra-epitelial cervical; CEI: carcinoma escamoso invasivo; AIS: adenocarcinoma *in situ*; AI: adenocarcinoma invasor.

A análise da série temporal de diagnósticos histopatológicos cervicais entre 2015 e 2024 demonstrou alterações significativas na distribuição proporcional das lesões cervicais como mostra a figura 1. Os resultados apontam para tendências contrastantes entre os diagnósticos citológicos ao longo do período analisado. Houve queda significativa na proporção de resultados benignos ($R^2 = 0,42$; $p = 0,0430$) e de NIC I ($R^2 = 0,41$; $p = 0,0449$),

sugerindo possíveis mudanças no perfil das mulheres triadas ou avanços na acurácia do rastreio citológico. A proporção de NIC II se manteve estável ($R^2 = 0,09$; $p = 0,4051$).
Enquanto NIC III apresentou crescimento expressivo ($R^2 = 0,91$; $p < 0,0001$) casos de CEI se mantiveram estáveis ($R^2 = 0,01$; $p = 0,8267$) nos últimos anos, que pode ser um bom indicador de qualidade no rastreio e tratamento de lesões precursoras deste tipo histológico, uma vez que o aumento progressivo da frequência lesões de alto grau não refletiu em aumento dos casos de CEI ao longo dos anos.
Com relação às lesões glandulares, observou-se aumento nas proporções de AIS ($R^2 = 0,70$; p = 0,0025) e AI ($R^2 = 0,40$; p = 0,0495), em consonância com estudos que apontam um crescimento progressivo, ao longo dos anos, da incidência de adenocarcinomas do colo do útero. Dados recentes sobre incidência e sobrevida dos cânceres do trato genital inferior revelaram que o carcinoma espinocelular do colo uterino apresentou uma das maiores reduções de incidência (-10%), enquanto o adenocarcinoma no mesmo local aumentou significativamente (+17%) em diversos países europeus, tendência que pode ser parcialmente atribuída à melhora na capacidade diagnóstica e à maior organização no tratamento de tumores raros[12]. Um estudo realizado na Coreia também demonstrou que, enquanto a incidência do carcinoma espinocelular do colo do útero diminuiu, a do adenocarcinoma continuou a crescer de forma lenta, porém significativa, entre 1999 e anos recentes[13].
Em contrapartida, a proporção de NIC I ($R^2 = 0,85$; p = 0,001) apresentou tendência de queda ao longo do período, que pode indicar melhoria no direcionamento das biópsias, com foco em casos de maior risco. Diretrizes nacionais e internacionais recomendam vigilância ativa para lesões de baixo grau em populações jovens, devido à alta taxa de regressão espontânea e aos riscos de tratamento excessivo, reservando intervenção para casos persistentes ou de maior gravidade[14,15]. Os resultados são apresentados na figura 1.

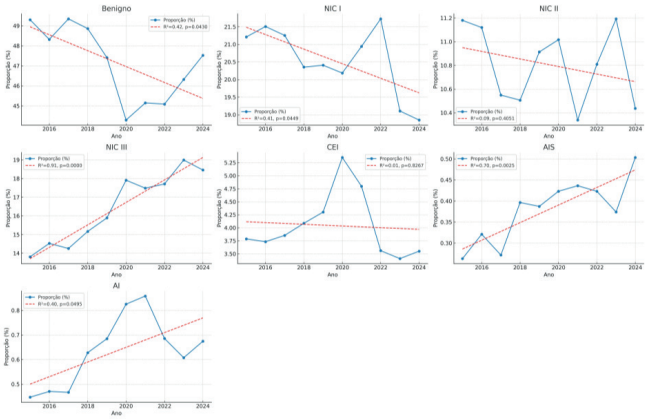


Figura 1. Tendência temporal da proporção de diagnósticos histopatológicos cervicais entre 2015 e 2024. As linhas pontilhadas representam a regressão linear com seus respectivos coeficientes de determinação (R^2) e os valores de p.

Conclusão
Entre 2015 e 2024, observou-se no Brasil uma redução nas proporções de casos benignos e de lesões de baixo grau, acompanhada pelo aumento de lesões de alto grau e adenocarcinomas. Esses achados sugerem uma melhora progressiva na indicação e realização de biópsias.
A estabilidade dos casos de carcinoma escamoso invasor indica a efetividade do rastreamento das lesões escamosas, embora suas taxas ainda permaneçam elevadas. Destaca-se, ainda, a necessidade de aprimorar a detecção precoce dos adenocarcinomas cervicais.

Palavras-chave: Carcinoma de células escamosas; Adenocarcinoma; Neoplasia intraepitelial cervical.

P-106

Adequabilidade da Citologia em Base Líquida Reflexa após Teste Molecular de HPV: Estudo Piloto de Estimativa de Celularidade

Larissa Dias Assunção[1], Lílian Monteiro Gomes[2], Júlio Cesar Teixeira[1], Michelle Garcia Discacciati[2,3]*

[1]Hospital de Mulher Prof. Dr. José Aristodemo Pinotti, CAISM/UNICAMP, Campinas, São Paulo; [2] Departamento de Análises Clínicas e Toxicológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP; [3] Divisão de Laboratório Clínico, Hospital Universitário, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP

* e-mail: michelle.discacciati@usp.br

Introdução: A adoção do teste molecular de HPV no SUS atualizou a diretriz para rastreamento do câncer do colo do útero, que recomenda a citologia reflexa em casos positivos para outros tipos de HPV de alto risco diferentes do HPV 16/18. A citologia em base líquida (CBL) é recomendada nesse contexto por preservar células e ácidos nucleicos, mas a estimativa da celularidade ainda carece de padronização. O Sistema Bethesda 2014 define como satisfatórias amostras com ≥5.000 células escamosas bem visualizadas. **Objetivos**: Avaliar a adequabilidade da CBL após genotipagem de HPV utilizando critérios quantitativos e qualitativos para estimativa de celularidade. **Material e Métodos**: Estudo transversal com 96 mulheres cis atendidas no CAISM e no setor de Planejamento Familiar da UNICAMP. As amostras foram coletadas em meio PreservCyt®, processadas via ThinPrep® e submetidas à genotipagem pelo teste Cobas® HPV que detecta os tipos 16 e 18 e um conjunto de 12 tipos. A avaliação da celularidade seguiu protocolos adaptados de Kitchener (2015) e Siebers (2012), com contagem de 10 campos (40x), considerando apenas núcleos escamosos intactos e visíveis. Estudo aprovado pelo CEP (CAAE 67221023.2.0000.5404). **Resultados e Discussão:** A positividade para HPV foi de 27% (26/96). Na CBL, 77% foram negativas, 8% LSIL/ASC-US, 4% ASC-H/HSIL e 10% insatisfatórias. A principal causa de inadequação foi a baixa celularidade, mesmo após nova preparação. Três lâminas apresentaram obscurecimento por hemácias ou leucócitos. Apenas 21% das amostras apresentaram células da junção escamo-colunar. **Conclusão:** O método aplicado para estimativa de celularidade demonstrou-se viável, simples e reprodutível na rotina. A frequência de amostras com baixa celularidade e a ausência de células da JEC evidenciam a necessidade de qualificação contínua dos profissionais envolvidos na coleta, além do aperfeiçoamento de dispositivos, especialmente em contextos de citologia reflexa após teste de HPV.

Palavras-chave: HPV; Citologia em base líquida; Câncer do colo do útero

ÁREA: DIAGNÓSTICO LABORATORIAL BASEADO EM EVIDÊNCIA

P-086

Avaliação das Transaminases Hepáticas e Parcial de Hemograma de Pacientes com Dengue

Patrícia Amaral Gurgel Velasquez[1*], Julia Gabriela Sausen[2], Samara Patrícia Teodoro Spilmam[3], Volmir Pitt Benedetti[4], Luciana Pellizzaro[5]

[1]Professora da Universidade Paranaense – UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: patigurgel@prof.unipar.br
[2]Acadêmica do Curso de Farmácia da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: juliasausen@hotmail.com
[3]Acadêmica do Curso de Farmácia da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: samaraspilmam@gmail.com.br
[4]Professor da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: volmir@prof.unipar.br
[5]Professora da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: lupellizzaro@prof.unipar.br

E-mail do relator: patigurgel@prof.unipar.br*

Introdução: A dengue é considerada um problema de saúde pública, especialmente nos países tropicais. Parâmetros hematológicos como contagem de leucócitos e plaquetas relacionam-se com a gravidade da doença, sendo valiosas ferramentas às intervenções terapêuticas. Além deles, a avaliação precoce das transaminases hepáticas (AST e ALT) é importante pois muitos pacientes apresentam alterações hepáticas que podem contribuir para o agravamento do quadro. **Objetivos**: Analisar exames de pacientes com dengue atendidos em um laboratório localizado do Sudoeste do Paraná. **Material e Métodos**: Os dados foram coletados através de laudos eletrônicos, referentes ao período de julho de 2022 a julho de 2024. Foram incluídos pacientes com antígenos NS1 e/ou Dengue IGM reagentes. As variáveis foram: AST e ALT; contagem de leucócitos, contagem de plaquetas; sexo e idade. A pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa Envolvendo Seres Humanos, sob Parecer n. 6.872.268/2024. **Resultados e Discussão**: setenta e quatro (74) pacientes foram incluídos na pesquisa no período estudado, sendo 51,4% (38) do sexo feminino. Leucopenia foi observada em 60,5% das mulheres e 50,0% dos homens. Já a trombocitopenia esteve presente em 68,4% das mulheres e 72,2% dos homens. A elevação de AST foi observada em 71% das mulheres e 69,4% dos homens, enquanto a de ALT apareceu em 47,4% das pacientes e 52,8% no sexo masculino. Leucopenia e trombocitopenia estão relacionadas à supressão medular induzida pelo vírus da dengue e podem indicar um risco aumentado de desenvolvimento de complicações. A elevação mais frequente da AST frente a ALT indica que o vírus é capaz de causar danos à tecidos não hepáticos também. **Conclusão**: Alterações hematológicas e provas de lesão hepática mostraram ser parâmetros essenciais na avaliação de pacientes com dengue.

Palavras-chave: Dengue. Leucócitos. Plaquetas. Transaminases.

P-159

Perfil epidemiológico de dosagem sérica de vitamina D em um município do Paraná

Patrícia Gurgel Velasquez[1], Ana Luiza de Britto Santos[2], Francieli Queiroz[3], Volmir Pitt Benedetti[4]

[1]Professora da Universidade Paranaense – UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: patigurgel@prof.unipar.br
[2]Acadêmica do Curso de Farmácia da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: ana.santos.01@edu.unipar.br
[3]Acadêmica do Curso de Farmácia da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: francieli.queiroz@edu.unipar.br
[4]Professor da Universidade Paranaense - UNIPAR, Unidade Universitária de Francisco Beltrão, Paraná. E-mail: volmir@prof.unipar.br

E-mail do relator: patigurgel@prof.unipar.br *

Introdução: A vitamina D (vitD) é um pró-hormônio que desempenha importante papel no metabolismo do cálcio e ósseo. Além disso, está envolvida na regulação de diversos genes que tem papel em doenças alérgicas e neoplásicas. **Objetivo**: avaliar o perfil epidemiológico de dosagem de vitD sérica em um laboratório do Sudoeste do Paraná. **Material e Métodos**: os dados foram coletados a partir de laudos de exames de pacientes que realizaram dosagem sérica de vitD de junho/2019 a junho/2024, além de idade e sexo. O projeto foi submetido e aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa Envolvendo Seres Humanos sob registro 6.936.121/2024. **Resultados e Discussão**: um total de 639 dosagens de vitD foram realizadas no período estudado, com 57,7% abaixo dos valores de referência. Dos pacientes estudados, 454 (71%) eram do sexo feminino, dentre as quais 58,6% apresentavam valores baixos de vitD. Entre os homens (185), 55,7% estavam com hipovitaminose. Em relação às faixas etárias, oito pacientes tinham menos de 19 anos (25% deles com níveis baixos de vitD), 198 tinham de 19 a 45 anos (18,7% com hipovitaminose), 156 de 46 a 59 anos (17,9%), 174 entre 60 e 74 anos (72,4% com níveis baixos de vitD) e 3 pacientes com ais de 74 anos (todos com níveis baixos de vitD). A falta de exposição solar, uso de medicamentos como alguns antinflamatórios, anti-hipertensivos e o uso prolongado de corticosteroides podem reduzir os níveis da vitD, sendo esses fatores que podem explicar a quantidade de pacientes com mais de 60 anos e resultados abaixo do valor de referência. **Conclusão**: Observou-se que mais da metade dos pacientes apresentavam valores baixos de vitD, sendo que a população idosa foi a mais afetada.

Palavras-chave: Vitamina D. Hipovitaminose D. Nível sérico de vitamina D.

ÁREA: ENDOCRINOLOGIA E METABOLOGIA

P-081

Amenorreia Primária Em Paciente Com Hipogonadismo Hipergonadotrófico E Alterações Genéticas Raras: Um Relato De Caso

*Ângela Viana Ribeiro[1], Gabrielle Marinho Alves[1], Gabrielly Salomão Barreto Rodrigues[1], João Pedro Cruz de Souza Monteiro[2], Ana Beatriz de Oliveira Sarmento[2], Milena Lyrio dos Santos Joventino[2], Jósquia dos Santos Barbosa[2], Carlos Danilo Cardoso Matos Silva[1], Marcus Vinícius Cardoso Matos Silva[2]

[1]IESB - Centro Universitário do Instituto de Educação Superior de Brasília; [2]UNEX - Centro Universitário de Excelência

*angelavianaribeiro644@gmail.com

Introdução: Amenorreia primária é definida como a ausência de menstruação até os 15 anos em pacientes com desenvolvimento puberal normal sem sinais de caracteres sexuais femininos secundários. Quando a causa é hipogonadismo hipergonadotrófico, os exames laboratoriais são essenciais para o diagnóstico. **Objetivo:** Demonstrar a importância de exames laboratoriais para nortear os profissionais quanto a possíveis diagnósticos. **Materiais e Métodos:** Trata-se de relato de caso da paciente T.A.M.L, atendida na Clínica Escola da UNEX- Feira de Santana, baseado nos dados levantados em consulta. Trabalho submetido ao CEP: Parecer nº 44745515.9.0000.5654 **Descrição do caso:** T.A.M.L, 29 anos, filha de pais consanguíneos, compareceu com queixa de amenorreia primária. Relata menarca induzida aos 13 anos, mantém ciclos de forma irregular com hormônios exógenos, telarca e pubarca adequados. Histórico de bariátrica há 3 anos, em uso de denosumabe para osteoporose. Exame físico revelou fácies triangulares, frontal proeminente, palato ogival e ausência de dismorfismos evidentes. Elevação de FSH (41,97 mUI/mL) e LH (24,26 mUI/mL), estrogênio inferior a 11,8 pg/mL e hormônio antimulleriano reduzidos (0,01 ng/mL), compatíveis com hipogonadismo hipergonadotrófico. Ultrasonografia pélvica evidenciou útero e ovários diminutos, confirmados por RM de pelve. Cariótipo e estudo molecular para síndrome do X frágil normais. Exoma identificou variantes de significado incerto (VUS) nos genes *ADAMTS2* e *LRP2* (em homozigose), além de VUS em *FGFR3* (heterozigose). **Discussão:** O quadro clínico revela infertilidade e desregulação menstrual, e o laboratorial compatível com falência ovariana prematura (FOP), podendo sugerir Síndrome de Savage ou disgenesia gonadal parcial. A consanguinidade parental e a presença de variantes genéticas raras levantam a possibilidade de uma condição genética autossômica recessiva. **Conclusão:** Este caso evidencia a complexidade diagnóstica da amenorreia primária com hipogonadismo hipergonadotrófico. A investigação genética com exoma contribuiu para identificar possíveis causas. A paciente foi encaminhada para avaliação ginecológica especializada, com plano de punção folicular. A abordagem contínua e multidisciplinar é essencial para suporte clínico.

Palavras-chave: conduta diagnóstica, hormônio gonadotrófico, exoma.

P-100

Análise Comparativa Entre Ensaios Para Dosagem Laboratorial de IGFBP-3

Pedro Henrique Gomes[1*], Leonardo Moutinho[1], Betânia Silva de Moura[1]

[1]Laboratório de Referência em Diagnósticos Especializados – Lab Rede

*pedro@labrede.com.br

Introdução: As principais funções das proteínas de ligação a IGF (IGFBPs) são transportar IGFs, prolongar suas meias-vidas e regular a disponibilidade para interações com seus receptores. Entre as IGFBPs em humanos, a IGFBP-3 é a forma mais abundante e é estimulada pelo hormônio do crescimento (GH). Utilizada com a avaliação clínica e outros testes laboratoriais, a IGFBP-3 é um marcador na suspeita de excesso ou falta do GH. Os níveis de IGF-1 e IGFBP-3 podem ser usados para estimar a produção de GH, pois são dependentes deste hormônio e permanecem estáveis ao longo do dia. É importante medir seus níveis com precisão e ter intervalos de referência apropriados.

Objetivo: Este estudo teve por objetivo avaliar o ensaio Elecsys® IGFBP-3 – Roche para uso na rotina de laboratório clínico.

Materiais e Métodos: Foram analisadas 25 amostras de soro, conservadas entre 2-8°C, submetidas à determinação quantitativa do IGFBP3 pelo ensaio imunométrico por quimioluminescência IMMULITE® 2000 Siemens e pelo imunoensaio por eletroquimioluminescência IGFBP-3 Elecsys® IGFBP-3 Roche na plataforma analítica Cobas e801. Os dados foram submetidos à análise de comparação de métodos pelo software estatístico EP Evaluator® v 12.4.0.2.

Resultados e Discussão: A análise de regressão de Deming mostrou inclinação de 1,084 (IC95% 1,005 a 1,163); intercessão -0,788 (IC95% -1,203 a -0,372); coeficiente de correlação R = 0,9857 e bias -0,367 (-7,307 %). O range de resultados para o ensaio Siemens foi de 1,80 a 7,80 ng/mL (média + SD: 5,020 ± 1,621) e para o ensaio Roche, de 1,34 a 7,90 ng/mL (média + SD: 4,653 ± 1,755), observando-se um viés negativo para o ensaio Roche.

Conclusão: O estudo mostra boa correlação entre os métodos nesta amostragem, sendo observado resultados inferiores no ensaio Roche, devido ao viés negativo entre este e o ensaio Siemens.

Palavras-chave: IGFBP-3, Proteína de Ligação a Fatores do Crescimento, GH

P-148

Impacto das Comorbidades Metabólicas em Desfecho Associado à Covid-19 em um Paciente com Transtorno Bipolar: Relato de Caso

Fernanda Maciel Gaidzinski[1]*, Guilherme Bianchini[1]

[1] Universidade do Extremo Sul Catarinense – 1105, Avenida Universitária, Criciúma, Santa Catarina, 88806-000, Brasil.

E-mail: fermacimm@gmail.com
E-mail: gui.b_@unesc.net

Introdução: A pandemia da COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, expôs não apenas fragilidades imunológicas individuais, mas sobretudo as falhas estruturais de um modelo de atenção à saúde fragmentado com repercussões clínicas, sociais e neuropsiquiátricas.[1] Pacientes portadores de transtornos mentais graves, como esquizofrenia e transtorno bipolar, parecem ser particularmente vulneráveis aos efeitos da infecção.[3,4] O transtorno afetivo bipolar (TAB) é um distúrbio psiquiátrico crônico e debilitante, caracterizado por episódios recorrentes de mania, hipomania e depressão, que afetam significativamente a funcionalidade social, cognitiva e ocupacional dos indivíduos acometidos.[12,15] A literatura já evidencia que indivíduos com TAB apresentam comorbidades metabólicas como obesidade, resistência à insulina e dislipidemia, fatores que agravam o risco de doen as cardiovasculares.[11,13]
Objetivo: Analisar as repercussões clínicas das condições impostas à vida pregressa de um paciente portador de TAB, marcada por hábitos de vida prejudiciais, aus ncia de manejo terapêutico adequado, uso prolongado de medicamentos sem padronização.
Materiais e métodos: Trata-se de um relato de caso clínico, retrospectivo, descritivo e observacional. Através da análise de receitas médicas, atestados clínicos e boletins médicos de evolução hospitalar, organizados em ordem cronológica, permitindo a avaliação da evolução dos principais marcadores bioquímicos, hematológicos e renais ao longo dos anos e durante a interna-

ção. O presente trabalho foi aprovado pelo Comitê de ética em Pesquisa da Universidade do Extremo Sul Catarinense (UNESC), sob o parecer nº 7.471.693.
Descrição: Paciente masculino de 56 anos, portador de transtorno afetivo bipolar do tipo II, diagnosticado em 2012, com histórico de instabilidade terapêutica desde o diagnóstico, com padrão de ciclagem rápida,[12,13] além disso diabetes mellitus tipo II descompensada, obesidade grau III, hipertensão arterial sistêmica refratária e dislipidemia, compondo um quadro de múltiplas comorbidades metabólicas graves – acompanhado de disfunções degenerativas musculoesqueléticas desde 2013, associado a sedentarismo absoluto, ingestão alimentar compulsiva e isolamento social. Em 2023 acometido pela COVID-19, o paciente chegou ao hospital em estado crítico apresentando dessaturação, necessitando cuidados intensivos imediatos – durante a permanência na UTI, foi mantido sob ventilação mecânica e sedação contínua, evoluiu com hiperglicemia de difícil controle, inflamação exacerbada, lesão hepática e injúria renal. Não houve melhora clínica significativa ao longo dos dias, observou-se uma piora progressiva dos marcadores laboratoriais, o paciente veio a óbito após 15 dias de internação, insuficiência renal aguda como causa principal e a infecção por COVID-19 como fator precipitante.
Discussão: O presente relato demonstra de forma contundente a inter-relação entre transtorno afetivo bipolar, comorbidades metabólicas e a resposta inflamatória exacerbada desencadeada pela infecção por SARS-CoV-2.[1,5]. Pacientes com TAB apresentam uma preval ncia significativamente aumentada de obesidade (29%) e um risco 1,6 vezes maior de desenvolver diabetes tipo 2 em comparação com a população geral[10]. No paciente analisado, alguns achados laboratoriais de 2013 e 2017, já indicavam uma trajetória compatível com diabetes descompensada e dislipidemia grave – fatores diretamente associados ao risco cardiovascular elevado[7,10]. A hipovitaminose D (<30 ng/mL), acrescenta outro fator de risco significativo, compondo um cenário que já indicativo, há mais de uma década, de disfunção neuroendócrina e imunometabólica[8,9]. Durante a internação por Covid-19 em 2023, observou-se uma escala crítica de biomarcadores inflamatórios disfuncionais. A escala inflamatória e metabólica foi evidenciada por uma PCR sustentada acima de 400 mg/L, níveis críticos de lactato até 24,3 mg/dL e um agravamento renal mensurável pela progressão da creatinina de 2,37 a 9,14 mg/dL e ureia atingindo 484 mg/dL – culminando a necessidade de suporte dialítico, ainda assim a intervenção não foi o suficiente, o paciente evoluiu para óbito como motivo principal de insuficiência renal aguda (IRA). Glicemias superiores a 700 mg/dL evidenciaram hiperglicemia refratária em terreno de resistência insulínica crônica.[6] Dados hematológicos manifestaram plaquetose reacional (150.000 a 327.000) e coagulopatia (INR 1,51; TTPA 81,2s). O conjunto de biomarcadores inflamatórios e metabólicos observados sugere que a infecção por SARS-CoV-2 não atuou como causa primária, mas como catalisador de um quadro de desregulação imunometabólico crônico agravado pela inflamação.[1,5] O desfecho, portanto, foi menos consequência de um evento agudo e mais o acúmulo de um resultado de múltiplas negligências, tanto individual quanto do próprio sistema de saúde. Portanto, a fragmentação da assistência entre saúde mental, clínica médica e acompanhamento laboratorial impede o reconhecimento precoce de riscos combinados, como neste caso.[4]
Conclusão: A análise deste caso é possível afirmar que desfechos graves associados à COVID-19 não se explicam apenas pela virulência do agente infeccioso, mas pela confluência de fatores clínicos pré existentes. No paciente em estudo, foi precedido por uma década de instabilidade metabólica, devido ao sedentarismo, padrão alimentar inadequado e obesidade – fatores reconhecidos de risco metabólico. Estudos futuros são imprescindíveis, refor ando a necessidade urgente de protocolos de manejo integrado para pacientes com transtornos psiquiátricos e risco metabólico, sobretudo em contextos pandemias. Promover vigilância metabólica e adesão terapêutica em saúde mental pode ser determinante para a sobrevida em futuras emergências sanitárias.

Palavras-chave: Covid-19; Imunometabolismo; Transtorno Bipolar Tipo II.

Referências

1. Jin Y, Yang H, Ji W, Wu W, Chen S, Zhang W, Duan G. Virology, Epidemiology, Pathogenesis, and Control of COVID-19. Viruses. 2020 Mar 27;12(4):372. doi: 10.3390/v12040372. PMID: 32230900; PMCID: PMC7232198.

2. Bohn MK, Hall A, Sepiashvili L, Jung B, Steele S, Adeli K. Pathophysiology of COVID-19: Mechanisms Underlying Disease Severity and Progression. Physiology (Bethesda). 2020 Sep 1;35(5):288-301. doi: 10.1152/physiol.00019.2020. PMID: 32783610; PMCID: PMC7426542.

3. Mendonça Filho, V. C. M.; de Oliveira, A. G.; Maia, I. F. V. C.; de Falcone, A. C. M.; Betini, B. G.; Rezende, L. B.; Magri Alves, F. H. COVID-19 in the nervous system: physiopathology and neurological manifestations. Arq Neuropsiquiatr, ISSN 0004-282X, v. 81, n. 8, p. 756-763, ago. 2023. doi: 10.1055/s-0043-1769123.

4. He Y, Yu R, Ren J. The Correlation between Psychiatric Disorders and COVID-19: A Narrative Review. Psychiatr Danub. 2021 Spring;33(1):76-85. doi: 10.24869/psyd.2021.76. PMID: 33857050.

5. Karantonis, James A., Rossell, Susan L., Berk, Michael,Van Rheenen, Tamsyn E. The mental health and lifestyle impacts of COVID-19 on bipolar disorder. Journal of Affective Disorders. 2021 march.01; 282(442-447). doi: 10.1016/j.jad.2020.12.186

6. Roshanaei-Moghaddam B, Katon W. Premature mortality from general medical illnesses among persons with bipolar disorder: a review. Psychiatr Serv. 2009 Feb;60(2):147-56. doi: 10.1176/ps.2009.60.2.147. PMID: 19176408.

7. Pillinger T, Beck K, Stubbs B, Howes O. S19. EVIDENCE OF THE LIPID PARADOX IN PSYCHOSIS: A META-ANALYSIS OF CHOLESTEROL AND TRIGLYCERIDE LEVELS IN FIRST EPISODE PSYCHOSIS. Schizophr Bull. 2018 Apr;44(Suppl 1):S330. doi: 10.1093/schbul/sby018.806. Epub 2018 Apr 1. PMCID: PMC5887551.

8. Pluvinage JV, Ngo T, Fouassier C, McDonagh M, Holmes BB, Bartley CM, et. al. Transcobalamin receptor antibodies in autoimmune vitamin B12 central deficiency. Sci Transl Med. 2024 Jun 26;16(753):eadl3758. doi: 10.1126/scitranslmed.adl3758. Epub 2024 Jun 26. PMID: 38924428; PMCID: PMC11520464.

9. Chen WY, Huang MC, Chiu CC, Cheng YC, Kuo CJ, Chen PY, Kuo PH. The interactions between vitamin D and neurofilament light chain levels on cognitive domains in bipolar disorder. BJPsych Open. 2022 Nov 28;8(6):e207. doi: 10.1192/bjo.2022.608. PMID: 36437810; PMCID: PMC9707506.

10. Liu YK, Ling S, Lui LMW, Ceban F, Vinberg M, Kessing LV, et. al. Prevalence of type 2 diabetes mellitus, impaired fasting glucose, general obesity, and abdominal obesity in patients with bipolar disorder: A systematic review andmeta-analysis. J Affect Disord. 2022 Mar 1;300:449-461. doi: 10.1016/j.jad.2021.12.110. Epub 2021 Dec 26. PMID: 34965395.

11. Poletti, S., Mazza, M.G. & Benedetti, F. Inflammatory mediators in major depression and bipolar disorder. *Transl Psychiatry* 14, 247 (2024). https://doi.org/10.1038/s41398-024-02921-z.

12. AMERICAN PSYCHIATRIC ASSOCIATION. *Practice guideline for the treatment of patients with bipolar disorder*. 2. ed. Arlington, VA: American Psychiatric Association, 2018. Disponível em: https://psychiatryonline.org/pb/assets/raw/sitewide/practice_guidelines/guideli nes/bipolar.pdf. Acesso em: 21 out. 2024.

13. BRASIL. *Portaria nº 315, de 30 de março de 2016*. Aprova o Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas do Transtorno Afetivo Bipolar do tipo I. *Diário Oficial da União*, Brasília, DF, 30 mar. 2016. Dispon'vel em: https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/pcdt/arquivos/2016/pcdt_transtornoafetivobipolar_tipoi.pdf. Acesso em: 04 set. 2024.

14. BEAR, Mark F.; CONNORS, Barry W.; PARADISO, Michael A. *Neuroscience: exploring the brain*. 4. ed. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 2017. p. 764.

P-158

Efeitos Neurocomportamentais e Endócrinos da Música em Peixes-Zebra Submetidos a Estresse Agudo Induzido por Substância de Alarme

Ana Paula Giolo Franz[1,2], Emilly Baldissarelli[3], Amanda Côrrea dos Santos[1], Eduardo Novello[1], Amanda Carolina Cole Varela[4], Lisiane Siqueira[4], Ana Júlia Redante[3], Júlia Trevizan Segalin[1], Karina Kirsten[5], Leonardo José Gil Barcellos[1,3]

1.Programa de Pós-Graduação em Bioexperimentação, Universidade de Passo Fundo (UPF), Rio Grande do Sul, CEP 99052-900
2.Hospital de Clínicas de Passo Fundo, Laboratório de Análises Clínicas, Passo Fundo, Rio Grande do Sul, CEP 99010-260

3.Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brasil
4.Programa de Pós-Graduação em Farmacologia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil
5.ATITUS EDUCAÇÃO, Rua Senador Pinheiro, 304, Bairro Rodrigues, Passo Fundo, Rio Grande do Sul, CEP 99070-220

anapfranz@hotmail.com*

Introdução
O estresse é reconhecido como um importante problema de saúde pública em todo o mundo. Na vida moderna, configura-se como um fator constante, caracterizando-se por uma condição em que a homeostase do organismo é perturbada em resposta a estímulos estressores (1).
O principal mecanismo biológico envolvido na resposta ao estresse é a ativação do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal (HPA) em mamíferos, ou do eixo hipotálamo-hipófise-interrenal (HPI) em peixes, como o peixe-zebra. Esse processo tem início com a percepção de um estímulo estressor pelo hipotálamo, que então secreta o hormônio liberador de corticotrofina (CRH). O CRH age sobre a hipófise, induzindo a liberação do hormônio adrenocorticotrófico (ACTH), o qual estimula a glândula adrenal, em mamíferos, ou a interrenal, em peixes, a sintetizar o cortisol - conhecido como o hormônio do estresse (2,3).
Ao longo dos anos, a música tem sido utilizada em diferentes culturas como um recurso para promover calma e relaxamento, sendo esses seus efeitos mais amplamente estudados (4,5). Alguns trabalhos demonstraram a eficácia da música como terapia complementar no tratamento de transtornos mentais (6). No entanto, avaliar seu impacto sobre o estresse agudo ou intenso permanece um desafio. Nesse contexto, modelos animais surgem como ferramentas valiosas para investigar os efeitos comportamentais e endócrinos de estratégias de enriquecimento ambiental, incluindo a exposição à música, especialmente à música clássica (7,8).
O peixe-zebra (*Danio rerio*) é amplamente utilizado como modelo experimental devido ao seu baixo custo de manutenção, fácil manejo, rápido desenvolvimento e alta homologia genômica com o ser humano (9,10). Dentre suas particularidades, destaca-se a presença de células epidérmicas conhecidas como *club cells* (CCs), que, quando danificadas durante um ataque de predador, liberam uma substância de alarme que desencadeia uma resposta de medo em indivíduos próximos (11). Esse sinal químico atua como um forte indicador de risco, favorecendo comportamentos de defesa coletiva e aumentando a chance de sobrevivência do cardume (12).

Objetivos
O presente estudo se propõe a investigar os efeitos da exposição à música sobre respostas neurocomportamentais e neuroendócrinas no peixe-zebra após a indução de estresse agudo por meio da substância de alarme.

Materiais e Métodos
Todos os procedimentos experimentais foram realizados de acordo com as diretrizes do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA) do Brasil. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética para Uso Animal da Universidade de Passo Fundo (CEUA), Brasil (protocolo CEUA 10/2023).

Animais
Um total de 160 peixes zebra selvagens, adultos, mistos (proporção macho e fêmea 1:1), linhagem *shortfin*, foram usados neste estudo. Relevante para os objetivos deste estudo, os níveis de ruído de base no laboratório foram de 50–55 dB (com frequência variando de 240 a 420 Hz) e consistiam principalmente de sons produzidos por equipamentos de criação de peixes, como aeradores e bombas de água. Os peixes do grupo controle foram mantidos longe da sala usada para exposição à música da coorte experimental ("tratada"). Nenhum outro som foi apresentado ao grupo de controle, e sua única diferença em relação ao grupo experimental foi a falta de exposição à música e a CAS durante os experimentos.

Exposição a música
As sessões de música foram conduzidas conforme um estudo prévio de nosso grupo (8) e consistiram em uma seleção de duas horas de música clássica de Vivaldi, com intensidade sonora entre 65 e 75 dB e frequência variando de 330 a 506 Hz em dois períodos: pela manhã, às 8h30, e à tarde, às 17h30.

Extração e exposição a substância de alarme de coespecíficos (CAS)
Para extração da CAS, o procedimento descrito em Maximino et al (13) foi seguido. Resumidamente, 6 animais foram transferidos coletivamente para um tanque de teste com 1,5 L de água destilada, por um período de aclimatação de 10 min. Outro animal doador foi anestesiado a frio e sacrificado por decapitação, e o excesso de sangue foi removido com cotonetes absorventes. Foram feitos 15 cortes rasos na epiderme do tronco, e a região foi submersa em 10 mL de água destilada; 7 mL dessa suspensão foram adicionados à água do tanque de exposição, na qual todos os 6 animais foram expostos por 6 min. Os grupos controle foram expostos à água destilada.

Teste de memória espacial – Labirinto em Y
A memória espacial foi testada em um labirinto em Y com estímulos visuais distintos. O protocolo consistiu em duas fases (exploração e teste), separadas por 1 h, nas quais o tempo de permanência no braço novo foi usado como índice de memória (14).

Determinação de cortisol
Para a análise do cortisol corporal total, seguiu-se o método descrito por Sink et al. (15), com adaptações. Cada peixe foi pesado para expressar a concentração de cortisol em $ng.g^{-1}$. As amostras foram homogeneizadas com solução tampão fosfato (PBS, pH 7,3) por 30s em um tubo de ensaio. Em seguida, a amostra foi transferida para outro tubo de ensaio, onde foram adicionados 3 mL de éter etílico. A mistura foi homogeneizada por 30s, submersa em nitrogênio líquido (N2) e o éter etílico foi transferido para outro tubo imediatamente após. Este processo é repetido três vezes e, em seguida, todos os tubos contendo o éter etílico são colocados em banho-maria (37°C) por 12h para evaporar completamente o éter etílico. Finalmente, 200 µL de PBS foram adicionados para ressuspender o extrato lipídico, que foi então armazenado a -20°C para posterior análise por imunoensaio de cortisol (ELISA - Kit Cortisol Elisa DBC - Diagnostic Biochem Canada Inc.).

Análise Estatística
Os dados foram calculados em mediana ± intervalo interquartil e analisados por uma ANOVA de uma via seguida pelo teste de Kruskal-Wallis. Todos os dados foram considerados significativos quando $p < 0,05$.

Resultados e Discussão
O tratamento com música depois da exposição à CAS reverteu os prejuízos causados pela substância, restaurando os níveis de exploração aos padrões similares aos dos peixes controle não expostos à CAS e reduzindo os níveis de cortisol de corpo total. Esse efeito da música é reforçado pelo tempo gasto no braço novo dos peixes do grupo controle 2, que passaram pelo mesmo período de intervalo entre a CAS e o teste, porém sem música. Esse resultado é importante para descartar uma possível extinção do comportamento provocado pela CAS sem ligação com a exposição à música, uma vez que nesses peixes sem tratamento musical, a reversão do efeito não foi observada.
Demonstramos que a exposição à substância de alarme (CAS) provocou alterações comportamentais no teste do labirinto em Y, marcadamente reduzindo a exploração do braço novo, como indicado pelo menor tempo gasto nesse segmento. Esses resultados reforçam o potencial do modelo animal (peixe-zebra) do teste parametrizado de comportamento (labirinto em Y) e da substância, como modelos para investigar os impactos do estresse agudo intenso na cognição e memória (16,17).
Por outro lado, a música administrada antes da exposição não demonstrou efeitos na recuperação dos prejuízos cognitivos e na redução de níveis de cortisol provocados pela CAS. Esses achados sugerem que a música pode exercer um efeito tipo-ansiolítico ou restaurador (por ter aumentado o tempo gasto no braço novo e reduzido os níveis de cortisol) no peixe-zebra após um episódio de estresse agudo, no caso, provocado pela exposição à CAS. De fato, a CAS tem sido reportada como estressor (17,18) e causadora de comportamentos tipo-ansiedade (18-21).
As respostas ao estresse, tanto centrais quanto periféricas, podem ser ativadas por qualquer estímulo ambiental novo ou potencialmente ameaçador,

desencadeando alterações comportamentais que promovem a adaptação e visam manter e restaurar o equilíbrio (22,23). Já a exposição a estressores incontroláveis, sejam eles homotípicos, heterotípicos ou crônicos, pode amplificar as respostas comportamentais e neuroendócrinas por meio de um processo de sensibilização (24). Quando a intensidade do estressor é elevada, essa sensibilização pode se expandir para estímulos não diretamente relacionados ao evento inicial e permanecer por longos períodos. Mesmo uma única e breve exposição pode ser suficiente para desencadear essa resposta generalizada (25,26).

Em estudos já realizados por nosso grupo, o peixe-zebra apresentou efeitos significativos da exposição à música no cérebro e no comportamento. Por exemplo, peixes adultos expostos à música de Vivaldi por duas horas, duas vezes ao dia, durante 15 dias, exibiram redução do comportamento semelhante à ansiedade nos testes do tanque novo e claro-escuro. Além disso, observaram-se níveis periféricos mais baixos de citocinas pró-inflamatórias, como o interferon-gama (INF-γ) (8).

Conclusão

Demonstramos que o enriquecimento ambiental com a música após a exposição à CAS foi eficaz em restaurar funções cognitivas e reduzir os níveis de cortisol no peixe-zebra. No entanto, a administração prévia da música não apresentou benefícios claros. Esses achados reforçam a hipótese de que a música pode atuar como um modulador das respostas ao estresse intenso.

Palavras-chave: Estresse Agudo, Cortisol, Peixe-Zebra.

Referências

1. Mariotti, A. The effects of chronic stress on health: new insights into the molecular mechanisms of brain–body communication. Future Science OA, v. 1, n. 3, p. fso.15.21, 2015.

2. Alderman, S. L.; Bernier, N. J. Ontogeny of the corticotropin-releasing factor system in zebrafish. General and Comparative Endocrinology, v. 164, n. 1, p. 61–69, 2009.

3. Smith, S. M.; Vale, W. W. The role of the hypothalamic-pituitary-adrenal axis in neuroendocrine responses to stress. Dialogues in Clinical Neuroscience, v. 8, n. 4, p. 383– 395, 2006.

4. Dos Santos AC, de Abreu MS, de Mello GP, Costella V, do Amaral NR, Zanella A, et al. Solfeggio-frequency music exposure reverses cognitive and endocrine deficits evoked by a 24-h light exposure in adult zebrafish. Behavioural brain research [Internet]. 2023 Jul 26;450:114461. Available from: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/37119977

5. Thompson RG, Moulin CJA, Hayre S, Jones RW. Music Enhances Category Fluency In Healthy Older Adults And Alzheimer's Disease Patients. Exp Aging Res [Internet]. 2005 Jan 1;31(1):91–9. Available from: https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/03610730590882819

6. Irish M, Cunningham CJ, Walsh JB, Coakley D, Lawlor BA, Robertson IH, et al. Investigating the Enhancing Effect of Music on Autobiographical Memory in Mild Alzheimer's Disease. Dement Geriatr Cogn Disord [Internet]. 2006 Jun;22(1):108–20. Available from: https://karger.com/DEM/article/doi/10.1159/000093487

7. Pezzin LE, Larson ER, Lorber W, McGinley EL, Dillingham TR. Music-instruction intervention for treatment of post-traumatic stress disorder: A randomized pilot study. BMC Psychol. 2018 Dec 19;6(1).

8. Barcellos HHA, Koakoski G, Chaulet F, Kirsten KS, Kreutz LC, Kalueff A V., et al. The effects of auditory enrichment on zebrafish behavior and physiology. PeerJ [Internet]. 2018 Jul 23;6(7):e5162. Available from: https://peerj.com/articles/5162

9. Trigueiro NSDS, Canedo A, Braga DLDS, Luchiari AC, Rocha TL. Zebrafish as an Emerging Model System in the Global South: Two Decades of Research in Brazil. Zebrafish. 2020;17(6):412–25.

10. Renshaw SA, Trede NS. A model 450 million years in the making: Zebrafish and vertebrate immunity. DMM Disease Models and Mechanisms. 2012;5(1):38–47.

11. Ferrari MCO, Wisenden BD, Chivers DP. Chemical ecology of predator–prey interactions in aquatic ecosystems: a review and prospectusThe present review is one in the special series of reviews on animal–plant interactions. Can J Zool [Internet]. 2010 Jul;88(7):698–724. Available from: http://www.nrcresearchpress.com/doi/10.1139/Z10-029

12. Brown GE, Adrian JC, Naderi NT, Harvey MC, Kelly JM. Nitrogen oxides elicit antipredator responses in juvenile channel catfish, but not in convict cichlids or rainbow trout: conservation of the Ostariophysan alarm pheromone. Vol. 29, Journal of Chemical Ecology. 2003.

13. Maximino C, Lima MG, Costa CC, Guedes IML, Herculano AM. Fluoxetine and WAY 100,635 dissociate increases in scototaxis and analgesia induced by conspecific alarm substance in zebrafish (Danio rerio Hamilton 1822). Pharmacol Biochem Behav. 2014;124:425–33.

14. Cognato G de P, Bortolotto JW, Blazina AR, Christoff RR, Lara DR, Vianna MR, et al. Y-Maze memory task in zebrafish (Danio rerio): The role of glutamatergic and cholinergic systems on the acquisition and consolidation periods. Neurobiol Learn Mem. 2012;98(4):321–8.

15. Sink, T.D., Lochmann, R.T., Fecteau, K.A., 2008 Mar 24. Validation, use, and disadvantages of enzyme-linked immunosorbent assay kits for detection of cortisol in channel catfish, largemouth bass, red pacu, and golden shiners. Fish Physiol. Biochem. 34 (1), 95–101 [Internet]. [cited 2025 Feb 28]. Available from: https://li nk.springer.com/article/10.1007/s10695-007-9150-9.

16. Kim YH, Lee Y, Kim D, Jung MW, Lee CJ. Scopolamine-induced learning impairment reversed by physostigmine in zebrafish. Neurosci Res [Internet]. 2010 Jun;67(2):156–61. Available from: https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0168010210000702

17. Gaikwad S, Stewart A, Hart P, Wong K, Piet V, Cachat J, et al. Acute stress disrupts performance of zebrafish in the cued and spatial memory tests: The utility of fish models to study stress–memory interplay. Behavioural Processes [Internet]. 2011 Jun;87(2):224–30. Available from: https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0376635711000805

18. Canzian J, Fontana BD, Quadros VA, Rosemberg DB. Conspecific alarm substance differently alters group behavior of zebrafish populations: Putative involvement of cholinergic and purinergic signaling in anxiety- and fear-like responses. Behavioural Brain Research. 2017 Mar 1;320:255–63.

19. Quadros VA, Costa F V., Canzian J, Nogueira CW, Rosemberg DB. Modulatory role of conspecific alarm substance on aggression and brain monoamine oxidase activity in two zebrafish populations. Prog Neuropsychopharmacol Biol Psychiatry. 2018 Aug 30;86:322–30.

20. Quadros VA, Silveira A, Giuliani GS, Didonet F, Silveira AS, Nunes ME, et al. Strain- and context-dependent behavioural responses of acute alarm substance exposure in zebrafish. Behavioural Processes. 2016 Jan 1;122:1–11.

21. Speedie N, Gerlai R. Alarm substance induced behavioral responses in zebrafish (Danio rerio). Behavioural Brain Research [Internet]. 2008 Mar 17;188(1):168–77. Available from: https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0166432807005797

22. de Kloet ER, Joëls M, Holsboer F. Stress and the brain: from adaptation to disease. Nat Rev Neurosci [Internet]. 2005 Jun;6(6):463–75. Available from: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15891777

23. Huether G. The central adaptation syndrome: Psychosocial stress as a trigger for adaptive modifications of brain structure and brain function. Prog Neurobiol [Internet]. 1996 Apr;48(6):569–612. Available from: https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/0301008296000032

24. Lima MG, Silva RX do C, Silva S de N dos S, Rodrigues L do S dos S, Oliveira KRHM, Batista E de JO, et al. Time-dependent sensitization of stress responses in zebrafish: A putative model for post-traumatic stress disorder. Behavioural Processes. 2016;128:70–82

25. Huether G. The central adaptation syndrome: Psychosocial stress as a trigger for adaptive modifications of brain structure and brain function. Prog Neurobiol [Internet]. 1996 Apr;48(6):569–612. Available from: https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/0301008296000032

26. Hunziker MHL. O desamparo aprendido revisitado: estudos com animais. Psicologia: Teoria e Pesquisa [Internet]. 2005 Aug;21(2):131–9. Available from: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-37722005000200002&lng=pt&tlng=pt

ÁREA: ENSINO EM SAÚDE, ANÁLISES CLÍNICAS E EDUCAÇÃO CONTINUADA

P-024

Estudo da Contaminação Microbiológica em Aparelhos Celulares de Profissionais Atuantes em Laboratórios de Análises Clínicas em uma Unidade Hospitalar

Daniele Camargo da Silva[1,2], Dayane Fraga da Silva[2], Laiane Silva Souza[2], Julia Batista Dornelas[2], Matheus Gabriel Brandão da Silva[2]

[1]Universidade Estadual Paulista - UNESP/ São José do Rio Preto-SP; [2]Laboratório Rio Verde - LABRV/ Rio Verde-Goiás

*danicamargojti2014@gmail.com

Introdução: O ambiente hospitalar é propício à disseminação de microrganismos patogênicos devido à presença de pacientes colonizados e/ou infectados, além da frequente contaminação de superfícies inanimadas e dispositivos utilizados na assistência à saúde. Aparelhos celulares, amplamente utilizados por profissionais da área, estão sujeitos à contaminação microbiológica, podendo atuar como vetores de patógenos responsáveis por diversas doenças, cuja gravidade depende da resposta imunológica do hospedeiro. Objetivo: Investigar a presença de microrganismos em celulares utilizados por analistas clínicos em um laboratório hospitalar. Materiais e Métodos: Trata-se de um estudo analítico, com abordagem quantitativa. Foram realizadas coletas microbiológicas em celulares por meio de swabs estéreis, embebidos em solução salina estéril, com posterior cultivo em meios de cultura Ágar. As leituras foram feitas após 24 e 48 horas de incubação. Resultados e Discussão: Entre os aparelhos avaliados, 57,14% apresentaram bactérias Gram-positivas (CGP), 28,57% bactérias Gram-negativas (BGN) e 14,28% leveduras. A espécie mais frequentemente identificada foi o *Staphylococcus* coagulase-negativa, presente em 94% das amostras. Os resultados reforçam a necessidade de revisão dos protocolos de higiene em ambientes laboratoriais/hospitalares, considerando o uso constante de dispositivos moveis. Conclusão: A contaminação microbiológica de celulares utilizados por profissionais da saúde em ambientes hospitalares é uma realidade, evidenciando o potencial desses dispositivos como vetores de bactérias patogênicas. Assim, destaca-se a importância da implementação de medidas preventivas e da revisão dos protocolos de higiene para minimizar os riscos de contaminação cruzada.

Palavras-chave: Contaminação; Agente patogênico; Celulares.

P-150

Qualibingo: Ferramenta de Ensino-Aprendizagem Inovadora na Promoção da Qualidade em Análises Clínicas em um Hospital Universitário da Região Sul.

Karla Nunes Pereira[1*], Sabrina Gonçalves Aguiar Soares[1], Liege Gonçalves Cassenote[1]

[1]Hospital Universitário de Santa Maria

*karlanunespereiragazzoni@gmail.com

Introdução: A excelência nos serviços de saúde está diretamente relacionada à consolidação da cultura da qualidade. Com a publicação da RDC nº 786/2023, tornou-se imprescindível aprimorar práticas de qualidade e segurança do paciente na rotina dos laboratórios de análises clínicas. **Objetivo:** Promover a cultura da qualidade e da segurança do paciente de forma lúdica, interativa e alinhada ao Programa de Gestão da Qualidade da Rede EBSERH, preparando a equipe para a avaliação anual da qualidade. **Método:** A Comissão de Avaliação Interna da Qualidade (AVAQualis) desenvolveu o "Qualibingo", um jogo educativo aplicado a duas turmas de colaboradores do laboratório, em junho de 2023. O jogo contou com 21 perguntas sobre qualidade e segurança do paciente, distribuídas em 12 cartelas distintas, com 12 respostas cada. As perguntas eram sorteadas por roleta e lidas por um facilitador. O primeiro colaborador a levantar a mão podia responder. Em caso de erro, outros participantes tinham a chance de responder. Recursos visuais e documentos institucionais complementaram o aprendizado. Acertos eram recompensados com "dinheiro fictício", e prêmios eram distribuídos ao completar linhas, colunas ou ao fazer "bingo". **Resultados:** A atividade gerou alto engajamento, entusiasmo e troca de experiências entre os participantes, promovendo o aprendizado colaborativo. **Conclusão:** O "Qualibingo" demonstrou ser uma ferramenta eficaz e inovadora para o ensino-aprendizagem em saúde, contribuindo para o fortalecimento da cultura da qualidade e segurança do paciente, temas ainda incipientes em muitos laboratórios de análises clínicas.

Palavras-chave: qualidade, análises clínicas, ensino-aprendizagem

ÁREA: GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

P-038

Emprego da Análise Cromossômica por Microarray na Investigação Genética do Transtorno do Espectro Autista

COMUNICAÇÃO ORAL

Beatriz Ribeiro Versiani[1], Giovana Vera Bortolini[1], Maria Odélia Carneiro Franco[1], Ana Daniela Cabianca Pacheco Kul[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Henrique Borges Kappel[1], Maria Alice Escalante Lima[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde

Introdução: O Transtorno do Espectro Autista (TEA) é uma condição do neurodesenvolvimento com início na infância e apresenta características variadas entre os indivíduos. É marcado por dificuldades na comunicação e na interação social, além de comportamentos repetitivos, interesses restritos e alterações na forma como os estímulos sensoriais são percebidos. A origem do TEA não está completamente esclarecida, embora se saiba que fatores genéticos desempenham papel importante. Com o avanço das tecnologias moleculares, como a análise cromossômica por *microarray*, tornou-se possível detectar variações submicroscópicas no número de cópias de segmentos do DNA, conhecidas como *copy number variations* (CNVs), que podem estar associadas ao TEA. Estudos indicam que CNVs clinicamente relevantes são identificadas em 9,3% a 29,0% dos casos de TEA não sindrômico. **Objetivos:** Avaliar resultados de análises cromossômicas por *microarray* realizadas em pacientes com hipótese diagnóstica de TEA em laboratório privado de saúde, de grande porte, entre 1º de janeiro de 2023 e 31 de dezembro de 2024. **Material e Métodos:** Foram analisados os pedidos médicos de *microarray* durante o período citado e incluídos os casos com hipótese diagnóstica de "transtorno do espectro autista", "autismo" ou "TEA", ou com os códigos CID F84.0, F84.1 ou F84.5. Após essa avaliação, os resultados foram avaliados quanto à presença de CNVs e comparados com dados da literatura científica. (CEP número 78337624.7.0000.0023) **Resultados e Discussão:** Das 212 análises realizadas, 99 estavam relacionadas ao TEA. Destas, 16 apresentaram alterações genéticas detectáveis, o que corresponde a uma taxa de 16,0% de positividade. Esse resultado está de acordo com estudos anteriores que apontam taxas entre 14% e 46%. **Conclusão:** Os resultados reforçam a importância do uso da análise por *microarray* em pacientes com TEA, contribuindo para o diagnóstico, manejo clínico e aconselhamento genético.

Palavras-chave: Transtorno do espectro autista, TEA, Análise cromossômica por *microarray*.

P-040

Detecção de *Bordetella pertussis* por qPCR em um Laboratório de Saúde Pública de Roraima e Monitoramento da Resistência aos Macrolídeos (2024-2025)

Natana Ferreira de Oliveira Xavier[1,2]*, Luisa Tajujá Rocha[1,3], Cátia Alexandra Ribeiro Menezes[1,4], Juliana Cristina Ferreira[1,3]

[1]LACEN/RR – Laboratório Central de Saúde Pública de Roraima; [2] EBSERH – Hospital Universitário da Universidade Federal de Roraima; [3] HCSA – Hospital da Criança Santo Antônio; [4] IFRR – Instituto Federal de Roraima.

*natana_ferreira@hotmail.com

Introdução: A *Bordetella pertussis* é o agente etiológico da coqueluche, uma infecção respiratória altamente transmissível que pode acometer indivíduos de todas as idades. A semelhança clínica com outras infecções respiratórias e a subnotificação dificultam o diagnóstico, sendo a detecção molecular uma ferramenta fundamental. Diante desse cenário, foi iniciado um projeto colaborativo com o objetivo de fortalecer a vigilância laboratorial e monitorar a resistência antimicrobiana, especialmente aos macrolídeos – classe de escolha para o tratamento da coqueluche. **Objetivo:** Apresentar os dados referentes à detecção de casos de coqueluche no Estado de Roraima, no período de março de 2024 a março de 2025, por meio da técnica de qPCR. **Material e Métodos:** Trata-se de um estudo descritivo, de base documental e abordagem quantitativa. Os dados foram obtidos do Sistema Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL). Foram analisadas 2.829 amostras de Swab Nasofaringe: 2.768 provenientes de notificações de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG), Síndrome Gripal (SG) e COVID-19 e 61 amostras encaminhadas para investigação de *Bordetella pertussis*. O estudo foi isento de avaliação ética por utilizar dados secundários sem identificação**. Resultados e Discussão:** Dos casos analisados no período descrito, oito foram positivas para *B. pertussis*. Essas foram encaminhadas ao Instituto Adolfo Lutz para análise de resistência aos macrolídeos, não sendo detectada resistência em duas amostras analisadas até o momento. **Conclusão:** Os dados apresentados sobre a detecção de *B. pertussis* por qPCR em Roraima, no contexto do monitoramento da resistência aos macrolídeos, evidenciam a relevância da vigilância laboratorial contínua. A confirmação de casos e a ausência de resistência nas amostras analisadas reforçam a importância da qPCR no diagnóstico e na orientação das ações de saúde pública, contribuindo diretamente para os objetivos do projeto e para o fortalecimento da capacidade técnica do LACEN-RR.

Palavras-chave: Coqueluche, PCR em Tempo Real, resistência aos macrolídeos.

P-051

Padronização de Metodologia Diagnóstica para Fusões Cromossomais: uma Análise Comparativa Entre RT-PCR e NGS Para Detecção Simultânea Das Principais Fusões na Leucemia Mieloide Aguda

Andressa Folha Vieira[1], Fabián Andres Hurtado Erazo[1], Miguel de Souza Andrade[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde

Introdução: A Leucemia Mieloide Aguda (LMA) é uma neoplasia hematológica agressiva, caracterizada por alterações genéticas entre as quais se destacam as fusões gênicas, que podem ser utilizadas como marcadores moleculares para diagnóstico e estratificação de risco. **Objetivos:** Desenvolver e validar um método baseado em RT-qPCR para a detecção simultânea de oito fusões gênicas associadas à LMA: PML::RARA, RUNX1::RUNX1T1, CBFB::MYH11, BCR:ABL1 (p210 e p190), KMT2A::MLLT1, KMT2A::MLLT3 e KMT2A::MLLT10. **Material e métodos:** Foram incluídos 11 pacientes com LMA, diagnosticados por meio de sangue periférico e/ou aspirado de medula óssea, dos quais seis apresentaram fusões gênicas. O RNA total foi extraído, quantificado e submetido à transcrição reversa, seguido por RTqPCR usando QuantiNova Probe RT-PCR (Qiagen). Primers e sondas basearam-se em estudos prévios e especificidade verificada *in silico*. As reações foram organizadas em triplexes com fluoróforos distintos (FAM, HEX, CY5) para detecção simultânea. A técnica foi comparada ao sequenciamento de nova geração (NGS), realizado com o painel AmpliSeq for Illumina Myeloid Panel, cuja parte de RNA permite a detecção de fusões gênicas, para validação dos resultados. Diluições seriadas de DNA plasmidial foram usadas para determinação do limite de detecção (LOD), e amostras clínicas com resultados previamente conhecidos foram utilizadas para avaliar a repetibilidade e a reprodutibilidade do método. (CAAE: 69557823.0.0000.0030). **Resultados e discussão:** O método apresentou concordância total com o NGS (11/11), incluindo concordância positiva (6/6) e negativa (5/5) de 100%, com limites de detecção variando entre 192 e 579 cópias por reação. A avaliação da

repetibilidade e da reprodutibilidade foi realizada com amostras positivas e negativas processadas em diferentes experimentos (intra e interensaio), resultando em 100% de concordância. **Conclusão:** A estratégia mostrou-se robusta, rápida e de baixo custo, sendo ideal para implementação em serviços de diagnóstico de rotina, sendo uma alternativa viável ao NGS em contextos com recursos limitados.

Palavras-chave: Leucemia mieloide aguda, Fusões gênicas, NGS

P-065

Aplicação de Sondas LNA Para a Identificação De Variantes Genéticas Prevalentes No Gene DPYD Na População Brasileira

COMUNICAÇÃO ORAL

Andressa Folha Vieira[1], Fabián Andres Hurtado Erazo[1], Miguel de Souza Andrade[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde

Introdução

O avanço da biotecnologia tem impulsionado o desenvolvimento de uma ampla gama de compostos e ferramentas moleculares, promovendo inovações significativas nas áreas de pesquisa básica, diagnósticos clínicos e medicina personalizada. Entre essas inovações, destaca-se a tecnologia de Locked Nucleic Acid (LNA), criada no final da década de 1990, cuja versatilidade permitiu aplicações que vão desde o carreamento farmacológico até o aprimoramento de técnicas de PCR em tempo real[1]. Os oligonucleotídeos de LNA são análogos estruturais do RNA modificados por uma ligação interna entre os carbonos 2' e 4' do açúcar, promovendo um "trancamento" conformacional que estabiliza a estrutura da fita e favorece a formação de duplas fitas altamente estáveis[1].

A presença de nucleotídeos modificados pode elevar a temperatura de melting (Tm) em 2 a 8 ºC por base incorporada, aumentando a especificidade da ligação entre a sonda e o alvo genético. Essas características estruturais têm ampliado o uso de LNA na detecção de variantes genéticas por PCR, com melhorias relevantes em termos de sensibilidade, especificidade, velocidade de anelamento e economia de reagentes. Estudos comparativos demonstram que sondas com LNA apresentam platôs de fluorescência mais consistentes, menor variabilidade entre replicatas e valores de Cq reduzidos em relação a sondas tradicionais como TaqMan e Scorpion[2]. Além disso, a tecnologia tem se destacado pela elevada sensibilidade à presença de mismatches de uma única base, fundamental para aplicações diagnósticas[3].

No campo da farmacogenética, a adoção de sondas baseadas em LNA tem se mostrado promissora na detecção de variantes funcionais no gene DPYD, cuja proteína codificada participa do metabolismo das fluoropirimidinas, uma classe de quimioterápicos amplamente utilizada. A detecção eficiente dessas variantes é essencial para a individualização da dose e prevenção de toxicidades severas associadas à quimioterapia. Um protocolo recente com sondas LNA foi proposto para identificar essas alterações em contexto clínico, com foco na segurança terapêutica e no ajuste de dose baseado no genótipo[5].

A validação e adaptação local de metodologias moleculares robustas, como as baseadas em LNA, representa um avanço estratégico para a medicina de precisão no Brasil. A possibilidade de aplicar tecnologias de alta sensibilidade e especificidade diretamente em pacientes que se beneficiarão delas reforça o papel dos laboratórios clínicos na promoção de um cuidado mais seguro, eficiente e personalizado. Essa incorporação traduz o verdadeiro impacto da biotecnologia: transformar inovação científica em benefício direto ao paciente.

Objetivos

Este estudo teve como objetivo implementar e validar uma metodologia baseada em sondas Locked Nucleic Acid (LNA) para detecção de variantes genéticas no gene DPYD, previamente desenvolvida para uso em contextos de medicina personalizada. A proposta incluiu a adaptação do protocolo ao ambiente laboratorial brasileiro, com foco na viabilidade técnica e na aplicabilidade em diagnósticos clínicos realizados em um serviço privado de Biologia Molecular.

Material e métodos

Foram incluídas amostras de sangue periférico de 21 pacientes previamente genotipados, com resultados confirmatórios disponíveis. A extração do DNA genômico foi realizada com o sistema automatizado Maxwell® (Promega), utilizando o kit Maxwell® RSC Whole Blood DNA, a partir de 300 µL de sangue homogeneizado por 10 minutos.

As reações de PCR em tempo real foram conduzidas no equipamento CFX96 Real-Time PCR Detection System (Bio-Rad), com o protocolo térmico composto por desnaturação inicial a 95 °C por 3 minutos, seguida de 40 ciclos de 95 °C por 15 segundos e 62 °C por 1 minuto.

Foram avaliadas cinco variantes clinicamente relevantes do gene *DPYD* , com prevalência documentada na população brasileira: c.557A>G, c.1129–5923C>G/c.1236G>A (HapB3), c.1679T>G (DPYD*13), c.1905+1G>A (DPYD*2A) e c.2846A>T.

As concentrações de oligonucleotídeos foram ajustadas conforme a especificidade de cada alvo. Para as variantes c.557A>G, c.1679T>G, c.1905+1G>A e c.2846A>T, foram utilizados primers forward e reverse a 500 nM, e sondas de alelo de referência e variante a 250 nM cada. A variante combinada HapB3 foi analisada com primers a 500 nM, sonda de referência a 150 nM e sonda variante a 350 nM.

A análise foi realizada no software CFX Manager dx (Bio-Rad) no módulo de "*Allelic discrimination*", com base na fluorescência final das sondas para alelo de referência (ex: FAM) e variante (ex: HEX). Os sinais foram plotados em gráfico bidimensional, e os genótipos foram classificados automaticamente por agrupamento: homozigotos apresentaram fluorescência predominante em um canal, enquanto heterozigotos mostraram sinais intermediários ou altos em ambos.

Resultado e Discussão

A aplicação da tecnologia de sondas Locked Nucleic Acid (LNA) em PCR em tempo real demonstrou elevada eficácia para a detecção das cinco variantes mais prevalentes do gene DPYD na população brasileira: c.557A>G, c.1129–5923C>G/c.1236G>A (HapB3), c.1679T>G (DPYD13), c.1905+1G>A (DPYD2A) e c.2846A>T. A Figura 1 apresenta o gráfico de discriminação alélica para as cinco variantes pesquisadas. Todas as amostras analisadas (n = 21), previamente genotipadas por metodologias confirmatórias, foram corretamente identificadas com base na metodologia implementada. Entre os indivíduos testados, dois apresentaram resultados compatíveis com heterozigose para as variantes HapB3 e c.2846A>T.

Os ensaios mostraram curvas de amplificação com boa definição e alta reprodutibilidade entre replicatas, o que reforça a robustez analítica da técnica. A sensibilidade para detecção de mismatches de base única esteve de acordo com os dados da literatura[3,4], o que é essencial em aplicações clínicas de alta precisão. Quando comparada a tecnologias tradicionais como sondas de hidrólise (TaqMan), sondas com estrutura em hairpin (Scorpion), a abordagem baseada em LNA demonstrou desempenho superior, com platôs de fluorescência mais elevados e menor variabilidade interamostral[2]. Além disso, a possibilidade de utilização de primers mais curtos e a operação em temperaturas de anelamento elevadas contribuíram para um protocolo mais enxuto, robusto e adaptável à rotina laboratorial, com redução no consumo de reagentes e tempo de processamento[1].

A adaptação bem-sucedida da metodologia ao contexto laboratorial brasileiro confirma a viabilidade de sua implementação em ambientes clínicos. Sua aplicação na detecção de variantes funcionais do gene DPYD representa um avanço relevante em farmacogenética, permitindo a individualização do tratamento com fluoropirimidinas. A identificação prévia dessas variantes pode evitar toxicidades graves em pacientes oncológicos, promovendo maior segurança terapêutica e destacando o papel essencial do diagnóstico molecular na medicina personalizada.

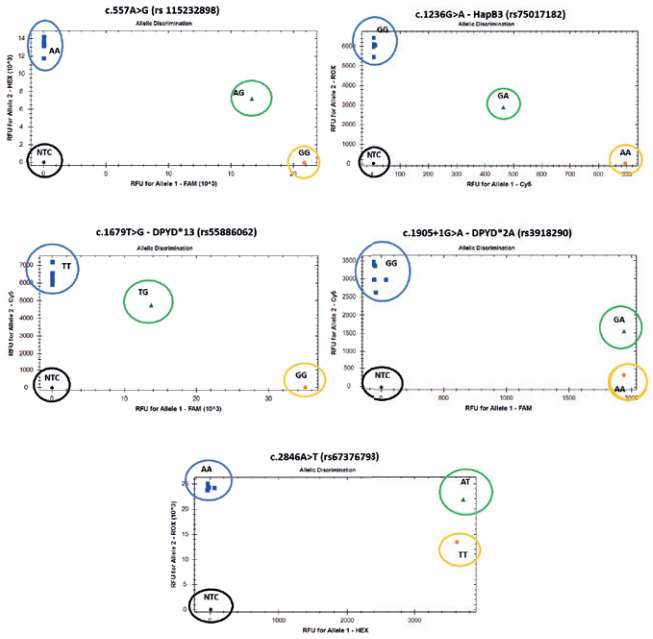


Figura 1. Discriminação alélica por PCR em tempo real de variantes no gene DPYD. Gráficos de dispersão representando os resultados de genotipagem para cinco variantes do gene DPYD: c.557A>G (rs115232898), c.1236G>A – HapB3 (rs75017182), c.1679T>G – DPYD13 (rs55886062), c.1905+1G>A – DPYD2A (rs3918290), e c.2846A>T (rs67376798). Os eixos representam a fluorescência relativa (RFU) de cada alelo, detectada por sondas específicas. Cada ponto corresponde a uma amostra testada: genótipos homozigotos para o alelo de referência (azul), heterozigotos (verde), homozigotos para o alelo variante (laranja) e controles negativos (NTC – sem DNA; preto). A separação clara entre os agrupamentos indica uma genotipagem eficiente e específica para cada variante analisada.

Conclusão

A aplicação de sondas Locked Nucleic Acid (LNA) para a detecção de variantes funcionais no gene DPYD demonstrou elevada sensibilidade, especificidade e robustez analítica, comprovando-se adequada para a rotina de diagnóstico molecular. A metodologia apresentou excelente desempenho técnico, alinhando-se aos dados disponíveis na literatura e reforçando seu potencial para integração em estratégias de farmacogenética clínica no Brasil. A identificação segura de variantes relacionadas à metabolização de fluoropirimidinas contribui diretamente para a individualização terapêutica, prevenção de reações adversas e promoção de um cuidado mais eficaz e seguro ao paciente oncológico. Além disso, os resultados obtidos evidenciam o valor da incorporação de inovações biotecnológicas às análises laboratoriais, consolidando o papel do diagnóstico molecular como ferramenta fundamental na consolidação da medicina personalizada.

Palavras-chave: Locked Nucleic Acid (LNA); PCR em tempo real; Gene DPYD; Farmacogenética; Diagnóstico molecular.

Referências

1. Lundin KE, et al. Biological activity and biotechnological aspects of locked nucleic acids. Adv Genet. 2013;82:47–107. doi:10.1016/B978-0-12-407676-1.00002-0.

2. Reynisson E, et al. Evaluation of probe chemistries and platforms to improve the detection limit of real-time PCR. J Microbiol Methods. 2006;66(2):206–216.

3. Josefsen MH, et al. Diagnostic PCR: comparative sensitivity of four probe chemistries. Mol Cell Probes. 2009;23(3):201–203.

4. Turner AJ, et al. Updated DPYD HapB3 haplotype structure and implications for pharmacogenomic testing. Clin Transl Sci. 2024 Jan;17(1):e13699. doi:10.1111/cts.13699. PMID: 38129972.

5. Wu A, et al. Implementation of pharmacogenetic testing in oncology: DPYD-guided dosing to prevent fluoropyrimidine toxicity in British Columbia. Front Pharmacol. 2023 Sep 8;14:1257745. doi:10.3389/fphar.2023.1257745. PMID: 37745065.

P-066

Validação de RT-qPCR Multiplex para Detecção Simultânea de Nove Arbovírus Relevantes no Diagnóstico Laboratorial no Brasil

Thais Lima de Sena[1], Miguel de Souza Andrade[1], Aryadne Sara Cardoso Silva Oliveira[1], Yanara Alves Costa[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde

Introdução: Os vírus Mayaro e Oropouche, historicamente restritos à região amazônica, vêm mostrando sinais de expansão. Surtos recentes de Oropouche em estados como Acre, Amazonas, Rondônia e até no Distrito Federal sugerem avanço geográfico. Casos esporádicos de Mayaro fora da Amazônia também indicam circulação silenciosa. A presença de vetores urbanos e a semelhança clínica com outras arboviroses dificultam o diagnóstico e favorecem a subnotificação, ampliando o risco de disseminação. **Objetivos:** Padronizar e validar um teste de RT-qPCR multiplex qualitativo para o diagnóstico diferencial de arbovírus, utilizando uma única amostra de plasma com EDTA. **Material e métodos:** Foram selecionados da literatura primers e sondas específicas para nove arbovírus: ZIKV, DENV-1, DENV-2, DENV-3, DENV-4, CHIKV, MAYV, OROV e YFV. A complementariedade e especificidade foram avaliadas por alinhamento com bancos genômicos atualizados. A sensibilidade analítica (LOD) foi determinada por diluições seriadas e análise por regressão probit. A validação incluiu ainda testes de especificidade cruzada, reprodutibilidade, repetibilidade e concordância com amostras clínicas e culturas virais. Controles positivos e negativos foram incluídos em todos os ensaios. **Resultados e discussão:** As reações de RT-qPCR apresentaram R2 superiores a 0,99 e eficiência superior a 98% para todos os alvos. Os limites de detecção (LOD em cópias/mL) obtidos foram de 140 para ZIKV, 81 para DENV-1, 90 para DENV-2, 72 para DENV-3, 136 para DENV-4, 110 para CHIKV, 51 para MAYV, 72 para OROV e 54 para YFV. As análises de reprodutibilidade e repetibilidade demonstraram 100% de concordância. A concordância positiva e negativa obtida foi de 100% (n = 113) sem amplificações cruzadas ou resultados falso-positivos. **Conclusão:** O painel multiplex foi validado e disponibilizado para uso clínico em todo o Brasil, representando uma ferramenta eficaz para o diagnóstico diferencial de infecções febris causadas por arbovírus.

Palavras-chave: arbovirus, painel multiplex, arbovirose

P-072

Efeito do Índice de Massa Corporal Materno na Concentração de DNA Fetal Circulante no Sangue: Para Além de uma Simples Diluição

Miguel de Souza Andrade[1], Maria Cecília Caixeta[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Ethiane Rozo[1], Bruno Millomen[1], Fabián Andres Hurtado Erazo[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde

Introdução: A análise de DNA fetal no sangue materno é um método eficaz para testes pré-natais não invasivos. No entanto, a concentração de DNA fetal pode variar conforme fatores maternos, como idade gestacional, massa placentária e índice de massa corporal (IMC). IMC elevado está associado a maiores níveis de DNA materno circulante, o que pode diluir o sinal fetal. **Objetivos:** Avaliar a influência do IMC materno sobre a concentração de DNA fetal no sangue. **Material e métodos:** Foram analisados 1.395 casos de determinação de sexo fetal por qPCR em um laboratório privado. O ensaio detecta a região DYS14 do cromossomo Y, ausente no genoma materno. As amostras incluíram dados de idade gestacional, valores de 2^(-Cq) e IMC materno. O IMC foi categorizado em três grupos: normal (<25; n=719), sobrepeso (25–29,9; n=440) e obesidade (≥30; n=236). A normalidade dos dados foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk. As comparações foram realizadas com o teste de Kruskal-Wallis e, posteriormente, Mann-Whitney com correção de Bonferroni. **Resultados e discussão:** As medianas dos valores de Cq nos grupos com IMC normal, sobrepeso e obesidade foram, respectivamente, 32,60 (intervalo: 30,09–34,91), 32,92 (intervalo: 28,51–35,2) e 33,08 (intervalo: 29,21–35,06). O teste de Kruskal-Wallis revelou diferenças significativas entre os grupos ($p < 0,001$). A análise post hoc com o teste de Mann-Whitney mostrou que o grupo com IMC normal apresentou valores de Cq significativamente mais baixos do que os grupos com sobrepeso e obesidade ($p < 0,001$ para ambas as comparações). Além disso, o grupo com sobrepeso apresentou valores de Cq significativamente menores do que o grupo com obesidade ($p = 0,014$). **Conclusão:** Mulheres com IMC normal apresentaram valores de Cq mais baixos, refletindo maior concentração de DNA fetal, em comparação com aquelas com sobrepeso ou obesidade.

Palavras-chave: Sexagem Fetal, IMC, qPCR

P-088

Inclusão da Triagem para Síndrome de Turner no Sequenciamento de Recém-Nascidos Utilizando Contagem de Leituras NGS para Inferir o Número de Cópias dos Cromossomos Sexuais: Aproveitando Dados Existentes para Melhorar o Diagnóstico Precoce

Ilária Cristina Sgardioli[1], Anderson Coqueiro dos Santos[1], Stephanie Santos Correia[1], Pedro Góes Mesquita[1], Rosenelle Araújo Benício[1], Lorena de Melo Gama[1], Nara Diniz Soares Pessoa[1], Amanda Minafra Reys Lamas[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Alessandra de Freitas Andrade[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: A Síndrome de Turner (ST) é uma condição genética associada a baixa estatura, falência ovariana e malformações cardíacas. Apesar do impacto clínico, sua triagem neonatal não é rotina, atrasando o diagnóstico. **Objetivo:** Avaliar uma estratégia de triagem para ST baseada em dados de contagem de leituras de NGS, visando diagnóstico precoce em recém-nascidos. **Materiais e Métodos:** A amostra consistiu de DNA (Coriell) de 13 indivíduos 46,XY; 10 com 46,XX; 5 casos de ST clássica (45,X); 5 casos de ST mosaico (2 com ChrY e 3 sem ChrY); 1 caso de ST com isocromossomo Xq; e 9 casos com aneuploidias relacionadas, como 47,XXY e 48,XXYY. Um painel com 4503 genes (xGEN-Inherited-Disease-IDT) foi sequenciado por NGS (NextSeq-500-Illumina). O alinhamento foi conduzido com Dragen Enrichment v3.9.5, e a análise de contagem de leituras com Samtools v1.19.2. A inferência do número de cópias de ChrX e ChrY foi baseada na razão entre as leituras desses cromossomos e as dos autossomos. Utilizaram-se agrupamento hierárquico e segmentação binária circular (CBS) para identificar padrões estruturais em ChrX. Aprovação ética: não aplicável. **Resultados e Discussão:** As proporções de ChrX/autossomo e ChrY/autossomo corresponderam aos valores esperados. Em 46,XY, variaram de 0.99–1.03 (ChrX) e 0.82–1.02 (ChrY); em 46,XX, de 1.92–1.97 (ChrX) e 0.00–0.01 (ChrY). Para ST mosaico sem ChrY, os valores de ChrX foram 1.15–1.46, e com ChrY, de 0.98–1.06. A análise hierárquica formou três ramos principais, com subgrupos distinguindo ST mosaico de outros cariótipos. A CBS das leituras de ChrX e ChrY permitiu visualizar variações, identificando perfis de cópias alteradas, como nos casos de isocromossomo Xq e mosaico com ChrY. **Conclusão:** A contagem de leituras por NGS demonstrou alta concordância com os resultados esperados, indicando que pode ser usado para triagem da Síndrome de Turner em programas de sequenciamento neonatal.

Palavras-chave: Síndrome de Turner, NGS, Recém-Nascidos

P-089

Utilização De Ensaios Moleculares Na Identificação De Agentes Bacterianos Associados à Meningite Neonatal

Maria Gisele Gonçalves[1], Fábio Takenori Higa[1], Lucila Okuyama Fukasawa[1,*]

[1]*Instituto Adolfo Lutz, Centro de Imunologia, São Paulo, SP*

*lucila.fukasawa@ial.sp.gov.br

Introdução: A meningite neonatal continua uma doença com alta morbidade e letalidade, além de causar sequelas neurológicas em 20-50% dos sobreviventes. A identificação rápida do patógeno permite introdução de terapia adequada ao paciente prevenindo complicações e contribui para caracterização epidemiológica da doença, auxiliando a Vigilância Epidemiológica na implantação de estratégias para o controle e monitoramento do agravo. **Objetivo:** Identificar os patógenos *Streptococcus agalactiae* (GBS), *Streptococcus pneumoniae* (Spn), *Neisseria meningitidis* (Nm) e *Haemophilus influenzae* (Hi) por ensaios moleculares em amostras clínicas de pacientes com suspeita de meningite neonatal recebidas no Instituto Adolfo Lutz (IAL) no ano de 2024. **Material e Métodos:** Foram empregadas amostras de DNA extraídas de líquido cefalorraquidiano, soro e/ou sangue de 172 pacientes menores de três meses atendidos em unidades públicas de saúde de São Paulo no período de janeiro a dezembro de 2024. O DNA foi testado pelo kit Viasure (CerTest Biotec) para detecção de Nm, Spn ou Hi e por ensaio de PCR em tempo real (qPCR) *in house* para detecção de GBS. Foram utilizados ensaios de qPCR para identificação dos principais genogrupos de Nm e genotipos de Hi (estudo aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do IAL: CAAE 73536423.0.0000.0059, CAAE 86148325.7.0000.0059). **Resultados e Discussão:** Dos casos analisados, 5,8% foram positivos para Spn (10/172); 5,2% para GBS (9/172); 3,5% para Nm (6/172) e 2,3% para Hi (4/172). Entre os casos positivos para Nm, 50% foram do genogrupo B e 50% do genogrupo C. Dos positivos para Hi, 50% foram do genotipo a e 50% do genotipo b. **Conclusão:** Os dados indicaram maior frequência de Spn e GBS entre os agentes causadores de meningite neonatal identificados por ensaios moleculares (qPCR), os quais têm sido uma ferramenta importante para o diagnóstico rápido e vigilância laboratorial do agravo.

Palavras-chave: meningite bacteriana, PCR em tempo real, neonato.

P-090

Teste Molecular *In House* Para Detecção De *Streptococcus pyogenes* Em Amostras Clínicas Com Suspeita De Meningite Bacteriana

Lucila Okuyama Fukasawa[1]*, Fábio Takenori Higa[1], Maria Gisele Gonçalves[1]

[1]*Instituto Adolfo Lutz, Centro de Imunologia, São Paulo, SP*

*lucila.fukasawa@ial.sp.gov.br

Introdução: A meningite por *S. pyogenes* (Spyo) é uma forma rara e grave da doença que requer diagnóstico e tratamento rápido para evitar complicações e sequelas neurológicas. Ensaios moleculares, especialmente PCR em tempo real (qPCR), têm sido empregados para identificação das

principais bactérias causadoras de meningite por apresentar resultados rápidos, precisos e com alta confiabilidade. **Objetivo:** Estabelecer teste de qPCR *in house* para detecção qualitativa de Spyo em amostras clínicas de pacientes com suspeita de meningite bacteriana. **Material e Métodos:** Foi estabelecido qPCR *multiplex* para detecção do alvo genético *spy*, específico de Spyo e RNase P humana para controle do ensaio. O limite mínimo de detecção (LMD), eficiência e linearidade do teste foi determinado com emprego de DNA extraído de cepa-padrão ATCC 19615. A reprodutibilidade do teste foi avaliada empregando-se 100 cópias de DNA/reação em 10 réplicas (intraensaio) e por cinco dias em triplicata (interensaio). O teste foi avaliado contra um painel de 84 isolados clínicos de diferentes gêneros/espécies mais comumente associados a casos de meningite e contra amostras clínicas de 788 pacientes com suspeita da doença (estudo aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do IAL, CAAE 73536423.0.0000.0059). **Resultados e Discussão:** O LMD foi de 10 cópias/reação, eficiência de 105,5% e linearidade (r^2) de 0,991, estando dentro dos critérios recomendados para ensaios de qPCR. O teste foi reprodutível, apresentando coeficiente de variação de 1,03% no intraensaio e de 2,31% no interensaio. Em isolados clínicos, o teste apresentou 100% de especificidade e sensibilidade. Quando testado em amostras clínicas, o teste apresentou 12 casos positivos para Spyo, resultando em 1,5% de positividade (12/788). **Conclusão:** O teste de qPCR apresentou alta sensibilidade, especificidade e reprodutibilidade para detecção de Spyo, representando uma ferramenta importante para o diagnóstico rápido e vigilância laboratorial da meningite bacteriana.

Palavras-chave: meningite bacteriana, *Streptococcus pyogenes*, PCR em tempo real.

P-104

Desenvolvimento de Teste Molecular para Triagem de SCID, XLA e AME em Amostras do Teste do Pezinho

Thais Lima de Sena[1], Miguel de Souza Andrade[1], Aryadne Sara Cardoso Silva Oliveira[1], Yanara Alves Costa[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: A triagem neonatal é essencial para o diagnóstico precoce de imunodeficiências primárias como SCID e de doenças como a Atrofia Muscular Espinhal (AME). A quantificação de TREC e KREC por qPCR em sangue seco em papel filtro permite a triagem de alterações imunológicas associadas à SCID, enquanto a análise da deleção do gene SMN1 possibilita o diagnóstico de AME. **Objetivos:** Desenvolver e validar um método qPCR multiplex que quantifica TREC e KREC e avalia a presença da deleção em homozigose do gene SMN1 na mesma reação, facilitando o rastreamento de imunodeficiências primárias e AME. **Material e métodos:** Foram utilizadas 175 amostras de sangue em papel filtro de recém-nascidos. A extração de DNA foi realizada com o kit Generation DNA (QIAGEN). As reações de qPCR multiplex foram otimizadas com primers e sondas específicos para os alvos TREC, KREC, SMN1 e RNAseP (controle endógeno). LOD e LOQ foram determinados utilizando diluições seriadas. O limiar de fluorescência foi determinado utilizando um script de otimização escrito em Python. (CAAE: 80346424.8.0000.0257). **Resultados e discussão:** A reação de PCR apresentou eficiência superior a 98% e $r^2 \geq 0,99$. Para os alvos TREC e KREC o LOD obtido foi de 8 cópias por reação ou 13 cópias por µL de sangue. O LOQ obtido foi de 15 cópias por uL de sangue. O teste foi capaz de triar pacientes com baixo número de cópias de TREC e KREC e obteve concordância de 100% (175/175) para o alvo TREC e 99,43% (174/175) para o alvo KREC. Para a detecção da deleção do SMN1 em homozigose o valor de corte de Ct foi determinado como ≤ 35 e o teste apresentou concordância de 100%. **Conclusão:** O método qPCR multiplex proposto mostrou-se robusto, rápido e de baixo custo, sendo uma alternativa viável aos métodos comerciais disponíveis.

Palavras-chave: SCID, TREC, qPCR

P-162

Levantamento da presença das mutações nos genes BRCA1 e BRCA2 em mulheres com câncer de mama e/ou com lesões pré-malignas, do interior do agreste pernambucano

Dallynne Bárbara Ramos Venancio[1]

[1]*Universidade Federal de Pernambuco (UFPE)*

*dallynnebarbararamosvenancio@gmail.com

Introdução: Atualmente, o câncer de mama é o tipo mais frequente entre a população feminina brasileira, excluindo o câncer de pele não melanoma. Compreender os tipos de variações patogênicas nos genes BRCA1 e BRCA2 em uma determinada população pode ser útil para orientar estratégias de triagem genética. A introdução de novas técnicas diagnósticas tem ampliado as discussões e expectativas em torno da realização do diagnóstico precoce. **Objetivos:** Avaliar a incidência do câncer de mama na cidade de Surubim-PE e comparar a frequência das mutações nos genes BRCA1 e BRCA2 em mulheres com câncer de mama e/ou lesões pré-malignas que utilizam o sistema público de saúde local. **Material e Métodos:** Trata-se de um estudo de caso-controle, observacional, retrospectivo e quantitativo, aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da UFPE e pela CONEP (CAAE 80732524.1.0000.5208). Foram utilizados kits genéticos, extração de DNA e sequenciamento de nova geração. A amostra foi composta por 30 mulheres com diagnóstico de lesão maligna e 30 mulheres saudáveis, com o objetivo de identificar mutações que aumentem a predisposição ao desenvolvimento de câncer. **Resultados e Discussão:** Frequentemente, o câncer de mama é abordado de forma simplificada, sendo atribuído a interesses do setor privado, à ineficiência do poder público ou à falta de conhecimento da população sobre medidas de prevenção, diagnóstico e tratamento. O mapeamento genético, além de avaliar o risco de desenvolvimento do câncer, permite a individualização dos exames de acompanhamento. A identificação de mutações nos genes BRCA1 e BRCA2 possibilita a adoção de medidas preventivas, de vigilância e de manejo dos riscos, além de favorecer a detecção precoce da doença. **Conclusão:** Conclui-se que é fundamental ampliar e incentivar pesquisas voltadas ao aconselhamento genético eficaz, com o objetivo de reduzir o número de casos inconclusivos decorrentes das mutações, promovendo melhores estratégias de rastreamento e prevenção do câncer de mama.

Palavras-chave: Neoplasia da mama; Mutação genética; Sequenciamento de nova geração.

P-171

Single-Nucleotide Variant in the Toll-Like Receptor 1 Gene (rs5743618) Associated With Protection for Pulmonary Tuberculosis

Marcos Henrique Gurgel Rodrigues[1,2*], Mariana Brasil de Andrade Figueira[1,2], Laianne Lopes Rocha[1,2], Gilberto Ferreira Bazé Junior[1,2], Alliny Almeida Queiroz[1,2], Renata Gualberto da Cunha[1,2], Mauricio Morishi Ogusku[3], Aya Sadahiro[1,2]

[1]*Laboratory of Molecular Immunology, Federal University of Amazonas, Manaus, Brazil;* [2]*Post-graduate Program in Basic and Applied Immunology, Institute of Biological Sciences, Federal University of Amazonas, Manaus, Brazil;* [3]*Laboratory of Mycobacteriology, National Institute of Amazonian Research, Manaus, Brazil*

*marcosgurgel.farma@gmail.com

Introduction

Tuberculosis (TB) is an infectious disease caused by *Mycobacterium tuberculosis* complex (Mtb). In 2023 10.8 million people fell ill with TB worldwide, 1.25 million people died, and Brazil was one of the high-burden countries

for TB (1). The Amazonas State (Brazil) is endemic for TB (94.7 cases/100,000 inhabitants), with a mortality rate of 5.1 deaths/100,000 inhabitants, while the national incidence and mortality rate are, respectively, 39.7 cases and 2.8 deaths/100.000 inhabitants (2).

Pulmonary TB (PTB), the most common TB type, occurs through the inhalation of bacilli released in the air by patients with active disease. After the initial recognition of bacilli by innate immunity cells as alveolar macrophages through receptors as Toll-like receptors (TLRs), occurs the recruitment of more cells and amplification of immune responses (3-5). However, Mtb can modulate the environment inside the phagocytes and persist as viable bacilli stimulating granuloma formation. Despite this immune strategy, the body tends to fail in eliminating Mtb but can control the infection (latency) (6,7). 3 to 10% of latently infected subjects have individual factors that contribute to the bacilli evasion of the infection control mechanisms leading to active disease. Variations in the outcomes of Mtb infection have been attributed to host immunogenetic factors, such as Single-base Variants (SNVs), which can regulate protein expression, or cause functional changes in the proteins involved in the immune mechanisms, which may favor the host and the clearance of Mtb, or favor the pathogen, increasing host susceptibility to TB (8-10). The SNV rs5743618 of the gene that encodes TLR1 has been evaluated for its role in PTB. The C/C genotype was associated with risk for PTB in Caucasians (11) while the A/A genotype was associated with risk for PTB in Hispanic and Afro-Americans (12). The SNV rs187084 that encodes TLR9 has also been evaluated and found the G allele and A/G genotype could predispose the development of active TB from latent TB (13). Therefore, aiming to understand the impact of these TLR1 and 9 variants in the development of PTB, the present paper evaluated the association of rs5743618 and rs187084 SNVs with this disease in a population recruited at the Amazonas State.

Objectives

To evaluate if the genotypes and alleles of the SNVs rs5743618 (TLR1) and rs187084 (TLR9) are associated with risk or protection for PTB in a population recruited at the Amazonas State.

Materials and Methods

For this case-control cohort, 320 unrelated patients with PTB were included with positive results in the Rapid Molecular Test (GeneXpert MTB/RIF), or positive sputum smear microscopy and sputum culture with isolation of *M. tuberculosis*. All patients were recruited at a reference center for diagnosis and treatment of TB in the city of Manaus (Amazonas State). For the control group, 403 unrelated people who had contact with sick people with PTB were recruited, as health professionals of the clinic that were invited to participate, who had no symptoms of TB nor positive results for the disease through sputum smear microscopy or Rapid Molecular Test. PTB patients with other comorbidities such as cancer, AIDS, hepatitis and autoimmune diseases were excluded, as well as pregnant women, transplant recipients or those using an immunoregulator. Members of the control group who had shown respiratory symptoms and/or results of bacilloscopy or culture positive for *M. tuberculosis* were excluded from the study. The two SNVs rs5743618 (*TLR1*) and rs187084 (*TLR9*) were selected based on previously published studies. In addition, the frequency of these SNVs in the population of the American continent was at least 10% according to the Ensembl platform (http://www.ensembl.org/). Genomic DNA was extracted from 4 mL of peripheral blood collected from the participants in tubes containing EDTA during the recruitment. The genotyping of the variants was performed using the Real Time Quantitative PCR (qPCR) technique on Applied Biosystems QuantStudio3 Real-Time PCR equipment, and TaqMan hydrolysis fluorescent probes (Thermo Fisher Scientific) with allele-specific sequences. The frequencies of SNVs were tested for the Hardy-Weinberg equilibrium and the analysis of association between genotypes and PTB was performed by logistic regression. For these tests the statistical software R, version 3.4.3, (www.r-project.org) was used together with the package "SNPassoc", version 1.9-2. The adjustment of Odds Ratio (OR) for potential confounding factors as age and sex was made through multivariate logistic regression. The analysis of association between alleles and the PTB was performed by chi-square test (x2) using GrahPadPrism® (version 7.0). The results were shown as the OR and 95% confidence intervals (95% CI), and a *p*-value<0.05 was considered as statistically significant. This study was reviewed and approved by the Ethics Committee of the Federal University of Amazonas, Brazil under the registration number 3.530.854, and CAAE: 19021519.9.0000.5020.

Results and Discussion

The patient and control groups of both studied SNVs were in Hardy-Weinberg equilibrium (p>0.05). A protective effect of C/C genotype of the TLR1 rs5743618 variant against PTB in the codominant (*p*=0.025; OR= 0.43; 95%CI= 0.22-0.87), dominant (*p*=0.020; OR= 0.66; 95%CI= 0.46-0.94) and recessive (*p*=0.035; OR= 0.49; 95%CI= 0.25-0.97) models were observed, while the rs187084 variant showed no association with PTB development. When stratified by sex (male or female), the rs5743618 variant was found only associated with protection against PTB in females in the codominant (*p*=0.024; OR= 0.28; 95%CI= 0.09-0.93) and dominant models (*p*=0.013; OR= 0.50; 95%CI= 0.29-0.87). The TLR9 variant rs187084 did not show any association with the development of PTB. The C allele of rs5743618 was associated with protection against PTB (*p*=0.017; OR= 0.73; 95%CI= 0.57-0.94), while the alleles of rs187084 variant were not associated with PTB according to the data obtained in the present study. The rs5743618 variant has been widely studied in different populations, although some studies did not find any associative effect of this variant with TB (14,15), other authors identified an association of the C allele and A/C genotype with risk for TB (16, 17). Other authors found an association of C allele and C/C genotype with risk for PTB (11, 18) which contrasts with our results that found this allele and genotype associated with protection. Population-related variables can explain these differences, Uciechowski et al. (2011) and Ocejo-Vinyals et al. (2013) carried out a study with europeans whereas the present study was carried out in a highly mixed population in Amazonas. The findings of our work were supported by a meta-analysis (19) that identified the association between C/C genotypes and protection against TB (p=0.02; OR=0.73; 95%CI=0.57-0.95) specifically in a caucasian ethnic group. The rs5743618 variant is nonsynonymous, which A (T) allele corresponds to the ATC (isoleucine) codon, and the C (G) allele corresponds to the AGC (serine) codon. This amino acid variation generates modifications in the first amino acid of the intracellular domain of TLR1 (12), resulting in a deficient expression of TLR1 on the cell surface (18, 20). Although it is expected this change could result in impairment of immune response, it can lead to a protective effect of C allele due to a lesser concentration of TLR1 available in cell surface of phagocytes. It causes a reduction of TLR1/TLR2 heterodimer formation. This reduction is responsible for the host resistance against deleterious immunomodulation induced by the Mycobacteria when it binds to the TLR1/TLR2 receptors. Therefore, human phagocytes from individuals with C/C genotype of rs5743618 variant are resistant to mycobacterial-induced downregulation of macrophage MHCII, CD64, and IFNγ responses when compared to individuals who harbor the T/T genotype (21).

Conclusion

Tuberculosis is a multifactorial disease which involves behavioral and biological factor (as sex, age, and genetic makeup). The C/C genotype of the rs5743618 variant of TLR1 was found to be associated with protection against PTB in a population recruited in Amazonas-Brasil. This can be attributed to a lesser formation of TLR1/TLR2 heterodimer, which may protect the host against the mycobacterial pathogenic modulation that favors its survival and proliferation.

Keywords: Genetic polymorphism; pulmonary tuberculosis; rs5743618

References

1. World Health Organization (WHO). Global Tuberculosis Report. Genebra: Organização Mundial da Saúde, 2024. ISBN 978-92-4-010153-1.

2. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. Departamento de HIV/Aids, Tuberculose, Hepatites Virais e Infecções Sexualmente Transmissíveis. Boletim Epidemiológico - Tuberculose 2025 – Brasília: Ministério da Saúde, 2025.

3. Huang, L.; Nazarova, E.V.; Russell, D.G. 2019. *Mycobacterium tuberculosis*: bacterial fitness within the host macrophage. *Microbiology Spectrum*, 7: 10.1128/microbiolspec.BAI-0001-2019.

4. Furin, J.; Cox, H.; Pai, M. Tuberculosis. 2019. The Lancet, 393: 1642–1656.

5. Herrera Mt, Guzmán-Beltrán S, Bobadilla K, Santos-Mendoza T, Flores-Valdez Ma, Gutiérrez-González Lh, González Y. Human Pulmonary Tuberculosis: Understanding the Immune Response in the Bronchoalveolar System. Biomolecules. 2022 Aug 20;12(8):1148. doi: 10.3390/biom12081148.

6. Liu, C.H.; Liu, H.; Ge, B. 2017. Innate immunity in tuberculosis: Host defense vs pathogen evasion. Cellular and Molecular Immunology, 14: 963–975.

7. Ahmad F, Rani A, Alam A, Zarin S, Pandey S, Singh H, Hasnain Se, Ehtesham Nz. Macrophage: A Cell With Many Faces And Functions In Tuberculosis. Front Immunol. 2022 May 6;13:747799. Doi: 10.3389/Fimmu.2022.747799.

8. Schurz, H.; Daya, M.; Möller, M.; Hoal, E.G.; Salie, M. 2015. TLR1, 2, 4, 6 and 9 variants associated with tuberculosis susceptibility: A systematic review and meta-analysis. PLoS One, 10: e0139711.

9. Schorey, J.S.; Schlesinger, L.S. 2016. Innate Immune Responses to Tuberculosis. Microbiology spectrum, 4: 10.1128/microbiolspec.TBTB2-0010-2016.

10. Mukherjee, S.; Huda, S.; Sinha Babu, S.P. 2019. Toll-like receptor polymorphism in host immune response to infectious diseases: A review. Scandinavian Journal of Immunology, 90: e12771.

11. Ocejo-Vinyals, J.G.; Puente De Mateo, E.; Ausín, F.; Agüero, R.; Arroyo, J. L.; Gutiérrez-Cuadra, M.; Fariñas, M.C. 2013. Human toll-like receptor 1 T1805G polymorphism and susceptibility to pulmonary tuberculosis in northern Spain. International Journal of Tuberculosis and Lung Disease, 17: 652-4.

12. Ma, X.; Liu, Y.; Gowen, B.B.; Graviss, E.A.; Clark, A.G.; Musser, J.M. 2007. Full-exon resequencing reveals toll-like receptor variants contribute to human susceptibility to tuberculosis disease. PLoS One, 2: e1318.

13. Wang, M.G.; Zhang, M.M.; Wang, Y.; Wu, S.Q.; Zhang, M.; He, J.Q. 2018. Association of TLR8 and TLR9 polymorphisms with tuberculosis in a Chinese Han population: a case-control study. BMC infectious diseases. 18: 561.

14. Wu, L.; Hu, Y.; Li, D.; Jiang, W.; Xu, B. 2015. Screening toll-like receptor markers to predict latent tuberculosis infection and subsequent tuberculosis disease in a Chinese population. BMC Medical Genetics, 16: 19.

15. Barletta-Naveca, R.H.; Naveca, F.G.; de Almeida, V.A.; Porto, J.I.R.; da Silva, G.A.V.; Ogusku, M.M.; Sadahiro, A.; Rajendranath, R.; Boechat, A.L. 2018. Toll-like receptor-1 single-nucleotide polymorphism 1805T/G is associated with predisposition to multibacillary tuberculosis. Frontiers in Immunology, 9: 1455.

16. Qi, H.; Sun, L.; Wu, X.; Jin, Y.; Xiao, J.; Wang, S.; et al. 2015. Toll-like receptor 1(TLR1) Gene SNP rs5743618 is associated with increased risk for tuberculosis in Han Chinese children. Tuberculosis (Edinb), 95: 197-203.

17. Naderi, M., Hashemi, M., Mirshekari, H., Bahari, G., Taheri, M. Toll-Like Receptor 1 Polymorphisms Increased The Risk Of Pulmonary Tuberculosis In An Iranian Population Sample. Biomedical and Environmental Sciences, 29(11), pp. 825-828, 2016.

18. Uciechowski, P.; Imhoff, H.; Lange, C.; Meyer, C.G.; Browne, E.N.; Kirsten, D.K.; et al. 2011. Susceptibility to tuberculosis is associated with TLR1 polymorphisms resulting in a lack of TLR1 cell surface expression. Journal of Leukocyte Biology, 90: 377-88.

19. Zhou, Y.; Zhang, M. 2020. Associations between genetic polymorphisms of TLRs and susceptibility to tuberculosis: A meta-analysis. Innate Immunity, 26: 75-83.

20. Johnson, C.M.; Lyle, E.A.; Omueti, K.O.; Stepensky, V.A.; Yegin, O.; Alpsoy. E.; Hamann. L.; Schumann. R. R., Tapping. R. I. 2007. Cutting edge: A common polymorphism impairs cell surface trafficking and functional responses of TLR1 but protects against leprosy. The Journal of Immunology, 178: 7520-4.

21. Hart, B.E.; Tapping, R.I. 2012. Differential Trafficking of TLR1 I602S Underlies Host Protection against Pathogenic Mycobacteria. The Journal of Immunology, 189: 5347-5355.

ÁREA: GESTÃO E LEGISLAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-074

Indicadores De Recoleta Sob A Ótica Da Métrica Sigma

Adriana Rodrigues Vieira[1*], Gélida de Jesus Pessoa[1], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2], Cyra Mesquita De Araujo[2], Lídia Freire Abdalla Nery[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde, Manaus-AM; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília-DF

*adriana.vieira@sabin.com.br

Introdução: Nas organizações, existe a necessidade de que seus líderes pesquisem frequentemente instrumentos que os auxiliem no processo de tomada de decisão. O uso de indicadores é crucial neste processo, porém indicadores em percentual parecem bons, mas podem esconder a gravidade de um problema. Já a escala sigma traduz isso em termos de defeitos por milhão de oportunidades (DPMO), deixando claro quão crítico ou excelente é o desempenho de um processo. **Objetivo:** Analisar de forma comparativa indicadores em formato percentual frente o uso dos mesmos indicadores sob a ótica do métrico sigma. **Materiais e métodos**: Para isso, foram utilizados dados simulados baseados em parâmetros estatísticos representativos da rotina laboratorial, com o objetivo de preservar a confidencialidade de informações sensíveis e estratégicas da instituição. A simulação foi conduzida com base em contextos reais da organização. Dessa forma, foi possível manter a validade metodológica da análise. Este estudo dispensou tramitação no sistema CEP/CONEP, os resultados foram obtidos em um banco de dados informatizado sem identificação individual. **Resultados e discussão:** Na análise do ano de 2024 observou-se que no mês de janeiro o indicador **"% de Conformidade"** está em 99,6%, considerado um valor muito bom já que a meta deste indicador é 99,4%. No entanto, ao observar a quantidade de falhas e DPMO a reflexão muda, impulsionando ações de melhoria contínua (Tabela 1). **Conclusão:** A métrica sigma converte eventos aparentemente pequenos em métricas sensíveis e mensuráveis colaborando com a assetividade na tomada de decisões.

Palavras-chave: Sigma, indicadores, melhoria contínua.

P-105

A Interface Necessária: A Participação do Profissional de Saúde no Desenvolvimento e Usabilidade de Sistemas LIS

Marjuriquelli de Souza[1*], Keren Hapuc Castro[1], Neyane Marini[1]

[1]Shift Consultoria e Sistemas

*Marjuri.souza@shift.com.br

Introdução

O desenvolvimento de Sistemas de Informação Laboratorial (LIS) tem se tornado estratégico para a modernização dos serviços de saúde, diante da crescente demanda por eficiência, rastreabilidade e segurança nos processos laboratoriais. Essas plataformas exigem não apenas robustez técnica, mas também profundo conhecimento das rotinas laboratoriais.

Nesse cenário, a presença de profissionais da saúde em empresas de tecnologia ganha destaque, refletindo a necessidade de conhecimento especializado para o desenvolvimento de soluções eficazes. A transformação digital, impulsionada por sistemas hospitalares, prontuários eletrônicos, inteligência artificial e big data, está remodelando a saúde globalmente (TINÉ, 2024). Nesse processo, os profissionais de saúde são essenciais para alinhar as tecnologias às demandas complexas do ambiente laboratorial.

A tecnologia também promove maior interação entre profissionais de saúde

e usuários, rompendo barreiras hierárquicas e valorizando a troca entre diferentes saberes. A funcionalidade dos recursos, a segurança dos dados e a integração com sistemas externos impactam diretamente a comunicação e os resultados dos pacientes (VASCONCELOS, 2024).
Por fim, a multidisciplinaridade é um elemento fundamental para o sucesso das empresas de tecnologia, especialmente em um ambiente global cada vez mais complexo e interconectado. Ela consiste na colaboração entre profissionais de diferentes áreas do conhecimento, combinando perspectivas, habilidades e experiências para criar soluções inovadoras e eficientes. No contexto das empresas de tecnologia, a multidisciplinaridade é crucial para atender às demandas do mercado e enfrentar desafios técnicos e sociais.

Objetivos
Este estudo trata-se de uma revisão descritiva com o objetivo de identificar, analisar e sintetizar as evidências científicas disponíveis sobre a atuação e a relevância do profissional de saúde no desenvolvimento de Sistemas de Informação Laboratorial (LIS), bem como avaliar a presença desses profissionais em uma empresa de tecnologia provedora de sistemas LIS localizada no interior do estado de São Paulo.

Materiais e Métodos
As buscas foram realizadas em bases de dados eletrônicas amplamente reconhecidas nas áreas da saúde e tecnologia, tais como, PubMed/MEDLINE, Scopus, SciELO e IEEE Xplore. As informações sobre o quadro de colaboradores da empresa foram obtidas diretamente com o setor de Desenvolvimento Humano Organizacional (DHO).

Resultados e Discussão
Até o final de 2024, a empresa de tecnologia provedora de Sistemas de Informação Laboratorial (LIS) em estudo contava com um quadro total de aproximadamente 250 colaboradores. Dentre esses, 40 profissionais possuem formação superior ou pós-graduação na área da saúde, representando 16% do total de funcionários. Esses dados foram obtidos por meio da análise dos formulários de atualização cadastral anual, preenchidos pelos colaboradores e consolidados pelo setor de Desenvolvimento Humano Organizacional (DHO). Os profissionais de saúde estão distribuídos em diferentes setores da empresa, incluindo análise de requisitos, validação funcional, implantação, suporte técnico e treinamento de usuários.
Essa composição do quadro funcional confirma, na prática, a tendência apontada na literatura quanto à importância da presença de profissionais da saúde no desenvolvimento de sistemas laboratoriais. Sua vivência nas rotinas clínicas permite criar soluções mais alinhadas às necessidades reais dos usuários, promovendo usabilidade, conformidade regulatória e eficiência. Assim, a combinação entre conhecimento técnico em saúde e expertise em software revela-se não só viável, mas estratégica para o avanço e consolidação de sistemas LIS eficazes e adaptados às exigências do cenário laboratorial atual.
O uso de tecnologias da informação na saúde é essencial para aumentar a eficiência, segurança e rastreabilidade dos serviços clínicos e laboratoriais. Os Sistemas de Informação Laboratorial (LIS), segundo Turley (2011), evoluíram para integrar setores, automatizar processos e melhorar o controle de dados. Contudo, seu sucesso depende não só da robustez técnica, mas também da adaptação às complexidades do ambiente laboratorial, exigindo alinhamento com as rotinas específicas e necessidades dos profissionais da área. Essa necessidade de integração entre áreas técnicas e assistenciais está alinhada aos princípios de design centrado no usuário. De acordo com a norma ISO 9241-210 (2019), o desenvolvimento de sistemas interativos deve envolver ativamente os usuários em todas as etapas, desde o levantamento de requisitos até os testes de usabilidade. Quando aplicada ao contexto laboratorial, essa diretriz reforça que o conhecimento técnico por si só não é suficiente: é indispensável o envolvimento de especialistas com vivência real no ambiente de aplicação.
Ratwani, Reider e Singh (2019) corroboram essa visão ao analisarem uma década de desafios de usabilidade em tecnologias da informação em saúde. Os autores apontam que falhas recorrentes na implementação de sistemas se originam, muitas vezes, da falta de envolvimento de profissionais clínicos no processo de desenvolvimento. Essas falhas não apenas dificultam o uso, mas podem comprometer a segurança do paciente, a integridade dos dados e a qualidade do atendimento.
Além de promover maior usabilidade, a participação do profissional da saúde agrega valor ao traduzir normas técnicas e regulatórias em funcionalidades práticas. Oliveira e Nascimento (2020) ressaltam que a conformidade com legislações como a RDC 786/2023 da Anvisa e a ISO 15189:2022 depende da compreensão detalhada dos processos internos do laboratório – algo que dificilmente pode ser oferecido por equipes exclusivamente técnicas. Assim, o profissional da saúde atua como ponte entre a legislação, a operação e o desenvolvimento tecnológico.
A contribuição desses profissionais se estende ainda à construção de soluções mais intuitivas e centradas na experiência do usuário. Walji e Zhang (2014) argumentam que princípios de visualização da informação e usabilidade só podem ser aplicados com eficácia quando o contexto de uso é compreendido em profundidade. Isso inclui desde o layout de telas até alertas de segurança, fluxos de aprovação, rastreabilidade de etapas e indicadores de qualidade. Por fim, Souza, Vieira e Cunha (2022) destacam o papel inovador dos profissionais da saúde ao ingressarem em empresas de tecnologia, ampliando seu campo de atuação. Esses profissionais tornam-se agentes de inovação, contribuindo para soluções mais eficazes, seguras e alinhadas à prática clínica. A colaboração entre especialistas em saúde e tecnologia é, segundo os autores, essencial para o avanço da saúde digital e para o desenvolvimento de sistemas laboratoriais realmente úteis, sustentáveis e capazes de atender às demandas do cenário atual.

Conclusão
A presença do profissional da saúde no processo de desenvolvimento de Sistemas de Informação Laboratorial (LIS) representa um diferencial estratégico para as empresas de tecnologia que atuam nesse setor. Como demonstrado nesta revisão, a atuação conjunta entre especialistas da área da saúde e equipes técnicas proporciona uma compreensão mais profunda das necessidades reais do laboratório, resultando em sistemas mais funcionais, seguros e aderentes às normas regulatórias.
A literatura evidencia que falhas de usabilidade, baixa eficiência e resistência à adoção de sistemas muitas vezes decorrem da ausência de diálogo entre quem desenvolve a tecnologia e quem vivencia sua aplicação prática. Nesse sentido, o profissional da saúde atua como elo fundamental, traduzindo a linguagem clínica e normativa para o universo técnico do desenvolvimento de software. Além disso, a inserção desse profissional em ambientes de inovação tecnológica amplia sua área de atuação e fortalece o movimento de transformação digital na saúde, promovendo soluções centradas no usuário, com melhor desempenho operacional e potencial de impacto positivo na qualidade do cuidado e na segurança do paciente.
A análise do quadro funcional de uma empresa objeto de estudo, demonstra que esses profissionais estão integrados a setores estratégicos, evidenciando uma prática concreta de valorização do conhecimento clínico no ciclo de desenvolvimento e suporte ao sistema. Diante dos achados, recomenda-se que empresas de tecnologia em saúde invistam na formação de equipes multidisciplinares e valorizem a contribuição dos profissionais da saúde desde as fases iniciais do desenvolvimento dos sistemas. Esta integração é essencial para garantir que os LIS sejam não apenas tecnologicamente avançados, mas também efetivos, aplicáveis e sustentáveis no cotidiano laboratorial.

Palavras-chave: Sistemas LIS, Profissional de saúde, Empresas de tecnologia

Referências
TINÉ, João Pedro de Vianna, Impacto da Tecnologia e Suas Transformações na Área da Saúde; Disponível em https://unirepositorio.education/impacto_da_tecnologia_e_suas_transformacoes_na_area_da_saude.html Acesso em: 25/02/2025

VASCONCELOS, Marcela. "IMPACTO DAS TECNOLOGIAS DE SAÚDE NA ATENÇÃO PRIMÁRIA A SAÚDE PARA ATENDIMENTO E GESTÃO". *Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences*, vol. 6, nº 4, abril de 2024, p. 1052–68. *DOI.org (Crossref)*, https://doi.org/10.36557/2674-8169.2024v6n4p1052-1068.

ISO. ISO 9241-210: Human-centred design for interactive systems. Geneva: International Organization for Standardization, 2019.

OLIVEIRA, A. M.; NASCIMENTO, A. F. Sistemas de informação e segurança do paciente: uma revisão integrativa. *Revista Brasileira de Ciências da Saúde*, v. 18, n. 1, p. 45–53, 2020.

Ratwani, Raj M., et al. "A Decade of Health Information Technology Usability Challenges and the Path Forward". JAMA, vol. 321, nº 8, fevereiro de 2019, p. 743. DOI.org (Crossref), https://doi.org/10.1001/jama.2019.0161.

SOUZA, T. R.; VIEIRA, D. F.; CUNHA, E. A. Saúde digital e a atuação do profissional biomédico. *Revista Interdisciplinar de Tecnologias em Saúde*, v. 5, n. 1, p. 87–94, 2022.

TURLEY, J. P. Informatics and the future of clinical laboratories. *Clinical Laboratory Management Review*, v. 25, n. 2, p. 57–64, 2011.

Zhiyuan Zhang, et al. "The Five Ws for Information Visualization with Application to Healthcare Informatics". *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 19, nº 11, novembro de 2013, p. 1895–910. *DOI.org (Crossref)*, https://doi.org/10.1109/TVCG.2013.89.

P-145

ESG e Liderança: Caminhos Para Um Futuro Mais Responsável Em Medicina Diagnóstica

Bruno Costa Coelho[1]*, Gisleine Carolina de Sousa [1], Luiza Manaut Rodrigues, Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde, Florianópolis - SC; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

bruno.coelho@sabin.com.br

Introdução: Desde o século XX, devido ao crescimento populacional desenfreado e desorganizado, associado a um perfil de consumo exacerbado, a pauta sustentabilidade vem ganhando espaço dentro das organizações. Para mais, as preocupações com causas sociais também aumentaram por parte dos mais variados *stakeholders*. Ao longo de toda a história, diferentes eventos foram disruptivos no que tange desenvolvimento sustentável, como criação dos Objetivos do Desenvolvimento do Milênio (ODM) e Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS)[1]. Diante disso, a partir de 2004, o conceito de ESG (*environmental, social and governance*) se tornou cada vez mais difundido dentro das empresas brasileiras, incluindo aquelas voltadas a medicina diagnóstica, pois a evolução para essa jornada de transformação do mundo empresarial envolve a construção de um mundo mais ético, inclusivo e responsável, onde a sustentabilidade socioambiental garanta uma melhor qualidade de vida para todos. Há inúmeros fatores vinculados a implementação de tais políticas, sendo a liderança uma peça-chave. Portanto, líderes transformacionais e visionários devem ser os principais defensores de práticas sustentáveis, integrando os pilares ESG nas estratégias organizacionais[2]. Assim, a inovação organizacional, somada a liderança digital devem andar em sinergia, visto que as exigências de mercado estão cada vez mais complexas, e as empresas precisam se adequar às novas realidades e as tecnologias diagnósticas emergentes[3].

Objetivo: Este estudo teve como objetivo analisar a relação entre a presença de práticas ESG (Ambiental, Social e Governança) nas organizações e o papel exercido pelos cargos de liderança na sua implementação e consolidação, com foco no setor de medicina diagnóstica.

Material e Métodos: Trata-se de uma pesquisa exploratória e qualitativa, com foco em compreender a relação entre práticas ESG e cargos de liderança no setor de medicina diagnóstica. A abordagem adotada foi uma revisão bibliográfica, com análise de publicações posteriores ao ano 2000, selecionadas nas bases Google Scholar, Scielo, PubMed e documentos institucionais como ABNT, ONU e ANVISA. Foram incluídas obras que tratam de ESG, sustentabilidade corporativa, liderança organizacional e gestão em laboratórios clínicos. A análise dos dados foi feita por meio da técnica de análise de conteúdo, permitindo identificar tendências, contribuições e lacunas sobre o tema.

Resultado e Discussão: Desde a antiguidade, o homem utiliza, mesmo que inconscientemente, a habilidade de influenciar pessoas para ilustrar diversos momentos da história mundial e do cenário contemporâneo[1]. Dessa maneira, desempenham um papel protagonista em grandes marcos, praticando a arte do relacionamento mútuo com seus seguidores. Atualmente, o conceito de liderança vem se desenvolvendo de formas distintas, baseados nas concepções e preferências metodológicas adotadas pelos pesquisadores. Dentre as habilidades necessárias, destacam-se: responsabilidade, perfeccionismo, persistência, autenticidade e autoconfiança, além da quintessência, a capacidade de inspirar pessoas de maneira positiva[2]. Chiavenato (2014) cita:

> Existem vários conceitos sobre liderança, a liderança é um fenômeno social que ocorre exclusivamente em grupos sociais. Ela é definida como uma influência interpessoal exercida em uma dada situação dirigida pelo processo de comunicação humana para a consecução de um ou mais objetivos específicos (Chiavenato, 2014).

Por isso, a função desse cargo dentro de uma organização transcende o gerenciamento de processo e pessoas. É importante que quem ocupe este papel consiga compreender profundamente o ambiente em que convive, valorizando uma cultura organizacional de qualidade, priorizando o bem-estar físico, emocional e social dos colaboradores, o crescimento individual e coletivo, além do desenvolvimento de uma relação interpessoal baseada em confiança mútua[5]. Embora muito se fale sobre ESG associado a riscos socioambientais, é necessário que uma visão ampliada sobre este tema seja construída. Logo, é necessário tornar-se disruptivos e entender, em definitivo, que para o sucesso e longevidade de uma companhia é necessário se atentar para aqueles fora da organização, como clientes, comunidades vizinhas, distintas partes interessas e meio ambiente[3,4]. Em se tratando do eixo Ambiental, é crucial englobarmos tanto os aspectos positivos, quanto os negativos, das organizações e seu alcance na natureza. Pode ser considerado um impacto, qualquer atividade potencial ou de risco que altere direta ou indiretamente os padrões químicos, físicos e biológicos de um ecossistema. Também podemos citar atividades como: uso de recursos naturais, emissão de gases e efeito estuda, eficiência energética, poluição e gestão de resíduos e efluentes. Somado a isso, em ambientes laboratoriais, há a produção em massa de Resíduos de Serviços da Saúde (RSS), o qual deve ser segregado, acondicionado e descartado de acordo com as legislações vigentes e boas práticas laboratoriais, corroborando assim com o ambiente a sua volta. Ao aborda-se o pilar Social, é essencial a estruturação de um emprego de qualidade, valorização da mão de obra e de todos que vivem entorno da empresa. Desse modo, o respeito aos direitos humanos é inegociável, devendo a instituição adotar políticas de relação de trabalho, como a implementação de DEI (Diversidade, Equidade e Inclusão), inserindo todas as classes que, em determinado período histórico, foram vítimas das inúmeras formas de preconceito, além de programas de reciclagem, um relacionamento saudável com a comunidade, e por fim, garantir a LGPD (Lei Geral de Proteção de Dados). Acerca do último pilar, a Governança, pode-se compreender a forma como as organizações são geridas e incentivadas, interligando o relacionamento com as partes interessadas, como sócios, conselhos, diretorias, colaboradores, clientes, bem como conformidade com órgãos vigentes, como Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Uma política bem estruturada permite a conversão do diálogo em objetivos convergentes, resultando em uma ótima performance empresarial[6,7,8]. Deste modo, a liderança eficaz internaliza uma cultura que valoriza a responsabilidade ambiental, a justiça social e a governança ética, o que pode ser considerado um diferencial ímpar perante os diferentes *stakeholders* e seu mercado altamente competitivo. Quando estas práticas são implementadas e inseridas na cultura organizacional por grandes líderes, especialmente em *players* de medicina diagnóstica, a mitigação de riscos legais e regulatórios, o aumento da confiança de pacientes, médicos e parceiros e a redução de custos operacionais a médio e longo prazo são notórias. Para este fim, a efetuação de práticas ESG é crucial, e pode ser avaliada por meio de

diferentes indicadores, os quais são elucidados com base, por exemplo, na NRB ISO 14031, da Associação Brasileira de Normas Técnicas (ABNT). Em consonância, a elaboração de relatórios de sustentabilidade tem sido uma prática adotada por alguns laboratórios no Brasil, os quais compartilham esses dados no balanço socioambiental. De acordo com o documento, o relatório de sustentabilidade, fundamentado nesses indicadores, é valioso para a prática de *benchmarking*, especialmente no que se refere a legislações, normas, padrões de desempenho e ações voluntárias. Por fim, é necessário que os líderes se envolvam ativamente com todas as partes interessadas, promovendo transparência e engajamento, além de criar um equilíbrio entre rentabilidade e sustentabilidade[9].

Conclusão: As diferentes companhias, incluindo aquelas voltadas à saúde, e que possuem liderança comprometida com a política ESG, tendem a ser mais resilientes frente a crises e mudanças. Ademais, a governança corporativa sólida é essencial para garantir que os compromissos ambientais, sociais e de governança sejam cumpridos de maneira consistente. Ao adotar uma abordagem proativa, o desenvolvimento individual dos colaboradores, bem como da empresa ocorre de forma leve e natural, refletindo os valores de um mundo em constante mudança. Assim, ESG se torna não apenas uma tendência ou uma questão ética, mas sim uma prioridade estratégica para o sucesso a longo prazo dentro de laboratórios clínicos.

Palavras-chave: ESG. Liderança. Medicina Diagnóstica

Referências

1. Santos FCN, Souza CR, Pereira MRC, Oliveira JP. Sustentabilidade empresarial e ESG: uma distinção imperativa. Rev Gest Secret. 2023;14(1):247–58.

2. Chiavenato I. Gestão de pessoas: o novo papel dos recursos humanos nas organizações. Rio de Janeiro: Elsevier; 2008.

3. Mello RNL. O impacto dos critérios ESG no mundo corporativo e sua correlação com performance financeira [Trabalho de Conclusão de Curso - Graduação em Engenharia de Produção]. Niterói: Universidade Federal Fluminense; 2021.

4. Pereira R, Marcílio BB, Guercio MJ, Tkimoto T, Fialho FAP. ESG: uma revisão integrativa. In: Anais do XXIII ENGEMA; 2021 nov. Disponível em: https://engemausp.submissao.com.br/23/anais/arquivos/12.pdf?v=1681230097. Acesso em: 2 abr. 2025.

5. Pólvora VN. O ESG nas organizações de saúde: conceitos e práticas inovadoras. In: ESG e economia circular na gestão 4.0: ações para negócios mais sustentáveis. São Paulo: Blucher Open Access; 2024. p. 194–207.

6. Todelo ACF, et al. As melhores práticas de ESG e como aplicá-las. 2023.

7. Vasconcellos AA, et al. EASY ESG: uma plataforma para implantação e gestão da agenda ESG no transporte rodoviário de passageiros. 2023.

8. Instituto Brasileiro de Governança Corporativa (IBGC). Diversidade nos fortalece como pessoas, como grupo e como negócio. São Paulo: IBGC; 2022. Disponível em: https://www.ibgc.org.br/blog/governanca-saude-entrevista-janete-vaz-sabin. Acesso em: 2 abr. 2025.

9. Neves H, et al. Práticas ambientalmente sustentáveis na profissão de biomédico. In: Congresso Brasileiro de Gestão Ambiental e Sustentabilidade. 2023;4.

ÁREA: HEMATOLOGIA CLÍNICA E IMUNOHEMATOLOGIA

P-007

Correlação entre Aumento do Hematócrito e Plaquetopenia na Dengue

Juliana Oba Costa[1]*, Rita de Cássia Garbo[1], Mateus Rodrigo Leopoldino da Rocha[1], Jaqueline Leme Sodatti[1], Ana Carolina Ferreira de Lima[1], Leticia Ferraz Fantini[1], Aline Maria Meira dos Santos[1], Thatiani Lopes Siqueira[1]

Laboratório Analiza[1]

hematologia@analizalab.com.br*

Introdução: O grande desafio na dengue está na identificação precoce dos sinais de alarme, que podem levar o paciente ao choque e ao óbito. O extravasamento plasmático, que ocorre nos casos graves, pode ser percebido pelo aumento do hematócrito (Ht). Quanto maior a elevação, maior a gravidade. O Ht alto orienta o médico com relação à necessidade de hidratação e internação. Durante a evolução da doença, é frequente a realização do hemograma para monitorar a plaquetopenia e o Ht.

Objetivos: O objetivo deste estudo foi correlacionar o aumento do Ht e a plaquetopenia em pacientes com dengue.

Materiais e Métodos: Através de relatórios do Sistema Informação Laboratorial, foram identificados pacientes que apresentaram teste de NS1 reagente e hemograma na mesma data, entre 20/02 a 10/04/2025. Foram selecionados pacientes com plaquetas <150.000/mm^3 e verificada correlação com o Ht. Os hemogramas foram realizados nos equipamentos Yumizen H1500 da Horiba. Dos 1510 pacientes que realizaram NS1, 376 tiveram resultado reagente (25%). Destes, 208 apresentaram plaquetas <150.000/mm^3 (55%). Foram excluídos 5 indivíduos com idade <14 anos. Também foram excluídos 24 pacientes com Ht inferior ao valor de referência. Assim, foram avaliados os resultados de 179 pacientes, sendo 93 homens (52%) e 86 mulheres (48%).

Resultados e Discussões: Os pacientes foram divididos em grupos conforme valor de plaquetas (0 a 49.000/mm^3, 50.000 a 99.000/mm^3 e 100.000 a 150.000/mm^3) e observou-se aumento progressivo do Ht conforme redução das plaquetas. Este aumento do Ht chegou a 16% quando se comparou o grupo de mulheres com plaquetas entre 100.000 a 150.000/mm^3 com o grupo de 0 a 49.000/mm^3.

Conclusão: A relação entre a diminuição das plaquetas e o aumento de Ht está relacionada ao aumento da permeabilidade e às manifestações hemorrágicas, e auxilia no manejo dos casos de graves da dengue.

Palavras-chave: Dengue grave; plaquetopenia; hemoconcentração.

P-032

Exames Hematológicos em Pacientes com Covid-19: Uma Investigação das Alterações Sanguíneas Associadas à Doença

Amanda Matias de Souza[1], Ana Beatriz de Souza[1], Deysiane Oliveira Brandão[1], Paula Renata de Castro Peixoto[1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Norte – UFRN

amandamatias056@gmail.com*

A identificação do SARS-CoV-2 em comparação a outras infecções do trato respiratório desempenha um papel crucial no controle da Covid-19. Diante

desse desafio, vários pesquisadores têm-se dedicado a buscar parâmetros laboratoriais que possam ser valiosos na diferenciação do vírus, bem como na compreensão do diagnóstico, prognóstico e manifestação de risco da doença. Portanto, o presente estudo tem como objetivo principal avaliar as principais alterações hematológicas nos pacientes acometidos com o Covid-19 e o seu impacto com a infecção e agravamento da doença. Vale salientar, que trata-se de uma pesquisa de caráter descritivo, retrospectivo, documental, exploratório, com consulta em bancos de dados sem possibilidade de identificação individual, sendo realizada e fundamentada na Resolução n. 510/2016 do Conselho Nacional de Saúde. No que diz respeito aos resultados, achados importantes, como anemia, anisocitose, aumento da ferritina, leucopenia e trombocitopenia estão fortemente relacionados com o prognóstico de pacientes graves. A anemia associa-se a fatores de risco e a possíveis comorbidades subjacentes. A anisocitose é considerada um potencial marcador de desfecho no percurso da doença, visto que, à medida que o estado do paciente se agrava, o valor do RDW tende a aumentar. O aumento da ferritina, também relacionada à diminuição do ferro sérico, demonstra um processo inflamatório em curso. Os glóbulos brancos apresentam uma manifestação heterogênea, na qual os pacientes podem apresentar leucopenia, leucocitose ou mesmo uma leucometria normal. Contudo, o achado mais relevante relacionado à série branca é a leucopenia, que pressupõe um estado crítico da doença. A trombocitopenia, associada ao aumento do D-Dímero, é causada pela liberação de citocinas inflamatórias pelo vírus, causando danos no processo de coagulação. Ademais, conclui-se que a realização periódica de exames, de fato, possibilita o acompanhamento da profilaxia empregada, o que contribui diretamente para a recuperação do paciente, além de oportunizar um diagnóstico mais preciso.

Palavras-chave: SARS-CoV-2; Diagnóstico; Infecções Virais; Pandemia.

P-060

Correlação De Alterações Hematológicas Em Pacientes Com Dengue Em Um Laboratório Privado De Maringá-Pr.

Marcela de Oliveira Almeida[1]*, Vanessa Augusto[1], Paola Schuler Garcia[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde, Maringá – PR; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

*marcela.almeida@sabin.com.br

Introdução

A dengue é uma doença febril aguda causada por quatro sorotipos diferentes do vírus da dengue (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4), que são geneticamente relacionados, mas antigenicamente distintos. Trata-se de uma arbovirose, ou seja, uma doença causada por vírus transmitidos por artrópodes. No Brasil, o principal vetor da dengue é a fêmea do mosquito *Aedes aegypti. (1)*

A doença se manifesta de diversas formas, variando desde uma síndrome viral não-diferenciada, caracterizada por febre, cefaléia, mialgia, e sintomas constitucionais, até as formas mais graves, como febre hemorrágica e choque grave, podendo levar a um comprometimento sistêmico e ao óbito. (2)

O diagnóstico laboratorial da dengue é composto de exames específicos como sorologia ou isolamento viral e inespecíficos como hemograma, coagulograma e provas de função hepática (3). O hemograma usualmente é recomendado para os pacientes com suspeita de dengue pois algumas alterações nesse exame permitem uma avaliação melhor do tratamento além de ser utilizado como parâmetro para o risco hemorrágico do paciente (4). No hemograma são comuns alterações nos leucócitos com achados que podem variar desde leucopenia até leucocitose leve no caso da dengue hemorrágica, presença de linfócitos atípicos e trombocitopenia (4). A leucopenia é uma das características mais frequentes observadas nos pacientes e está relacionada principalmente com a diminuição dos neutrófilos (neutropenia) o que resulta em uma diminuição tanto do total de leucócitos quanto da maturação dos granulócitos na medula óssea, podendo ocasionar uma insuficiência medular (5).

Outra alteração observada é a trombocitopenia, com valores inferiores a 150 mil plaquetas, que pode ser ocasionada por bloqueio de produção, aumento do consumo ou transtorno na função da plaqueta. O aumento do consumo das plaquetas na Dengue ocorre devido a destruição imuno mediada e coagualação intravascular disseminada provocada pela doença (5).

Objetivos

Correlacionar as alterações encontradas nos exames de hemograma em pacientes com resultados de dengue positivas, existentes no município de Maringá, situado no Paraná, no período entre janeiro de 2023 a março de 2025.

Material e métodos

O estudo teve a correlação de alterações encontradas nos exames de hemograma em pacientes que apresentaram resultados positivos para dengue (NS1, IgM) entre a população em geral na cidade de Maringá/PR e se baseou no banco de dados do sistema informatizado de um laboratório privado durante o período de 1º de janeiro de 2023 a 31 de março de 2025. Os resultados foram obtidos sem identificação individual, com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP. Os exames de dengue foram realizados pelo método de imunocromatografia. Os exames de hemograma foram realizados através de contador hematológico automático e avaliação em microscopio óptico.

Resultados e discussão

Foram analisados um total de 186 resultados de pacientes com dengue (IgM/NS1) sendo que 137 (74%) pacientes apresentaram resultado reagente para IgM e 49 (26%) para NS1 conforme dados do Gráfico 1 abaixo:

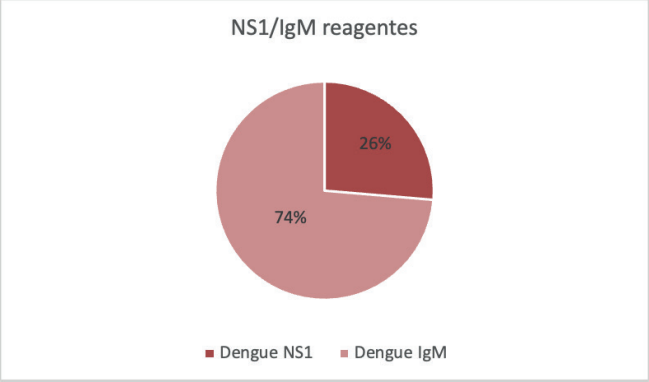


Gráfico 1. Porcentagem de pacientes com resultado reagente para NS1 e IgM.

Observou-se que do total de pacientes com resultado NS1 reagente, 26 (53,06%) eram do sexo masculino e 23 (46,94%) eram do sexo feminino como mostra o Gráfico 2 abaixo:

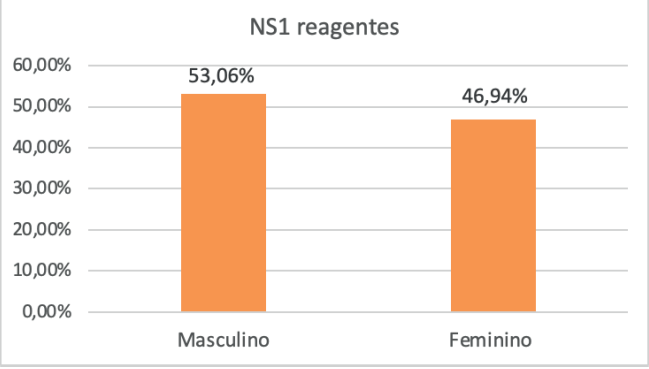


Gráfico 2. Porcentagem de pacientes do sexo feminino e masculino com resultado reagente para NS1.

No caso dos pacientes que apresentaram resultado reagente para IgM, 80 pacientes (54,79%) eram do sexo feminino e 66 pacientes (45,21%) do sexo masculino como mostra o Gráfico 3 abaixo:

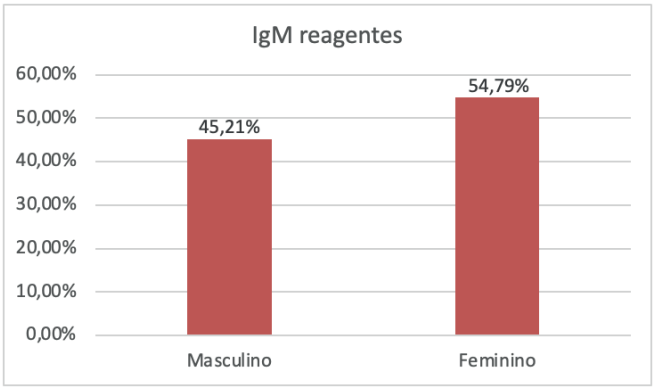


Gráfico 3. Porcentagem de pacientes do sexo masculino e feminino reagentes para IgM.

Foi feito uma correlação das alterações hematológicas encontradas nos pacientes reagentes para NS1 e IgM, relacionando com a faixa etária, sendo as crianças consideradas até os 8 anos, os adultos de 9 a 69 anos e os idosos acima de 70 anos. A maioria dos pacientes NS1 reagente, eram adultos (89,79%), somente 4 idosos e 1 criança apresentaram resultado reagente. Como mostrado no Gráfico 4 abaixo, dos adultos com NS1 reagente, as alterações hematológicas mais frequentes foram leucopenia, plaquetopenia e monocitose concomitantemente (20,45%) seguido de leucocitose concomitante com monocitose (9,09%). Considerou-se como leucopenia o número de leucócitos inferior a 4.000/mm^3 e plaquetopenia como a contagem de plaquetas inferior a 150.000/ mm^3. Ainda dos adultos, 4 não apresentaram alterações no hemograma e 9 não realizaram esse exame. Observou-se que a monocitose foi a alteração mais frequentemente observada (59,1%) seja sozinha ou acompanhada de outras alterações.

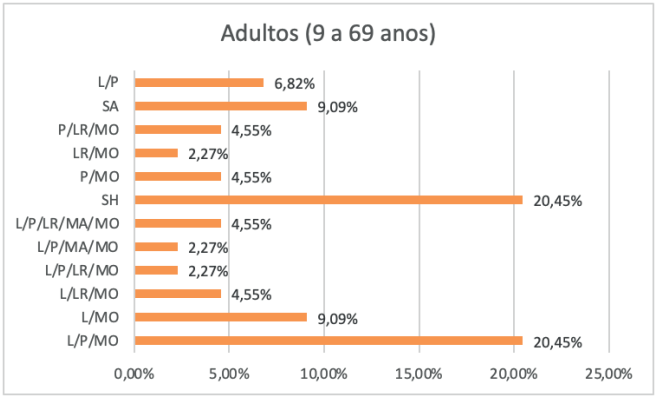


Gráfico 4. Porcentagem de alterações hematológicas encontradas em pacientes adultos (9 a 69 anos) com resultado NS1 reagente.
Legenda: L: Leucopenia; P: Plaquetopenia; SA: Sem alteração; LR: Linfócito reativo; MO: Monocitose; SH: Sem hemograma; MA: Macroplaquetas

Dos pacientes reagentes para IgM a maioria eram adultos (73,97%), seguidos dos idosos (15,07%) e das crianças (10,96%). Para os adultos os pacientes sem alterações no hemograma foram a maioria (29,63%).
Observou-se que das alterações, as mais frequentes (7,41% cada) foram leucopenia concomitante com plaquetopenia, leucopenia juntamente com plaquetopenia e monocitose e plaquetopenia isolada. Leucopenia e monocitose isoladamente também foram observadas em 6,48% dos pacientes como evidenciado no Gráfico 5 abaixo:

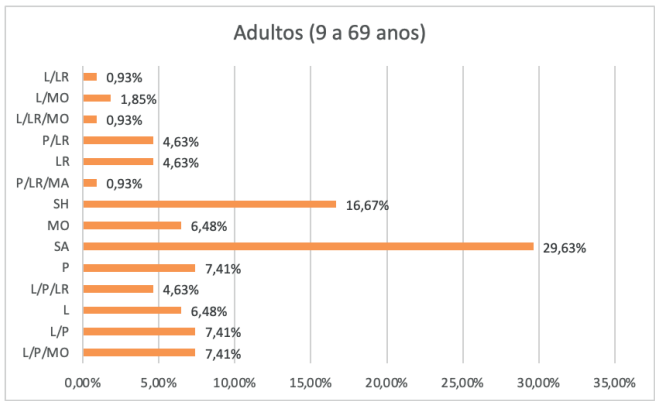


Gráfico 5. Porcentagem de alterações hematológicas encontradas em pacientes adultos (9 a 69 anos) com resultado IgM reagente.
Legenda: L: Leucopenia; P: Plaquetopenia; SA: Sem alteração; LR: Linfócito reativo; MO: Monocitose; SH: Sem hemograma; MA: Macroplaquetas

A maioria dos idosos reagentes para IgM não apresentaram alterações no hemograma (30,77%). Das alterações observadas a maioria foi linfócitos reativos (15,38%) conforme Gráfico 6 abaixo:

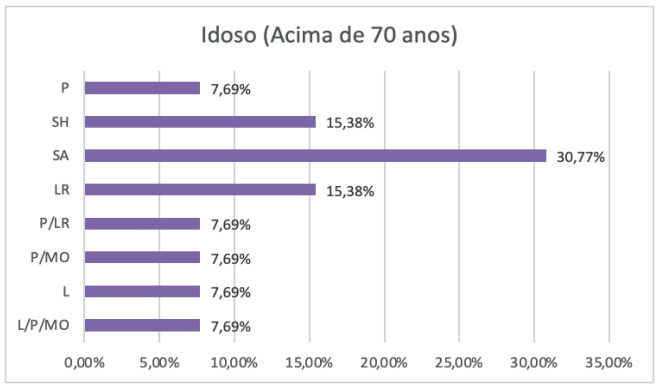


Gráfico 6. Porcentagem de alterações hematológicas encontradas em pacientes idosos (Acima de 70 anos) com resultado IgM reagente.
Legenda: L: Leucopenia; P: Plaquetopenia; SA: Sem alteração; LR: Linfócito reativo; MO: Monocitose; SH: Sem hemograma.

A maioria das crianças reagentes para IgM também não apresentaram alterações no hemograma (56,25%), no entanto, das alterações observadas a mais frequente foi linfócito reativo (12,50%) conforme Gráfico 7 abaixo:

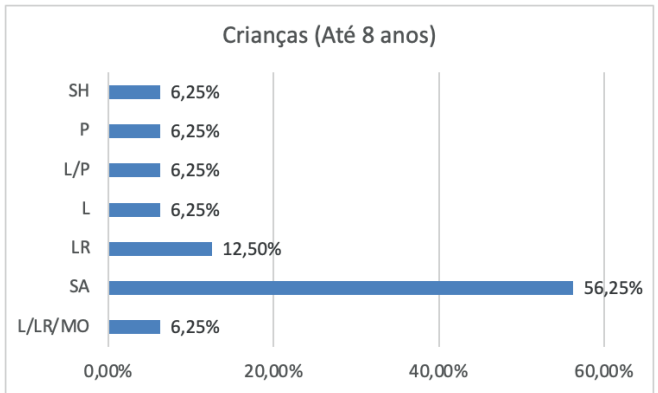


Gráfico 7. Porcentagem de alterações hematológicas encontradas em crianças (Até 8 anos) com resultado IgM reagente.
Legenda: L: Leucopenia; P: Plaquetopenia; SA: Sem alteração; LR: Linfócito reativo; MO: Monocitose; SH: Sem hemograma.

Conclusão

Foi observado que tanto para resultados de NS1 e IgM reagentes a maioria dos pacientes eram adultos com faixa etária entre 9 e 69 anos. Desses pacientes, os que obtiveram resultado NS1 reagente apresentaram mais alterações no hemograma do que os pacientes reagentes para IgM. Dentre as alterações mais frequentes para os pacientes adultos NS1 reagentes, podemos citar a leucopenia, plaquetopenia e monocitose concomitantes (20,45%) sendo que a leucopenia esteve presente em 50% dos pacientes e a plaquetopenia em 45,46% dos pacientes seja como alteração isolada ou conjuntamente com outras.

No nosso estudo foi observado que além das alterações mais comumente vistas, temos a monocitose isolada ou juntamente com outras alterações perfazendo um total de 54,55% das alterações em pacientes adultos reagentes para NS1.

Já para os pacientes que obtiveram resultados reagentes para IgM a maioria não apresentou alterações no exame de hemograma, representando 29,63% dos resultados. Das alterações observadas nos pacientes adultos, as mais frequentes foram leucopenia, plaquetopenia e monocitose concomitantes (7,41%), assim como para os pacientes adultos com resultados de NS1 reagente, seguidas de leucopenia e plaquetopenia concomitantes (7,41%) e por último plaquetopenia isolada (7,41%).

Para idosos e crianças foi observado que a maioria obteve resultado reagente para IgM, sendo que os idosos representavam 76,4% dos resultados e as crianças representavam 94,1%. Desses, pode-se observar que 30,77% dos idosos e 56,25% das crianças não apresentaram alterações no hemograma. Das alterações observadas nos idosos a maioria apresentou presença de linfócitos reativos (15,38%). A leucopenia concomitante com a plaquetopenia e monocitose esteve presente em 7,69% dos pacientes nessa faixa etária. A leucopenia esteve presente (isolada ou em conjunto) em 15,38% dos idosos e 18,75% das crianças. Das alterações obtidas no hemograma das crianças, a mais observada foi a presença de linfócitos reativos (12,50%).

Palavras-chave: Alterações no hemograma; leucopenia; plaquetopenia; dengue; NS1; IgM.

Referências

1. Medeiros E A. Desafios no controle da epidemia de dengue no Brasil. Acta Paul Enferm 2024;37:eEDTA012.

2. Singhil S.; KissoonII N.; Bansall A. Dengue e dengue hemorrágico: aspectos do manejo na unidade de terapia intensiva. J. Pediatr (Rio J) 83 (2 suppl) Maio 2007.

3. Cordeiro J, Hata AP, Ritter A. Correlação das alterações hematológicas em pacientes com dengue na população adulta do município de Maringá-PR. In: Anais do VIII EPCC – Encontro Internacional de Produção Científica Cesumar; 2013; Maringá, PR. Maringá: Editora Cesumar; 2013. p. 1–4. Disponível em: https://www.unicesumar.edu.br/epcc-2013/wp-content/uploads/sites/82/2016/07/Juliano_Cordeiro.pdf

4. Ruiz ME. A importância da interpretação do hemograma em casos de dengue. Rev Científica [Internet]. [S.l.]: Academia de Ciência e Tecnologia de São José do Rio Preto; [s.d; citado 2025 maio 12]. Disponível em: [https://www.ciencianews.com.br/arquivos/ACET/IMAGENS/biblioteca-digital/hematologia/temas_relacionados/18.pdf]

5. Macêdo LI, Leite AL. Alterações hematológicas em pacientes com dengue: uma revisão de literatura [Trabalho de Conclusão de Curso]. Juazeiro do Norte (CE): Centro Universitário Doutor Leão Sampaio; 2021

P-062

Síndrome De Bernard-Soulier Com Histórico Hereditário Em Mulheres: Diagnóstico Laboratorial Em Boa Vista, RR

Daiara Alexandre Sousa[1]*, Zachary Emanuela Nojosa[1], Lohana Alexciene de Sousa Alves[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde, Boa Vista - RR; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

* daiara.sousa@sabin.com.br

Introdução: A síndrome de Bernard-Soulier (SBS) é uma plaquetopenia hereditária rara caracterizada por plaquetas gigantes, tendência a sangramentos. Com herança autossômica recessiva, a SBS afeta principalmente mulheres em famílias com histórico de ligação genética. A detecção dessa condição em laboratório de análises clínicas é essencial para diagnóstico. **Objetivos**: Descrever o diagnóstico laboratorial da síndrome de Bernard-Soulier em mulheres com histórico familiar de consanguinidade atendidas em laboratório de análises clínicas em Boa Vista, RR. **Material e Métodos:** avaliaram-se os resultados de pacientes durante o ano de 2024, obtidos através de um banco de dados sem identificação e com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP. **Resultados e Discussão:** Observou-se que as pacientes apresentaram histórico familiar de consanguinidade, com manifestações clínicas de sangramentos. Os exames laboratoriais revelaram plaquetas gigantes, plaquetopenia moderada. Esses achados são consistentes com a literatura, que destaca a importância da análise cuidadosa do esfregaço sanguíneo e dos testes de agregação para o diagnóstico da SBS. **Conclusão:** O diagnóstico laboratorial da síndrome de Bernard-Soulier em mulheres com histórico familiar é fundamental para o manejo adequado da condição. A identificação precoce permite intervenções terapêuticas que minimizam os riscos de complicações hemorrágicas. Laboratórios de análises clínicas, desempenham papel crucial na detecção dessa síndrome rara, contribuindo para a saúde da comunidade.

Palavras-chave: Síndrome de Bernard-Soulier, plaquetas gigantes, plaquetopenia, histórico familiar.

P-071

Perfil diagnóstico das pessoas com hemofilia A com inibidor do fator VIII, com intercorrências hemorrágicas e com quantificação de inibidor não testado, cadastradas no HEMOMAR

Aline Raquel Ferreira Silva[1*], Janete de Jesus Soares Pereira [1], Ademar Ribeiro Moraes Neto [1], Marilene de Fátima Reis Ribeiro[1], Maria Aparecida Borges Pereira[1]

[1]Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão

* biomedica.aliner@gmail.com

A hemofilia A é uma coagulopatia hereditária caracterizada pela deficiência do fator VIII, sendo desafiadora quando associada à presença de inibidor. O HEMOMAR, referência no tratamento dessas coagulopatias, utiliza o sistema Web Coagulopatias para o acompanhamento de pacientes, sendo necessário avaliar o perfil das pessoas com hemofilia A e a quantificação de inibidores do fator VIII para uma abordagem terapêutica eficaz.Este estudo teve como objetivos avaliar o perfil dos pacientes com hemofilia A com inibidor do fator VIII no Web Coagulopatias do HEMOMAR, quantificar o inibidor para definição de condutas terapêuticas e atualizar os dados no sistema. Realizou-se um estudo retrospectivo e descritivo, com análise de relatórios do Web Coagulopatias, prontuários do SISAC e informações laboratoriais sobre a quantificação do inibidor pelo método Bethesda modificado, no período de janeiro a junho de 2024.Foram analisados 26 pacientes com hemofilia A e registro de inibidor do fator VIII. Dentre eles, 12 apresentaram inibidor de alto título, 12 de baixo título e 2 negativaram. As intercorrências hemorrágicas mais frequentes foram hemartrose, hematoma muscular e sangramento de mucosa. O tratamento incluiu imunotolerância, profilaxia secundária, emicizumabe, além de casos com falha terapêutica e ordens judiciais.A atualização do sistema Web Coagulopatias e a avaliação precisa do perfil dos pacientes com hemofilia A são essenciais para a tomada de decisões terapêuticas eficazes. O estudo contribuiu para melhorias no acom-

panhamento e nas condutas terapêuticas, gerando resultados positivos na assistência às pessoas com hemofilia A no SUS.

Palavras-chave: Hemofilia A, Inibidor do Fator VIII, Sistema Web Coagulopatias.

P-076

Avaliação do Perfil Hematológico de Pacientes Diagnosticados Com Arboviroses em São Luís do Maranhão

Stephane da Silva dos Santos[1], Samanta Pinheiro Baia de Freitas[1], Taís Rodrigues Flaubert Lima[1], Evellyn Cristynne Costa Mesquita[1], Francisco Gabriel Souza da Silva[1], Michael Santos Ribeiro[2], Mariana Neiva Pontes[2], Aline Raquel Ferreira Silva[2], Flávia Mendonça Lima Batista[3], Iagho José Lima Diniz[4], Isabella Romeiro de Paula Sena[4], Aruanã Joaquim Mateus Costa Rodrigues Pinheiro[2,3,5*]

[1]Discente do curso de Enfermagem da Universidade CEUMA, São Luís - MA; [2]Programa de Pós-Graduação em Biociências Aplicadas a Saúde (mestrado), Universidade CEUMA, São Luís - MA; [3]Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia pela Rede BIONORTE (doutorado), Universidade CEUMA, São Luís - MA; [4]Mestre em Saúde do Adulto, Universidade Federal do Maranhão (UFMA), São Luís - MA; [5]Docente da Universidade CEUMA, São Luís - MA.

*aruana.pinheiro@ceuma.br / aruanajm@hotmail.com

As arboviroses, como a dengue e a chikungunya, são doenças virais transmitidas por mosquitos e representam um importante problema de saúde pública. A resposta imunológica desencadeada por essas infecções pode ser avaliada por meio da análise dos elementos do sangue, permitindo a identificação de padrões hematológicos característicos. O objetivo desse estudo foi analisar os parâmetros hematológicos de pacientes com diagnóstico confirmado de arboviroses por biologia molecular. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade CEUMA, conforme os preceitos da Resolução nº 466/2012 do Conselho Nacional de Saúde, sob o parecer 6.921.501. Trata-se de um estudo descritivo e analítico, de caráter transversal, conduzido com abordagem quantitativa e qualitativa, a partir da análise de exames laboratoriais realizados em um laboratório de referência no Estado do Maranhão, no período de 2021 a 2024. Amostras de pacientes diagnosticados com arboviroses foram analisadas, e os parâmetros hematológicos foram determinados por meio de hemograma padrão. Os resultados mostraram alterações, como o aumento significativo na contagem total de leucócitos. A contagem de plaquetas foi reduzida nos pacientes infectados, refletindo um quadro de trombocitopenia ($p < 0,0001$) associada à resposta inflamatória e à possível disfunção endotelial. Ademais, estudos apontam que a leucocitose ($p < 0,01$) tem sido apontada como um possível marcador de gravidade na infecção por arboviroses. Logo, a variação dos leucócitos é um marcador relevante, principalmente quando se fala de dengue. Diante do exposto, a análise hematológica mostrou-se útil para compreender os efeitos das arboviroses, evidenciando a importância do monitoramento laboratorial para um acompanhamento clínico mais eficaz.

Palavras-chave: Perfil Hematológico; Leucócitos; Plaquetas.

P-082

Leucemia Linfoblástica B: Relato De Caso De Paciente Masculino De 4 Anos Atendido Em Um Laboratório De Análises Clínicas Em Uberaba, Minas Gerais

Diego Rodrigues Pena dos Santos[1]*, Isabela de Oliveira Moura[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Lídia Freire Abdalla Nery[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde, Uberaba - MG; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

*diegosantos@sabin.com.br

Introdução: A leucemia linfoblástica B (LLB) é um subtipo de leucemia linfoblástica aguda (LLA), caracterizada pela proliferação clonal descontrolada de linfoblastos B imaturos na medula óssea e sangue periférico. Representa a neoplasia maligna mais comum da infância, correspondendo a cerca de 80% dos casos de LLA pediátrica.
Objetivo: Relatar o caso de um paciente do sexo masculino, com 4 anos de idade, diagnosticado com leucemia linfoblástica B.
Material e Métodos: Os dados foram obtidos de um banco de informações sem identificação individual, com dispensa de tramitação pelo sistema CEP/CONEP (Art. 1º, item V, Resolução nº 510/2016). O exame de imunofenotipagem de células hematopoéticas, realizado a partir de uma amostra de sangue periférico, é um exame de alta complexidade que permite determinar a linhagem celular, bem como analisar a maturação das células. Análise realizada em citômetro de fluxo de 10 parâmetros e 8 cores, realizada com marcação por anticorpos conjugados a fluorocromos. Os seguintes antígenos foram pesquisados: CD3, cCD3, CD10, CD13, CD19, CD20, CD22, CD33, CD34, CD38, CD45, CD66c, cCD79a, CD81, CD117, CD123, cIgM, CRLF2, mieloperoxidase, NG2 e nTdT.
Resultados e Discussão: A citometria de fluxo evidenciou que 48,80% das células analisadas eram blastos de complexidade baixa, que expressavam: CD10 (forte), CD19, CD20 (heterogêneo - positivo em 56% dos blastos), CD22 (positivo em 100% dos blastos), CD34, CD38 (fraco), cCD79a, CD81, CD123, nTdT e cIgM (fraco), sem expressão de CD45.
Conclusão: O estudo imunofenotípico realizado por citometria de fluxo foi compatível com o diagnóstico de leucemia linfoblástica B.

Palavras-chave: Leucemia Linfoblástica; Imunofenotipagem; LLA-B.

P-087

Heterozigose Composta para Hemoglobina Korle-Bu e Beta Talassemia: Estudo Familiar

Gabriela Alves Bernadinho[1], Elda Pereira Noronha[1], Aline Raquel Ferreira Silva[1]*

[1] Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão - HEMOMAR.

* biomedica.aliner@gmail.com

A hemoglobina Korle-Bu é uma variante rara que, quando associada a outras mutações como a talassemia β, pode gerar quadros clínicos complexos. Este estudo teve como objetivo relatar o caso de um lactente de 8 meses com perfil hemoglobínico inconclusivo, diagnosticado com dupla heterozigose para Hb Korle-Bu e β talassemia, a partir da investigação familiar. A metodologia envolveu a coleta de sangue do probando e de seus pais, encaminhada ao Laboratório de Genética da UFMS/CPTL. Foram realizados hemograma, reticulograma, exames bioquímicos, cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC) e análises moleculares por PCR-RFLP e sequenciamento do gene HBB. Os resultados laboratoriais do probando revelaram microcitose acentuada e anisocitose, sem anemia evidente, além de um perfil cromatográfico com Hb variante (70,2%), Hb F (18%) e Hb A0 (5,7%). O pai apresentou Hb variante (43,5%) e Hb A0 (47,9%), enquanto a mãe apresentou aumento de Hb A2 (5,3%) — sugestivo de β talassemia. A análise molecular identificou no pai a mutação **HBB:c.220G>A** (Hb Korle-Bu) e na mãe a mutação **HBB:c.92+5G>A** (β+ talassemia IVS-I-5). O probando apresentou ambas as mutações em heterozigose, confirmando o diagnóstico de dupla heterozigose para Hb Korle-Bu e β+ talassemia. Os achados laboratoriais, especialmente o eritrograma com microcitose e o perfil de ferro normal, levantaram a suspeita de hemoglobinopatia, a qual foi confirmada por técnicas moleculares. Conclui-se que a integração de diferentes métodos laboratoriais, com destaque para a biologia molecular, foi essencial para esclarecer um caso inicialmente inconclusivo, evitando diagnósticos errôneos. O estudo reforça a importância do diagnóstico genético em casos de variantes raras da hemoglobina, especialmente quando

associadas a outras mutações hereditárias, visando um manejo clínico mais adequado e seguro.

Palavras-chaves: Hemoglobinopatias, Diagnóstico molecular, Talassemia β

P-130

Utilização Do Vórtex Para Correção Da Plaquetometria Em Casos De Pseudotrombocitopenia Por Agregados Plaquetários

Nathan Nascimento Lima[1]*, Leonardo Albuquerque Tavares de Oliveira[2]

[1]Bacharel em Biomedicina pelo Centro Universitário de Belo Horizonte – MG. Pós-graduado em Oncologia e Hematologia pela Faculdade UnyLeya – RJ. Especialista em Hematologia Clínica e Laboratorial pela Academia de Ciência e Tecnologia de São José do Rio Preto – SP. Analista Clínico do Laboratório Hemolab Medicina Laboratorial – MG. Professor horista do Centro Universitário UNA – Conselheiro Lafaiete, MG; [2]Bacharel em Farmácia pela Universidade Federal de Ouro Preto – MG. Especialista em Hematologia Clínica e Laboratorial pela Academia de Ciência e Tecnologia de São José do Rio Preto – SP. Mestre em Gestão e Planejamento de Ensino. Analista Clínico do Laboratório Hemolab Medicina Laboratorial – MG. Professor horista do Centro Universitário UNA – Conselheiro Lafaiete, MG.

E-mail: nathan.lima13@hotmail.com

As plaquetas são fragmentos citoplasmáticos dos megacariócitos, que possuem atuação fisiológica tanto na hemostasia primária quanto secundária. Nos laboratórios, a quantificação de plaquetas é realizada com o auxílio de equipamentos de automação, que podem sofrer interferências analíticas, especialmente nos métodos de impedância. A presença de agregados plaquetários, que podem ocorrer por contato com o anticoagulante EDTA, pode produzir um resultado falsamente diminuído, e uma alternativa para corrigir estes resultados é o uso do vórtex. O objetivo do trabalho foi avaliar a eficácia do vórtex para correção de resultados quantitativos de plaquetas em amostras que apresentaram agregados plaquetários. O estudo foi realizado no período de janeiro a agosto de 2023, a partir do processamento de amostras de sangue total em EDTA, utilizando o aparelho Sysmex XN-550™. Foram selecionadas 40 amostras que apresentaram, durante a análise morfológica, agregados plaquetários. Critérios como idade e sexo dos pacientes não foram adotados. As amostras foram divididas em dois grupos. O primeiro grupo de amostras foi submetido à agitação em vórtex Labor Import, com rotação fixa de 2500 RPM, por 2 minutos, enquanto o segundo grupo passou pelo mesmo procedimento, por 4 minutos. Pode-se observar que todas as amostras de ambos os grupos apresentaram resultados de plaquetometria superiores, após a agitação pelo vórtex. Em 11 amostras observou-se, também, alterações quantitativas relacionadas aos eritrócitos, que podem estar associadas à fragmentação eritrocitária. Nas condições descritas para este trabalho, o vórtex foi resolutivo na correção de pseudotrombocitopenia pela presença de agregados plaquetários.

Palavras-chave: Pseudotrombocitopenia; Plaquetas; Vórtex.

P-141

Avaliação Da Estabilidade Da Velocidade De Hemossedimentação Em Diferentes Intervalos De Tempo Pós-Coleta

Vivian Freire Abdo[1]*, Diego Mendonça[1], Lídia Freire Abdalla Nery[2], Cyra Mesquita de Araujo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde, Uberlândia-MG; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília-DF

* vivianfabdo@gmail.com

Introdução: Velocidade de Hemossedimentação (VHS) é um exame amplamente utilizado na triagem de processos inflamatórios, porém sua precisão pode ser comprometida por variáveis pré-analíticas, como o tempo entre coleta e análise. **Objetivos:** Investigar a variação dos valores de VHS em amostras coletadas entre 08:00 e 09:00, analisadas nos horários de 09:00,12:00, 16:00 e 09:00h do dia seguinte, avaliando a influência do tempo de espera na acurácia do exame. **Material e Métodos:** Os dados foram obtidos de uma base de dados sem identificação individual, com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP (Art.1º, item V, Resolução 510/2016). Foram analisadas 22 amostras de pacientes, utilizando o método manual com pipetas descartáveis. A homogeneização foi realizada por inversão manual e agitação orbital. Os dados foram submetidos à análise estatística, com destaque para variações superiores a 10 mm/h entre o primeiro e o último tempo de leitura. **Resultado e Discussão:** Observou-se uma tendência de queda progressiva nos valores médios de VHS com o passar do tempo. Tais oscilações sugerem influência significativa do tempo pós-coleta na estabilidade do resultado. Constatou-se também que a homogeneização manual, realizada por inversão de 10 vezes, foi mais eficaz na preservação da acurácia do exame, mesmo com variações no tempo de análise. Os dados apontam que a VHS é sensível ao tempo de espera após coleta, provavelmente por alterações físico-químicas como degradação celular ou mudanças na viscosidade plasmática. Temperatura ambiente, homogeneização inadequada e conservação deficiente podem intensificar essas variações. Apesar de alguns pacientes manterem valores estáveis, a maioria demonstrou queda expressiva após 8 horas. **Conclusão:** Os resultados reforçam a importância de realizar a leitura do VHS preferencialmente até 2 horas após a coleta, conforme diretrizes técnicas. A estabilidade do exame diminui de forma significativa após esse período, podendo comprometer a confiabilidade diagnóstica, especialmente em contextos clínicos agudos.

Palavras-chave: VHS; acurácia; estabilidade.

P-146

Precisão Sob Nova Perspectiva: O Impacto Das Novas Metas Da EFLM No Desempenho Analítico Em Hematologia

Rafaela Goettems Duarte*[1], Gisleine Carolina de Sousa[1], Lídia Freire Abdalla Nery[2], Cyra Mesquita de Araujo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde, Florianópolis - SC; [2] Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

*rafaela.duarte@sabin.com.br

Introdução

O conceito de qualidade, como um padrão envolvendo excelência e conformidade é considerado, atualmente, como um processo intrínseco dentro de grandes instituições. Segundo David Garvin: "se a Qualidade deve ser gerenciada, ela deve primeiro ser compreendida". Diante disso, logo após a Segunda Guerra Mundial, novos conceitos envolvendo a qualidade começaram a ser estruturados e a utilização do controle estatístico tornou-se indispensável em diversas atuações. No âmbito laboratorial considera-se imprescindível a criação de um Sistema de Gestão da Qualidade (SGQ), objetivando garantir que todas as etapas envolvidas na liberação do laudo ao paciente sejam monitoradas e executadas com êxito. Para auxiliar no monitoramento da performance analítica, dispõem-se das Especificações da Qualidade Analítica (EQA), critérios que definem a aceitabilidade dos valores obtidos em cada corrida analítica. Com a criação de algumas organizações, como a Organização Internacional de Normalização (ISO), diversos padrões começaram a ser definidos para os laboratórios clínicos e conceitos como, precisão e exatidão analítica, passaram a apresentar margens de erros aceitáveis, sem comprometer o desfecho clínico do paciente[1]. Em 1999, a Federação Europeia de Química Clínica e Medicina Laboratorial (EFLM), nomeada no ano em questão como **FESCC**, organizou junto à Federação

Internacional de Química Clínica e Medicina Laboratorial (IFCC), o Consenso de Estocolmo, no qual foram definidos um conjunto de diretrizes que apresentavam a variação biológica natural do indivíduo como a principal especificação para a precisão dos exames laboratoriais. Sendo assim, este evento configura-se, até hoje, como um grande marco na evolução da qualidade laboratorial[2].

Objetivo: O presente trabalho teve como objetivo avaliar o impacto no setor de Hematologia considerando as novas metas de especificações do desempenho analítico, baseando-se na variação biológica, após a atualização realizada pela EFLM. Além disso, propõe-se mensurar como a implementação dessas novas metas podem contribuir com a melhoria da qualidade setorial.

Materiais e Método: Realizou-se, considerando a atualização realizada pela EFLM, uma análise crítica à nível clínico, avaliando o impacto no monitoramento da qualidade setorial, dentro do setor de Hematologia, apresentando uma revisão de literatura publicações posteriores ao ano de 2012.

Resultados e Discussão: Nos diversos setores envolvidos nos serviços de análises clínicas, observa-se cada vez mais a necessidade de aprimorar a gestão da qualidade, implementando especificações que atendam todos os requisitos dispostos na literatura e respeitem a performance esperada de cada analito. Os estudos a respeito das especificações progrediram significativamente ao longo dos últimos anos, considerando os avanços nos sistemas analíticos utilizados nos laboratórios e o conhecimento mais aprofundado acerca do processamento do exame, como por exemplo, a metodologia e estabilidade da amostra. Práticas envolvendo a análise do processamento do controle interno e externo de qualidade, harmonização entre equipamentos analíticos, análise de impacto e manutenções periódicas, além de construírem barreiras que asseguram a precisão, exatidão e confiabilidade dos exames liberados, contribuem na tomada de decisões clínicas. Para a construção de um SGQ robusto e eficaz, antes de iniciar o monitoramento da qualidade analítica de qualquer exame laboratorial, se faz necessário entender os principais conceitos envolvidos no processo. O controle interno de qualidade (CIQ) caracteriza-se como um processo diário (ou quando houver o processamento de uma rotina) para avaliar a performance do equipamento, utilizando controles comerciais fornecidos pelo fabricante com valores previamente conhecidos, que apresentam uma matriz similar a amostra biológica do paciente[3]. Por meio do CIQ, avalia-se precisão e, quando esse possui grupo inter-laboratorial, a exatidão (proximidade do valor alvo) analítica. A imprecisão analítica é monitorada através do Coeficiente de Variação (CV), enquanto a inexatidão pelo Viés analítico. Para seguir com o acompanhamento da performance analítica, utiliza-se as Especificações da Qualidade para cada analito. A definição dos critérios de aceitabilidade no processamento do controle de qualidade interno é baseada no analito envolvido no exame. Em se tratando do Hemograma, um dos principais exames de triagem solicitados pela classe médica e realizado dentro do setor de Hematologia, parâmetros como Hemoglobina, Hemácias, Hematócrito, Leucócitos e Plaquetas apresentam especificações distintas, bem como, monitoramentos individuais[4]. Tal fato justifica-se, principalmente, pela atuação e, consequentemente, o tempo de meia vida de cada célula encontrada na corrente sanguínea do paciente. Os leucócitos, por exemplo, de acordo com a sua natureza, podem apresentar um período variante de 6 a 12 horas, podendo chegar a alguns dias e/ou meses. Logo, considera-se normal uma variação maior desse parâmetro, não havendo a necessidade de utilizar especificações muito restritas. Já a hemoglobina, proteína presente no interior das hemácias, permanece atuando na corrente sanguínea em torno de 3 meses, período de renovação dos eritrócitos, considerado assim, um analito mais estável e com menores variações, podendo aplicar uma especificação mais restrita. Com a definição das especificações, torna-se viável a análise da performance daquele parâmetro respeitando um range máximo e mínimo. Diante do entendimento dessas diferenças, é possível compreender o conceito de variação biológica e como ela se tornou uma das principais e mais relevantes especificações da qualidade. A variação biológica é caracterizada como uma alteração natural que algumas dosagens podem ter considerado fatores como, sexo, idade, dieta habitual, condições fisiológicas e, até mesmo, questões genéticas. Em 2010, ocorreu o Consenso de Estocolmo, organizado pela Federação Europeia de Química Clínica e Medicina Laboratorial (EFLM). A organização, que possui como objetivo promover processos que proporcionam uma melhora na qualidade laboratorial através de diretrizes e metas estabelecidas, utiliza a variação biológica como foco principal. Uma das mais relevantes contribuições do Consenso, foi a criação da Hierarquia de Estocolmo, orientando os laboratórios clínicos a utilizarem a variação biológica como principal especificação da qualidade. A decisão, além de garantir que os padrões de qualidade sejam atendidos, auxilia na diferenciação entre a variação esperada do organismo e erros analíticos, visto que, se forem adotadas especificações muito rigorosas aumenta a probabilidade de ajustes indevidos e, consequentemente, resultados incorretos. Em 2014, a EFML disponibilizou através de um banco de dados, uma estimativa de indivíduos sadios para que as EQA fossem baseadas, de acordo com cada analito sendo, variação biológica mínima, desejável e ótima. Entretanto, em 2022, uma nova atualização no banco de dados foi realizada, com o objetivo de tornar os resultados ainda mais precisos, por meio de tecnologias analíticas modernas e abordagens personalizadas. Observou-se que, além da introdução de novos parâmetros na análise, algumas metas para avalição do CV, Viés e Erro Total foram reduzidas. Diante das novas atualizações, a EFML ressalta que os limites são estimativas confiáveis, porém cabe aos laboratórios clínicos avaliar se as novas metas são aplicáveis às suas populações e desempenhos estipulados pelo fornecedor de cada sistema analítico. O ajuste nas EQA deve ser realizado também, analisando criticamente o desempenho analítico obtido no ano anterior, levando em consideração que todas as etapas do SGQ foram realizadas com êxito, como as manutenções periódicas, processamento do controle com base na orientação do fornecedor, validação de novos lotes de insumos, equipe devidamente treinada.

Conclusão: Adotando os novos valores da variação biológica de 2022, disponíveis no banco de dados da EFML, observa-se que o impacto no desempenho analítico do setor de Hematologia é significativo, tornando o monitoramento da qualidade ainda mais robusto. Sendo assim, a atualização deve ser colocada em prática após a certeza de que os novos valores atribuirão uma segurança ainda maior nos sistemas analíticos, garantindo assim, a precisão e exatidão dos resultados. Por fim, considera-se a atualização realizada pela federação como um tópico essencial na busca pelo melhor resultado ao paciente. Caracterizando como aquele que corresponde ao seu real quadro clínico, fornecendo confiabilidade para que as condutas de tratamento e prognóstico sejam seguras.

Palavras-chave: Hematologia. Especificações. Qualidade

Referências

1. Leite LGF, Senna Junior VA de. Qualidade e competência de laboratórios de análises clínicas referente a ISO 9001 e ISO 15189. Rev Ibero-Am Humanidades, Ciências e Educação. 2023;9(10):6525–38. doi:10.51891/rease.v9i10.12379. Disponível em: https://periodicorease.pro.br/rease/article/view/12379 [citado 2025 abr 21].

2. Federação Europeia de Química Clínica e Medicina Laboratorial. Banco de dados de variação biológica da EFLM [Internet]. 2025 [citado 2025 abr 21]. Disponível em: https://biologicalvariation.eu/.

3. Silva YA da, Amorim WM. Controle de qualidade no setor de hematologia com ênfase no leucograma. Braz J Biol Sci. 2024;11(25):e83. doi:10.21472/bjbs.v11n25-019. Disponível em: https://bjbs.com.br/index.php/bjbs/article/view/83 [citado 2025 abr 21].

4. Failace R. Hemograma: manual de interpretação. Porto Alegre: Artmed Editora; 2015.

ÁREA: IMUNOLOGIA CLÍNICA

P-009

Prevalência da Infecção Latente da Tuberculose em pacientes ambulatoriais

Juliana Oba Costa[1]*, Rita de Cássia Garbo[1], Gabrielli Guerra[1], Julia Ceolato Moreira dos Santos[1], Karine de Paula Martins[1], Gustavo Felippe Cerqueira Lima[1], Beatriz Teixeira Pelizer[1], Samanta Aparecida Nunes[1]

[1]*Laboratório Analiza*

suportetecnico@analizalab.com.br*

Introdução
A tuberculose é uma doença infecciosa e transmissível e é um problema de saúde pública. A Organização Mundial de Saúde estima que um terço da população mundial esteja infectada pelo *Mycobacterium tuberculosis* (MTB). Indivíduos com a infecção latente da tuberculose (ILTB) não apresentam sintomas e não transmitem a doença, mas têm risco de evoluir para sua forma ativa e contagiosa, sendo importante identificá-los.
O teste quantiferon utiliza um ensaio de liberação de interferon gama (IGRA) para identificar a presença de resposta imunológica contra o MTB. Ao contrário do teste cutâneo de tuberculina (PPD), o quantiferon não sofre interferência da vacinação com Bacilo Calmette-Guérin (BCG), com menor taxa de resultados falso-negativos e de tratamentos desnecessários.
Objetivos
O objetivo deste estudo foi estudar a prevalência da ILTB na população ambulatorial da Região Metropolitana de Campinas (RMC).
Materiais e Métodos
Através de relatórios do Sistema de Informação Laboratorial, foram identificados pacientes que realizaram teste de quantiferon entre 01/01 e 31/03/2025.
Resultados e Discussões
Foram realizados 162 testes de quantiferon, sendo 65 homens (40%) e 97 mulheres (60%). Oito testes foram positivos (5%) e 154 foram negativos (95%). A positividade foi maior nos homens (8%), quando comparado às mulheres (3%).
Estudos sobre a prevalência da ILTB na população geral ainda são escassos. Alguns estudos em populações específicas demonstraram prevalência da ILTB de 9,1%, em pacientes com doença pulmonar intersticial e de 9%, em pessoas que vivem com HIV. Em um estudo realizado com profissionais de saúde, a prevalência de ILTB foi de 23,3%.
Conclusão
A prevalência da ILTB na população estudada foi de 5%, abaixo da encontrada em outras populações. Porém, considerando que se trata de uma população ambulatorial e que o exame de quantiferon não é amplamente disponível, estudos maiores são necessários para estimar com melhor acurácia a prevalência da ILTB.

Palavras-chave: Quantiferon; infecção latente da tuberculose; ILTB.

P-020

Perfil De Toxoplasmose IgM Reagente Na População De Teresina – PI No Primeiro Trimestre De 2025

Denilson de Araújo e Silva[1]*, Adriana de Oliveira Silva Viana[1], Sylvio José Colonna Romano[1], Carlos David Valentim[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] *Laboratório Bioanálise (Grupo Sabin), Teresina - PI;* [2] *Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF*

* denilson.araujo@sabin.com.br

INTRODUÇÃO: A toxoplasmose é uma infecção causada pelo protozoário intracelular obrigatório *Toxoplasma gondii*, com distribuição global e relevância significativa em saúde pública. No Brasil, a soroprevalência pode ultrapassar 80% em determinadas regiões, refletindo fatores como saneamento básico deficiente e condições socioeconômicas. Em indivíduos imunocompetentes, a infecção tende a ser assintomática, no entanto, em gestantes e pacientes imunossuprimidos, como transplantados e pessoas vivendo com HIV/AIDS, pode causar manifestações clínicas graves. Diante do risco de transmissão vertical durante a gestação e das possíveis consequências neurológicas e oculares ao recém-nascido, o diagnóstico precoce e preciso é fundamental. A sorologia é o método mais utilizado, com a detecção dos anticorpos IgG e IgM específicos contra *T. gondii*. No entanto, a presença persistente de IgM por meses ou anos após a infecção inicial pode dificultar a distinção entre infecção aguda e crônica. OBJETIVO: Avaliar a ocorrência do marcador IgM específico contra *T. gondii* levantados no primeiro trimestre de 2025 em Teresina, Piauí. MATERIAIS E MÉTODO: Foram levantados dados de ocorrência de titulação reagente para o anticorpo específico IgM para toxoplasmose relativos aos três primeiros meses do ano de 2025 e com esses dados foi descrito o perfil de sua ocorrência. este artigo dispensou submissão ao CEP. RESULTADOS: No primeiro trimestre de 2025 foram realizadas 745 dosagens de anticorpos IgM para toxoplasmose, destes, 7 apresentando titulação reagente para o marcador. Todos os casos reagentes para a molécula são de mulheres que possuem entre 21 e 38 anos de idade, com distribuição entre 3 zonas urbanas da cidade de Teresina: Centro, Sudeste e Sul. CONCLUSÃO: Embora represente menos que 1% do total de exames realizados, esses dados sugerem que ainda existam pontos de atenção quanto aos cuidados em relação à transmissão da toxoplasmose e os riscos à saúde de gestantes, crianças e imunocomprometidos.

Palavras-chave: Toxoplasmose, *Toxoplasma gondii,* Sorologia.

P-068

Prevalência De Não Imunização Contra O Vírus Da Hepatite B

Lohana Alexciene de Sousa Alves[1]*, Zachary Emanuela Nojosa[1], Daiara Alexandre de Sousa[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde, Boa Vista - RR;* [2] *Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF*

* lohana.alves@sabin.com.br

Introdução: A hepatite B é uma infecção viral com elevada importância clínica e epidemiológica, podendo evoluir para formas crônicas, como a cirrose e o hepatocarcinoma. A principal forma de prevenção é a vacinação, cuja eficácia é avaliada pela presença de anticorpos anti-HBs. **Objetivos:** Analisar, por meio de revisão de literatura, a prevalência da não imunização contra o vírus da hepatite B, com base em resultados de exames anti-HBs. **Materiais e Métodos:** Foi realizada uma revisão bibliográfica na base SciELO utilizando os descritores "Hepatite B", "anti-HBs", "vacinação" e "sorologia". Foram incluídos estudos quantitativos sobre a prevalência de soroconversão após a vacinação. **Resultados e discussões:** Os dados analisados demonstram prevalência significativa de indivíduos não reagentes, incluindo profissionais da saúde. Isso aponta possíveis falhas vacinais ou ausência de resposta imune mesmo após o esquema completo, destacando a importância da verificação da soroconversão. **Conclusão**: A ausência de anticorpos anti-HBs não pode ser atribuída exclusivamente a falhas na vacinação, uma vez que diversos fatores podem influenciar a resposta imune do indivíduo, incluindo variações genéticas, imunossupressão, idade e adesão ao esquema vacinal. Dessa forma, a testagem sorológica após a vacinação se mostra uma estratégia essencial para verificar a efetividade da resposta imune, especialmente em grupos de risco como os profissionais da saúde. A implementação de ações educativas, reforço vacinal quando necessário e a ampliação da vigilância sorológica são medidas fundamentais para o controle efetivo da hepatite B no Brasil. **Palavras-chave:** Hepatite B, anti-HBs, vacinação.

P-126

Aumento Da Prevalência De Casos De Sífilis (2023–2024) Em Laboratório Clínico Privado No Tocantins

Maria Vitória Queiroz Marques[1*], Patrícia Cavalcante Araújo[1], Nayara de Oliveira Borba Sobral[1], Lidia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde, Palmas - TO; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

*maria.vitoria@sabin.com.br

Introdução: O aumento da sífilis é uma preocupação de saúde pública e privada no Tocantins. Causada pela *Treponema pallidum*, inicia-se com lesões indolores e pode evoluir para sintomas como manchas, febre e mal-estar. Sem diagnóstico e tratamento, avança para a fase terciária, com complicações neurológicas, cardiovasculares e risco de transmissão vertical. Adultos jovens (20 a 29 anos) são os mais afetados. A alta detecção de anticorpos em laboratórios privados confirma o crescimento dos casos e reforça a necessidade de prevenção, diagnóstico precoce e tratamento. **Objetivo:** Realizar uma análise da prevalência de casos de sífilis entre os pacientes atendidos em um laboratório clínico privado durante o período de 2023 a 2024. **Material e Métodos:** Este estudo analisou retrospectivamente registros de sífilis em um laboratório clínico privado do Tocantins, de janeiro de 2023 a dezembro de 2024. Os dados, anonimizados, foram obtidos do sistema interno de gestão de pacientes, com dispensa do CEP/CONEP conforme a Resolução 510/2016, Art.1º, item V. **Resultados e Discussão:** Entre 2023-2024, 2.417 pacientes testaram positivo para *Treponema pallidum* em um laboratório privado do Tocantins, com aumento de 22% na prevalência. O crescimento segue a tendência nacional, apontando falhas no controle e diagnóstico precoce. Adultos jovens (20-29 anos) representaram 48% dos casos, seguidos por gestantes (18%) e homens acima de 30 anos (25%). O perfil indica deficiências em educação sexual, acesso à prevenção e subnotificação em assintomáticos. **Conclusão:** Estudo em um laboratório privado do Tocantins (2023-2024) registrou aumento de 22% nos casos de sífilis, com 2.417 diagnósticos. Adultos jovens (20-29 anos) foram os mais afetados (48%), seguidos por gestantes (18%), com destaque para a detecção tardia. O cenário reforça a necessidade de ampliar testagem, fortalecer o pré-natal, investir em educação sexual e adotar políticas eficazes de diagnóstico precoce e tratamento.

Palavras-chave: Sífilis; Prevalência; Infecções Sexualmente Transmissíveis.

P-160

Desvendando o Estresse Oxidativo na Toxoplasmose: Uma Abordagem sobre Marcadores Oxidantes e Antioxidantes em Pacientes Infectados

Marisa Lúcia Romani Paraboni[1*], Vanusa Manfredini[2], Genifer Erminda Schreiner[2], Itamar Luís Gonçalves[1], Claudio Silveira[3], Rubens Belfort Jr[4]

[1] Universidade Regional Integrada Alto Uruguai e Missões – URI Campus de Erechim, Erechim, RS; [2]Programa de Pós-graduação em Bioquímica, Universidade Federal do Pampa, Uruguaiana, RS; [3]Clínica Silveira, Erechim, RS; [4]Departamento de Oftalmologia, Universidade Federal de São Paulo, UNIFESP, São Paulo

* marisar@uri.com.br

Introdução

A toxoplasmose é uma zoonose causada pelo protozoário intracelular *Toxoplasma gondii (T. gondii)*[1], se distribui mundialmente e com potencial impacto na saúde pública. Na infecção adquirida por *T. gondii*, os humanos podem ser infectados pelo consumo de carne mal cozida ou crua[2] e água contaminada, solo, vegetais e frutas[3]. A infecção por *T. gondii* também pode ser adquirida durante a gravidez e causar sérios problemas ao feto[4]. Frequentemente assintomática em indivíduos saudáveis e imunocompetentes, porém a doença pode representar sérios riscos à saúde em grupos vulneráveis como gestantes, recém-nascidos e pessoas imunocomprometidas. Pode causar problemas graves como toxoplasmose ocular, alterações neurológicas e distúrbios comportamentais[5]. O estado nutricional do paciente exerce papel relevante no curso da toxoplasmose, influenciando diretamente o funcionamento do sistema imunológico e, consequentemente, o prognóstico da infecção. Deficiências nutricionais, especialmente de micronutrientes com função imunomoduladora, como vitaminas A, C, D, E, além de minerais como zinco, selênio e ferro, podem comprometer a resposta imune contra o *T. gondii*, também os antioxidantes naturais, como as vitaminas C e E, auxiliam na redução do estresse oxidativo induzido pelo parasita. O estresse oxidativo e os compostos antioxidantes têm sido descritos como potenciais biomarcadores para várias doenças, contudo não há consenso sobre os biomarcadores oxidativos e antioxidantes mais adequados para pacientes com *T. gondii*.

Objetivos

Avaliar os níveis de marcadores de danos oxidativos aos lipídios, às proteínas, e ao material genético e antioxidantes em amostras de pacientes infectados com *T. gondii* com toxoplasmose em fase aguda e comparar com amostras controle.

Material e Métodos

Foram selecionados 20 pacientes positivos para anticorpos anti *T. gondii* com toxoplasmose aguda (mas sem toxoplasmose ocular) denominado grupo (T) e 12 indivíduos saudáveis e soronegativos para anticorpos anti *T. gondii* denominado de grupo controle (C). Os anticorpos anti IgG e IgM de *T. gondii* foram investigados por Imunoensaio de Eletroquimioluminescência (ECLIA) (Roche Diagnostics – Mannheim). Para a análise bioquímica foram dosadas para determinar o perfil oxidativo as Substâncias reativas ao malondialdeído (MDA), Ácido Tiobarbitúrico (TBARS); Carbonilação das proteínas, Micronúcleos (MN), e para determinar o perfil antioxidante foram dosados Glutationa (GSH), Vitamina C e Vitamina E. O estudo foi aprovado pelo CEP número 1.746.695 - Unifesp/EPM.

Resultados e Discussão

A Figura 1 apresenta a comparação de marcadores de estresse oxidativo e antioxidantes entre indivíduos do grupo controle e com toxoplasmose aguda (T). Os níveis de MDA (Figura 1a; p = 0,0004), TBARS (Figura 1b; p = 0,0027), carbonilação de proteína (Figura 1c; p = 0,0061) e a contagem de micronúcleos (Figura 1d; p = 0,0033) foram significativamente maiores no grupo com toxoplasmose aguda (T) em comparação ao controle (C), indicando maior dano oxidativo e genotóxico. Por outro lado, os níveis de GSH (Figura 1e; p = 0,0145), vitamina C (Figura 1f; p = 0,0001) e vitamina E (Figura 1g; p = 0,0022) foram significativamente reduzidos no grupo T, sugerindo comprometimento do sistema antioxidante endógeno nesses participantes.

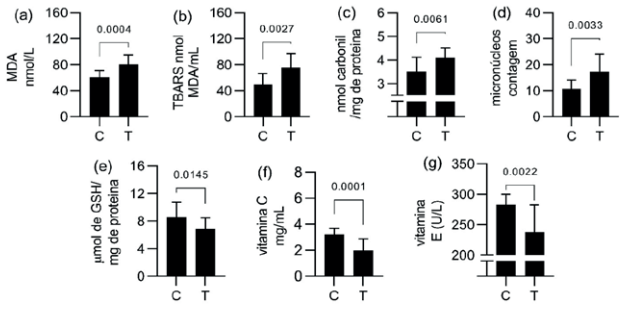


Figura 1. Avaliação de marcadores de estresse oxidativo e antioxidantes em indivíduos do grupo controle e com toxoplasmose aguda (T). Em (a) malondialdeído, (b) TBARS, (c) carbonilação de proteína, (d) micronúcleos, (e) glutationa reduzida (GSH), (f) vitamina C e (g) vitamina E. Os dados são apresentados como média ± desvio padrão. As comparações entre os grupos foram realizadas usando o teste de Mann-Whitney. Diferenças com $p < 0,05$ foram consideradas estatisticamente significativas.

A infecção por *T. gondii* está associada com presença de inflamação e o aumento dos fatores de estresse oxidativo pelo aumento das espécies reativas de oxigênio[6]. A elucidação dos níveis de fatores oxidativos e antioxidantes distintos em pacientes infectados por *T. gondii* pode ser considerada importante ao desenvolvimento de ferramentas para o diagnóstico precoce e prognóstico, e mesmo para o tratamento da toxoplasmose.
O estudo demonstrou altos níveis de MDA e TBARS nas amostras de pacientes com toxoplasmose (T) quando comparados ao grupo controle (C). De acordo com esses resultados, níveis aumentados de MDA em pacientes com toxoplasmose e níveis aumentados de TBARS em gestantes infectadas com *T. gondii* foram relatados recentemente[7].
Outro achado interessante do estudo foi a observação de níveis significativamente mais elevados de micronúcleos no sangue periférico de pacientes com Toxoplasmose (T) indicando danos no DNA relacionados à infecção por *T. gondii*.
Na análise de produtos carbonílicos de dano proteico revelou níveis aumentados em amostras de pacientes (T) em relação ao grupo controle (C). Esse aumento dos níveis de carbonila observado em nossos pacientes com toxoplasmose também foi descrito em ratos infectados experimentalmente. Um dos fatores que desempenha um papel relevante na defesa antioxidante contra o estresse oxidativo é o GSH. Neste estudo níveis significativamente mais baixos de GSH foram observados em amostras de pacientes (T) em comparação com indivíduos controle (C). Semelhante aos nossos achados, estudo anterior mostrou níveis reduzidos de GSH no soro sanguíneo de ratos infectados com *T. gondii* [8].
Além disso, sugere-se que o GSH seja aumentado pelas vitaminas antioxidantes C e E. Isso poderia explicar por que encontramos níveis diminuídos de vitamina C e vitamina Em pacientes com Toxoplasmose (T). Em estudo, camundongos infectados com taquizoítos de T. *gondii* foram tratados com vitamina C e E Onde os autores relataram uma redução no número de taquizoítos sugerindo a importância e eficácia dessas vitaminas[9].
No geral, os pacientes com Toxoplasmose (T) mostraram ser altos produtores de fatores de estresse oxidativo, que geralmente estão aumentados em humanos ou roedores infectados com *T. gondii* como mencionado acima [7]. Os indivíduos controles (C) soronegativos foram encontrados como altos produtores de marcadores antioxidantes, o que é conhecido por ser essencial para restaurar e manter o equilíbrio biológico. No estudo, foi evidênciado o aumento do estresse oxidativo e dano ao DNA, e diminuição dos fatores antioxidantes em pacientes infectados com *T. gondii*.

Conclusão
Foram encontradas evidências de aumento do estresse oxidativo e danos ao DNA, e diminuição dos fatores antioxidantes em pacientes infectados por *T. gondii*. A avaliação do perfil nutricional e a correção de eventuais carências vitamínicas ou minerais devem ser consideradas como parte do manejo clínico de pacientes com toxoplasmose, contribuindo para uma recuperação mais eficaz e para a prevenção de complicações, principalmente em indivíduos imunocomprometidos. Por fim é importante correlacionar os parâmetros clínicos com marcadores circulantes para melhor compreender os mecanismos envolvidos na patogênese da toxoplasmose.

Palavras-chave: Marcadores de estresse oxidativo, antioxidantes, Toxoplasmose

Referências
1. Sokol SL, Wong ZS, Boyle JP, Dubey JP. Generation of Toxoplasma gondii and Hammondia hammondi oocysts and purification of their sporozoites for downstream manipulation. Methods Mol Biol. 2020;2071:81-98.

2. Paraboni MLR, et al. A new strain of Toxoplasma gondii circulating in southern Brazil. J Parasit Dis. 2020;44(1):248-52.

3. Lass A, Pietkiewicz H, Szostakowska B, Myjak P. The first detection of Toxoplasma gondii DNA in environmental fruits and vegetables samples. Eur J Clin Microbiol. 2012;31(6):1101-8.

4. Robert-Gangneux F, et al. Clinical relevance of placenta examination for the diagnosis of congenital toxoplasmosis. Pediatr Infect Dis J. 2010;29(1):33-8.

5. Dubey JP, Tiao N, Gebreyes WA, Jones JL. A review of toxoplasmosis in humans and animals in Ethiopia. Epidemiol Infect. 2012;140(11):1935-8.

6. Dincel GC, Atmaca HT. Role of oxidative stress in the pathophysiology of Toxoplasma gondii infection. Int J Immunopathol Pharmacol. 2016;29(2):226-40.

7. Al-Kuraishy HM, Al-Kuraishi AH, Al-Windy S, Al-Gareeb AI. Toxoplasmosis and risk of endothelial dysfunction: Role of oxidative stress and pro-inflammatory mediators. Arch Clin Infect Dis. 2019;14(6).

8. Hoseiny Asl Nazarlu Z, Matini M, Bahmanzadeh M, Foroughi-Parvar F. Toxoplasma gondii: A possible inducer of oxidative stress in reproductive system of male rats. Iran J Parasitol. 2020;15(4):521-9.

9. Tabatabaie F, Jalalizadegan B, Ghaffarifar F, Vafashoar F, Akhlaghi L, Tabaei SJS. Evaluation the effects of vitamins (C and E) and minerals (selenium and calcium) on proliferation of Toxoplasma gondii tachyzoites. Int J Infect Dis. 2018;73:325.

P-169

Infecção Silenciosa, Imunidade ativa: Soroprevalência e Biomarcadores sistêmicos de *Toxoplasma gondii* em grupo de doadores de Sangue

Marisa Lúcia Romani Paraboni[1*], Itamar Luís Gonçalves[1], Caroline Fabian dos Santos[1], Ethiene Prigol do Amarante[1], Rubens Belfort Jr[2]

[1]Universidade Regional Integrada Alto Uruguai e Missões, URI Campus de Erechim, Erechim, RS; [2]Departamento de Oftalmologia, Universidade Federal de São Paulo, UNIFESP, São Paulo

* marisar@uri.com.br

Introdução
A toxoplasmose é causada pelo parasita intracelular *Toxoplasma gondii* (*T. gondii*), e um terço da população humana em todo o mundo está cronicamente infectada com este parasita[1]. Na infecção adquirida por *T. gondii*, os humanos podem ser infectados pelo consumo de carne mal cozida ou crua[2] e água contaminada, solo, vegetais e frutas[3]. A infecção por *T. gondii* também pode ser adquirida durante a gravidez e causar sérios problemas ao feto[4]. Frequentemente assintomática em indivíduos saudáveis e imunocompetentes, porém a doença pode representar sérios riscos à saúde em grupos vulneráveis como gestantes, recém-nascidos e pessoas imunocomprometidas. Pode causar problemas graves como toxoplasmose ocular, alterações neurológicas e distúrbios comportamentais. Esta infecção também pode ser transmitida por transfusão de sangue e transplante de órgãos[5]. A transfusão de sangue de doadores assintomáticos da infecção para receptores imunocomprometidos pode ser uma preocupação principalmente em regiões endêmicas como o Sul do Brasil, onde 80% da população é soropositiva para infecção por *T. gondii*[6]. A resposta imunológica da infecção por *T. gondii* é iniciada pelo sistema imune inato que secreta fatores pró-inflamatórios induzindo o recrutamento e ativação das células da resposta imune adaptativa[7]. Essas respostas são caracterizadas pela produção de citocinas pró-inflamatórias (IL-1β, IL-12, IL-18, e IFN-γ)[8]. Os linfócitos e células mieloides do hospedeiro não apenas secretam uma rede de citocinas para vias de sinalização, mas também regulam positivamente citocinas regulatórias (IL-4, IL-10, TGF-β)[9]. Neste sentido, uma correlação entre soropositividade para Toxoplasmose e biomarcadores em doadores de sangue pode ser melhor explorada.

Objetivos
O estudo teve por objetivo determinar diferenças nos níveis biomarcadores sistêmicos (interleucinas inflamatórias e regulatórias) em doadores de sangue com e sem exposição prévia ao *T. gondii*.

Material e Métodos
Foi realizado um estudo com doadores de sangue, em dois hemocentros no sul do Brasil, onde foram estratificados em dois grupos: G1 (soronegativos para *T. gondii*, IgG–/IgM–) com 94 doadores e G2 (soropositivos IgG+/IgM) com 126 doadores. A detecção de anticorpos IgG e IgM para *T. gondii* foi realizada por Imunoensaio por Eletroquimioluminescência (ECLIA) (Roche Diagnostics – Mannheim, Alemanha). Os resultados de IgG foram expressos

em unidades internacionais (UI). A análise de biomarcadores imunológicos sistêmicos foi realizada na plataforma Luminex Bio-plex mediu biomarcadores imunológicos sistêmicos citocinas pró-inflamatórias (IL-1β; IL-6; TNF-α; IL-12; IFN-γ; IL-15; IL-17), citocinas regulatórias (IL-1Ra; IL-4; IL-5; IL-9; IL-10; IL-13). O estudo foi aprovado pelo CEP número 5.200.258 Unifesp/EPM.
Os valores dos biomarcadores quantificados foram expressos como média ± desvio padrão e tiveram a sua normalidade investigada. Em seguida foram realizadas comparações dos valores médios utilizando o teste de Mann-Whiteney. Foram considerados valores de p menores que 0,05 como significativos. As análises foram realizadas utilizando o programa GraphPad Prism 9.2.

Resultados e Discussão

A Figura 1 apresenta os níveis plasmáticos de diversas citocinas em dois grupos de indivíduos: G1 (soronegativos para *T. gondii*, IgG–/IgM–) e G2 (soropositivos IgG+/IgM–). Os níveis de IL-1β (Figura 1a), IL-4 (Figura 1c), IL-5 (Figura 1d) e IL-17 (Figura 1k) foram significativamente maiores no grupo G2 em comparação ao grupo G1, com valores de p de 0,0221, 0,0168, 0,0236 e 0,0471, respectivamente. Por outro lado, IL-6 (Figura 1e; p = 0,0815), IL-13 (Figura 1i; p = 0,0617) e IFN-γ (Figura 1m; p = 0,0820) apresentaram valores de p próximos ao limiar de significância, sugerindo uma tendência de aumento no grupo G2. As demais citocinas — IL-1ra (Figura 1b; p = 0,8841), IL-9 (Figura 1f; p = 0,9553), IL-10 (Figura 1g; p = 0,3627), IL-12 (Figura 1h; p = 0,7410), IL-15 (Figura 1j; p = 0,3215) e TNF-α (Figura 1l; p = 0,6306) — apresentaram valores de p elevados, indicando ausência de diferença entre os grupos.
Esses resultados sugerem que a presença de anticorpos IgG contra *T. gondii* em indivíduos sem infecção ativa pode estar associada a uma resposta imune basal diferenciada, com elevação seletiva de algumas citocinas inflamatórias e regulatórias.
De acordo com os resultados obtidos no nosso estudo, níveis elevados de IL-1β, IL-6, IFN-γ, IL-17, IL-4, IL-5 em doadores de sangue assintomáticos, ainda possuem uma importante função na fase crônica da infecção por *T. gondii*. Além disso, a avaliação de citocinas pode definir a qualidade de uma resposta imune que funciona como mecanismo microbicida contra a disseminação do *T. gondii*. Vários estudos publicados mostraram moléculas inflamatórias como potenciais biomarcadores que podem prever o desenvolvimento de doenças e distinguir diferentes estágios da infecção por *T. gondii* [10,11]. Do ponto de vista da medicina transfusional, esforços sustentados têm sido feitos para limitar os riscos inflamatórios.
Além do risco de infecção, outros riscos da transfusão incluem a febre devido a proteínas causadoras de febre (citocinas) que foram descritas. Essas condições são chamadas de reações transfusionais não hemolíticas febris, e a maioria delas são causadas por citocinas que se acumulam no hemocomponente durante o armazenamento.

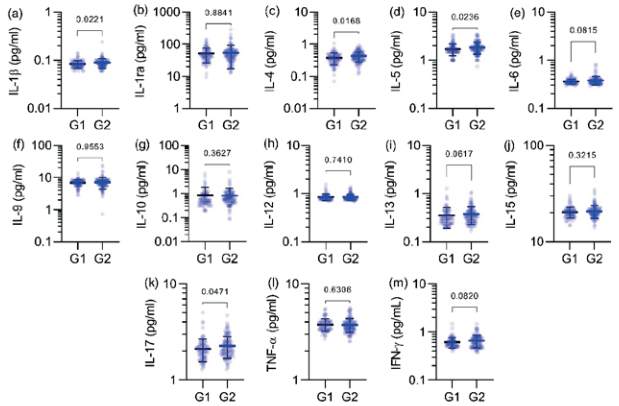


Figura 1. Níveis plasmáticos de citocinas em indivíduos soronegativos (G1: IgG–/IgM–) e soropositivos (G2: IgG+/IgM–) para *Toxoplasma gondii*. As concentrações de IL-1β (a), IL-1ra (b), IL-4 (c), IL-5 (d), IL-6 (e), IL-9 (f), IL-10 (g), IL-12 (h), IL-13 (i), IL-15 (j), IL-17 (k), TNF-α (l) e IFN-γ (m) foram quantificadas no plasma. Os dados são apresentados em escala logarítmica, com linhas indicando a média ± desvio padrão. As comparações entre os grupos foram realizadas usando o teste de Mann-Whitney. Valores de $p < 0,05$ foram considerados estatisticamente significativos.

Conclusão

Os doadores de sangue com infecção prévia (IgG reagente) apresentaram fatores inflamatórios distintos em relação aos doadores de sangue sem essa condição, o que pode ser útil para o diagnóstico precoce da toxoplasmose. Os doadores de sangue com infecção prévia podem ser considerados um risco potencial de contaminação dos receptores de sangue, uma vez que os testes para infecção por *T. gondii* não são atualmente realizados em bancos de sangue. Dessa forma, as pesquisas com biomarcadores poderão ter uma excelente perspectiva a ser explorada.

Palavras-chave: Doadores de sangue, Toxoplasmose, Biomarcadores

Referências

1. Dubey JP, Tiao N, Gebreyes WA, Jones JL. A review of toxoplasmosis in humans and animals in Ethiopia. Epidemiol Infect. 2012;140(11):1935-8.

2. Paraboni MLR, et al. A new strain of Toxoplasma gondii circulating in southern Brazil. J Parasit Dis. 2020;44(1):248-52.

3. Lass A, Pietkiewicz H, Szostakowska B, Myjak P. The first detection of Toxoplasma gondii DNA in environmental fruits and vegetables samples. Eur J Clin Microbiol. 2012;31(6):1101-8.

4.Robert-Gangneux F, et al. Clinical relevance of placenta examination for the diagnosis of congenital toxoplasmosis. Pediatr Infect Dis J. 2010;29(1):33-8.

5. Gharavi MJ, Jalali S, Khademvatan S, Heydari S. Detection of IgM and IgG anti-Toxoplasma antibodies in renal transplant recipients using ELFA, ELISA and ISAGA methods: comparison of pre- and post-transplantation status. Ann Trop Med Parasitol. 2011;105:367.

6. Silveira C, Belfort R Jr, Muccioli C, Abreu MT, Martins MC, Victora C, Nussenblatt RB, Holland GN. A follow-up study of Toxoplasma gondii infection in southern Brazil. Am J Ophthalmol. 2001;131:351.

7. Gazzinelli RT, Denkers EY. Protozoan encounters with Toll-like receptor signalling pathways: implications for host parasitism. Nat Rev Immunol. 2006;6(12):895-906.

8. Apte RS, Chen DS, Ferrara N. VEGF in signaling and disease: beyond discovery and development. Cell. 2019;176(6):1248-64.

9. Matowicka-Karna J, Dymicka-Piekarska V, Kemona H. Does Toxoplasma gondii infection affect the levels of IgE and cytokines (IL-5, IL-6, IL-10, IL-12, and TNF-alpha)? Clin Dev Immunol. 2009;2009:374696.

10. Machado VS, et al. Diphenyl diselenide supplementation in infected mice by Toxoplasma gondii: Protective effect on behavior, neuromodulation and oxidative stress caused by disease. Exp Parasitol. 2016;169:51-8.

11. Marino AP, et al. Circulating inflammatory mediators as biomarkers of ocular toxoplasmosis in acute and in chronic infection. J Leukoc Biol. 2020;108(4):1253-64.

ÁREA: LÍQUIDOS BIOLÓGICOS E URINÁLISE

P-006

Atlas de Citologia do Líquor: Um Guia Prático para Apoio Médico-Laboratorial em Neurodiagnósticos

Layla Luyze da Silva Barbosa[1]

[1]*Universidade do Estado do Rio de Janeiro*

luyze_farma22@yahoo.com.br

Introdução

O diagnóstico laboratorial de doenças do sistema nervoso central (SNC), como hemorragias subaracnoideas, meningites neoplásicas, próprias ou metastáticas, e em diversos outros tipos de processos inflamatórios, vem evoluindo expressivamente graças à análise citológica do liquido cefalorraquidiano (LCR), que quando rica em detalhes de morfologia celular, é crucial à fidelização dos resultados.[1] O líquor em condições fisiológicas, poderá apresentar até cinco células por milímetro cúbico (mm^3), aspecto de "água de rocha", límpido e incolor. Em certas patologias do sistema nervoso, o líquor poderá se apresentar turvo devido ao aumento do número de células (> 400 células/mm3) e/ou proliferação de bactérias ou fungos.[2] Embora a contagem global e diferencial de células no líquor não seja usada de forma isolada, tem grande importância como apoio diagnóstico na distinção de quadros clínicos de meningite viral, bacteriana, fúngica ou tuberculosa, entre outros acometimentos neurológicos, dada a condição clínica do paciente, relevantes à formulação de laudo para diagnóstico seguro.[3] Encontram-se disponíveis métodos automatizados e manuais para a análise da celularidade do líquor, cujo objetivo é encontrar e delimitar os tipos celulares nesse fluido biológico. A contagem de células na matriz do líquor, por método automatizado, contribui para o neurodiagnóstico, ainda de maneira limitada, fornecendo informações apenas sobre a presen a de leucócitos polimorfonucleares e mononucleares, não sendo eficaz na detecção de outros grupos celulares importantes, como blastos, macrófagos, células neoplásicas entre outros.[4] A avaliação citológica do líquor é parte integrante do arsenal do neurologista e as contagens diferenciais de células fornecem informações iniciais importantes em um espectro de condições patológicas que envolvem o SNC e suas coberturas, porém, nem todo citologista está apto a reconhecer estes tipos celulares, necessitando de treinameto ostensivo com visualização e caracterização das células presentes no LCR.[5] Atualmente, existem equipamentos para a avaliação da celularidade de fluidos biológicos, que possuem câmera acoplada ao microscópio, e a um sistema de computador, que captura imagens digitais individualizadas de células presentes no líquor (*scanner*), pré-classificadas por programas de intelig ncia artificial, baseados em parâmetros geométricos, cor e textura.[6,7] As imagens arquivadas podem servir como banco de dados, a ser consultado de forma fácil e prática, por profissionais e/ou estudantes, envolvidos no diagnóstico clínico e laboratorial das neuropatias. Diante disso, a confecção de um atlas, com as diversas células presentes no líquor e suas possíveis implicações patológicas, se justifica para viabilizar o acesso a este acervo celular, contribuindo para o aprimoramento e formação de profissionais de laboratório.

Objetivos

Atlas de citologia do líquor, a partir das imagens capturadas por um *Scanner* digital, que servirá de material de apoio sugestivo para os profissionais médicos e da rotina laboratorial, considerando as amostras de líquor em estados fisiológicos, reacionais, patológicos, patognomônicos e neoplásicos.

Material e Métodos

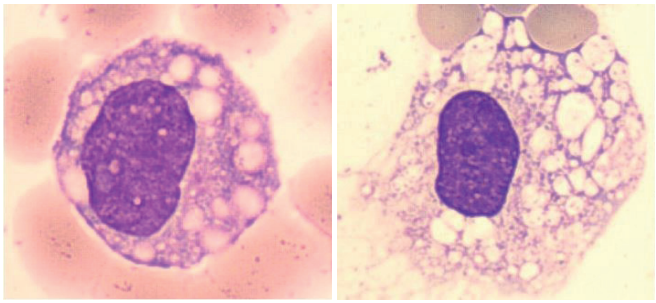
O projeto foi desenvolvido e executado no Laboratório de hematologia/SLA do Hospital Universitário Pedro Ernesto (HUPE) da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), onde exer o minhas atividades profissionais, como servidora. Foram utilizadas 104 amostras de fluido cérebro-espinhal de 88 pacientes internados no hospital, coletadas por profissional médico e encaminhadas ao servi o de laboratório, para citologia no setor de hematologia. Como critério de inclusão, foram utilizados materiais oriundos de punção lombar, suboccipital e ventricular de recém-nascidos e adultos. Foram excluídos da pesquisa amostras de líquido cefalorraquidiano que apresentaram microcoágulos, fibrina, colhidas com anticoagulantes e que possuíam contagens de hemácias superiores a 5.000 células por milímetro cúbico (mm^3). Para todas as amostras foram confeccionadas lâminas com a utilização de uma citocentrífuga (Citospin). Após a citocentrifugação a lâmina foi corada pelo método de coloração hematológica do tipo Wright. A lâmina corada foi submetida ao *scanner* digital (CellaVision® DM9600) onde as estruturas presentes foram fotografadas individualmente e pré-classificadas. Foram coletadas aproximadamente 300 imagens para confecção do atlas. Após a captura, todas as imagens celulares foram catalogadas em grupos e a parte teórica foi revisada e diagramada pela editora eleita para confecção do livro físico.

Resultados e Discussão

Foram capturadas e arquivadas informações celulares referentes as amostras de líquor, dos seguintes tipos celulares: Hemácias e células nucleadas: Neutrófilos, Linfócitos, Monócitos, Eosinófilos, Basófilos, Blastos, Macrófagos, Siderófagos, Eritrófagos, Cristais de Hematoidina, outras estruturas (bactérias e fungos) e Células Neoplásicas. As amostras foram provenientes de pacientes após cirurgia cerebral, suspeitas de casos de meningites virais e bacterianas, pacientes em remissão com exames de controle, além de neoplasias metastáticas e do SNC, hemorragias subaracnoides, doen as hematológicas como leucemias, linfomas entre outros. As amostras de líquor utilizadas, foram alíquotas finais que seriam desprezadas, após análise oficial realizada pelo servi o de laboratório**.** Nº Comitê De ética da Pesquisa: CAAE: 78347323.1.0000.5282. Com o registro em atlas, o acesso às informações e interpretações se tornou mais ágil, confiável e prático. Os profissionais puderam revisar os resultados a qualquer momento, preservando a qualidade das informações, e correlacionando os achados com os quadros clínicos o que é especialmente útil em situações de revisão de casos ou para comparação com exames anteriores. A captura da citologia específica de células foi registrada e documentada em um acervo subdividido com os principais tipos celulares e associados a acometimentos neurológicos com os quais estão mais relacionados. O atlas aborda as principais alterações das células com ilustrações coloridas e breve legenda descritiva. O acervo celular registrado está elucidado da seguinte maneira:



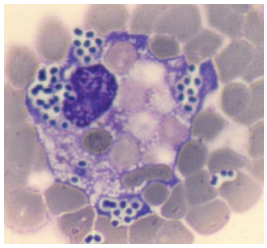
Tipo Celular: Macrófagos



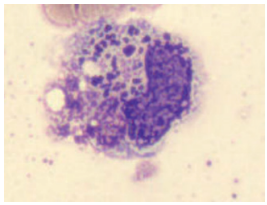
Morfologia: Apresentam-se como células grandes, com núcleo exc ntrico, podendo apresentar vacúolos citoplasmáticos, de forma abundante e mal delimitada**.** Há variação no tamanho e no número de vacúolos, compostos em sua maioria por resíduos celulares em número aumentado em casos de meningites e demais processos infecciosos

Correlações Clínicas:
- Macrófagos são células que chegam brevemente ao líquor em casos de hemorragia subaracnoide.

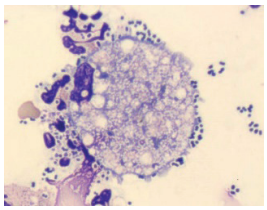
Alterações morfológicas



Eritrófagos: Surgem na fase Inicial de uma hemorragia Subaracnoide, entre 12 e 24 horas. Na tentativa de remover a hemorragia come am a fagocitar as hemácias livres naquele meio, deixando-as, por vezes, depositadas em seu citoplasma (Macrófagos com hemácias em seu citoplasma);



Sideróf agos: Surgem na fase intermediária de uma hemorragia subaracnoide, entre 4 e 7 dias, podendo permanecer por meses no Líquor (Cristais de Hemossiderina são grânulos derivados da molécula de hemoglobina, de hemácias previamente fagocitadas, no citoplasma do macrófago);



Lipófagos: Fagocitose de gorduras provenientes de danos no Sistema Nervoso Central (SNC), geralmente danos provocados por necrose cerebral, infartos ou traumatismos cranianos. Moléculas de gordura no citoplasma do macrófagos.[8]

Conclusão
A citologia do LCR desempenha um papel crucial no diagnóstico e monitoramento de várias doenças neurológicas. O escaneamento celular, propiciou a confecção de um atlas de citologia de líquor aumentando a confiabilidade dos resultados, demonstrando o potencial de revolucionar a medicina diagnóstica ao fornecer cuidados médicos mais rápidos, eficientes, precisos e atraentes. O Atlas de imagens de células presentes no LCR representa um avan o significativo no campo da citologia e contribui para o aprimoramento profissional contínuo, melhorando a saúde e a qualidade de vida dos indivíduos.

Palavras-chave: Líquido Cefalorraquidiano, citologia, *Scanner* Digital.

Bibliografia
1. Costa Neto JB. Líquido Cefalorraquiano Manual prático-teórico com atlas. 3a ed., CampoGrande, MS: 2015. p. 43.

2. Mcpherson RA, Pincus MR. *Henryís clinical diagnosis and management by laboratory methods*. 22a ed. Philadelphia: *Saunders*, 2011.

3. Comar SR, Machado NA, Dozza TG, Haas P. Análise citológica do líquido cefalorraquidiano. Estud Biol. 2009;93-102.

4. Wick M, Gross CC, Tumani H et al. *Automated Analysis of Cerebrospinal Fluid Cells UsingCommercially Available Blood Cell Analysis DevicesóA Critical Appraisal*. Cells. 2021May; 1-7.

Rahimi J, Woehrer A. *Overview of cerebrospinal fluid cytology*. *Handbook of Clinical Neurology*,Vol. 145 (3rd series) Neuropathology 2018.

5. Buoro S, Seghezzi M, Mecca T et a. *Evaluation of Mindray BC-6800 body fluid mode forautomated cerebrospinal fluid cell counting*. Clin Chem Lab Med 2016 ; 1-2

6. Merino A, Puigvi L, Boldu L, Alferez S, Rodellar J. *Optimizing morphology through blood cellimage analysis. Int J Lab Hematol. 2018;40(Suppl 1):54-61*.

7. Melo M, Magalhães C. Líquidos Biológicos Teorias, Técnicas e Atlas. 1a ed. São Paulo, SP;2017. p. 46

8. Góngora-Rubio, F., Pignatari, A. C. C., Costa, L. M. D., Bortolloto, V. I., Machado, A. M., & Góngora, D. V. N. de. (1997). Significância clínica, epidemiologia e microbiologia das bacteremias por estafilococos coagulase-negativos em Hospital de Ensino. *Revista Da Associação Médica Brasileira*, *43*(1), 30–35.

P-031

Prevalência de *Trichomonas vaginalis* e *Candida* spp. em amostras de secreção vaginal e urina de Brasileiras entre 2019 e 2023.

Giovana Felicio[1], Waldemar Volanski[2], Mauren Isfer Anghebem[3]

[1]Universidade Federal do Paraná - UFPR; [2]PG em Ciências Farmacêuticas - UFPR, Lab Prefeitura Municipal de Curitiba; [3]Dep Análises Clínicas UFPR, Escola de Medicina e Ciências da Vida PUCPR

Introdução: As infecções do trato genital feminino por *Trichomonas vaginalis* e *Candida* spp. são altamente prevalentes e representam importante problema de saúde pública. Ambas podem causar sintomas que impactam significativamente a qualidade de vida das pacientes. **Objetivo:** Determinar a prevalência de *T. vaginalis* e *Candida* spp. em amostras de secreção vaginal e urina de mulheres brasileiras, analisando dados laboratoriais de 2019 a 2023. **Materiais e Métodos:** Estudo observacional, retrospectivo e transversal, baseado na análise de 1.428.105 exames laboratoriais provenientes de todas as regiões do Brasil, realizados em um grande laboratório de apoio. Foram avaliados dados de 3 exames distintos: análise de secreção vaginal por microscopia óptica (n=7.721), pesquisa de *T. vaginalis* em conteúdo vaginal por microscopia óptica (n=2.492) e exame de urina automatizado (Sysmex ® Série-UM 3000; n=1.417.892). Os dados obtidos foram planilhados e analisados estatisticamente (Microsoft Excel), com mapeamento geográfico da infecções. O estudo foi aprovado por Comitê de Ética em Pesquisa envolvendo seres humanos (CAAE 87540225.8.0000.0102). **Resultados e Discussão:** A prevalência de *T. vaginalis* foi baixa comparando com dados nacionais: 86 casos nos 3 tipos de exames, com maior concentração na região Nordeste. *Candida* spp. foi detectada em 2.995 amostras de secreção vaginal (38,8%) e em 63.076 amostras de urina (4,45%), com prevalência nas regiões Norte e Nordeste. A baixa positividade de *T. vaginalis* sugere limitação dos métodos diagnósticos empregados em amostras refrigeradas, evidenciando a necessidade de técnicas mais sensíveis. Já a prevalência moderada de *Candida* spp. pode estar relacionada a fatores ambientais, como clima quente e úmido. **Conclusão:** Os dados sugerem que a refrigeração das amostras pode reduzir a sensibilidade de métodos microscópicos na detecção de *T. vaginalis*. A avaliação de múltiplas amostras biológicas e a garantia da qualidade da fase pré-analítica aumentam a sensibilidade na detecção de vaginites, permitindo intervenções mais eficazes na saúde da mulher.

Palavras-chave: Trichomonas vaginalis, Candida spp., Prevalência

ÁREA: MEDICINA VETERINÁRIA LABORATORIAL /PATOLOGIA CLÍNICA VETERINÁRIA

P-030

Criptococose Pulmonar em *Callithrix Penicillata*: Caracterização Histológica e Imuno-Histoquímica

Daniela Etlinger Colonelli[1*], Marina Frota de Albuquerque Landi[1], Eduardo Ferreira Machado[1], Jamile Macedo Garcia[1], Julia de Carvalho[1], Manuela Costa de Lima Borges[1], Ana Paula Cordeiro Lima[1], Jessica de Brito Ferreira Nascimento[1], Juliana Mariotti Guerra[1], Priscila Roberta Pavan[2], Natália Coelho Couto de Azevedo Fernandes[1].

[1]Instituto Adolfo Lutz - São Paulo; [2]Divisão de Vigilância Ambiental em Saúde - Ribeirão Preto

*dani_etlinger@yahoo.com.br

Introdução: A criptococose é uma micose sistêmica causada por leveduras do gênero *Cryptococcus*. A infecção ocorre geralmente por via inalatória, com colonização inicial pulmonar e possibilidade de disseminação sistêmica, especialmente para o sistema nervoso central. Em primatas não humanos (PNHs), particularmente em espécies do gênero *Callithrix* (saguis), trata-se de uma infecção rara, mas relevante, tanto em cativeiro quanto em ambientes naturais.

Objetivo: Relatar um caso de criptococose pulmonar em *Callithrix penicillata*.

Material e método: Um filhote macho de *C. penicillata* foi encontrado morto em via pública, em área urbana da região de Ribeirão Preto, São Paulo. Após a necropsia, fragmentos de tecido fixados em formalina foram encaminhados ao Núcleo de Anatomia Patológica do Instituto Adolfo Lutz de acordo com o protocolo de vigilância de febre amarela e outros agravos zoonóticos. O material foi processado para análise histopatológica e submetido às colorações de H&E, Grocott, Mucicarmim, além de imuno-histoquímica para *Cryptococcus sp*.

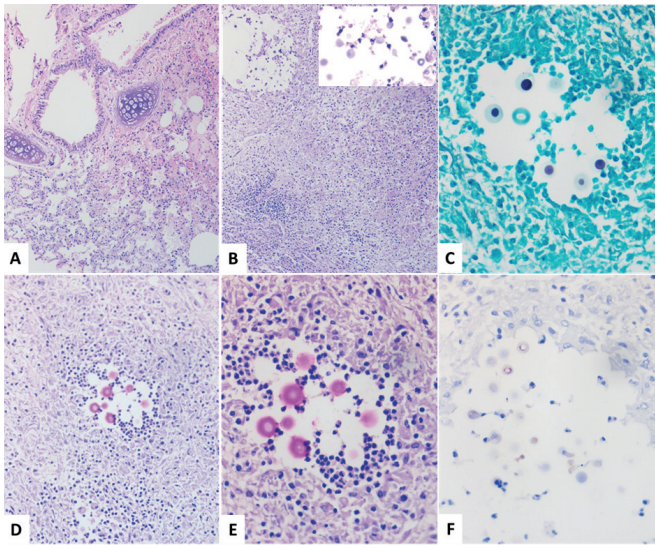


Figura 1. Fotomicrografia de criptococose pulmonar em amostra de *Callithrix penicillata*. A e B: Broncopneumonia piogranulomatosa, com destaque para leveduras sugestivas de Cryptococcus sp. Coloração de H&E, aumento de 100x. C: Leveduras coradas por coloração de Grocott, aumento de 400x. D e E: Leveduras compatíveis com Cryptococcus sp, na coloração de Mucicarmim, aumento de 200x e 400x. F: Reação de imuno-histoquímica com marcação positiva para leveduras de *Cryptococcus sp*.

Descrição do caso: Na análise macroscópica do pulmão foi observado um nódulo sólido esbranquiçado. O exame microscópico revelou broncopneumonia piogranulomatosa focalmente extensa, com hiperplasia de pneumócitos tipo II, edema e hemorragia alveolar. Estruturas fúngicas compatíveis com *Cryptococcus sp*. foram evidenciadas nas colorações especiais, medindo entre 5 e 15 µm, com cápsula mucopolissacarídica espessa, típica do gênero. A imuno-histoquímica apresentou marcação positiva para *Cryptococcus* nas estruturas leveduriformes pulmonares. O diagnóstico foi confirmado pela correlação entre os achados morfológicos, colorações especiais e imunomarcação.

Discussão/Conclusão: A criptococose deve ser incluída nos diagnósticos diferenciais de enfermidades respiratórias e neurológicas em saguis, sobretudo em áreas com alta carga ambiental de fungos. Este caso destaca a importância da abordagem em Saúde Única, evidenciando a interconexão entre saúde animal, humana e ambiental. A vigilância contínua em fauna silvestre contribui para a conservação de espécies neotropicais e para a detecção precoce de riscos zoonóticos à saúde pública.

Palavras-chave: *Cryptococcus*, pneumonia fúngica, *Callithrix penicillata*.

P-084

Avaliação da Microbiota Residente em Espécies de Cação (*Rhizoprionodon lallandi*) e Raia (*Hypanus guatattus, Pseudobatos percellens, Gyminura altavela* e *Zapteryx brevirostris*) Circulantes na Costa da Região dos Lagos (Tamoios/Cabo Frio/RJ)

Renata Garcia Costa[1], Jaime Antonio Abrantes[1], Rose Mary Pimentel Bezerra[1], Regiane Trigueiro Vicente[1], Rayene da Silva Sudré[1], Gabriella Cristina Lopes Calazans[1], Izabella Martins Vicente[1], Rachel Ann Hauser- Davis[1], Viviane Felix Moraes[2], Joseli Maria da Rocha Nogueira[2]

[1] Laboratório de Microbiologia/ LabMicro – Departamento de Ciência Biológicas/ DCB – Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca/ ENSP – Fundação Oswaldo Cruz/FIOCRUZ – Centro de Pesquisa, Inovação e Vigilância em Covid19 e Emergências Sanitárias; [2] Laboratório de Avaliação e Promoção da Saúde Ambiental/ LAPSA, Instituto Oswaldo Cruz/IOC- Fundação Oswaldo Cruz/FIOCRUZ

E-mail: renata.garcia@fiocruz.br

Os ecossistemas costeiros do Brasil estão constantemente ameaçados pela poluição resultante das atividades humanas, impactando negativamente espécies vulneráveis que co-habitam esses ambientes. Peixes cartilaginosos como os tubarões e raias (também conhecidos como cação), estão na lista nacional de organismos aquáticos ameaçados. Neste sentido, o presente estudo teve o objetivo de avaliar a microbiota residente nessas espécies na Costa da Região dos Lagos (Tamoios/Cabo Frio/RJ) e avaliar o perfil de resistência antimicrobiana desses isolados. As coletas foram realizadas pelo LAPSA e autorizadas por licença SISBIO (N° 77310-5 e 94235-1 respectivamente), em conformidade com a Resolução Normativa N.30 do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal. Foram coletados 105 swabs de superfície sendo 37 provenientes de cação (*Rhizoprionodon lallandi*) e 68 de raias (*Hypanus guatattus*, *Pseudobatos percellens, Gyminura altavela e Zapteryx brevirostris*). Foram encaminhadas para o LabMicro/ DCB/ENSP, semeados em meios seletivos para o isolamento de colônias e identificação através de provas bioquímicas clássicas. Foi realizado o teste de suscetibilidade antimicrobiana por difusão (BRCast/CLSI), avaliando drogas antimicrobianas de relevância para medicina humana e veterinária. Entre a diversidade bacteriana em raias, destacam-se *Shiwanella putrefaciens* (42%), *Proteus mirabilis* (37%), *Citrobacter freundii* (25%) e *Morganella morgannii* (21%), importantes patógenos para saúde animal. *Escherichia coli* (34%), *Serratia rubidaea* (30%) e *Klebsiella pneumoniae* (18%), indicativos de contaminação fecal, também foram detectados. Índices semelhantes foram encontrados nos cações, constatando ainda a prevalência de *Proteus vulgaris* (35%). Quanto a suscetibilidade, 42% dos isolados apresentaram resistência a

Ampicilina, Cefoxitina, Tetraciclina, Imipenem e Sulfametoxazol-trimetoprim, perfil comum em todas as espécies avaliadas. Cepas com sensibilidade reduzida para Imipenem, Ceftriaxona, Ceftazidima, Cefepime e Ciprofloxacina, drogas de última geração utilizadas em diversas infecções humanas, foram evidenciadas em 20% das cepas. Tais resultados reiteram o impacto das ações antropogênicas no ambiente e reforçam a necessidade de monitoramento constante visando a preservação dessas espécies em nosso meio.

Palavras-Chave: Raias, Tubarões, patógenos microbianos, resistência antimicrobiana

P-112

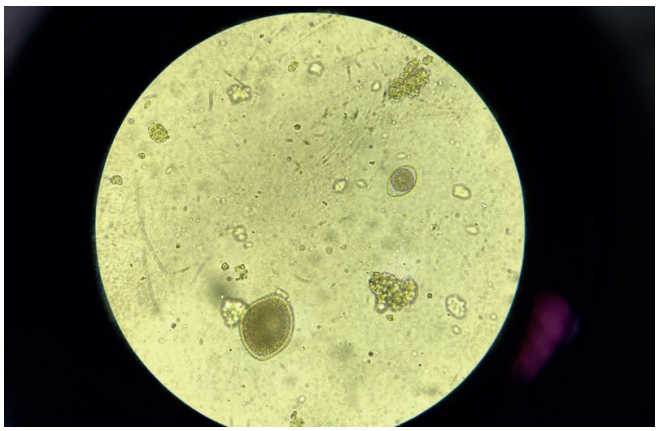
Diagnóstico Parasitológico Em Amostra Fecal Canina Utilizando A Técnica De Flutuação De Willis: Relato Imagético De *Toxocara* Spp. E Coccídeo.

*Andressa Staggemeier[1], Luana Werner Dutra[1], Gabriela Burguez Barbosa[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Vinicius Proença da Silveira, Vitória Fernandes Flores[1], Geovanna Sosinho de Jesus[1], Paula Boeira Bassi[1].

[1]*Laboratório Lab Center Vet*

*andressastaggemeier.c701@gmail.com

Introdução: O exame parasitológico de fezes é ferramenta essencial na rotina de diagnóstico laboratorial veterinário, especialmente para a identificação de parasitas gastrointestinais com potencial zoonótico. Dentre os métodos disponíveis, a técnica de flutuação de Willis destaca-se pela eficácia na detecção de estruturas leves, como ovos e cistos. **Objetivo:** Relatar, por meio de imagem microscópica, a detecção simultânea de ovo de *Toxocara* spp. e cisto de coccídio em amostra fecal canina analisada pela técnica de Willis. **Materiais e Métodos:** Foi coletada amostra de fezes normais de um cão da raça Pastor de Mallinois, macho, adulto. A análise parasitológica foi realizada por flutuação em solução saturada de NaCl, conforme metodologia de Willis. A leitura foi feita em microscopia óptica (aumento de 10x e 40x), com registro fotográfico das estruturas parasitárias observadas.**Descrição do caso ou da imagem:** A imagem evidencia, em mesma lâmina, um ovo de *Toxocara* spp., de forma ovalada, casca espessa e superfície externa rugosa, e um cisto esférico compatível com coccídio, com parede lisa e conteúdo intracelular esboçado. **Discussão:** A presença concomitante de *Toxocara* spp. e coccídios em animais adultos, mesmo assintomáticos, reforça a importância da triagem rotineira para controle epidemiológico e prevenção de transmissão. A técnica de Willis mostrou-se eficaz para identificação de ambos os agentes, ainda que sua sensibilidade seja limitada em infecções leves por coccídios. **Conclusão:** O exame parasitológico por flutuação de Willis é método útil e acessível para diagnóstico de helmintos e protozoários em cães, contribuindo para a saúde animal e pública.



Palavras-chave: Parasitologia Veterinária; Técnica de Willis; Diagnóstico Laboratorial.

P-113

Dermatofitoses Em Cães E Gatos Na Região Metropolitana De Porto Alegre

*Gabriela Burguez Barbosa[1], Andressa Staggemeier[1], Luana Werner Dutra[1], Vinícius Proença da Silveira[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Geovanna Sosinho de Jesus[1], Vitória Flores[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]*Lab Center Vet – Canoas, Rio Grande do Sul*

gabrielaburguez051@gmail.com*

Introdução: As zoonoses são infecções naturalmente transmissíveis entre humanos e animais, através do contato direto ou por meio do alimento, água ou ambiente. Elas são patologias de grande interesse em saúde pública e que se manifestam principalmente em países tropicais e semitropicais, como é o caso do Brasil. A dermatofitose é uma zoonose causada por fungos essencialmente contraída pelo contato direto com o agente, sendo adquirida através do simples contato com pelos, pele ou crostas contaminadas de um portador, seja ele sintomático ou assintomático (GONDIM et al., 2020). Caracteriza-se por ser uma infecção superficial da pele que frequentemente acomete cães e gatos. As dermatofitoses são causadas por um grupo de fungos queratinofílicos, capazes de utilizar a queratina como nutriente e que, por isso, são encontrados parasitando os tecidos queratinizados dos animais (MACEDO et al., 2021). O dermatófito isolado com maior frequência é o *Microsporum canis*, seguido pelo *M. gypseum* e *Trichophyton mentagrophytes* (PALUMBO et al., 2010). Dentre as espécies de dermatófitos citadas, cães e gatos funcionam como reservatórios de *Microsporum sp.* e *Trichophyton sp.*, visto que um animal infectado é capas de espalhar artroconídios e contaminar o ambiente e os objetos à sua volta (SMANIOTTO et al., 2019). Os sinais clínicos das dermatofitoses começam a aparecer de 7 a 10 dias após a exposição ao agente. Dentre eles, os mais relatados são lesões alopécicas, crostas, disqueratinização e prurido. O diagnóstico dessa enfermidade é feito pela análise do histórico do animal, anamnese minuciosa, levando em consideração as queixas do tutor do animal e exames complementares. A cultura micológica é de extrema importância para a determinação da espécie do fungo causador da doença, podendo instituir o tratamento adequado para o bem-estar do animal e preservação da saúde do humano que com ele convive (GONDIM et al., 2020). O tratamento pode ser feito através de terapia tópica em conjunto com o tratamento sistêmico ou de forma isolada.

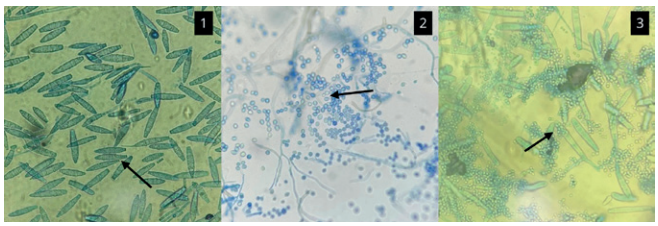
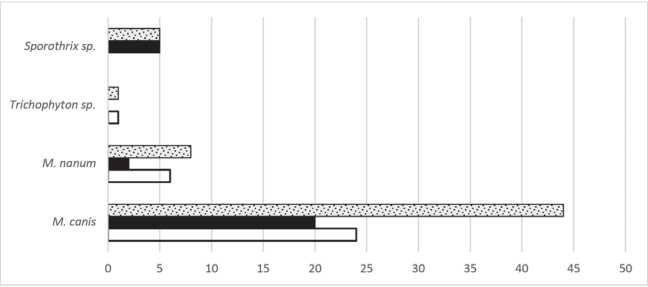


Figura 1: Dermatófitos *Microsporum canis* corados com azul de algodão em aumento de 400x. Fonte: Elaborado pelo autor (2024). **Figura 2:** Micélios de *Sporothrix sp*. corados com azul de algodão em aumento de 400x. Fonte: Elaborado pelo autor (2025). **Figura 3:** Dermatófitos *Trichophyton sp*. corados com azul de algodão em aumento de 400x. Fonte: Elaborado pelo autor (2024).

Objetivo: O presente trabalho tem como objetivo realizar um levantamento dos resultados positivos para dermatofitoses em cães e gatos atendidos na Região Metropolitana de Porto Alegre, no período de maio de 2023 a maio de 2025, com o intuito de identificar a frequência de ocorrência e as principais espécies fúngicas envolvidas.
Material e métodos: Este trabalho consiste em um estudo retrospectivo, de caráter descritivo e quantitativo, baseado na análise de dados laboratoriais referentes a casos de dermatofitoses em cães e gatos atendidos em um laboratório veterinário localizado na Região Metropolitana de Porto Alegre, no período de maio de 2023 a maio de 2025. Os dados utilizados foram obtidos

diretamente do sistema interno de registros do referido laboratório, com autorização prévia para uso acadêmico, respeitando os princípios éticos de confidencialidade das informações dos pacientes e tutores. Foram incluídos no levantamento todos os exames com resultado positivo e negativo para dermatofitoses, totalizando 465 casos no período analisado.

Resultados e discussão: No período de maio de 2023 a maio de 2025 (24 meses), das 465 amostras recebidas, 58 (12,5%) foram positivas para fungos dermatófitos. Destes, 31 (53,4%) eram da espécie canina e 27 (46,6%) da espécie felina. Dos 31 cães diagnosticados com dermatofitose, 13 (41,9%) eram machos e 18 (58,1%) fêmeas. No grupo dos felinos, 16 (59,3%) eram machos e 11 (40,7%) fêmeas. Quanto à classificação racial, observou-se que, entre os cães, 6 (19,4%) eram sem raça definida (SRD), enquanto 25 (80,6%) pertenciam a raças reconhecidas. Dentre os cães de raça definida, 8 (32%) eram da raça Lhasa Apso, 7 (28%) Yorkshire Terrier, 2 (8%) Rottweiler, e os demais 8 (32%) pertenciam às seguintes raças: Pinscher, Golden Retriever, American Bully, Shih Tzu, Dachshund, Pug, Maltês e Terra Nova. Em relação aos felinos, 19 (70,4%) eram sem raça definida, enquanto os 8 (29,6%) restantes pertenciam à raça Persa. No que se refere à faixa etária, os cães apresentaram idades variando de 1 a 216 meses, com média de 58 meses. Entre os felinos, a idade variou de 2 a 108 meses, com média de 36,8 meses. Dos 58 animais avaliados, 44 apresentaram crescimento micológico positivo para *Microsporum canis*, sendo 24 cães (54,5%) e 20 felinos (45,5%). Em relação ao *Microsporum nanum*, o agente foi identificado em 8 animais (13,8%), dos quais 6 (75%) pertenciam à espécie canina e 2 (25%) à espécie felina. O fungo *Sporothrix* sp. foi isolado em 5 animais (8,6%), todos da espécie felina. Por fim, o dermatófito *Trichophyton* sp. foi identificado em apenas 1 cão (1,7%). A distribuição dos casos por espécie revelou uma maior prevalência de infecção em cães, resultado que está em concordância com os achados de Palumbo et al., 2010. Em relação à definição racial dos cães, observou-se predominância de animais de raça, principalmente das raças Yorkshire Terrier e Lhasa Apso. Por outro lado, entre os felinos, predominou a ocorrência em animais sem raça definida; entre os que possuíam raça definida, todos eram da raça Persa. Esses dados corroboram os resultados descritos por Macedo et al., 2021. No que se refere ao sexo dos animais infectados, conforme apontado por Macedo et al., 2021, não há evidências suficientes na literatura que indiquem predisposição sexual significativa para a ocorrência das dermatofitoses em ambas as espécies. Em relação aos agentes etiológicos isolados, o gênero *Microsporum* foi o mais prevalente, com destaque para a espécie *M. canis*, seguida por *M. nanum*. Esses achados são consistentes com os relatos da literatura. No entanto, algumas divergências foram observadas: por exemplo, enquanto no estudo de Smaniotto et al., 2019, as espécies mais frequentemente isoladas foram *M. canis* e *Trichophyton* sp., neste trabalho *Trichophyton* sp. foi identificado em apenas um cão, indicando uma menor ocorrência desse agente. Para melhor compreensão dos resultados, a o Gráfico 1 resume os principais dermatófitos encontrados em cães e gatos.



	M. canis	M. nanum	Trichophyton sp.	Sporothrix sp.
Canino	24	6	1	0
Felino	20	2	0	5
Total	44	0	1	5

Gráfico 1: Distribuição das espécies fúngicas isoladas de cães e gatos com suspeita de dermatofitose na Região Metropolitana de Porto Alegre.

Conclusão: A partir da análise dos dados e da literatura, foi possível observar que a dermatofitose segue sendo uma enfermidade de relevância na clínica veterinária, afetando tanto cães quanto gatos. Os dados reforçam o papel do *Microsporum canis* como principal agente etiológico, seguido por *M. nanum* e, em menor prevalência, *Sporothrix sp*. e *Trichophyton sp*. Também chamou atenção a maior prevalência da infecção em cães, especialmente os de raças definidas, como Lhasa Apso e Yorkshire, enquanto na espécie felina, os sem raça definida foram mais atingidos. Esses padrões podem refletir tanto fatores genéticos quanto ambientais. Mais do que identificar os casos positivos, esse estudo também reforça a importância da vigilância contínua e da conscientização dos tutores sobre os riscos de contaminação. O diagnóstico e o tratamento adequado continuam sendo a melhor forma de controlar a propagação da doença e proteger tantos os animais quanto as pessoas que convivem com eles.

Palavras-chave: *Dermatofitoses; Dermatófitos; Zoonose.*

Referências:

BALDA, A. C.; LARSSON, C. E.; OTSUKA, M.; GAMBALE, W. Estudo retrospectivo de casuística das dermatofitoses em cães e gatos atendidos no serviço de dermatologia da Faculdade de Medicina Veterinária... Acta Scientiae Veterinariae, v. 32, n. 2, p. 133-140, 2004.

GONDIM, A. L. de C. L.; ARAÚJO, A. K. L. Aspectos clínicos, diagnósticos e terapêuticos da dermatofitose em cães e gatos e sua importância como zoonose. Revista Brasileira de Educação e Saúde, Pombal, PB, v. 10, n. 1, p. 86-94, jan.-mar. 2020.

MACEDO, C. M.; SILVA, W. C. da; CAMARGO JUNIOR, R. N. C. Dermatofitose em cães e gatos: aspectos clínicos, diagnóstico e tratamento. Veterinária e Zootecnia, v. 24, n. 3, p. 319-327, jul./set. 2017.

PALUMBO, M. I. P.; MACHADO, L. H. de A.; PAES, A. C.; et al. Estudo epidemiológico das dermatofitoses em cães e gatos atendidos no serviço de dermatologia da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP Botucatu. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 31, n. 2, p. 459-468, abr./jun. 2010.

SILVA, V. F.; DRESCHER, G.; MATTIELLO, S. P.; et al. Agentes fúngicos da dermatofitose em cães e gatos do município de Xanxerê, Santa Catarina. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 32, n. 3, p. 1095-1100, jul./set. 2011.

SMANIOTTO, Mariana Danieli; BOTELHO, Tatiani Karini Rensi. Incidência de dermatofitoses em cães no período de janeiro de 2016 a janeiro de 2018 em um laboratório veterinário de análises clínicas na cidade de Chapecó – SC. Revista RBAC, [S. l.], p. 1-7, 18 set. 2019.

P-114

Impacto Das Enchentes De Maio de 2024 No Aumento de Casos De Esporotricose Felina Em Canoas e Região Metropolitana De Porto Alegre-RS.

*Luana Werner Dutra[1], Andressa Staggemeier[1], Gabriela Burguez Barbosa[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Vinicius Proença da Silveira[1], Vitória Fernandes Flores[1], Geovanna Sosinho de Jesus[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]*Lab Center Vet - Canoas, Rio Grande do Sul*

*luanawdutraa16@gmail.com

Introdução: A esporotricose é uma micose causada por fungos do gênero *Sporothrix*, com maior prevalência do *Sporothrix brasiliensis* no Brasil (Rodrigues et al., 2020). A transmissão pode ocorrer por meio de arranhaduras ou mordidas de animais infectados, caracterizando-se como uma zoonose, por meio do contato com o ambiente, por meio de solo, galhos, espinhos e cascas de árvores contaminadas, caracterizando-se como uma saprozoonose (Silva et al., 2018). Clinicamente, a doença pode se apresentar nas formas cutânea localizada, linfocutânea ou disseminada, sendo raras as manifesta-

ções extracutâneas (Barros et al., 2011). Os sinais clínicos incluem pápulas nodulares, úlceras com secreção purulenta ou hemorrágica e lesões que se disseminam ao longo da pele e do tecido subcutâneo (Rodrigues et al., 2020). A transmissão entre felinos ocorre pelo contato direto com animais infectados, sendo os gatos domésticos os principais vetores urbanos da infecção (Gremião et al., 2021). O número crescente de casos em felinos, especialmente em áreas urbanas, tem reforçado a importância do tema em saúde pública, dada a possibilidade de transmissão zoonótica (Silva et al., 2018). A relação entre os felinos e a esporotricose é particularmente importante devido ao comportamento desses animais, como brigas e lesões, que facilitam o contágio (Gremião et al., 2021).

O fungo *Sporothrix* spp. se desenvolve melhor em ambientes com alta umidade e temperaturas elevadas, entre 26 °C e 28 °C, especialmente em substratos como madeira, espinhos e palha em decomposição (Rodrigues et al., 2020). A prevenção da doença torna-se desafiadora em locais com grande concentração de animais, sejam urbanos ou rurais (Barros et al., 2011). Esses fatores foram intensificados em regiões afetadas pelas enchentes que atingiram o estado do Rio Grande do Sul em maio de 2024 (Defesa Civil RS, 2024). Tais eventos criam condições ideais para a propagação do fungo, tornando-se um fator de risco adicional para surtos da doença. A umidade elevada e a alteração no ambiente e no comportamento dos felinos após catástrofes naturais influenciaram o aumento no número de casos, o que impacta diretamente a saúde pública e a necessidade de estratégias preventivas mais eficazes (Gremião et al., 2021).

Objetivo: O objetivo deste estudo foi avaliar o impacto das enchentes de maio de 2024 sobre o número de diagnósticos positivos de esporotricose felina no estado do Rio Grande do Sul, com ênfase no município de Canoas e região metropolitana de Porto Alegre-RS. A investigação buscou comparar os diagnósticos obtidos antes e após o evento climático, considerando as condições ambientais favoráveis à proliferação de *Sporothrix* spp.

Materiais e Métodos: Foram analisados dados de exames citológicos realizados para diagnóstico de esporotricose felina pelo Laboratório Lab Center Vet (Canoas-RS), provenientes de clínicas veterinárias, ambulatórios e polos de cooperação localizados na região metropolitana de Porto Alegre-RS. Os dados obtidos foram agrupados em dois períodos distintos: pré-enchente (outubro de 2023 a abril de 2024) e pós-enchente (maio a dezembro de 2024). As amostras consistiram em lâminas citológicas confeccionadas a partir de lesões dermatológicas suspeitas, obtidas por técnicas de *imprint*, punção aspirativa com agulha fina (PAAF), *swab* por rolamento ou uso de escova citológica (Gremião et al., 2021). As lâminas foram coradas com Panótico Rápido e analisadas por microscopia óptica com objetiva de imersão (1000x), visando à identificação de leveduras compatíveis com *Sporothrix* sp. As morfologias celulares na fase leveduriforme apresentam-se tipicamente como estruturas pequenas, de 2 a 8 µm de comprimento, com formato oval, esférico e alongadas em "forma de charuto", que é um dos traços diagnósticos mais marcantes em citologias de esporotricose (Rodrigues et al., 2020) (figura 1). Os casos foram considerados positivos com base na identificação morfológica dessas estruturas, independentemente da quantidade. Este estudo trata-se de uma análise retrospectiva de dados clínicos obtidos a partir de atendimentos veterinários previamente realizados em clínicas e ambulatórios parceiros. Não foram realizados procedimentos experimentais ou intervenções adicionais nos animais. A associação entre o evento climático e o aumento de diagnósticos positivos foi avaliada por meio do teste do qui-quadrado de independência, considerando-se como nível de significância estatística $p < 0,05$ (Normas de bioestatística padrão, Zar, 2010).

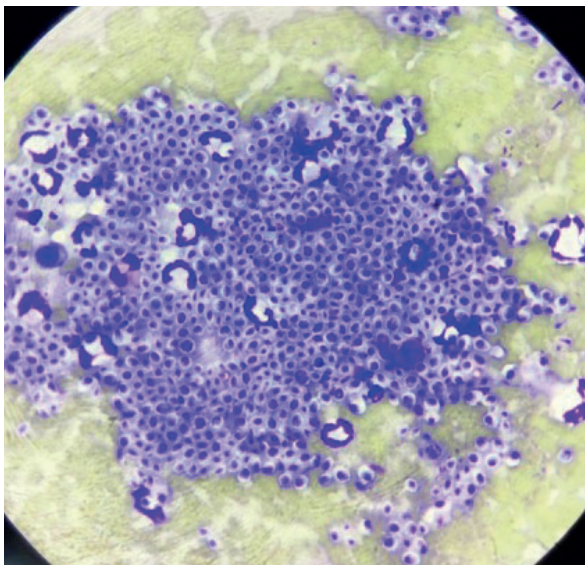


Figura 1 *– Leveduras de Sporothrix spp. coradas com Panótico em aumento de 1000x. Fonte: Elaborado pelo autor (2024).*

Resultados e Discussão: Durante o período compreendido entre outubro de 2023 e maio de 2024, foram registrados 62 casos positivos de esporotricose em felinos, com diagnóstico confirmado por meio da análise citopatológica das amostras. Após as enchentes de maio a dezembro de 2024, o número de casos aumentou substancialmente, com a identificação de 99 casos positivos (figura 2), o que representa um aumento de 59% em relação ao número registrado no período anterior ao evento climático. A comparação entre os períodos pré e pós-enchente não identificou diferença estatisticamente significativa entre os períodos ($p > 0,05$), entretanto esse aumento no número de casos de esporotricose sugere um possível impacto das enchentes de maio de 2024 na dinâmica de ocorrência da esporotricose na população felina da região. Este cenário foi particularmente evidente nos municípios de Canoas e áreas metropolitanas afetadas, uma vez que muitos animais sofreram mudanças abruptas de ambiente, enfrentando altos níveis de estresse, contato direto com outros animais em abrigos temporários, além da exposição à umidade excessiva e ao contato direto com as águas contaminadas da enchente (Gremião et al., 2021; Defesa Civil RS, 2024). A maior parte dos felinos diagnosticados com esporotricose eram machos adultos (65,31%) e sem raça definida (97,96%). A predominância de machos não castrados pode ser associada a comportamentos mais agressivos e a uma maior probabilidade de traumas, como brigas com outros felinos, o que aumenta o risco de transmissão do fungo *Sporothrix* spp. (Silva et al., 2018). Esses aspectos comportamentais, associados às condições ambientais propícias após as enchentes, contribuíram para o favorecimento da cadeia de transmissão da micose, sobretudo em áreas com elevada densidade de felinos não castrados (Rodrigues et al., 2020).

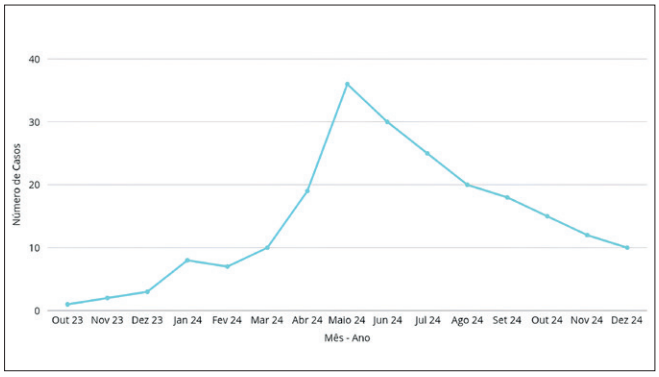


Figura 2 *– Evolução dos casos de esporotricose no RS entre out. 2023 e dez. 2024. Fonte: Elaborado pelo autor (2025).*

Conclusão: As enchentes de maio de 2024 no Rio Grande do Sul, especialmente em Canoas e regiões metropolitanas, agravaram a incidência de esporotricose, associada a fatores como estresse animal, aglomeração em abrigos e exposição a ambientes úmidos contaminados por *Sporothrix* sp. (Gremião et al., 2021). O cenário reforça a necessidade de vigilância integrada em saúde pública e animal, com ênfase no diagnóstico precoce e tratamento de felinos para interromper a transmissão (Silva et al., 2018). A conscientização sobre o risco zoonótico, o controle de gatos não castrados e a promoção de cuidados básicos com animais são medidas para minimizar a disseminação (Rodrigues et al., 2020). Além disso, políticas públicas, ações educativas e acesso a serviços veterinários — principalmente em áreas vulneráveis — devem ser priorizadas, integrando saúde humana, animal e ambiental (saúde única) para respostas preventivas e eficazes a futuros eventos climáticos extremos (Barros et al., 2011; Gremião et al., 2021).

Palavras-chave: Esporotricose Felina; Enchentes; Zoonose.

Referências Bibliográficas

BARROS, M. B. L. et al. *Esporotricose: estudo de 306 casos no Rio de Janeiro*. Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical, v. 44, n. 6, p. 736–739, 2011. https://doi.org/10.1590/S0037-86822011000600007

DEFESA CIVIL DO RIO GRANDE DO SUL. *Boletins e relatórios sobre enchentes de maio de 2024*. Porto Alegre: Defesa Civil RS, 2024.

GREMIÃO, I. D. F. et al. *Esporotricose felina: atualização sobre aspectos clínicos, terapêuticos e epidemiológicos*. Journal of Feline Medicine and Surgery, v. 23, n. 3, p. 213–220, 2021. https://doi.org/10.1177/1098612X20985194

RODRIGUES, A. M. et al. *Epidemiology and molecular identification of Sporothrix species worldwide*. Current Fungal Infection Reports, v. 14, p. 44–59, 2020. https://doi.org/10.1007/s12281-020-00369-3

SILVA, J. N. et al. *Epidemiologia da esporotricose em felinos: revisão de literatura*. Revista Científica de Medicina Veterinária, v. 26, p. 1–10, 2018. Disponível em: https://www.revistacientifica.medvet.com.br. Acesso em: 14 maio 2025.

ZAR, J. H. *Biostatistical Analysis*. 5. ed. Upper Saddle River: Pearson Prentice Hall, 2010.

P-115

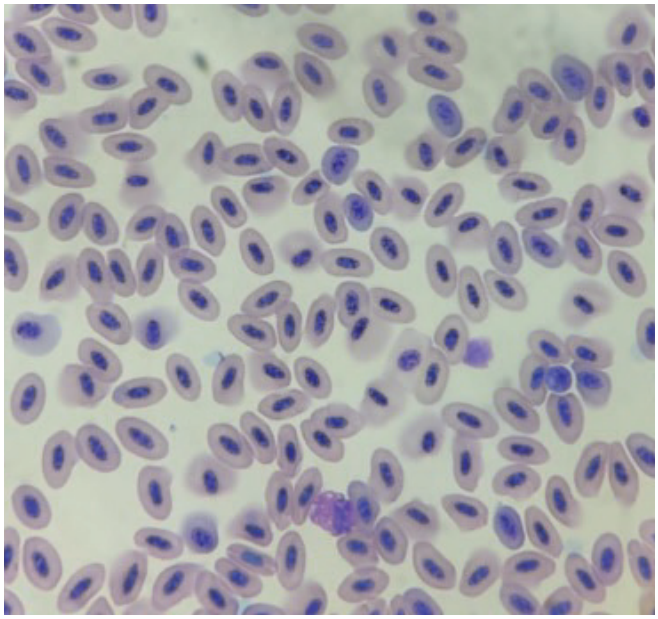
Análise Microscópica De Hemograma Aviário: Observação De Hemácias Nucleadas Em Esfregaço Sanguíneo.

*Luana Werner Dutra[1], Andressa Staggemeier[1], Gabriela Burguez Barbosa[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]*Laboratório Lab Center Vet*

*luanawdutraa16@gmail.com

Introdução: As aves apresentam particularidades hematológicas que exigem abordagem diferenciada na interpretação laboratorial. Uma das principais características do sangue aviário é a presença de hemácias nucleadas, o que demanda análise microscópica criteriosa para avaliação morfocelular e interpretação correta dos resultados hematológicos. **Objetivo:** Apresentar imagem representativa de esfregaço sanguíneo de ave com visualização de hemácias nucleadas, evidenciando a importância da morfologia celular na interpretação do hemograma aviário. **Materiais e Métodos:** Foi realizada analise de sangue de ave doméstica. O hemograma foi processado manualmente, com confecção de esfregaço sanguíneo, corado com Panótico Rápido. A avaliação microscópica foi feita em objetiva de imersão (100x), com análise da morfologia de hemácias, leucócitos e trombócitos. **Descrição do caso ou da imagem:** A imagem mostra diversas hemácias nucleadas, ovaladas, com núcleo central denso e citoplasma eosinofílico homogêneo. A ausência de anucleação distingue estas células das hemácias de mamíferos. Também é possível observar trombócitos ovalados com núcleo escuro e leucócitos típicos da espécie. **Discussão:** A presença de hemácias nucleadas é fisiológica nas aves e não deve ser confundida com alterações regenerativas, como ocorre em mamíferos. A diferenciação adequada entre hemácias, trombócitos e linfócitos pequenos é essencial, e a análise automatizada geralmente não é confiável, reforçando o papel do exame morfológico manual. **Conclusão:** O reconhecimento das características hematológicas aviárias, como a presença de hemácias nucleadas, é fundamental para uma interpretação correta do hemograma, destacando o valor da análise microscópica em laboratório veterinário.



Palavras-chave: Hematologia Aviária; Hemácias Nucleadas; Esfregaço Sanguíneo.

P-116

Perfil Hematológico De Cães Infectados com Anaplasma sp. Da Região Metropolitana de Porto Alegre

*Gabriela Burguez Barbosa[1], Andressa Staggemeier[1], Luana Werner Dutra[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Vinícius Proença da Silveira[1], Geovanna Sosinho de Jesus[1], Vitória Flores[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]*Laboratório Lab Center Vet – Canoas, Rio Grande do Sul*

gabrielaburguez051@gmail.com*

Introdução: As hemoparasitoses em cães são enfermidades causadas por parasitas intracelulares obrigatórios das células sanguíneas, transmitidos por vetores como o carrapato *Rhipicephalus sanguineus* (carrapato marrom). Em infestações severas, além de anemia, esses vetores podem transmitir diversos patógenos, incluindo vírus, bactérias e protozoários. Dentre as principais hemoparasitoses transmitidas por esse carrapato, destacam-se erliquiose, babesiose e anaplasmose, com destaque para esta última devido ao seu potencial de afetar a saúde pública, uma vez que os cães infectados podem atuar como reservatórios de agentes zoonóticos. A anaplasmose é causada por uma bactéria gram-negativa da ordem *Rickettsiales*, família *Anaplasmataceae*, gênero *Anaplasma*, com predileção por plaquetas, nas quais forma mórulas visíveis em esfregaços sanguíneos. O principal vetor é o *R. sanguineus*, um ectoparasita de três hospedeiros, que se alimenta de cães em todos os estágios do ciclo de vida. A fêmea, ao se alimentar, pode aumentar até cem vezes seu peso, destacando-se do hospedeiro após o repasto para realizar a oviposição. Esse carrapato é mais comum em regiões tropicais e subtropicais, como a América do Sul e o Brasil. *Anaplasma sp.* é

responsável pela Trombocitopenia Cíclica Canina (TCC), caracterizada por oscilações nos níveis plaquetários, com ciclos de parasitemia e trombocitopenia em intervalos de 10 a 14 dias. Durante esses episódios, os níveis plaquetários podem atingir valores críticos entre 20.000 e 50.000/µL. A trombocitopenia inicial decorre da multiplicação do agente infeccioso no interior das plaquetas, enquanto episódios subsequentes se relacionam à remoção imunomediada. O diagnóstico torna-se difícil devido à oscilação clínica e laboratorial, principalmente em função da ausência intermitente do parasita na corrente sanguínea. Os sinais clínicos geralmente aparecem entre 8 e 15 dias após a infecção, podendo incluir anorexia, distúrbios hemostáticos, hiperplasia folicular de linfonodos, plasmocitose e hemorragias em órgãos como o baço. Do ponto de vista laboratorial, são comuns anemias normocíticas normocrômicas, regenerativas ou não, anisocitose, leucopenia (ou valores normais ou elevados), e trombocitopenia, sendo esta última o sinal mais característico da doença. A inespecificidade desses achados compromete o diagnóstico precoce e pode prejudicar o prognóstico do animal.

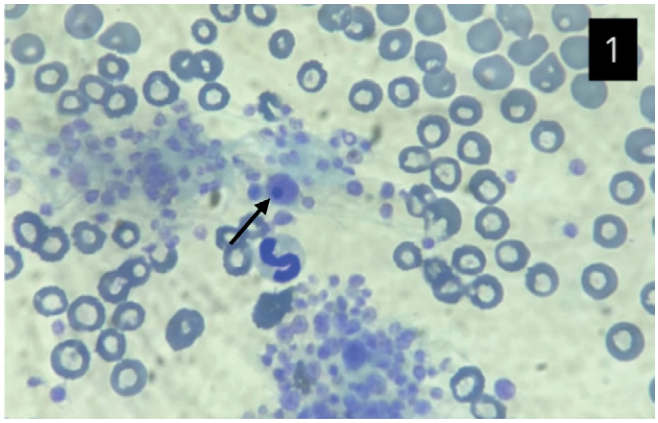


Figura 1. Seta: mórula de Anaplasma sp. em uma plaqueta observada em esfregaço sanguíneo de sangue periférico de um cão infectado. Corado com Panótico Rápido, visualizado em aumento de 1000x. Fonte: Elaborado pelo autor.

Objetivo: O presente estudo tem como objetivo identificar padrões nas alterações hematológicas que sejam sugestíveis de infecção por *Anaplasma sp.*, visando contribuir com a prática clínica ao auxiliar os profissionais na diferenciação de outras doenças transmitidas por carrapatos.
Material e métodos: Este estudo, descritivo e quantitativo, foi realizado a partir da análise de hemogramas de 13 cães com diagnóstico confirmado por testes sorológicos e moleculares, atendidos em um laboratório veterinário localizado na cidade de Canoas (RS). Foram excluídos deste estudo cães com diagnóstico baseado apenas na presença de mórulas em esfregaço.
Resultados e discussão: Foram analisados os hemogramas de 13 cães positivos para *Anaplasma sp.*, confirmados por PCR ou testes sorológicos. Das amostras, 2 (15,3%) apresentaram anemia normocítica normocrômica, 1 (7,6%) anemia macrocítica hipocrômica, 1 (7,6%) anemia microcítica hipercrômica, 1 (7,6%) anemia normocítica hipocrômica, 1 (7,6%) anemia normocítica normocrômica e 1 (7,6%) anemia microcítica normocrômica. Sete cães (53,8%) não apresentaram anemia. No leucograma, 9 cães (69,2%) tinham contagens de leucócitos dentro dos valores de referência, 1 (7,6%) apresentou leucopenia e os 3 restantes apresentaram (23%) leucocitose. A trombocitopenia foi a alteração mais frequente, observada em 11 dos 13 cães (84,6%). Não foram identificadas mórulas intraplaquetárias nas lâminas avaliadas. *Anaplasma platys* é a espécie mais prevalente em cães no Brasil, e estudos apontam sua ampla distribuição. Em Pato Branco (PR), a taxa de infecção foi de 32,9%, com maior prevalência no inverno. Em Belém (PA), encontrou-se uma taxa 23,1% de cães infectados, sendo que os cães em situação de rua são mais afetados. No Rio Grande do Sul, os índices variam amplamente. Um estudo realizado em Porto Alegre testou 196 cães e identificou anticorpos para *Anaplasma sp.* em 9,69% das amostras. A apresentação clínica da anaplasmose é muitas vezes inespecífica, dificultando o diagnóstico. Estudos relatam sintomas como apatia, anorexia, perda de peso, hipotermia e diarreia. Casos raros incluem alterações oftalmológicas, como uveíte. Do ponto de vista hematológico, o estudo de Anjos et al. (2012) identificou leucogramas normais em 59,26% dos cães infectados, com 24,07% apresentando leucopenia e 16,66% leucocitose, valores que se aproximam dos encontrados no presente estudo, com diferença apenas na maior ocorrência de leucocitose. No estudo de Holanda et al. (2019), a trombocitopenia também foi a alteração mais comum, embora a anemia macrocítica hipocrômica tenha prevalecido, diferentemente do presente estudo, em que a anemia normocítica normocrômica foi mais comum.

Parâmetros	Normal n (%)	Diminuído n (%)	Aumentado n (%)	Valores de Referência
Eritrócitos (milhões/mm)	6 (46,15%)	6 (46,15%)	1 (7,69%)	5,5 – 8,5
Hemoglobina(g/dL)	7 (53,84%)	6 (46,15%)	0	12,0 – 18,0
Hematócrito (%)	6 (46,15%)	6 (46,15%)	1 (7,69%)	37,0 – 55,0
VCM (fL)	8 (61,53%)	4 (30,76%)	1 (7,69%)	60 – 77
CHCM (%)	8 (61,53%)	3 (23,07%)	2 (15,38%)	31 – 34
Leucócitos (/mm ^{3})	9 (69,23%)	1 (7,69%)	3 (23,07%)	6000 – 17000
Plaquetas (/mm ^{3})	2 (15,38%)	9 (69,23%)	2 (15,38%)	180.000 - 400.000

Tabela 1. Achados hematológicos de cães infectados com *Anaplasma sp.* na região metropolitana de Porto Alegre.

O diagnóstico da infecção por *Anaplasma platys* pode ser feito através de diferentes métodos, que vão desde os mais simples, como a visualização de mórulas nas plaquetas no esfregaço sanguíneo, até técnicas mais modernas, como a Reação em Cadeia de Polimerase (PCR). Cada método tem suas particularidades, e a escolha depende de vários fatores, como os sinais clínicos apresentados pelo cão, a fase da infecção e os recursos disponíveis por parte da clínica e do tutor. O método mais comum nas clínicas e laboratórios veterinários ainda é o exame direto, ele consiste na visualização direta do microrganismo com base na morfologia. Por meio da microscopia óptica e através dos parâmetros e formas intracelulares visualizadas no esfregaço sanguíneo feito de sangue total ou papa de leucócitos, é possível chegar a um diagnóstico, porém, esse método é pouco sensível, especialmente se for realizado na fase crônica da infecção.
Conclusão: Os achados deste estudo reforçam a relevância da trombocitopenia como principal achado hematológico em cães infectados por *Anaplasma sp.*, sendo observada em 84,6% dos casos. As anemias, quando presentes, variaram quanto à classificação, destacando o padrão normocítico normocrômico, enquanto os leucogramas apontaram maior frequência de valores dentro da normalidade, com menor ocorrência de leucopenia e leucocitose. A inespecificidade dos perfis hematológicos analisados reforça a natureza indefinível da anaplasmose canina e a importância de abordagens diagnósticas complementares. A ausência de mórulas intraplaquetárias em esfregaços sanguíneos, associada à parasitemia cíclica da doença, corrobora com a necessidade de testes sorológicos e moleculares para a confirmação da infecção. Portanto, este estudo contribui para o aprimoramento do conhecimento sobre as manifestações hematológicas da anaplasmose canina e reforça a importância do diagnóstico precoce e preciso, não somente para a saúde dos animais, mas também dentro do contexto de saúde única, considerando o potencial zoonótico dos agentes transmitidos por carrapatos. Novas pesquisas com maior número de amostras e abordagens multidisciplinares são recomendadas para aprofundar a compreensão sobre os sinais clínicos e laboratoriais dessa infecção e seus impactos clínicos e epidemiológicos.

Palavras-chave: *Anaplasma sp.; Perfil hematológico; Zoonose*

Referências:
ALMEIDA, Roniuza Reneuda de ARAÚJO et al. Avaliação diagnóstica das hemoparasitoses em cães: revisão. *PUBVET*, Londrina, v. 16, n. 10, a1237, p. 1–16, out. 2022. Disponível em: https://doi.org/10.31533/pubvet.v16n10a1237.1-16.

ANJOS, D. S. dos et al. Alterações hematológicas de cães naturalmente infectados por membros da família *Anaplasmataceae* diagnosticados pelo esfregaço de sangue periférico. *PUBVET*, Londrina, v. 6, n. 20, ed. 207, art. 1386, 2012. Disponível em: https://www.pubvet.com.br.

BALDA, Ana Claudia et al. Estudo retrospectivo de casuística das dermatofitoses em cães e gatos atendidos no serviço de dermatologia da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo. *Acta Scientiae Veterinariae*, Porto Alegre, v. 32, n. 2, p. 133–140, 2004. Disponível em: http://www.ufrgs.br/favet/revista.

BOONHOH, Worakan et al. Hematological analysis of naturally infecting blood parasites in dogs. *Veterinary World*, Nakhon Si Thammarat, v. 16, n. 4, p. 681–686, 2023. Disponível em: https://www.veterinaryworld.org/Vol.16/April-2023/3.pdf. DOI: https://doi.org/10.14202/vetworld.2023.681-686.

BRANDÃO, Verucia Maria Dias et al. Molecular detection of *Ehrlichia canis* and *Anaplasma platys* in dogs from municipality of Belém, State of Pará, Brazil. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 49, n. 12, e20190414, 2019. Disponível em: https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20190414.

COSTA, Hérika Xavier da. *Anaplasma platys e Ehrlichia canis em cães: avaliação de alterações oculares, desenvolvimento e validação de técnica de diagnóstico molecular*. 2015. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Goiás, Escola de Veterinária e Zootecnia, Goiânia, 2015.

HOLANDA, Lidiana Carvalho de et al. Achados hematológicos em sangue e medula óssea de cães naturalmente infectados por *Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp. *Ciência Animal Brasileira*, Goiânia, v. 20, p. 1–12, e-47686, 2019. Disponível em: https://doi.org/10.1590/1809-6891v20e-47686.

P-117

Identificação De Múltiplos Cistos de *Isospora spp*. Em Amostra Fecal Canina: Avaliação Por Técnica De Flutuação De Willis

*Luana Werner Dutra[1], Andressa Staggemeier[1], Gabriela Burguez Barbosa[1], Bruna Alessandra Marconcine[1], Vinicius Proença da Silveira[1], Vitoria Fernandes Flores[1], Geovanna Sosinho de Jesus[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]Laboratório Lab Center Vet

*luanawdutraa16@gmail.com

Introdução: Coccidioses são infecções entéricas causadas por protozoários do filo *Apicomplexa*, com destaque para *Isospora* spp. em cães. Embora frequentemente associadas a animais jovens ou imunocomprometidos, sua detecção laboratorial é relevante para controle clínico e ambiental. **Objetivo:** Relatar o achado de múltiplos cistos de *Isospora* spp. em exame parasitológico de fezes (EPF) de cão, utilizando a técnica de flutuação de Willis, com registro imagético da lâmina. **Materiais e Métodos:** Amostra fecal de cão (Canis lupus familiaris), macho, jovem, com fezes pastosas, foi submetida ao EPF pela técnica de Willis. Utilizou-se solução saturada de NaCl e leitura foi realizada após repouso de 15 minutos, em microscopia óptica com aumento de 10x e 40x. Foi registrada imagem representativa da lâmina. **Descrição do caso ou da imagem:** A imagem evidencia diversos cistos esféricos, de parede lisa e dupla, com conteúdo intracelular claro, compatíveis com oocistos de *Isospora* spp. Os cistos estão dispersos na lâmina, com boa definição morfológica, permitindo sua diferenciação de outros parasitas intestinais. **Discussão:** Oocistos de *Isospora* spp. são frequentemente encontrados em animais jovens, podendo causar diarreia e comprometimento do estado geral. A técnica de flutuação de Willis é eficaz na detecção desses oocistos, embora sua sensibilidade varie conforme a carga parasitária e o estágio do parasita. A identificação precoce é essencial para manejo clínico e controle ambiental, dado o potencial de disseminação em ambientes com aglomeração animal. **Conclusão:** A técnica de Willis permite a visualização eficiente de coccídios como *Isospora* spp. em amostras fecais caninas, sendo útil na rotina de diagnóstico laboratorial parasitológico.



Palavras-chave: *Isospora* spp.; Coccidiose Canina; Técnica de Willis;

P-157

Detecção E Perfil De Resistência De Staphylococcus Spp. Em Ambientes De Atendimento Veterinário De Cães E Gatos.

*Andressa Staggemeier[1], Paula Boeira Bassi[1], Vinicius Proença da Silveira[1], Leticia da Silva[2], Diéssy Kipper[2], Vagner Ricardo Lunge[2]

[1]Laboratório Lab Center Vet; [2]Universidade Luterana do Brasil

*andressastaggemeier.c701@gmail.com

Introdução: O atendimento veterinário a pequenos animais está em expansão no Brasil, com 217.498 empresas voltadas ao setor, sendo 16.152 no Rio Grande do Sul (SEBRAE, 2024). Esse crescimento acompanha o aumento da população de pets e a valorização desses animais como membros da família (Comissão de Animais de Companhia, 2021). A demanda levou à multiplicação de clínicas, hospitais, centros de diagnóstico e laboratórios, ambientes que concentram pessoas e animais, muitos submetidos a procedimentos invasivos, o que eleva o risco de contaminações microbianas (Verdial et al., 2021). Infecções bacterianas são comuns em cães e gatos, incluindo otites, infecções urinárias e feridas, com destaque para bactérias dos gêneros *Staphylococcus*, *Enterococcus* e *Escherichia* (Hendrix, 2006; Stull e Weese, 2015; Dalton et al., 2020). Microrganismos como MRSA, ESBL e *Acinetobacter baumannii*, já conhecidos na medicina humana, também vêm sendo detectados em ambientes veterinários, representando risco zoonótico (Walther et al., 2016). A presença dessas bactérias é favorecida pela movimentação de profissionais, proximidade entre pacientes e ausência de protocolos de higiene (Hendrix, 2006; Singaravelu et al., 2023). A identificação microbiológica é essencial para controle e prevenção. Métodos tradicionais baseiam-se em cultivo, coloração de Gram e testes bioquímicos, enquanto técnicas modernas como MALDI-ToF e PCR permitem maior precisão (Oplustil et al., 2020). Apesar disso, há escassez de estudos e protocolos bem definidos para ambientes veterinários (Michelin e Fonseca, 2018; Willemsen et al., 2019).

Objetivos: O presente estudo teve como objetivo realizar a detecção de cocos Gram-positivos (com ênfase em *Staphylococcus* spp.) em ambientes de atendimento veterinário de cães e gatos e avaliar o perfil de resistência dos isolados obtidos aos principais antibacterianos usados no tratamento destes animais.

Material e Métodos: O presente estudo foi submetido e aceito na Comissão de Ética da Faculdade Luterana do Brasil sob protocolo registrado 710°. As coletas foram realizadas em três estabelecimentos veterinários da região metropolitana de Porto Alegre, sendo um hospital (local 1) e duas clínicas (locais 2 e 3), todos voltados ao atendimento de cães e gatos. Foram obtidas 46 amostras de superfícies com maior risco de contaminação, como maçanetas, torneiras, baias de canil/gatil, equipamentos do bloco cirúrgico, mãos dos profissionais, entre outros. Também foram utilizadas placas de sedimentação com ágar sangue e MacConkey (6 placas) para avaliação da contaminação aérea. As coletas foram realizadas com suabes umedecidos em solução fisiológica, aplicados em áreas de 25 cm^2, seguindo protocolos de Smith et al. (2013) e Gradim e Anjos (2015). As amostras foram homogeneizadas em vórtex e semeadas quantitativamente (10 µL) em ágar sangue e MacConkey, incubadas a 37 °C por 24 e 48 horas. Após crescimento, colônias com diferentes morfologias foram selecionadas para coloração de Gram (Oplustil et al., 2020). As bactérias Gram-positivas foram testadas com catalase e coagulase (NewProv©), armazenadas em caldo BHI com glicerol a -15 °C. A identificação de espécies foi realizada em 24 isolados por MALDI-ToF no ICBS/UFRGS. O teste de suscetibilidade aos antimicrobianos foi feito em ágar Mueller-Hinton por disco-difusão com 13 antibióticos, conforme CLSI (2020). Isolados resistentes a três ou mais classes foram classificados como multirresistentes (ANVISA, 2000). Ao todo, foram analisados 51 cocos Gram-positivos, sendo 49 de *Staphylococcus spp.* e 2 de *Enterococcus spp.*

Resultados e Discussão: Nas 46 superfícies, 42 delas apresentaram crescimento bacteriano. Nas 6 placas de sedimentação houve crescimento em duas placas de ágar sangue. Portanto, houveram 44 placas com crescimento bacteriano. Os resultados quantitativos demonstraram que 27 pacas tinham de uma a dez colônias, 13 placas tinham de 11 a 100 colônias e 4 placas apresentaram mais de 100 colônias bacterianas. A partir destas 44 placas, 108 isolados (mínimo de um e máximo de 5 isolados por placa) foram avaliados pela morfologia de colônias e coloração de Gram. As avaliações das placas quanto a morfologia de colônias mostrou que quanto a coloração, 33 (30,5%) colônias eram cinzas, 32 (29,6%) brancas, 27 (25,0%) creme, 10 (9,2%) amarelas, 4 (3,7%) incolores e 2 (1,8%) alaranjadas. Quanto ao tamanho, 42 (38%) colônias eram médias, 39 (36,1%) grandes e 27 (25,0%) pequenas. Quanto ao formato, 90 (83,3%) eram circulares, 17 (15,7%) irregulares e 1 (0,9%) ondulada. Os resultados da coloração de Gram demonstraram 95 (88,0%) cocos e bacilos Gram-positivos, sendo 55 (51.0%) cocos e 40 (37,0%) bacilos, e 13 (12,0%) bacilos Gram-negativos (Figura 1).

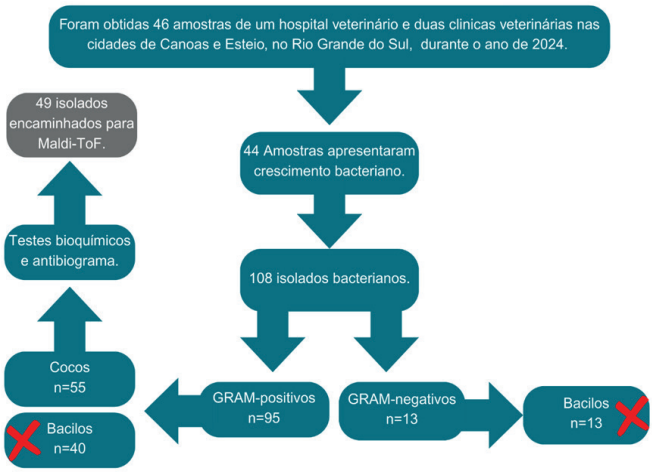


Figura 1. Fluxograma do crescimento inicial das amostras e identificação através da coloração de gram.

Devido aos critérios de seleção estabelecidos pelo estudo, as 40 amostras de bacilos gram-positivos e 13 amostras de bacilos gram-negativos não foram incluídas nas próximas etapas do estudo. Os 55 cocos Gram-positivos foram avaliados por teste de catalase, sendo 53 positivos (presuntivamente *Staphylococcus* spp.) e 2 negativos (presuntivamente *Enterococcus spp*.) na prova da catalase. Entre os catalases positivas, dois apresentaram coagulase positiva. Os resultados das análises dos *Staphylococcus* spp demonstraram que 22 (44,9%) isolados eram suscetíveis aos antibacterianos, enquanto 27 (55,1%) tinham resistência a um ou mais antibacterianos. A maioria dos isolados (n=20; 40,8%) apresentou a resistência a apenas um antibacteriano, mas houveram isolados resistentes a dois (n=1; 2,0%), três (n=2; 4,1%), cinco (n=1; 2,0%), seis (n=2; 4,1%) e sete (n=1; 2,0%) antibacterianos. Três (6,1%) isolados apresentaram perfil de resistência a três ou mais classes de antibacterianos, sendo caracterizados como resistentes a múltiplas classes de drogas (MDR, *multi-drug resistance*). (Figura 2). Já os isolados de *Enterococcus* spp. apresentaram resistência a 7 (n=1; 50%) e 8 (n=1; 50%) antibacterianos, ambos com perfil MDR. (Figura 2). Foram selecionadas amostras dos cocos positivos de cada uma das unidades de atendimento veterinário, totalizando 49 isolados (47 com pré-identificação de *Staphylococcus* spp e os dois de *Enterococcus* spp.) para realização do MALDI-ToF. Quanto às espécies das amostras identificados como *Staphylococcus,* 17,0% (8/47) foram classificados como *Staphylococcus hominis*, 15% como *Staphylococcus epidermidis* (7/47), 6% como *Staphylococcus simulans* (3/47), 6% como *Staphylococcus haemolyticus* (3/47), 6% como *Staphylococcus schieiferi* (3/47), 4% como *Staphylococcus cohnii* (2/47), 4% como *Staphylococcus pseudintermedius* (2/47), 4% como *Staphylococcus equorum (2/47) e Staphylococcus nepalensis (1/47), Staphylococcus xylosus (1/47), Staphylococcus schieiferi (1/47) e Staphylococcus warneri* (1/47) todos com 2%. (Figura 5). Os outros 13 (27,6%) isolados identificados como *Staphylococcus* coagulase negativa analisados pela técnica de MALDI-ToF foram identificados como *Micrococcus luteus* (9/47), Kocuria spp. (1/47), Brevibacterium spp.(1/47), Acinetobacter radioresistens (1/47) e Brevundimonas vesicularis (1/47). Entre os 2 *Enterococcus* enviados, ambos foram identificados como *Enterococcus faecalis*.

O crescimento no número de clínicas e hospitais veterinários tem aumentado a exposição de animais e pessoas à contaminação microbiana, especialmente em ambientes com elevado fluxo e ausência de protocolos de higiene (Verdial et al., 2021). Infecções bacterianas, como otites e infecções urinárias, são comuns em cães e gatos e muitas vezes envolvem bactérias resistentes a antibacterianos (Walther et al., 2016; Dalton et al., 2020). Este estudo demonstrou o isolamento de microrganismos patogênicos, com destaque para cocos Gram-positivos (n=55; 50,9%), principalmente do gênero *Staphylococcus* (n=53; 96,4%), e dois *Enterococcus spp.*. A identificação por MALDI-ToF confirmou a diversidade de espécies de *Staphylococcus*, incluindo *S. pseudintermedius*, um patógeno relevante por seu potencial zoonótico e multirresistência (Procop et al., 2018; Carroll et al., 2021; Sebola et al., 2023). Já *S. equorum*, *S. simulans*, *S. haemolyticus*, entre outros, são comensais, mas alguns apresentam genes de resistência que justificam atenção (Xie et al., 2024; Souza et al., 2024). Os dois *Enterococcus faecalis* encontrados apresentaram multirresistência (MDR), reforçando sua relevância como patógenos oportunistas associados à contaminação fecal (Singaravelu et al., 2023; Silva et al., 2024; Stepien-Pysniak et al., 2021). A ausência de *S. aureus* pode estar relacionada à limitação de métodos tradicionais de identificação (Kumaresan et al., 2021; Vinall et al., 2020), sendo recomendada a aplicação de técnicas complementares como MALDI-ToF e PCR. Os achados em superfícies de alto toque e nas mãos dos profissionais reforçam a necessidade de protocolos de biossegurança (Singaravelu et al., 2023; Giacon et al., 2021), com foco em programas de controle de infecção (Verdial et al., 2021).

Conclusão: Este estudo reforça a importância de protocolos rigorosos de higienização, monitoramento microbiológico contínuo e a implementação de ações para controlar o uso indiscriminado de antibióticos, a fim de prevenir a disseminação de bactérias multirresistentes. Esses resultados contribuem para a conscientização sobre a necessidade de um controle mais eficaz de infecções em clínicas veterinárias, um aspecto frequentemente negligenciado quando comparado à medicina humana.

Pre-identification	MALDI-ToF	AMC	AZI	CFO	CIP	CLO	CRO	DOX	ENO	IMI	MRB	POL	SUT	VAN	MDR
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus simulans*	R	S	R	S	R	R	S	S	R	S	R	R	S	R
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	R	S	R	S	S	S	R	S	R	R	R	S	R
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus pseudintermedius*	S	R	S	R	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus simulans*	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	S	S	R
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	R	R	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	R
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	R	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus haemolyticus*	S	R	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	Y	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Y	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	Y	S	Y	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	S	S	S	S	Y	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus cohnii*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus cohnii*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus equorum*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus haemolyticus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Brevibacterium spp.*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Acinetobacter radioresistens*	S	S	S	S	S	Y	S	S	S	S	S	S	R	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus simulans*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Kocuria spp.*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus equorum*	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus nepalensis*	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus haemolyticus*	S	S	S	S	S	Y	S	S	S	S	S	S	Y	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus xylosus*	S	S	S	S	S	Y	S	S	S	S	S	S	Y	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE POSITIVA	*Staphylococcus pseudintermedius*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Y	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus schleiferi*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Y	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Y	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	S	S	S	S	Y	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE POSITIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus warneri*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus hominis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus epidermidis*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus schleiferi*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus schleiferi*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Staphylococcus schleiferi*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Micrococcus luteus*	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ENTEROCOCCUS SP.	*Enterococcus faecalis*	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R
ENTEROCOCCUS SP.	*Enterococcus faecalis*	R	R	R	R	S	R	S	R	S	R	R	S	S	S
STAPHYLOCOCCUS COAGULASE NEGATIVA	*Brevundimonas vesicularis*	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N

Figura 2. Perfil de suscetibilidade dos cocos gram positivos testados. Vermelho escuro- Isolados multirresistentes. Verde- suscetibilidade ao antimicrobiano. Vermelho- Resistência ao antimicrobiano. Verde claro- Resistência intermediária. Azul – Não realizado. AMC=Amoxicilina+ácido clavulânico; AZI=Azitromicina; CFO=Cefoxitina; CIP=Ciprofloxacina; CLO=Cloranfenicol; CRO=Ceftriaxona; DOX=Doxiciclina; ENO=Enrofloxacina; IMI=Imipenem; MRB=Marbofloxacina; POL=Polimixina B; SUT=Sulfazotrim; VAN=Vancomicina.

Palavras-chave: Infecção hospitalar; Identificação bacteriana; Controle de infecção.

Referências

Barbosa K.H., Vargas D.B., Ferreira G.I., et al. Impacto do MALDI-ToF no diagnóstico da Sepse: uma revisão integrativa. *Braz. J. Dev.* 2021;7(6):313.

Carroll K.C., Burnham C.A., Westblade L.F. From canines to humans: Clinical importance of *Staphylococcus pseudintermedius*. *PLoS Pathog.* 2022;18(9):e1010763.

Giacon M.M., Siqueira F.M., da Motta A.S. Microbial contamination and antimicrobial resistance profiles indicate potential risks of infection at the Veterinary Medical Teaching Hospital - UFRGS, Porto Alegre, Brazil. *Acta Sci. Vet.* 2021;49:1800.

Hendrix C.M. Procedimentos laboratoriais para técnicos veterinários. 4° ed. Roca, 2006.

Kumaresan G., Gangwar C., Mishra A.K., et al. Occurrence, molecular characterization and antimicrobial-resistance pattern of *Staphylococcus* species isolates from buck semen. *Arch. Microbiol.* 2022;204:135.

Michelin A.F., da Fonseca M.R.C.C. Perfil epidemiológico das infecções hospitalares na unidade de terapia intensiva de um hospital terciário. *Nursing.* 2018;2037-41.

Oplustil C.D., Zoccoli C.M., Tobouti N.R., et al. Procedimentos básicos em microbiologia clínica. 4° ed. Sarvier, 2020.

Procop G.W., Church D.L., Hall G.S., et al. Diagnóstico microbiológico - Texto e atlas. 7° ed. Guanabara Koogan, 2018.

Sebola D.C., Oguttu J.W., Kock M.M., et al. Hospital-acquired and zoonotic bacteria from a veterinary hospital and their associated antimicrobial susceptibility profiles: a systematic review. *Front. Vet. Sci.* 2023;10:1089.

Sebrae P.R. Panorama do mercado pet em 2024. *Sebrae P.R.* Disponível em: <https://sebraepr.com.br/comunidade/artigo/panorama-do-mercado-pet-em-2024(modal:login)>. Acesso em: 04 dez. 2024.

Silva L., Grecellé C.Z., Frazzon A.P.G., et al. Multidrug-resistant *Enterococcus faecium* and *Enterococcus faecalis* isolated from dogs and cats in Southern Brazil. *Microbiol. Res.* 2024;15(3):1083-90.

Silva N., Junqueira V.C.A., Silveira N.F.A., et al. Manual de métodos de análise microbiológica de alimentos e água. 5. ed. São Paulo: Blucher, 2017.

SINDAN. COMAC apresenta seu novo relatório de atividades. *Sindan*. Disponível em: <https://sindan.org.br/noticias/comac-apresenta-seu-novo-relatorio-de-atividades/>. Acesso em: 04 dez. 2024.

Singaravelu A., Leggett B., Leonard F.C. Improving infection control in a veterinary hospital: a detailed study on patterns of faecal contamination to inform changes in practice. *Ir. Vet. J.* 2023;76(1):1–13.

Verdial C., Carneiro C., Machado I., et al. Controlling bacteriological contamination of environmental surfaces at the biological isolation and containment unit of a veterinary teaching hospital. *Ir. Vet. J.* 2021;74:18.

Vinall G., Cogan T., Jeffery A., et al. Staphylococcal bacterial contamination of portable electronic devices in a large veterinary hospital. *J. Small Anim. Pract.* 2021;62(5):253–256.

Willemsen A., Cobbold R., Gibson J., et al. Infection control practices employed within small animal veterinary practices—A systematic review. *Zoonoses Public Health.* 2019;66(5):439–57.

Xie N., Ma T., Gao Y., et al. Two novel plasmids harbouring the multiresistance gene *cfr* in porcine *Staphylococcus equorum*. *J. Glob. Antimicrob. Resist.* 2024;39:170-174.

ÁREA: MICOLOGIA CLÍNICA E MICOTOXICOLOGIA

P-005

Explorando a Atividade Antifúngica dos Óleos Essenciais de *Cymbopagon flexuosus* e *Citrus lemon*

Roliane de Oliveira Sipple[1], Morgana Guilherme de Castro Silverio[2], Ana Júlia Amorim de Souza[2], Reginaldo dos Santos Pedroso[1]*, Ralciane de Paula Menezes[3]

[1]Curso Técnico em Análises Clínicas, Escola Técnica de Saúde, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil; [2]Curso Técnico em Prótese Dentária, Escola Técnica de Saúde, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil; [3]Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

Email: rpedroso@ufu.br

Introdução: Infecções por *Candida* spp. aumentaram de forma significativa nas últimas décadas, assim como a mortalidade e o surgimento de isolados resistentes. A aromaterapia tem crescido bastante no Brasil, especialmente depois da incorporação desta prática no contexto das Práticas Integrativas e Complementares em Saúde pelo SUS, e os óleos essenciais (OEs), cuja atividade anti-inflamatória, analgésica e antimicrobiana já foram demonstradas, configuram-se como uma estratégia interessante no tratamento de candidíases. **Objetivo:** Determinar a atividade antifúngica dos OEs de *Cymbopagon flexuosus* (capim-limão) e *Citrus lemon* (limão siciliano) frente a *C. albicans*. **Metodologia:** A atividade antifúngica *in vitro* dos OEs de *C. flexuosus* e *C. lemon* foi avaliada para cepa *C. albicans* ATCC90028 por meio da determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM), utilizando a metodologia de microdiluição em caldo proposta pelo CLSI. A faixa de CIM dos OEs variou entre 7,81 a 4000 µg/mL. **Resultados e Discussão:** Ambos os OEs foram capazes de inibir o crescimento de *C. albicans*; o OE de *C. flexuosus* apresentou menor CIM comparado ao OE de *C. lemon*, 250 µg/mL e 1000 µg/mL, respectivamente. Esses achados confirmam a ação antimicrobiana dos OEs testados já relatada em estudos anteriores e indicam o potencial antifúngico desses OEs frente a isolados de *C. albicans*. **Conclusão:** Os OEs testados apresentaram atividade antifúngica frente a *C. albicans*, sendo a menor CIM observada para *C. flexuosus*. No entanto, mais estudos são necessários para confirmar seu mecanismo de ação, seu potencial frente a outras espécies de *Candida* de importância clínica e determinar sua possível ação antivirulência para, no futuro, ser uma possibilidade de tratamento de infecções fúngicas ocasionadas por espécies de *Candida*.

Palavras-chave: Atividade antifúngica, *Citrus lemon*, *Cymbopagon flexuosus*, óleos essenciais.

P-122

Prevalência e Epidemiologia de Fungos Recuperados em Infecções de Corrente Sanguínea (ICS) Durante e Após a Pandemia de SARS-Cov-2: Um Estudo Retrospectivo no Brasil (2020-2024)

Fernanda M. Inoue[1,2], Graziele Cristina Ferreira[1,2*], Samuel Gerson M. Vieira[1,2], Thais Turati[1,2], Ana Paula Lobo[1,2], Sergio Tufik[1,2], Débora Ribeiro Ramadan[1,2], Jussimara Monteiro[1,2]

[1]Associação Fundo de Incentivo a Pesquisa (AFIP Medicina Diagnóstica), São Paulo, Brasil; [2]Laboratório Brasil Apoio, São Paulo, Brasil

*graziele.ferreira@afip.com.br

Introdução: Em 2022, a Organização Mundial da Saúde publicou uma lista dos principais patógenos fúngicos que causam doenças invasivas e ameaçam a saúde pública. Este estudo teve como objetivo descrever a prevalência de cepas fúngicas em amostras laboratoriais isoladas de ICS em um período de cinco anos. **M&M:** Estudo baseado na análise de amostras clínicas processadas por um laboratório de microbiologia. As garrafas de hemoculturas positivas foram inoculadas em ágar sangue columbia, chocolate e MacConkey, mantidos a 35°C±1 por 24-48h. A identificação foi realizada por espectrometria de massa (MALDI-TOF). Para fungos filamentosos, foi utilizado um protocolo *in house* com ácido fórmico e acetonitrila. **Resultados:** Durante o período estudado, um total de 5496 fungos (2020;719), (2021;1.132), (2022;1.128), (2023;1.206) e (2024;1.311) foram isolados. A frequência dos grupos de microrganismos foi leveduras (5.472;99,56%) e fungos filamentosos (24;0,44%). O grupo das leveduras incluiu *Candida* não *albicans* (63,26%), *Candida albicans* (31,44%), *Cryptococcus* spp. (2,04%), *Trichosporum* spp. (1,38%), *Saccharomyces* spp. (0,76%), *Kodamaea* spp. (0,33%), *Rhodotorula* spp. (0,29%) e apenas um *Aureobasidium* spp., *Hanseniaspora* spp. e *Malassezia* spp. respectivamente. Os filamentosos foram distribuídos em *Acremonium* spp., *Fusarium* spp., *Penicillium* spp., *Purpureocillium* spp., *Saprochaete* spp. e *Sarocladium* spp. A maior incidência de infecção fúngica foi entre os homens (54,16%) e a principal faixa etária foi acima de 50 anos (53,48%). **Conclusão:** Observamos um aumento na incidência de infecções fúngicas, especialmente por *Candida* spp., coincidindo com o início da pandemia de COVID-19. Embora a *C. albicans* continue sendo a principal causa de candidíase invasiva, a proporção da espécie *parapsilosis* (31,1%) neste estudo foi praticamente equivalente à espécie *albicans* (33,2%). Uma proporção crescente de diagnósticos tem sido atribuída a outros gêneros de leveduras, como *Cryptococcus neoformans*, *Trichosporon asahii* e *Saccharomyces cerevisiae*. Esses dados destacam um recorte sobre a frequência e as características dos agentes patogênicos fúngicos no atual cenário brasileiro.

Palavras-chave: infecção de corrente sanguínea; *Candida* spp.; período COVID-19

P-161

Análise de técnicas de exame micológico direto para diagnóstico de infecções fúngicas.

Mikaella Lucia Felix Formiga[1,2]*, Paulo Murillo Neufeld[2]

[1]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Laboratório de Microbiologia, Departamento de Ciências Biomédicas (DCB), ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro/RJ

mikaluciaformiga@gmail.com*

Houve um aumento significativo das infecções fúngicas nas últimas décadas, especialmente em pacientes imunocomprometidos, nos quais o diagnóstico rápido é crucial. Apesar dos avanços tecnológicos e da crescente automatização nos laboratórios de análises clínicas, a identificação de fungos como agentes etiológicos ainda depende majoritariamente de métodos manuais e demorados, especialmente em países em desenvolvimento. Na ausência de processos automatizados, o exame micológico direto da amostra (EMD) e a cultura permanecem como padrão ouro. A cultura permite identificar o gênero ou espécie fúngica, mas o crescimento lento de alguns fungos pode atrasar o diagnóstico por semanas. Nesse contexto, o EMD com hidróxido de potássio (KOH) é uma técnica de triagem inicial, permitindo a visualização direta de estruturas fúngicas antes mesmo da cultura. A técnica consiste em tratar a amostra com KOH (10%–40%), que macera e clarifica os resíduos teciduais, facilitando a observação microscópica das estruturas fúngicas sem danificá-las. Entretanto, o uso isolado do KOH pode exigir longos períodos de repouso para uma visualização adequada, limitando sua eficácia. Para contornar isso, utiliza-se, em alguns casos, a tinta Parker para melhorar o contraste, seu uso seja limitado por custo e disponibilidade. Sendo uma saída substituí-la pela tinta Pelikan, que é mais acessível e com propriedades similares. Assim, esse estudo avaliou a eficiência do EMD utilizando a tinta Pelikan. Para tanto, foram analisadas 24 amostras positivas de unhas, preparadas com KOH (30%) isolado e com KOH (30%) + tinta Pelikan preta. As lâminas foram observadas após 15, 30 minutos, 1, 24, 48 e 72 horas. Todas as amostras com tinta permitiram visualização das estruturas fúngicas em 30 minutos, enquanto nas preparações com apenas KOH isso só ocorreu após 72 horas. Esses dados prévios sugerem que o acréscimo da tinta Pelikan a preparação de KOH pode aumentar a eficiência e a agilidade da técnica.

Palavras-chave: exame micológico direto, hidróxido de potássio (KOH), tinta pelikan

P-163

Aplicação da Micologia Forense No Âmbito Criminal: Uma Revisão Sistemática

Mikaella Lucia Felix Formiga[1,2], Matheus Felipe Fallett e Silva[1], Jean Moreira de Oliveira da Silva[1], Paulo Murillo Neufeld[1]

[1]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Universidade Estadual do Rio de Janeiro - UERJ, Rio de Janeiro/RJ

mikaluciaformiga@gmail.com*

Os fungos são, majoritariamente, decompositores, estando presentes durante todo o processo de putrefação, e apresentam esporos aerovagantes, que permitem, a esse organismo, acesso aos mais diversos e extremos ambientes. Neste sentido, a micologia forense, com todo o seu potencial metodológico, surge como uma possível ferramenta para a área forense. No entanto, devido a um grande desconhecimento em relação a biologia fúngica em ambiente forense e suas possíveis aplicações para auxiliar nas resoluções jurídicas, mesmo que sejam comumente encontrados em cadáveres, não raramente são descartados como possíveis evidências. Portanto, o objetivo deste trabalho é investigar se a micologia forense pode ser útil como ferramenta forense complementar. Para isso, realizou-se uma revisão sistemática, buscando as bases de dados PUBMED, EMBASE, Web of Science, LILACs e OpenGrey, utilizando MeSH e termos livres com base na estratégia PICO (P: população; I:intervenção; C: comparação; e O: desfecho), para artigos publicados até fevereiro de 2024 sobre a aplicação forense de fungos encontrados em cadáveres humanos. Os resultados nas bases de dados recuperaram 106 artigos, que, por meio do gerenciador Rayyan QCRI, 13 artigos foram selecionados. Após a leitura na integra e a avaliação da qualidade metodológica pelo protocolo do Instituto Joanna Briggs (JBI), 6 artigos foram incluídos na revisão. Os resultados indicam que a micologia é uma ferramenta auxiliar que pode ser aproveitada nos estudos forenses desde que os profissionais tenham um conhecimento mínimo sobre a biologia fúngica e as técnicas microbiológicas que devem ser aplicadas. Além disso, por ser uma área recente, é necessário otimizar e padronizar os métodos de análise da micobiota e determinar fatores que podem influenciar os resultados.

Palavras-chave: cadáver, fungos, crime, ciências forenses.

P-164

Micologia Forense: Desenvolvimento De Uma Estufa Com Controle Personalizado E Automatizado De Temperatura E Umidade

Jean Moreira de Oliveira da Silva[1], Mikaella Lucia Felix Formiga [1,2]*, Paulo Murillo Neufeld[1]

[1]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Laboratório de Microbiologia, Departamento de Ciências Biomédicas (DCB), ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro/RJ

mikaluciaformiga@gmail.com*

A micologia forense tem se consolidado como uma ferramenta valiosa na investigação criminal, pois os fungos crescidos na cena de crime podem ser utilizados como evidências biológicas e até mesmo fornecer indicações mais precisas sobre o período *post-mortem*. No entanto, a literatura destaca interferentes, como as condições climáticas, que influenciam o crescimento e viabilidade fúngica e podem prejudicar na análise forense, enfraquecendo o peso dos achados micológicos como provas judiciais. Sendo preciso mais estudos para mitigar esses impactos e aprimorar a confiabilidade dessas análises. Considerando essa demanda, desenvolvemos uma estufa portátil para incubação, capaz de regular com precisão temperatura e umidade de forma automatizada, permitindo reprodutibilidade nos testes *in vitro*. Além disso, a proposta visa oferecer uma alternativa de menor custo em comparação aos equipamentos convencionais, tornando a tecnologia acessível para laboratórios com recursos limitados que não dispõem de incubadoras complexas e de alto valor agregado. Com isso, a estufa foi projetada com controle automatizado e personalizado de temperatura (35ºC ± 2ºC) e umidade (75% ± 5%) e construída com materiais de baixo custo. O equipamento pesa entre 1,7 kg e 2 kg, sendo mais leve que os modelos convencionais, e bivolt 110/220 V, podendo ser transportada para diferentes ambientes laboratoriais ou mesmo para locais estratégicos em uma investigação sem a demanda de um grande do esforço físico. Além disso, a validade da padronização de temperatura e umidade foi realizada por meio de processos de calibração do equipamento, permitindo a estabilidade dos parâmetros ambientais essenciais para o cultivo de amostras fúngicas, o que contribui para a obtenção de dados mais consistentes e cientificamente embasados. Dessa forma, a proposta representa um avanço significativo para a micologia forense, permitindo a otimização das condições de incubação e ampliando as possibilidades de investigações microbiológicas.

Palavras-chave: Micologia forense, estufa, controle climático, inovação.

P-166

Micologia Forense: Proposta de Protocolo para Coleta e Registro de Evidências Fúngicas em Locais de Crime

Jean Moreira de Oliveira da Silva[1]*, Mikaella Lucia Felix Formiga [1,2], Paulo Murillo Neufeld[1]

[1]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Laboratório de Microbiologia, Departamento de Ciências Biomédicas (DCB), ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro/RJ

mikaluciaformiga@gmail.com*

A micologia forense surge como uma ferramenta promissora na investigação criminal, permitindo a análise de fungos presentes em vestígios biológicos para determinação de elementos como tempo de deposição do corpo e local da ocorrência. No entanto, ainda há uma lacuna na padronização dos métodos de coleta, armazenamento e análise dessas provas. Por isso, este estudo propõe, como um **Procedimento Operacional Padrão (POP) em Micologia Forense,** uma **Silhueta para Registro de Evidências Micológicas (SREM)**, que é um documento inovador destinado à cobertura do perito criminal durante a coleta em locais de crime. O objetivo do SREM é permitir a reprodução e confiabilidade dos resultados gerados das evidências retiradas e analisadas na cena do crime. Uma vez que busca padronizar o registro de dados essenciais na micologia forense, que não raramente são negligenciadas, como localização, número, tamanho, cor e textura das colônias presentes no cadáver. Além da coleta dos dados das condições ambientais, por exemplo, temperatura e umidade, para considerar os possíveis interferentes presentes na cena do crime. O protocolo proposto inclui técnicas de **coleta com swab, por raspagem, com pinça e/ou por recorte**, considerando as diretrizes para o transporte visando a viabilidade fúngica e o processamento de amostras minimizando a contaminação no laboratório. A implementação do SREM pode melhorar a utilização de fungos como vestígios biológicos em investigações forenses, favorecendo sua acessibilidade como ferramenta complementar na segurança pública. Com isso, O SREM visa minimizar variações metodológicas e garantir a preservação da cadeia de custódia, sendo um avanço significativo para a área, pois fornece subsídios científicos para a validação da micologia forense. Visto que não há um POP a nível nacional e internacional para coleta de fungos em cenas criminais.

Palavras-chave: Micologia forense, Fungi, Protocolo, Coleta.

P-167

Utilização De Fungos Como Sinalizadores De Resquícios De Vestígios Biológicos Em Têxteis No Âmbito Forense.

Tiago Rangel Schirmer[1], Mikaella Lucia Felix Formiga[1,2], Paulo Murillo Neufeld[1]

[1]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Laboratório de Microbiologia, Departamento de Ciências Biomédicas (DCB), ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro/RJ

mikaluciaformiga@gmail.com*

A ciência forense é uma área de conhecimento utilizada para auxiliar em casos jurídicos. Esse campo apresenta diversas subcategorias de atuação, sendo um dos mais recentes, a micologia forense, que estuda a utilização de fungos na resolução de casos criminais. Esses organismos estão presentes nos ambientes, com esporos que se disseminam com facilidade e conseguem se desenvolver em locais que outros organismos apresentam dificuldade para se manterem, por exemplo, têxteis com presença de vestígios biológicos. Características que poderiam ser utilizadas como ferramentas auxiliares na resolução de um caso. Visto que em crimes violentos é comum encontrar sangue em superfícies como roupas, colchões, tapetes e, muitas das vezes, há tentativas de limpar essas evidências para ocultar provas que incriminem o culpado. Nessas situações, utiliza-se o luminol, um composto químico que reage com o sangue, permitindo evidenciá-lo mesmo após a limpeza do local. No entanto, esse reagente é caro e costuma ser utilizado apenas quando há indícios consistentes da presença de sangue. Diante disso, este estudo tem como objetivo investigar se o crescimento de fungos pode servir como um indicativo da presença anterior de sangue em têxteis após tentativas de limpeza, sem prejudicar a utilização do luminol. Para isso, têxteis com sangue serão expostos a diferentes métodos de lavagem, inoculados com fungos ambientais e, posteriormente, analisados quanto a presença do crescimento fúngico e aplicada a solução de luminol para confirmar se ainda é possível evidenciar o sangue nos têxteis. A proposta é oferecer uma nova abordagem para a investigação forense, usando os fungos como marcadores visuais que ajudem a localizar vestígios biológicos. Isso pode tornar o uso do luminol mais eficiente e reduzir desperdícios, contribuindo para investigações criminais mais precisas.

Palavras-chave: Micologia forense, têxtil, vestígio biológico

P-168

Paleomicrobiologia: Proposta de Protocolo para Coleta e Análise de Material Arqueológico.

Victória Antunes do Santos Gomes [1]*, Mikaella Lucia Felix Formiga [1,2], Paulo Murillo Neufeld[1]

[1]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Laboratório de Microbiologia, Departamento de Ciências Biomédicas (DCB), ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro/RJ

mikaluciaformiga@gmail.com*

A paleomicrobiologia estuda os microrganismos que estão associados ao homem durante evolução, como agentes etiológicos que afetaram civilizações antigas e que podem afetar as populações nos tempos atuais. Com o intuito de entender a relação destes organismos com as diferentes espécies, são estudados protozoários, helmintos e bactérias encontrados em material arqueológico ou paleontológico. Os fungos também são encontrados com frequência nesses tipos de materiais, mas por serem organismos extremamente contaminantes e, comumente, negligenciados, não são muito explorados como ferramenta de pesquisa. O reflexo disso é que há poucos trabalhos de paleomicrobiologia focados no estudo dos fungos e os que relatam a presença fúngica não apresentam uma padronização quanto a manipulação desse organismo desde a coleta até a análise laboratorial. Com isso, este presente trabalho busca propor um protocolo de coleta e análise fúngica para estudar amostras de ossos e corpos mumificados vindos de Itacambira com o intuito de identificar fungos que podem estar associados com a degradação dos corpos. Para tanto, analisou-se as metodologias apresentadas na literatura sobre o tema e, devido a escassez de informação, protocolos de coleta e análise em outras áreas da micologia, como a ambiental e a médica. O intuito é evitar possíveis contaminações durante o processo e permitir um resultado mais eficiente e padronizado para desenvolver mais trabalhos nesta área. Dessa forma, permitir uma análise eficiente de espécies fúngicas que não fazem mais parte dos microrganismos circulantes, mas podem ajudar a entender doenças, microbiota e os microrganismos do ambiente ligados àquele material arqueológico encontrado, podendo contribuir para a entender a associação dos fungos com os ancestrais e a evolução deste ao longo do tempo.

Palavras-chave: padronização, fungo, múmias

ÁREA: PARASITOLOGIA CLÍNICA E IMUNOPARASITOLOGIA

P-069

Aumento de Casos de Cistos De *Endolimax nana* e Cistos de *Blastocistis hominis* em Boa Vista, RR 2024

Bevily Helen Carvalho De Araujo[1]*, Daiara Alexandre de Sousa[1], Zachary Emanuela Nojosa[1], Lohana Alexciene de Sousa Alves[1], Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] *Sabin Diagnóstico e Saúde*

* bevily.araujo@sabin.com.br

Introdução: As parasitoses intestinais constituem um importante problema de saúde pública global. No Brasil, ainda são frequentemente negligenciadas, sobretudo nas regiões Norte e Nordeste, que concentram o maior número de casos, segundo o Ministério da Saúde. A prevenção dessas infecções relaciona-se diretamente com hábitos de higiene e acesso ao saneamento básico. **Objetivo**: Apresentar dados sobre a incidência de parasitoses intestinais no estado de Roraima, com foco em resultados laboratoriais obtidos em Boa Vista**. Material e Métodos**: Avaliaram-se exames parasitológicos de fezes realizados de Janeiro a dezembro de 2024 em um laboratório privado em Boa Vista – RR. Identificaram-se e quantificaram-se as principais espécies parasitárias. Por se tratar de estudo retrospectivo obtidos através de um banco de dados sem identificação e com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP. **Resultados e Discussão**: Detectou-se 246 casos de cistos de *Endolimax nana* e 238 de *Blastocystis hominis*, sendo os parasitas mais frequentes. Também foram encontrados cistos de *Entamoeba coli* (22), *Entamoeba histolytica* (41), *Giardia lamblia* (17), além de trofozoítos isolados. Crianças entre 1 e 10 anos representaram cerca de 145 casos, com predominância de *Blastocystis hominis*, indicando vulnerabilidade associada à exposição ambiental e imaturidade imunológica**. Conclusão**: Os achados ressaltam a importância de políticas públicas voltadas à prevenção, diagnóstico e tratamento das parasitoses intestinais, sobretudo na infância.

Palavras-chave: Parasitas intestinais, Helmintos, Roraima.

P-118

Sarcoptes Scabiei: Relato De Caso De Paciente Masculino De 2 Anos Atendido Em Um Laboratório De Análises Clínicas Em Uberaba, Minas Gerais

Diego Rodrigues Pena dos Santos[1]*, Isabela de Oliveira Moura[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Lídia Freire Abdalla Nery[2]

[1] Sabin Diagnóstico e Saúde. Avenida Santos Dumont 1106, Uberaba - MG, 38060-600, Brasil.
[2] Sabin Diagnóstico e Saúde. SAAN Quadra 3, Brasília - DF, 70632-300, Brasil.

*diegosantos@sabin.com.br

Introdução: A escabiose é uma Doença Tropical Negligenciada (DTN) da pele, causada pelo ácaro *Sarcoptes scabiei*. É considerada um importante problema de saúde pública em muitas regiões. A doença é mais prevalente em países com poucos recursos, nos quais há condições de vida superlotadas associadas à higiene precária.
Objetivo: Relatar um caso de escabiose em paciente do sexo masculino, com 2 anos de idade, cujo diagnóstico foi realizado por meio de exame de microscopia direta.

Material e Métodos: Os dados foram obtidos de um banco de informações sem identificação individual, com dispensa de tramitação pelo sistema CEP/CONEP (Art. 1º, item V, Resolução nº 510/2016). A microscopia direta é considerada uma técnica padrão e confiável para diagnóstico rápido. Nesse método, a pele sobre o túnel do ácaro foi inspecionada visualmente e posteriormente raspada. O conteúdo foi removido com uma agulha estéril e enviado ao laboratório. A amostra foi colocada em uma lâmina, à qual foram adicionadas cinco gotas de hidróxido de potássio a 10%. Em seguida, a lâmina foi coberta com lamínula e examinada ao microscópio para a identificação do ácaro.
Resultados e Discussão: O exame mostrou-se útil para o diagnóstico do artrópode ectoparasita Sarcoptes scabiei. A identificação do parasita no material obtido das lesões cutâneas confirmou a suspeita clínica de escabiose (sarna).
Conclusão: O exame de microscopia direta permitiu a identificação de *Sarcoptes scabiei*, confirmando o diagnóstico de escabiose. A detecção do ácaro por meio desse método reforça sua importância como ferramenta diagnóstica rápida.

Palavras-chave: *Sarcoptes scabiei*, escabiose, ácaro.

P-149

Correlação entre Infecção Parasitária Intestinal e Presença de Sangue Oculto nas Fezes

Flávia Martinello[1*], Carolina Girardi Hormann[2], Valtair de Amorim[2], Gabriela Dorigatti Woritivicz[3], Karin Silva Caumo[1], Juliane Araújo Greinert Goulart[1]

[1]Professora do Departamento de Análises Clínicas da Universidade Federal de Santa Catarina; [2]Laboratório Diagnóstico, Florianópolis, SC; [3]Estudante do Curso de Farmácia da Universidade Federal de Santa Catarina

*flavia.martinello@ufsc.br

Introdução: As infecções parasitárias podem causar uma variedade de sintomas gastrointestinais e representam um importante problema de saúde pública, principalmente as causadas por helmintos e protozoários. A presença de sangue oculto nas fezes é um indicador clínico que pode sugerir lesões intestinais, inflamação ou infecções. No entanto, a relação entre infecções parasitárias e a presença de sangue oculto nas fezes ainda não está completamente elucidada. Objetivos: Este estudo visa investigar essa correlação e contribuir para um melhor entendimento das manifestações clínicas das infecções parasitárias e suas implicações para o diagnóstico e tratamento. Metodologia: Em um laboratório privado, as amostras de fezes sem conservantes colhidas pelos participantes para a realização do exame parasitológico pelo método de Hoffmann, Pons e Janer foram também testadas para sangue oculto nas fezes (ECO). Resultados e Discussão: Os 239 participantes, 70 feminino e 30% masculino, tinham idade entre 2 e 85 anos. A motivação para realização do exame foi em na maioria (70,5%) para exames médicos ocupacionais, 22% casos de rotina, em 7,5% de outras motivações e 2,1% casos por dores abdominais. A prevalência de parasitose foi de 4,6%. Seis (2,5%) pacientes apresentaram nas fezes cistos de *E. nana*, quatro (1,7%) pacientes cistos de *E. coli* e um (0,4%) paciente apresentou coinfecção por cistos de *E. coli* e *E. histolytica/dispar*. Quarenta e cinco (18,8%) participantes apresentaram sangue oculto nas fezes, destes, apenas 2 (4,4%) apresentavam parasitas (cistos de *E. coli*). Conclusão: Não houve associação estatisticamente significativa entre a positividade no exame parasitológico de fezes e a presença de sangue oculto nas fezes ou entre estes e a idade ou o sexo dos participantes. Estes resultados divergentes do encontrado na literatura podem ser decorrentes da baixa sensibilidade do método parasitológico utilizado.

Palavras-chave: exame parasitológico de fezes, sangue oculto nas fezes.

P-154

Prevalência De *Blastocystis sp.* No Brasil: Revisão Sistemática E Metanálise

Karina Kirsten[1], Maria Eduarda Tagliari Guimarães[1], Bibiana Martins Barasuol[2], Ana Paula Giolo Franz[3,4]

[1]ATITUS EDUCAÇÃO, Passo Fundo, RS; [2]Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões – URI, Frederico Westphalen, RS; [3]Hospital de Clínicas de Passo Fundo, Laboratório de Análises Clínicas, Passo Fundo, RS; [4]Programa de Pós-Graduação em Bioexperimentação, Universidade de Passo Fundo (UPF), RS

anapfranz@hotmail.com*

Introdução: O *Blastocystis sp.* é um protozoário comum do trato gastrointestinal de humanos e animais, e tem sido foco de pesquisas devido à sua alta prevalência e possível impacto na saúde pública. **Objetivo:** Avaliar a prevalência de *Blastocystis sp.* no Brasil através de uma revisão sistemática e metanálise. **Material e métodos:** A pesquisa abrangeu artigos publicados entre 2014 e 2024 nas bases de dados PubMed, Scielo e Google Acadêmico. Os descritores utilizados em inglês e português foram "*prevalência*", "*Blastocystis*" *e "Brasil"*. As informações sintetizadas de cada artigo foram: autor e ano, local, população, idade e sexo, número de participantes, prevalência de *Blastocystis sp*. e método de detecção. A metanálise foi aplicada para analisar a prevalência combinada, com um intervalo de confiança de 95%(IC). O risco de viés foi avaliado com a ferramenta Newcastle-Ottawa Scale (NOS). **Resultados e discussão:** Foram inicialmente identificados 4.088 artigos. Após aplicação dos critérios de elegibilidade, 22 estudos foram incluídos na revisão, com prevalência variando de 1,1% a 86,6%. A metanálise indicou uma prevalência combinada de 22%, com alta heterogeneidade entre os estudos ($I^2 = 98\%$, $p < 0,01$), atribuída à variação nas populações avaliadas e nos métodos diagnósticos. As maiores prevalências foram observadas em comunidades rurais e indígenas. Houve ampla diversidade nas técnicas de detecção, o que reforça a necessidade de padronização metodológica. Na avaliação de viés, 7 estudos apresentaram baixo risco, 11 risco moderado e 4 alto risco, evidenciando fragilidades metodológicas relevantes. **Conclusão:** *Blastocystis sp.* é um dos protozoários intestinais mais prevalentes no Brasil, com destaque para populações vulneráveis. A heterogeneidade dos métodos diagnósticos representa um obstáculo para a acurácia dos dados epidemiológicos, destacando a urgência de padronização técnica e maior rigor metodológico nos estudos futuros.

Palavras-chave: Prevalência, *Blastocystis sp.*, Brasil.

ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-039

Gestão Data Driven e Business Intelligence: Uma Abordagem de Melhoria Contínua nos Processos Laboratoriais

Régis Murilo Brandão Pena[1]*, Giani Barbosa Ribeiro[2]

[1]*Shift Consultoria e Sistemas*

*giani.ribeiro@shift.com.br

Introdução

A busca por eficiência e qualidade nos processos laboratoriais tem se tornado uma prioridade crescente no contexto atual, marcado pela constante evolução tecnológica e a exigência de resultados cada vez mais rápidos e precisos. Nesse cenário, a implementação de ferramentas e estratégias que promovam a melhoria contínua tornou-se essencial para atender às expectativas de desempenho e inovação. Entre as soluções mais promissoras, destaca-se o Business Intelligence (BI), uma tecnologia que permite a coleta e transformação de dados em informações valiosas para a tomada de decisão estratégica.

Práticas de gestão data driven mostram-se um modelo eficaz na geração de insights que permitem que os olhares dos gestores se voltem para a otimização de processos, identificação de gargalos e melhoria da qualidade dos serviços oferecidos.

Objetivos

Este artigo tem como objetivo explorar como o Business Intelligence pode ser uma ferramenta transformadora na gestão dos processos laboratoriais, abordando sua importância na busca pela melhoria contínua.

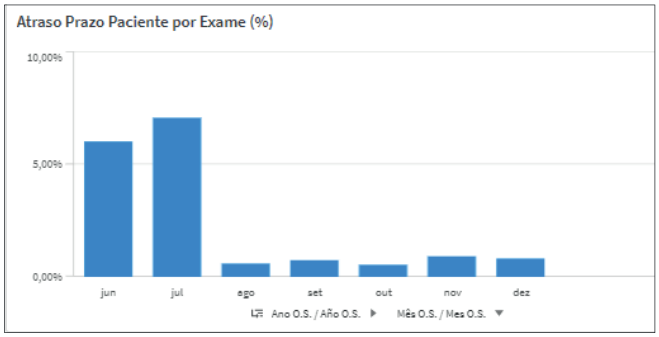
Material e Métodos

Analisou-se a performance dos indicadores que medem processos críticos do contexto laboratorial relativos ao ano de 2024. Os indicadores de desempenho: recoleta por exame, eficácia da recoleta por exame e atrasos por exame foram monitorados através de ferramenta de Bussiness Inteligence e planos de ações foram direcionados com base nos dados.

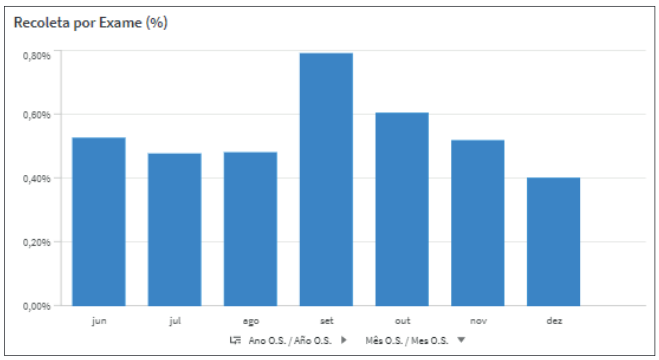
Resultados e Discussão

A ferramenta de BI foi implementada em um laboratório localizado na região Sudeste do Brasil, em julho de 2024. A partir da análise dos indicadores, a equipe de Gestão da Qualidade (GQ) desenvolveu planos de ação nas frentes de treinamentos para a equipe e ajustes na parametrização do Sistema de Informação Laboratorial (SIL). Essas ações foram concluídas ao longo do segundo semestre de 2024.

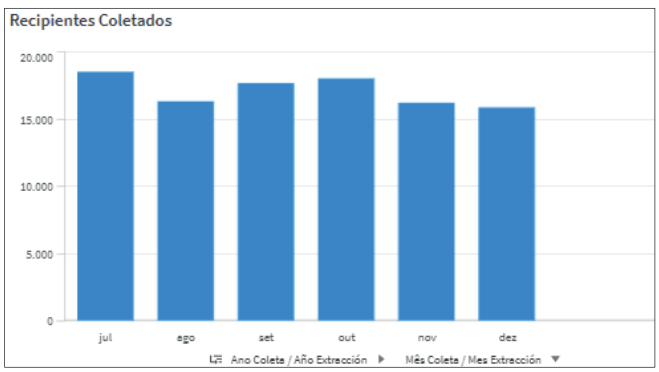
A liberação dos laudos dentro dos prazos estabelecidos é fundamental para os laboratórios de medicina diagnóstica, uma vez que está diretamente ligada à segurança dos pacientes e representa um dos pilares da governança clínica. Ao comparar os dados de junho de 2024, período anterior à implantação da ferramenta, com os dados de dezembro de 2024, após a conclusão das ações de melhoria, observou-se melhora significativa nos processos laboratoriais. O índice de atraso nos exames foi reduzido de 6,03% para 0,82%, o que pode ser atribuído à reconfiguração dos prazos no SIL, que inicialmente não refletiam o contexto do laboratório. A revisão das configurações do sistema foi crucial para a melhoria dos resultados, permitindo uma representação mais fiel e precisa do desempenho do laboratório.



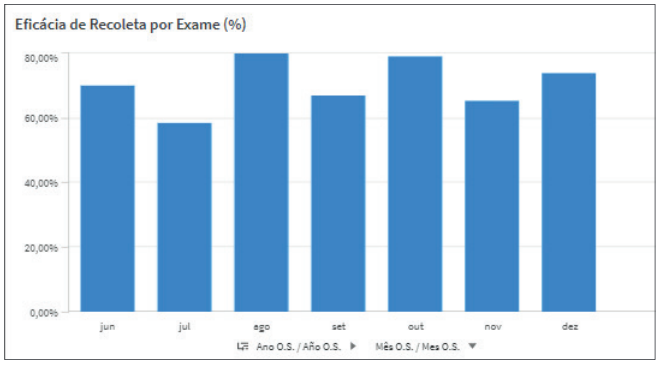
Outro indicador relevante a ser monitorado no ambiente laboratorial são as recoletas, que impactam diretamente a experiência dos pacientes, além de afetarem a produtividade e os custos, uma vez que representam retrabalho. Após o monitoramento do indicador de recoletas por exame, e a implementação de ações de desenvolvimento para a equipe e aprimoramento do processo de coleta, observou-se uma evolução significativa nos resultados ao comparar os meses de junho e dezembro de 2024. Em junho, foram solicitadas recoletas para 211 exames, enquanto em dezembro esse número caiu para 144, representando uma redução de 31,75%.



Ao avaliar o volume de tubos coletados no laboratório, evidenciou-se diminuição percentual de 13,86% quando comparado este mesmo período. A redução do número de tubos coletados nos centros diagnósticos representa uma estratégia eficaz para otimizar recursos, reduzir custos operacionais e promover a sustentabilidade ambiental. Ao gerir o processo de coleta de materiais biológicos, como o uso de tubos multifuncionais e a consolidação de exames compatíveis em um mesmo recipiente, é possível minimizar o desperdício de materiais, diminuir a geração de resíduos e reduzir o consumo de insumos laboratoriais. Essa prática também contribui para a redução de custos com armazenamento, transporte e descarte de resíduos biológicos. Do ponto de vista ambiental, menos tubos significam menor impacto no ciclo de vida dos plásticos utilizados. Além disso, do ponto de vista clínico, a diminuição da coleta sanguínea contribui para o conforto do paciente e reduz o risco de anemia, especialmente em pacientes críticos. Assim, a adoção de práticas que otimizem o processo de coleta é altamente recomendada tanto por critérios econômicos quanto por responsabilidade socioambiental.



Além disso, foi evidenciada uma melhoria no indicador de eficácia das recoletas. A eficácia é definida pela liberação do resultado após a realização da recoleta solicitada pelo laboratório. Ao comparar os dois períodos mencionados, o índice de eficácia aumentou de 69,71% para 73,53%, indicando uma melhoria no desfecho clínico. A manutenção de taxas de recoleta baixas em laboratórios clínicos é fundamental para assegurar a satisfação e segurança dos pacientes, além de impactar também na redução de custos e retrabalho nos centros diagnósticos.



O uso do BI, somado às ações consultivas, oferece uma visão abrangente dos processos, viabilizando uma gestão mais eficiente e assertiva, o que contribui para a eficiência operacional e para o fomento à inovação. A implementação do BI no laboratório não apenas aprimorou a qualidade e a produtividade, mas também favoreceu a adoção de uma cultura de melhoria contínua, fundamental para a adaptação e crescimento em um setor altamente competitivo. Dessa forma, o BI se configura como uma ferramenta estratégica indispensável para o desenvolvimento e sustentabilidade dos centros diagnósticos, promovendo a excelência operacional e a evolução constante dos processos.

Palavras-chave: Gestão; Business Intelligence; Indicadores de Desempenho.

Referências

GAIOTI, C. S. et al. Transformando dados em informação: aplicação de business intelligence para a automação da análise de dados em saúde. *Brazilian Journal of Production Engineering*, v. 10, n. 3, p. 85–101, 2024. Disponível em: https://doi.org/10.47456/bjpe.v10i3.44927. Acesso em: 12 maio 2025.

OLIVEIRA, M. M.; COTA, M. P. *Business Intelligence na prática: conceitos, ferramentas e aplicações*. Rio de Janeiro: Elsevier, 2020.

P-107

Padronização de exames laboratoriais de rotina hospitalar: relevância e impactos na prática clínica

Aline Maria Magalhães da Silva[1]*, José Augusto de Oliveira[1], Nathane Helena Corrêa Guimarães[1], Eduarda Carvalho de Paula[1], Vanessa Alexandre Araújo[1], Waldineia Cassia de Freitas[1], Lenielle Sabino Tassoti Souza Melo[1], Andressa Vitoria Diniz Anunciação[1], Suellen Cristina Reis Simão[1], Isabel Cristina Cespedes[2], Carlos Eduardo Panfilio[2]

[3]Escola Paulista de Medicina-UNIFESP; [3]Irmandade do Hospital da Santa Casa de Poços de Caldas[3]

[1] Autores; [2] Orientadores; [3]Instituições Filiadas

*Relator: aline_mag@yahoo.com

Introdução

A coleta de sangue para exames laboratoriais em pacientes internados, especialmente em unidades de terapia intensiva e unidades de internação cirúrgica, muitas vezes ocorre de forma excessiva, sem fluxos bem definidos e critérios claros.

Essa prática pode levar ao uso inadequado de recursos laboratoriais e ao aumento do risco de anemia nos pacientes pelo alto volume coletado. Diante disso, torna-se fundamental racionalizar as coletas, garantindo que sejam realizadas apenas quando estritamente necessárias e de maneira planejada (Dias, 2017).

Uma ferramenta importante que pode ser utilizada é a **matriz de contratualização**, uma ferramenta essencial na gestão da saúde, especialmente em contextos como o Sistema Único de Saúde (SUS) no Brasil. No que diz respeito à **redução de coletas de exames laboratoriais desnecessárias e**la serve para formalizar e orientar os compromissos entre os gestores e os demais envolvidos no processo, com base em metas, indicadores e parâmetros de qualidade (Lima, 2023).

Objetivos

O estudo visa aprimorar a assertividade dos pedidos de exames laboratoriais em uma unidade hospitalar, otimizar o uso dos recursos disponíveis e minimizar os impactos anêmicos em pacientes internados de longa permanência, por meio da padronização dos horários de coleta e da conscientização da equipe assistente quanto às indicações clínicas, através da matriz de contratualização.

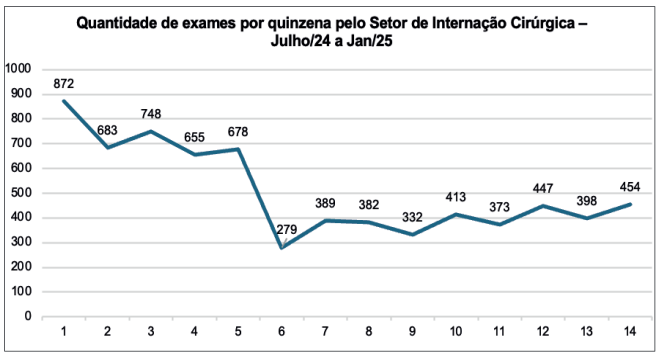
Material e Métodos

A estratégia proposta baseiou-se na criação de uma matriz de contratualização entre o setor de terapia intensiva (CTI), ala de internação cirúrgica e o laboratório de análises clínicas na unidade hospitalar envolvida, estabelecendo fluxos padronizados para a realização dos exames, desde a solicitação do exame laboratorial com justificativa clínica, horário para coletas pré-definido e horário para liberação dos resultados, a fim de garantir eficiência e segurança no manejo laboratorial. A partir disso, foram realizados treinamentos com a equipe multidisciplinar envolvida sobre os padrões estabelecidos de acordo com os critérios de cada setor, e implantação da metodologia para posterior avaliação dos indicadores de quantidade de exames de sangue solicitados.

Resultados e Discussão

O estudo foi realizado a partir do segundo semestre de 2024 e os dados foram levantados em números absolutos a partir do mês de julho. No **Setor de Internação Cirúrgica**, antes do período de contratualização (primeira quinzena), observou-se um volume elevado de exames (872), que posteriormente apresentou um declínio para 683 na segunda quinzena. Apesar de um leve aumento na terceira quinzena (748), a tendência geral até a quinta quinzena foi de queda, com valores variando entre 655 e 678 exames. Com a mudança de padrão, a partir da sexta quinzena, observou-se uma queda acentuada para 279 exames, coincidindo com a implementação de um novo padrão de pedidos, coletas e liberação de resultados (Gráfico 1).

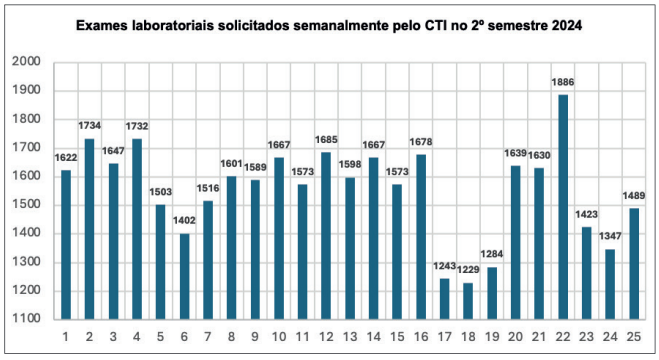
Gráfico 1. Quantidade de exames solicitados pela equipe médica em ala de internação cirúrgica



Fonte: Próprio autor

Este novo padrão impactou significativamente na quantidade de exames realizados, indicando otimização ou restrição no fluxo de pedidos. Houve uma estabilização após a queda abrupta, e os valores começam a se estabilizar, com um aumento gradual a partir da oitava quinzena (332 exames). Na última quinzena analisada, observou-se um leve aumento para 454 exames, indicando uma recuperação parcial do volume.
A redução drástica na quantidade de exames após a mudança de protocolo sugere que a nova padronização influenciou diretamente o número de coletas e liberações. Isso pode estar associado a uma política de racionalização de recursos ou maior controle nos pedidos. A estabilização posterior sugere que, após a adaptação ao novo padrão, a demanda voltou a crescer, embora ainda longe dos valores iniciais.
No segundo momento foram levantados dados de exames laboratoriais solicitados semanalmente pelo **Centro de Terapia Intensiva (CTI)** no segundo semestre de 2024. Como tendência geral observou-se certa variação ao longo das semanas, com picos e quedas bem definidos. Nota-se um volume inicial alto (1.622 exames na primeira semana), seguido por um pico nas semanas 2 e 3 (1.734 e 1.732, respectivamente). Após esse pico, há uma queda significativa na quarta e quinta semanas, com valores de 1.503 e 1.402 exames. Houve um período de estabilização onde a partir da sexta semana até a décima primeira semana, os valores oscilaram entre 1.402 e 1.667 exames, mantendo-se relativamente estáveis. Entre as semanas 17 e 20, houve uma queda significativa e contínua no número de exames, variando de 1.243 a 1.284 exames. Esse período se destaca indicando que é uma fase de mudança e conscientização. Após essa fase de queda, houve uma recuperação acentuada na semana 22, atingindo um valor máximo de 1.886 exames, seguido por nova queda nas semanas subsequentes.

Gráfico 2. Quantidade de exames solicitados pela equipe médica em Centro de Terapia Intensiva (CTI).



Fonte: Próprio autor

A queda observada entre as semanas 17 e 20 está relacionada a restrições operacionais e mudanças de protocolo na solicitação de exames do CTI. Embora a contratualização e conscientização tenham impactado significativamente no período de sensibilização, eventos pontuais podem impactar significativamente o volume de exames.
Nota-se uma oportunidade de manter um novo padrão para solicitações de exames e principalmente conscientizar sobre o risco de anemia dos pacientes devido ao número exagerado de coletas de exames de rotina, sendo necessário avaliação mais criteriosa levando em consideração a criticidade dos casos clínicos de terapia intensiva e também o impacto pela longa permanência em unidade de internação.

Conclusão
A implementação de uma matriz de contratualização e padronização entre os setores hospitalares e o laboratório clínico demonstrou impactos significativos na gestão dos exames laboratoriais de rotina.
No Setor de Internação Cirúrgica, os dados evidenciam uma redução inicial expressiva no número de exames, seguida por uma fase de estabilização, refletindo uma possível racionalização dos pedidos e maior controle dos fluxos laboratoriais.
No Centro de Terapia Intensiva (CTI), as variações ao longo do tempo indicam que, embora protocolos padronizados e ações de conscientização tenham surtido efeito, fatores operacionais e clínicos ainda influenciam diretamente a demanda.
No entanto, a padronização mostrou-se uma ferramenta eficaz para otimizar recursos, reduzir coletas desnecessárias e promover maior segurança ao paciente, especialmente frente ao risco de anemia induzida por exames excessivos. Recomenda-se a continuidade do monitoramento, reforço das ações educativas e avaliação contínua dos protocolos, considerando a criticidade dos pacientes e a permanência prolongada nas unidades.

Palavras-chave: Coleta de sangue, pacientes cirúrgicos, terapia intensiva, otimização laboratorial, anemia hospitalar, gestão de recursos.

Referências
Dias, V. S., Barquette, F. R. S., & Bello, A. R. (2017). Padronização da qualidade: alinhando melhorias contínuas nos laboratórios de análises clínicas. Revista Brasileira de Análises Clínicas, 53(2), 97-104.

Lima, S. M. L., & Rivera, F. J. U. (2023). A contratualização nos hospitais de ensino no Sistema Único de Saúde brasileiro. Ciência & Saúde Coletiva, 28(1), 123-134.

P-131

Controle Interno e Externo de Qualidade: Avaliação de Protocolos e Práticas em 20 Laboratório de Análises Clínicas

Vicente Sanderlei Milani[1], Fabiana Locatelli Rui[1], Leonichely Guimarães[1], Maria Alice Galvão Ribeiro[1], Mirele Themis Soares Gomes[1], Priscila Sales[1], Flavio Torres[1]

[1]Concent Sistemas. Londrina – PR

*v.milani@concent.com.br

Introdução: A qualidade analítica é fundamental para garantir resultados laboratoriais confiáveis e fortalecer a segurança do paciente. O controle interno da qualidade (CIQ), com uso diário de ao menos dois níveis de material controle e análise de gráficos de Levey-Jennings segundo as regras de Westgard, permite identificar variações analíticas importantes. O controle externo da qualidade (CEQ), por meio de programas de proficiência, avalia o desempenho interlaboratorial e assegura a comparabilidade dos resultados. **Objetivos:** Mapear o nível de formalização dos procedimentos de CIQ, verificar a rotina de uso diário de dois níveis de controle interno e avaliar a adesão a programas de CEQ em laboratórios clínicos brasileiros. **Material e Métodos:** Entre março e abril de 2025, foi aplicado um questionário estruturado a responsáveis técnicos de 20 laboratórios clínicos (12 no Paraná e 8 em outros estados), analisando as variáveis: existência de protocolos documentados de CIQ, frequência de uso diário de, no mínimo, dois níveis de controle e participação em CEQ. Os dados foram apresentados em porcentagens e submetidos a análise estatística descritiva. **Resultados e Discussão:** Dos laboratórios avaliados, 70% possuem protocolos bem definidos de CIQ, enquanto 30% operam com fluxos parciais. Em relação à prática diária, 75% utilizam, no mínimo, dois níveis de controle interno, 15% não atendem ao critério e 10% o fazem de forma esporádica. Quanto ao CEQ, 70% participam integralmente de programas de proficiência, 20% de forma parcial e 10% não participam. Embora as práticas estejam amplamente difundidas, persistem lacunas na formalização dos processos e na consistência das ações, o que pode comprometer a robustez analítica. **Conclusão:** A aplicação sistemática de CIQ e a adesão a CEQ são fundamentais para a robustez analítica. Recomenda-se padronização dos fluxos, capacitação contínua e implantação de indicadores para monitoramento da qualidade.
Palavras-chave: Controle interno de qualidade; Controle externo de qualidade; Laboratório clínico.

P-133

Adoção de Políticas de Qualidade e POPs em Laboratórios Clínicos: Estudo de Conformidade com RDC 786/2023 e ISO 15189

Vicente Sanderlei Milani[1], Fabiana Locatelli Rui[1], Leonichely Guimarães[1], Maria Alice Galvão Ribeiro[1], Mirele Themis Soares Gomes[1], Priscila Sales[1], Flavio Torres[1]

[1]Concent Sistemas. Londrina – PR

*v.milani@concent.com.br

Introdução: A formalização de políticas e procedimentos de qualidade é essencial para a segurança dos pacientes e a confiabilidade dos resultados laboratoriais. A conformidade com normas nacionais (RDC 786/2023) e padrões internacionais (ISO 15189) fortalece a governança da qualidade, enquanto os procedimentos operacionais padronizados (POPs) sustentam a padronização das rotinas. **Objetivos:** Mapear a adoção de políticas de qualidade documentadas conforme a RDC 786/2023, avaliar o estágio de formalização segundo os critérios da ISO 15189 e verificar a implementação de POPs nas atividades laboratoriais. **Material e Métodos:** Entre março e abril de 2025, foi aplicado um questionário estruturado a responsáveis técnicos de 20 laboratórios clínicos (12 no Paraná e 8 em outros estados). As respostas sobre políticas foram categorizadas em "Sim", "Em desenvolvimento" ou "Não", e sobre POPs em "Sim" ou "Parcialmente". Os dados foram expressos em porcentagens e analisados descritivamente. **Resultados e Discussão:** RDC 786/2023: 55% dos laboratórios possuem políticas documentadas; 30% estão em desenvolvimento; 15% ainda não iniciaram. ISO 15189: 30% possuem políticas documentadas; 15% em desenvolvimento; 55% não atendem aos critérios.POPs: 85% implementaram procedimentos; 15% o fizeram parcialmente. Os dados revelam maior aderência às exigências nacionais do que aos requisitos internacionais. A alta taxa de implementação de POPs indica maturidade operacional, mas a baixa formalização das políticas conforme a ISO 15189 pode comprometer a harmonização e a comparabilidade interlaboratorial. **Conclusão:** Recomenda-se fortalecer a formalização de políticas conforme ISO 15189, integrando-as aos processos já regulamentados pela RDC. Adotar cronogramas de revisão e treinamentos contínuos garantirá a consolidação dos POPs e a consistência dos resultados laboratoriais.

Palavras-chave: RDC 786/2023; ISO 15189; Procedimentos operacionais.

P-134

Do Dado à Decisão: Avaliação de Maturidade em Indicadores de Qualidade em 20 Laboratórios Clínicos

Vicente Sanderlei Milani[1], Fabiana Locatelli Rui[1], Leonichely Guimarães[1], Maria Alice Galvão Ribeiro[1], Mirele Themis Soares Gomes[1]; Priscila Sales[1], Flavio Torres[1]

[1]Concent Sistemas. Londrina – PR

*v.milani@concent.com.br

Introdução: O avanço da gestão laboratorial depende da análise sistemática de dados estratégicos. A mensuração de indicadores críticos detecta falhas precocemente, melhora a eficiência operacional e fortalece a segurança do paciente. Contudo, estudos sobre o nível de maturidade na utilização desses indicadores ainda são limitados no Brasil, especialmente em laboratórios de pequeno e médio porte. **Objetivos**: Avaliar o nível de maturidade em indicadores-chave de gestão em laboratórios clínicos, identificando lacunas e propondo estratégias para consolidar uma cultura baseada em dados. **Material e Métodos:** Estudo quantitativo, descritivo e multicêntrico, realizado entre março e maio de 2025. Aplicou-se um questionário estruturado a 20 laboratórios clínicos de diferentes portes, sendo 12 localizados no Paraná e 8 em outros estados brasileiros. A avaliação contemplou sete domínios: planejamento estratégico; análise de mercado; estrutura organizacional; monitoramento financeiro; fidelização de clientes; satisfação de pacientes; e produtividade das equipes. Os dados foram analisados por meio de ferramentas de Business Intelligence (BI), com visualização integrada e identificação de padrões. **Resultados e Discussão:** Constatou-se que 60% possuem planejamento estratégico, 60% monitoram o mercado com análise SWOT, 75% têm organogramas e fluxogramas, 55% monitoram indicadores financeiros, 25% acompanham fidelização, 45% avaliam satisfação dos pacientes e 35% analisam a produtividade das equipes. As principais fragilidades foram observadas nos domínios de experiência do paciente e gestão de pessoas. Laboratórios com maior maturidade analítica apresentaram menos não conformidades e melhor uso de recursos. **Conclusão:** A adoção consistente de indicadores de qualidade, aliada ao uso avançado de BI, potencializa decisões estratégicas mais seguras, com impacto direto na qualidade assistencial e satisfação dos stakeholders. Recomenda-se investimento contínuo na capacitação das equipes, formalização de processos de governança de dados e implementação de tecnologias de análise para fortalecer a cultura de qualidade e segurança em laboratórios clínicos.

Palavras-chave: Indicadores de Qualidade; Laboratórios Clínicos; Maturidade.

P-135

Como o Laboratório Clínico Avalia sua Maturidade em Gestão da Qualidade

Priscila Mompean Sallesi[1], Fabiana Locatelli Rui[1], Vicente Sanderlei Milani[1], Maria Alice Galvão Ribeiro[1], Mirele Themis Soares Gomes[1], Leonichely Guimarães[1], Flavio Torres[1]

[1]Concent Sistemas. Londrina – PR

*p.salles@concent.com.br

Introdução: A maturidade em gestão da qualidade tornou-se essencial para a satisfação do cliente e desempenho eficiente do laboratório clínico, garantindo a sobrevivência no mercado. Assim, ter uma metodologia focada em acompanhamentos, melhorias contínuas e aplicação de ferramentas de gestão da qualidade são fundamentais para promover uma transformação organizacional sustentável. **Objetivos**: O presente estudo teve como objetivo analisar como o laboratório clínico avalia sua maturidade em gestão da qualidade. **Material e Métodos:** Realizou-se pesquisa quantitativa com questionário aplicado à responsáveis de 20 laboratórios clínicos de pequeno, médio e grande porte, sendo 12 do Paraná e os demais de outros estados do país. Abordou-se os processos: Políticas e Procedimentos de Qualidade, Treinamento e Capacitação, Correção e Melhoria, Gestão de Risco e Segurança do Paciente. Os resultados foram expressos em porcentagem e analisados de forma descritiva. **Resultados e Discussão:** Observou-se que os laboratórios clínicos abordados consideram 70% dos seus processos bem definidos em relação a Gestão da Qualidade, 20% em desenvolvimento e os outros 10% não executam. Em ordem decrescente, os processos que se adequam a garantia da qualidade deu-se da seguinte maneira: 92% Segurança do Paciente, 76% Correção e Melhoria, 69% Treinamento e Capacitação, 59% Políticas e Procedimentos de Qualidade e 53% Gestão de Risco. Os dados encontrados demonstram que a maioria dos participantes possui estrutura básica de processos de gestão da qualidade estabelecida. No entanto, questiona-se o entendimento da maturidade em gestão da qualidade, pois a gestão de risco, que é essencial para a melhoria contínua, ainda é uma área defasada e precisa de atenção imediata. **Conclusão:** Recomenda-se disseminação da prática de identificação de riscos potenciais, incluindo avaliação de sua probabilidade e impacto. E assim, fortalecer a implementação de medidas preventivas e corretivas para melhoria contínua, contribuindo com a maturidade dos laboratórios clínicos.

Palavras-chave: Maturidade, Gestão da Qualidade, Melhoria Contínua.

P-139

Acreditação e Certificação em Laboratórios clínicos: Realidade, Desafios e oportunidades para a Qualidade na Saúde

Leonichely Guimarães[1], Fabiana Locatelli Rui[1], Vicente Sanderlei Milani[1], Maria Alice Galvão Ribeiro[1], Mirele Themis Soares Gomes[1]; Priscila Sales[1], Flavio Torres[1]

[1]Concent Sistemas. Londrina – PR

*l.guimaraes@concent.com.br

Introdução

A qualidade dos serviços laboratoriais representa um dos pilares da assistência à saúde, visto que aproximadamente 70% das decisões clínicas baseiam-se em resultados laboratoriais. Essa centralidade dos exames laboratoriais no diagnóstico e tratamento exige que os laboratórios operem com elevado padrão técnico e normativo. Nesse contexto, a acreditação e certificação emergem como ferramentas essenciais para garantir precisão, rastreabilidade, confiabilidade e segurança ao paciente.[1]

A adoção de um Sistema de Gestão da Qualidade (SGQ) proporciona ganhos organizacionais significativos, tanto em processos internos quanto na relação com clientes e reguladores. A adesão a programas de acreditação como PALC, DICQ, ONA, ISO 15189 e certificações como ISO 9001, reflete o compromisso com a excelência técnica, gestão eficiente e melhoria contínua.[2;3]

Objetivo

O presente trabalho visa:

- Apresentar os fundamentos da acreditação e certificação em laboratórios clínicos;
- Demonstrar os principais modelos adotados no Brasil;
- Analisar os benefícios e desafios da implantação;
- Avaliar a adesão dos laboratórios clínicos a esses programas com base em dados empíricos.

Material e Método

Trata-se de um estudo qualitativo e exploratório baseado em ampla revisão de literatura científica e técnica, além da análise normativa de organismos certificadores nacionais e internacionais. Como complemento à abordagem teórica, foi realizada uma pesquisa de campo com 20 laboratórios clínicos, a fim de observar o grau de adesão às acreditações.

A coleta de dados da pesquisa foi feita por meio de questionário estruturado, com levantamento das certificações/acreditações vigentes em cada laboratório. Os dados foram tratados de forma quantitativa, e os resultados percentuais foram incorporados na discussão como subsídio prático à análise da realidade nacional.

Resultados e Discussão

1. Conceitos Fundamentais

Certificação e acreditação são ferramentas distintas, mas complementares. A certificação avalia a conformidade com normas técnicas (como a ISO 9001), aplicável a diversos segmentos. Já a acreditação analisa a competência técnica e a aderência aos requisitos de desempenho e qualidade específicos para laboratórios clínicos, como a ONA, DICQ ou PALC.[2]

A ISO 9001 é amplamente utilizada como padrão de gestão da qualidade, enquanto a ISO 15189 representa a principal norma internacional voltada exclusivamente à qualidade e competência em laboratórios médicos, é a base para acreditações nacionais, DICQ ou PALC.

2. Panorama Nacional – Pesquisa de Campo

A pesquisa com 20 laboratórios revelou o seguinte cenário:

- 60% dos laboratórios não possuem qualquer tipo de acreditação ou certificação.
- 10% são acreditados tanto pela ISO 9001 quanto pelo DICQ.
- 10% possuem apenas a acreditação DICQ.
- 10% possuem acreditação PALC.
- 5% são certificados somente pela ISO 9001.
- 5% possuem acreditação ONA.

Esses dados refletem um baixo índice de acreditação no setor laboratorial, considerando-se a importância da qualidade técnica no impacto clínico dos resultados. A ausência de certificações na maioria dos laboratórios evidencia a necessidade de políticas de incentivo à cultura da qualidade e à capacitação contínua.[4]

3. Benefícios Estratégicos

A adesão a programas de acreditação traz benefícios internos (organização, redução de erros, eficiência) e externos (imagem no mercado, fidelização de clientes, valorização profissional). Também proporciona acesso a programas de qualificação como o QUALISS da ANS, impactando em reajustes contratuais com operadoras de saúde.[3;5]

Entre os ganhos observados:

- Padronização de processos;
- Redução de retrabalho e de não conformidades;
- Capacitação da equipe e valorização profissional;
- Maior segurança para o paciente;
- Fortalecimento da cultura da qualidade.

A pesquisa de campo corrobora a importância desses benefícios, indicando que os poucos laboratórios com acreditação relataram melhorias em desempenho técnico e reconhecimento institucional.

4. Desafios Relacionados

A principal barreira à adesão aos programas de acreditação é o custo de implantação e manutenção, seguido por: Resistência cultural e operacional da equipe; Falta de recursos humanos capacitados; Complexidade na documentação e adequação estrutural. Esses desafios são consistentes apontados pela literatura, que evidencia que a acreditação não é apenas uma adequação técnica, mas um processo de transformação organizacional profunda, com necessidade de engajamento da alta liderança, educação continuada e gestão por processos.[3;6]

5. Modelos de Acreditação

Entre os modelos analisados, destacam-se:

- DICQ/SBAC: modelo tradicional, com crescente alinhamento normativo e avaliação quantitativa do desempenho.
- PALC: patrocinado pela SBPC/ML, alinhado à ISO 15189.
- ONA: padrão nacional para serviços de saúde em geral, com três níveis de maturidade institucional.
- ISO 9001: norma internacional específica para gestão da qualidade.
- CAP: padrão norte-americano com forte reconhecimento técnico.

Apesar da ampla disponibilidade de modelos, a pesquisa mostra que há desconhecimento ou subutilização dos programas, sendo essencial o papel das entidades científicas, gestoras e educacionais na difusão e no apoio técnico às instituições.

Conclusão

O estudo evidencia que, embora os benefícios da acreditação e certificação em laboratórios clínicos sejam amplamente reconhecidos, a adesão a esses programas ainda é incipiente no cenário brasileiro, como demonstrado pela pesquisa com 20 laboratórios, dos quais apenas 40% possuem algum tipo de certificação/acreditação.

É imperativo que os laboratórios, gestores e profissionais de saúde compreendam a acreditação não como uma exigência burocrática, mas como um instrumento de gestão estratégica e segurança assistencial. A melhoria contínua, a educação permanente e o fortalecimento da cultura da qualidade são fatores decisivos para elevar o padrão dos serviços laboratoriais. Políticas públicas, incentivos regulatórios e ações educativas podem ser importantes vetores de transformação, promovendo uma maior adesão aos programas de qualidade e, consequentemente, melhores desfechos clínicos para a população. Portanto, a acreditação é mais do que um selo: é um compromisso institucional com a excelência e a vida.

Palavras-chave: Acreditação; Excelência em processos; Gestão da Qualidade;

Referências

1. PESSOA, Vanessa Ribeiro Alves; RIOS, Danyelle Romana Alves. Acreditação e certificação nos laboratórios clínicos no Brasil: um panorama atual. **Brazilian Journal of Health and Pharmacy**, v. 4, n. 3, 2022.

2. PIRES, Carolina Ponzo; GOMES, Karina Braga; PESTANA, Rodrigo Mendonça Cardoso. **Atualização do panorama das acreditações e certificações laboratoriais no Brasil.** RBAC, v. 55, n. 2, p. 104-114, 2023.

3. DA SILVA, Anderson et al. Estado da arte sobre acreditação hospitalar no Brasil: um ensaio teórico apoiando o ensino. **Revista de Gestão e Secretariado**, v. 14, n. 10, p. 16756-16768, 2023.

4. DA CONCEIÇÃO NETO, Orlando Carlos. **A acreditação do Laboratório de Análises Clínicas do HCA: um avanço em qualidade na gestão de laboratórios clínicos no âmbito do SISAU**. 2022. Tese de Doutorado. Escola de Aperfeiçoamento de Oficiais da Aeronáutica.

5. LEITE, Luiz Gustavo Fraga; DE SENNA JUNIOR, Vicente Antonio. QUALIDADE E COMPETÊNCIA DE LABORATÓRIOS DE ANÁLISES CLÍNICAS REFERENTE A ISO 9001 E ISO 15189. **Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação**, v. 9, n. 10, p. 6525-6538, 2023.

6. DAVI, Sâmara Gomes et al. Impactos com a implantação da certificação da norma ABNT NBR ISO 9001: 2015 em um laboratório de um órgão público. 2021.

P-151

Análise de riscos do processo pré-analítico em Laboratório Clínico de Hospital Universitário: aplicação da ferramenta FMEA e avaliação histórica e comparativa de cinco anos

Luciane Marzzullo Cicarelli[1*], Juliana Bannwart de Andrade[1], Sueli Simone Pansica[1], Lucilene de Lima Rodrigues Ruaro[1], Ana Cristina Bussolini[1], Michelle Garcia Discacciati[1,2]

[1] Divisão de Laboratório Clínico, Hospital Universitário, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP; [2] Departamento de Análises Clínicas e Toxicológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

* e-mail: lucianemc@usp.br

1) Introdução:
Os exames laboratoriais e seu processo envolvem múltiplas etapas interdependentes, compreendendo coleta de materiais biológicos, transporte, processamento de amostras, controle de qualidade, interpretação de resultados e liberação de laudo. Falhas e desvios de qualidade, em qualquer dessas fases, podem comprometer a segurança do paciente e atrasar diagnóstico ou tratamento (Agarwal, 2013). A obtenção de amostras é o ponto inicial e determinante de todo o processo laboratorial, pois um erro na coleta de material biológico impacta diretamente no resultado e na segurança do paciente (John et al., 2025).

Em serviços de assistência à saúde, nos quais os Laboratórios Clínicos estão inseridos, gestão de riscos e redução de falhas têm sido reconhecidas como um componente indispensável e parte integrante do Sistema de Gestão da Qualidade (SGQ) (Chiozza; Ponzetti, 2009; Agarwal, 2013; John et al., 2025). A ABNT NBR ISO 15189 recomenda a implementação de processos para identificação dos riscos de danos aos pacientes e de oportunidades para melhorar seu atendimento no ambiente laboratorial, apresentando diretrizes de boas práticas para processos de pré-exames (ABNT, 2024). O modelo para gerenciamento de riscos no Laboratório Clínico está descrito em diretrizes como ABNT NBR ISO 31000, ABNT AMN ISO/TS 22367 e CLSI EP23-A, que recomendam o desenvolvimento de planos de controle personalizados, conforme características do SGQ, dos processos laboratoriais e do uso pretendido de exames diagnósticos (ABNT, 2009; *CLSI*, 2011; ABNT, 2018).

Dentro desse escopo, a ferramenta Análise de Modos e Efeitos de Falha (FMEA, do inglês *Failure Mode and Effect Analysis*) permite identificar falhas potenciais nos processos laboratoriais, seus efeitos sobre a segurança do paciente e propor medidas para reduzir ou eliminar perigos. Para cada etapa do processo, é definido um valor de risco (VR), baseado na gravidade da falha (impacto para segurança do paciente), ocorrência da falha (probabilidade e/ou frequência) e probabilidade de detecção e/ou controle da falha (Chiozza; Ponzetti, 2009; Agarwal, 2013; ABNT, 2018).

A Divisão de Laboratório Clínico do Hospital Universitário da Universidade de São Paulo (DLC-HU-USP) implementou sistemática de análise de riscos, adaptando a FMEA e aplicando a metodologia para todas as etapas do processo laboratorial, da coleta de amostras à emissão de laudos. Como a coleta dos materiais biológicos é considerada etapa crítica e determinante para a qualidade global do processo, este trabalho apresentou resultados específicos dessa fase obtidos e analisados ao longo de cinco anos de prática. Os dados forneceram subsídios relevantes para aprimoramento da qualidade, servindo de modelo para outros setores assistenciais.

2) Objetivos:
Foram avaliados resultados de cinco anos de aplicação da ferramenta FMEA para análise de riscos associados ao processo pré-analítico relacionados com coleta de material biológico na DLC-HU-USP. Também demonstrou sua aplicação no apoio à análise crítica do SGQ, pela avaliação do desempenho histórico de indicadores e monitoramentos da fase pré-analítica, comparando resultados ao longo de cinco anos.

3) Material e Métodos
Foi realizado um estudo descritivo da avaliação de riscos pela utilização da ferramenta FMEA, abrangendo o período de 2020 a 2024. O modelo de gestão de riscos foi aplicado a todos os setores da DLC-HU-USP, conforme Figura 1.

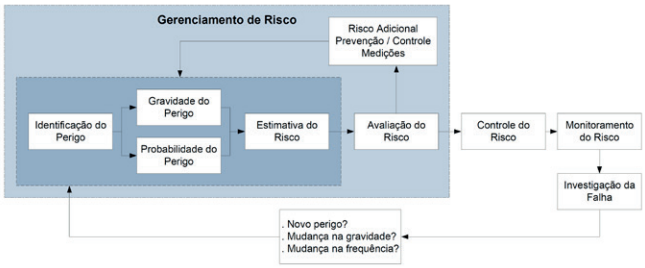


Figura 1. Mapeamento de riscos do processo laboratorial para utilização da ferramenta FMEA (adaptado de CLSI EP23-A, *CLSI*, 2011).

O mapeamento de riscos do processo laboratorial foi adaptado para criação de modelo próprio de identificação e mensuração de riscos, baseado na FMEA, permitindo classificação de perigos, conforme ABNT NBR ISO 31000, ABNT NBR IEC 31010, ABNT AMN ISO/TS 22367 e CLSI EP23-A (ABNT, 2009; *CLSI*, 2011; ABNT, 2018; ABNT, 2021). O mapeamento foi conduzido por grupo de especialistas das áreas técnicas da DLC-HU-USP, sendo identificados potenciais perigos e seus controles para cada etapa do processo laboratorial (Chiozza; Ponzetti, 2009). No presente estudo, o foco principal foi avaliação dos perigos associados à fase pré-analítica.

Valor de Risco (VR) foi calculado no período estudado, considerando quatro critérios do modelo adotado:

- (C) Controle atual: grau de controle sobre o processo;
- (F) Frequência do processo: número de vezes que a atividade específica é realizada;
- (G) Gravidade do efeito: gravidade do risco e impacto para a segurança do paciente;
- (O) Ocorrência do efeito: probabilidade de ocorrer o evento com consequência perigosa.

Cada critério analisado recebeu uma pontuação de 1 a 5, conforme escala previamente definida, sendo o VR foi obtido pela fórmula: $VR = C \times F \times G \times O$.

Os perigos da fase pré-analítica foram analisados ao longo de cinco anos, sendo os VRs calculados para cada etapa do processo. Durante as análises das ocorrências associadas aos perigos identificados, foram utilizados dados retrospectivos de indicadores e monitoramentos do SGQ, para definição das pontuações utilizadas nos cálculos.

Modelo de classificação dos riscos aceitáveis foi definido, conforme ABNT NBR IEC 31010 e ABNT AMN ISO/TS 22367, para elaboração da Matriz de Aceitabilidade dos Riscos para o processo laboratorial na DLC-HU-USP (ABNT, 2009; ABNT, 2021). Conforme FMEA, a aceitabilidade dos riscos combina a frequência de ocorrência e a gravidade dos efeitos sobre a segurança do paciente (*G x O*), sendo classificados em três categorias: aceitáveis (com mecanismos de controle e monitoramento adequados), toleráveis (ocorrência de eventos com mecanismos de controle e monitoramento contínuo) e inaceitáveis (ocorrência de eventos com necessidade de intervenções para contenção imediata das falhas e seus efeitos).

4) Resultados e Discussão:

A FMEA é reconhecida como método "padrão-ouro" na identificação e priorização de falhas pré-analíticas em laboratórios clínicos (John et al., 2025). Nesse estudo, a FMEA foi aplicada como sistemática para identificação de melhoria para potenciais desvios em políticas e procedimentos do SGQ relacionados à fase pré-analítica. A aplicação da ferramenta ao longo de cinco anos (2020 a 2024) permitiu a antecipação de eventos adversos potenciais, com foco na prevenção e controle de falhas que possam comprometer a segurança dos pacientes atendidos na DLC-HU-USP.

Para todas as etapas do processo pré-exames, foram descritas falhas potenciais e respectivos mecanismos de controle, conforme documentação do SGQ. Indicadores e monitoramentos de desempenho também foram analisados anualmente, servindo para verificação e classificação dos riscos. Neste trabalho, foram apresentados os principais perigos da fase pré-analítica (Figura 2) e atribuídos valores de risco (VR) para as seguintes etapas:

- Atendimento inicial: falha na identificação do paciente;
- Preparo do paciente: falha na orientação, falha na verificação de condições para coleta, falha na identificação do paciente, falha na seleção de recipientes e/ou tubos de coleta, dano ao paciente;
- Armazenamento de amostras: perda de material coletado por conservação inadequada, até encaminhamento para área técnica;
- Transporte de amostras: perda de material durante o envio à área técnica.

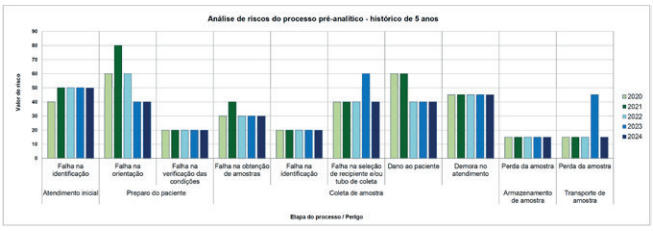


Figura 2. Histórico comparativo de valor de risco (VR) para perigos do processo pré-analítico na DLC-HU-USP, para cinco anos de aplicação da ferramenta FMEA.

Neste estudo não foram incluídas falhas relativas à solicitação ou seleção de exames, pois são etapas realizadas exclusivamente via sistema eletrônico institucional. Também foram excluídas falhas ocorridas fora do escopo de atuação direta do Laboratório, como aquelas geradas por profissionais externos de áreas assistências do Hospital. Os perigos relacionados ao pré-processamento e à guarda de amostras até o momento da análise foram tratados no mapeamento da fase analítica.

VRs atribuídos para a fase pré-analítica, entre 2020 e 2024, foram apresentados na Figura 2. Observou-se VR aumentado para preparo do paciente – falha de orientação, em 2020, 2021 e 2022, devido à ocorrência de falhas no atendimento inicial dos pacientes, com o pico em 2021 coincidindo com fase crítica da Pandemia de Covid-19. Neste período, houve reestruturação abrupta de fluxos assistenciais, aumento da demanda por atendimentos a gestantes de alto risco, idosos e crianças, em razão da classificação do Hospital como "livre de Covid". A necessidade de ampliação emergencial da equipe impactou na padronização das orientações dadas aos pacientes. Também se observou aumento de ocorrências de falha na obtenção de amostras, em 2021.

Em 2023, verificaram-se VRs aumentados para coleta de amostra – falha na seleção de recipientes/tubos e transporte de amostra – perda de amostras, coincidindo com a saída de profissionais da equipe de coleta, contratos temporários e necessidade de treinamento e restruturação de escalas de trabalho, impactando no monitoramento de recoletas e no atendimento a critérios de qualidade definidos pela DLC-HU-USP.

Para 2024, foi apresentada a Matriz de Aceitabilidade dos Riscos da fase pré-analítica (Figura 3), sendo dois riscos classificados como toleráveis para atendimento inicial – falha na identificação do paciente (etapa compartilhada com profissionais do Hospital) e a coleta de amostras – dano ao paciente. As ocorrências de falhas nestas etapas permaneceram controladas e com mecanismos de monitoramento bem estabelecidos. As demais etapas apresentaram riscos classificados como aceitáveis.

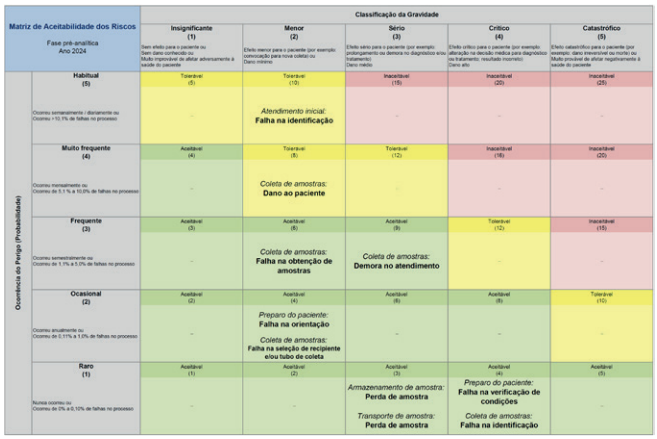


Figura 3. Matriz de aceitabilidade de riscos da fase pré-analítica da DLC-HU-USP, dados obtidos da análise realizada em 2024.

5) Conclusão:

A aplicação da ferramenta FMEA na fase pré-analítica, ao longo de cinco anos, demonstrou-se eficaz no monitoramento de riscos do processo, na prevenção de falhas e na promoção da segurança do paciente na DLC-HU-USP. Foi possível identificar tendências e impactos em indicadores e monitoramentos do SGQ, apoiando decisões gerenciais e estratégicas com base em evidências. A FMEA é uma ferramenta prática e aplicável na gestão da qualidade em serviços laboratoriais, fornecendo subsídios para o gerenciamento de riscos.

6) Palavras-chave: Gestão de Riscos; FMEA; Fase pré-analítica.

7) Referências:

Agarwal R. Measurement of errors in clinical laboratories. Indian J Clin Biochem. 2013;28(3):227-234. doi:10.1007/s12291-013-0314-3

Associação Brasileira de Normas Técnicas. AMN ISO/TS 22367: Laboratório Clínica: Redução do erro através da gestão de riscos e melhoria contínua. Rio de Janeiro: ABNT; 2009.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR ISO 15189: Laboratório clínico: requisitos de qualidade e competência. Rio de Janeiro: ABNT; 2024.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR ISO 31000: Gestão de riscos: diretrizes. Rio de Janeiro: ABNT; 2018.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR IEC 31010: Gestão de riscos: técnicas para o processo de avaliação de riscos. Rio de Janeiro: ABNT; 2021.

Chiozza ML, Ponzetti C. FMEA: a model for reducing medical errors. Clin Chim Acta. 2009;404(1):75-78. doi:10.1016/j.cca.2009.03.015

Clinical and Laboratory Standards Institute. EP23-A: Laboratory quality control based on risk management; 2nd ed.; approved guideline. Wayne, PA: CLSI; 2011.

John GK, Favaloro EJ, Austin S, Islam MZ, Santhakumar AB. From errors to excellence: the pre-analytical journey to improved quality in diagnostics. A scoping review. Clin Chem Lab Med. *Published online* January 28, 2025. *Online antes da impressão*. doi:10.1515/cclm-2024-1277

P-152

Caliper e a Definição de Intervalos Pediátricos para Estradiol: Uma Solução para a Ausência de Dados do Fornecedor

Ariane de Fátima Barbosa[1*], Juliana da Silva Pedroso[1], Tamiris Domingues Grangeiro Silva[1], Maria Cíntia Marques de Morais[1], Luana Cristine de Lima Costa[1], Karolina Rocha Barreto[1]

DB Diagnósticos[1]

db.qualidade@dbdiagnosticos.com.br*

INTRODUÇÃO E OBJETIVOS
Este estudo avaliou a aplicabilidade dos intervalos de referência pediátricos (IRs) para Estradiol em Eletroquimioluminescência com os propostos pelo projeto Caliper (Canadian Laboratory Initiative on Pediatric Reference Intervals), que é uma iniciativa voltada para estabelecimento de valores de referência laboratoriais para crianças e adolescentes. A pesquisa busca suprir a falta de dados do fabricante, garantindo uma interpretação precisa dos resultados para diagnóstico e monitoramento de condições clínicas em pediatria.

MATERIAIS E MÉTODOS
Este estudo retrospectivo avaliou os resultados de estradiol de pacientes pediátricos (1 mês a 19 anos) processados em Eletroquimioluminescência, utilizando os IRs propostos pelo estudo Caliper. Dados de 4.166 amostras foram extraídos do Sistema de Informação Laboratorial no período de junho a outubro de 2024. A análise estatística foi realizada no software EP Evaluator, comparando a porcentagem de resultados dentro dos IRs do Caliper com a recomendação mínima de 90%.

RESULTADOS E CONCLUSÃO
O estudo demonstrou a aplicabilidade dos IRs do Caliper para Estradiol em diferentes faixas etárias pediátricas, mas também revelou algumas limitações. A implementação dos IRs do Caliper foi considerada adequada para todas as faixas etárias analisadas. No entanto, a ausência de amostras suficientes em crianças menores de 1 mês e em meninos de 1 mês a 10 anos representou um desafio significativo. Assim, a partir dos resultados do estudo e após a avaliação incluindo a assessoria médica os valores estabelecidos de acordo com o estudo, foram:

Gênero	Idade	Resultado
Meninas	1 mês a 10 anos	16,3% dos resultados fora do IR do Caliper (5 a ND pg/mL).
Meninas	10 a 14 anos	21,8% dos resultados fora do IR do Caliper (5 a 66,1 pg/mL).
Meninas	14 a 19 anos	9,3% dos resultados fora do IR do Caliper (14,6 a 249 pg/mL).
Meninos	10 a 14 anos	14% dos resultados fora do IR do Caliper (5 a 36,5 pg/mL).

Limitações: Amostras insuficientes impediram a avaliação dos IRs para crianças menores de 1 mês e para meninos de 1 mês a 10 anos.

Palavras-chave: Intervalo de referência, Caliper, Estradiol

ÁREA: SAÚDE PÚBLICA E VIGILÂNCIA EM SAÚDE E AMBIENTAL

P-033

Incidência De Sífilis Congênita No Município De Ubá-MG E A Relevância Do Pré-Natal No Diagnóstico Precoce

Maria Isabel Dias dos Santos[1], Vitória Souza Gonçalves[1], Bruno de Andrade Pires[2], Jayme Rosignoli Júnior[3]

[1] Acadêmicas do 10º período do curso de Farmácia da FUPAC – Fundação Presidente Antônio Carlos; [2] Docente do curso de Farmácia da FUPAC-UBÁ; [3] Docente do curso de Farmácia da FUPAC-UBÁ

*E-mail: m.isabel.ddsantos@gmail.com

Introdução
Nos últimos anos, o município de Ubá (MG) tem enfrentado um aumento preocupante nos casos confirmados de sífilis congênita. Essa infecção vertical pode causar complicações graves aos recém-nascidos, incluindo malformações e óbito neonatal. O pré-natal é essencial para o diagnóstico precoce e prevenção da transmissão.

Objetivos
Analisar a incidência de sífilis congênita em Ubá-MG entre 2019 e 2023 e avaliar a relevância do pré-natal no diagnóstico e controle da infecção.

Material e Métodos
Estudo analítico, ecológico e quantitativo, com dados secundários coletados no SINAN via DATASUS e TABNET. Avaliaram-se casos confirmados de sífilis congênita, faixa etária das mães, realização de pré-natal, tratamento da gestante e do parceiro. Os dados foram analisados por estatística descritiva.

Resultados e Discussão
Foram notificados 144 casos entre 2019 e 2023. A maior incidência foi registrada em 2021 (29,62/1.000 nascidos vivos), com redução em 2023 (14,30/1.000 NV). A faixa etária predominante das gestantes foi de 20 a 29 anos (56,25% dos casos). A maioria das mães (79,86%) realizou o pré-natal, mas ainda houve 20,14% de casos sem ou com informações ignoradas. O tratamento foi documentado em apenas 42,36% das mães e 22,91% dos parceiros. O alto percentual de dados ignorados e a baixa adesão ao tratamento por parceiros são entraves para o controle da doença.

Conclusão
É necessário fortalecer políticas de engajamento masculino no pré-natal, ampliar o acesso a exames e tratamento, e qualificar o processo de notificação. Ações educativas voltadas a mulheres jovens e medidas integradas são fundamentais para prevenir a sífilis congênita.

Palavras-chave: Sífilis congênita; pré-natal; diagnóstico precoce.

Referências
1. Saraceni A. A sífilis, a gravidez e a sífilis congênita. 2005.

2. Costa JD, et al. Caracterização epidemiológica da sífilis congênita no Brasil (2017-2021). Braz J Implantol Health Sci. 2023;5(5):1146-1138.

3. Domingues CS, et al. Protocolo Brasileiro para IST 2020: sífilis congênita. Epidemiol Serv Saúde. 2021;30(1):15-1.

4. França IS, et al. Notificação da sífilis congênita e assistência pré-natal. Rev Rene. 2015;16(3):374-81.

5. Brasil. Ministério da Saúde. Atenção Integral às Pessoas com IST. 2022.

P-045

Monitoramento Microbiológico de Enterobactérias em Tracajá *(Podocnemis Unifilis)* e Tartaruga-da-amazônia *(Podocnemis Expansa)* da Amazônica - AM: Uma Abordagem Sob a Perspectiva *One Health*

Rayene da Silva Sudré[1], Jaime Antonio abrantes[1], Renata Garcia Costa[1], Rose Mary Pimentel Bezerra[1], Regiane Trigueiro Vicente[1], Izabela Martins Vicente[1], Gabriella Cristina Lopes Calazans[1], Rachel Ann Hauser-Davis[2], Hassan Jerdy Leandro[3], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1,*]

[1]*Laboratório de Microbologia (LabMicro) - DCB, ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil;* [2]*Laboratório de Avaliação e Promoção da Saúde Ambiental (LAPSA) - IOC/FIOCRUZ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil;* [3]*Laboratório de Microscopia, UNIFESSPA, Xinguara, Pará, Brasil*

*joseli.maria@fiocruz.br

Podocnemis expansa (tartaruga-da-Amazônia) e *Podocnemis unifilis* (tracajá) integram a fauna de quelônios mais representativa da Amazônia, possuindo grande importância cultural, ambiental e econômica na região. Tradicionalmente, essas espécies são utilizadas como fonte de alimento pelas comunidades locais, que consomem sua carne, vísceras e ovos. Contudo, preocupações relacionadas à saúde desses animais e aos possíveis riscos associados ao seu consumo despertam atenção na saúde única. Este estudo, conduzido sob autorização do Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA), - registro nº 23479.007398/2024-70 - teve como objetivo investigar a presença de enterobactérias na microbiota oral dessas espécies, além de avaliar o perfil de susceptibilidade antimicrobiana dos isolados, avaliando esses fatores sob a perspectiva *One Health*. Foram coletadas 14 amostras de swab oral, as quais foram acondicionadas em meio de transporte Cary Blair e, posteriormente, processadas no Laboratório de Microbiologia da ENSP/FIOCRUZ. Em seguida, passaram por um pré-enriquecimento em água peptonada alcalina (1,0%) e foram cultivadas em meios de cultura Hektoen e XLD. As espécies bacterianas foram identificadas por meio de provas bioquímicas de triagem e testes complementares. Foram obtidos 71 isolados bacterianos, com destaque para os gêneros *Escherichia*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Edwardsiella*, *Proteus*, *Citrobacter*, *Pantoea*, *Morganella* e *Serratia*. As espécies mais prevalentes foram *K. pneumoniae*, *E. coli*, *C. freundii*, *P. mirabilis* e bacilos Gram-negativos não fermentadores. Todos os isolados foram sensíveis à tetraciclina, sulfametoxazol-trimetoprim, ciprofloxacino, ceftriaxona, ceftazidima e cefepime. No entanto, observou-se resistência à ampicilina e cefoxitina, além de sensibilidade intermediária à gentamicina em espécies predominantes. Os achados demonstram que essas espécies de quelônios frequentemente abrigam enterobactérias de caracter oportunista como parte de sua microbiota. Destacando-se a importância de monitorar continuamente esses microrganismos, dada a interface entre saúde humana, animal e ambiental, especialmente considerando o consumo desses animais e a escassez de estudos envolvendo espécies silvestres brasileiras.

Palavras-chave: Quelônios, Enterobactérias, Resistência bacteriana, *One Health*

P-064

Primeiro Caso Confirmado De Raiva Em Anta (*Tapirus Terrestris*) Com Ataque A Humano

Tamires Ornellas Fuzaro Scaléa[1]*, Aline de Oliveira Figueiredo[2]

[1,2]*Agência Estadual de Defesa Sanitária Animal e Vegetal - IAGRO/MS*

*tscalea@iagro.ms.gov.br

Introdução: A raiva é uma zoonose viral fatal, transmitida principalmente pela mordida de animais infectados. No Brasil, o ciclo silvestre da doença tem destaque, com casos associados a morcegos hematófagos (*Desmodus rotundus*). Relatos em antas são raros na literatura.

Objetivo: Descrever o primeiro caso confirmado de raiva em anta com agressão a humano, enfatizando o diagnóstico laboratorial e sua importância para a saúde pública.

Materiais e Métodos: Amostra de sistema nervoso central de uma anta fêmea adulta, capturada após atacar um turista, foi encaminhada ao LADDAN/IAGRO. Realizaram-se testes de imunofluorescência direta (IFD), prova biológica em camundongos e RT-qPCR. A prova biológica foi autorizada pelo Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA) da IAGRO, instituição cadastrada no Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA) sob o número CIAEP 01.0501.2018. Parte da amostra também foi enviada ao Instituto Pasteur para confirmação e sequenciamento.

Descrição do caso: Em 29/11/2021, em Jardim/MS, uma anta atacou um turista que nadava em um rio em área de ecoturismo. O animal morreu no dia seguinte. A IFD foi positiva no mesmo dia, com confirmação por prova biológica e posteriormente por RT-qPCR. Foi identificada a variante AgV3, compatível com infecção por *Desmodus rotundus*. A vítima foi atendida em Bonito/MS e recebeu profilaxia antirrábica.

Discussão: A raiva em antas é rara e este é o primeiro caso com ataque a humano documentado. O comportamento agressivo da anta pode estar relacionado à manifestação neurológica da doença. O evento reforça a necessidade de vigilância ampliada e integração entre setores de saúde humana, animal e ambiental.

Conclusão: Este caso alerta para o risco da raiva em animais silvestres atípicos e reforça a importância da resposta rápida e coordenada entre todos os setores envolvidos, principalmente em regiões de ecoturismo.

Palavras-chave: raiva, anta, *Tapirus terrestris*, diagnóstico laboratorial, saúde pública

P-091

Vigilância Laboratorial de Meningite Bacteriana Por Ensaios Moleculares No Estado De São Paulo No Período De 2018 a 2024

Fábio Takenori Higa[1], Maria Gisele Gonçalves[1], Lucila Okuyama Fukasawa[1]*

[1]*Instituto Adolfo Lutz, Centro de Imunologia, São Paulo, SP*

*lucila.fukasawa@ial.sp.gov.br

Introdução: Com a introdução de vacinas contra os três principais patógenos causadores de meningite bacteriana (MB), *Neisseria meningitidis* (Nm), *Streptococcus pneumoniae* (Spn) e *Haemophilus influenzae* (Hi), no Programa Nacional de Imunização (PNI), torna-se importante monitorar os casos da doença, identificando corretamente o agente etiológico, além dos sorogrupos e sorotipos circulantes na população a fim de determinar o perfil epidemiológico do agravo. **Objetivo:** Avaliar o perfil etiológico dos casos de MB identificados por ensaios de PCR em tempo real (qPCR) em amostras biológicas de pacientes com suspeita de MB recebidas pelo Instituto Adolfo Lutz (IAL) no período de 2018 a 2024. **Material e Métodos:** Um total de 14.939 amostras clínicas foram analisadas por ensaios de qPCR para detecção de Nm, Spn e Hi e para identificação dos principais genogrupos de Nm e genotipos de Hi (estudo aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do IAL: CAAE 46914721.3.0000.0059, CAAE 86148325.7.0000.0059). **Resultados e Discussão:** A positividade total foi de 24,1%, sendo 14,5% positivo para Spn; 8,0% para Nm e 1,6% para Hi. Entre os genogrupos de Nm analisados, 51,5% foram identificados como B; 35,8% como C; 3,6% como W; 0,5% como X; 3,2% como Y e 5,4% como não-genogrupável. Entre os genotipos de Hi identificados, 32,8% foram do genotipo a; 26,2% de b; 1,4% de e; 4,3% de f e 35,3% foram não-genotipável (NT). **Conclusão:** Os dados demonstraram maior frequência de Spn entre os agentes causadores de MB. O genogrupo B de Nm e genotipo a ou NT de Hi foram os mais frequentes, em contraponto às vacinas presentes no PNI, contra sorogrupo C e sorotipo b. A vigilância laboratorial da MB é importante para caracterização epidemiológica da doença e para implantação de estratégias para o controle e monitoramento do agravo.

Palavras-chave: meningite bacteriana, PCR em tempo real, diagnóstico laboratorial.

P-092

Campanha De Conscientização Para Aumento Da Doação De Sangue No Município De São Luís Do Maranhão

Aline Raquel Ferreira Silva[1]*, Diego Borges Pacheco[1], Joana Maria Luz Andrade [1]

[1] *Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão - HEMOMAR.*

* Biomedica.aliner@gmail.com

A insuficiência de estoques nos hemocentros compromete gravemente a assistência a pacientes em situações cirúrgicas, oncológicas e de urgência. Em São Luís do Maranhão, a baixa adesão à doação voluntária de sangue, aliada à desinformação e ausência de campanhas contínuas, agravou esse cenário. Diante disso, o projeto "Sangue que Conecta Vidas" foi concebido como uma intervenção educativa para fomentar uma cultura de doação regular. O objetivo geral foi aumentar a adesão à doação de sangue em São Luís. Entre os objetivos específicos, destacam-se: estimular um crescimento de 10% no número de doadores, combater mitos relacionados à doação e identificar os períodos críticos de escassez. A metodologia adotada seguiu o modelo TIDIER, com detalhamento dos materiais utilizados (folders, vídeos, brindes), estratégias presenciais e digitais (Instagram) e ações em universidades, empresas e eventos. A equipe interventora foi composta por profissionais especializados em hematologia e hemoterapia. A avaliação considerou indicadores quantitativos (número de coletas) e qualitativos (engajamento digital e percepção comunitária). Os resultados apontaram aumento nas coletas internas de sangue total (de 3.825 em jan/2024 para 4.060 em jan/2025). No entanto, observou-se queda de 71% nas coletas externas, evidenciando a necessidade de reestruturação dessas ações. A campanha digital alcançou 2.205 visualizações e 106 interações em publicações no Instagram, demonstrando efetividade na sensibilização do público jovem e engajado digitalmente. A intervenção demonstrou que estratégias educativas integradas — presenciais e digitais — são eficazes para promover a doação de sangue. A continuidade das ações, a ampliação das parcerias e o fortalecimento da presença digital são essenciais para garantir estoques seguros e sustentáveis.

Palavras-chave: Doação de sangue, Saúde pública, Hemocentro.

P-144

A Influência Das Queimadas No Mês De Setembro De 2024 No Incremento Dos Testes Laboratoriais De Doenças Respiratórias

Laura Eliza Ferreira Bueno[1]*, Gisleine Carolina de Sousa [1], Luiza Manaut Rodrigues, Lídia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1] *Sabin Diagnóstico e Saúde. Florianópolis - SC;* [2] *Sabin Diagnóstico e Saúde. Brasília - DF*

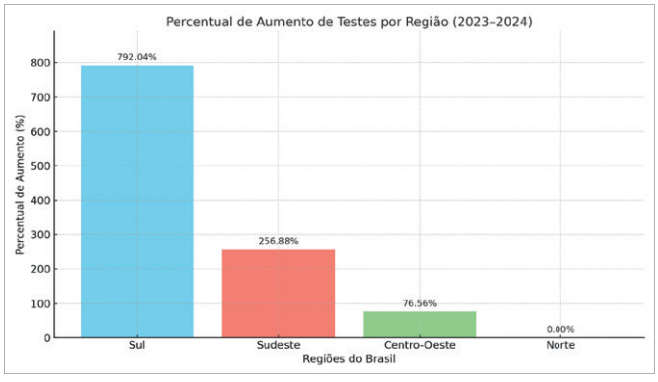
* laura.bueno@sabin.com.br

Introdução:
Em setembro de 2024, estima-se que cerca de 10,65 milhões de hectares foram queimados, sendo em sua grande maioria, territórios da Amazônia. De acordo com o MetsuL Meteorologia, os ventos quentes que vieram da região Norte trouxeram ar poluído para o Sul por meio de um corredor de vento nas baixas altitudes. Esse fenômeno foi formado da região Amazônica até o Rio Grande do Sul, carregando fumaça, poluição e poeira, afetando intensamente a qualidade do ar na região Sul do país[1]. Diante disso, nota-se o agravamento de doenças respiratórias, levando a população a buscar serviço médico emergencial[2]. Segundo Duchiade (1992) embora o fumo seja o principal poluente das vias respiratórias, outros agentes como a fumaça produzida pela combustão de biomassa (folhas e madeira), também são responsáveis por causar patologias pulmonares obstrutivas crônicas, como bronquite, enfisema e asma, ou desencadear processos alérgicos[3]. Esses processos são provocados pela elevação das concentrações de substâncias oxidativas nos poluentes, que ao entrarem em contato com o epitélio respiratório, incitam a formação de Espécies Reativas de Oxigênio (EROs) e Espécies Reativas de Nitrogênio (ERNs), induzindo o estresse oxidativo nas vias aéreas. Arbex et al. (2012) descrevem, por sua vez, que essas espécies reativas fomentam uma resposta inflamatória através da ativação de células e de mediadores pró inflamatórios, como: moléculas de adesão, citocinas e quimiocinas[4]. A ativação da cascata inflamatória pode suscitar na população sintomas de tosse, coriza e secreção, indo ao encontro dos sintomas ocasionados em enfermidades infecciosas virais, como, por exemplo, Influenza (A, B, H1N1) e COVID-19. Com o surgimento dos sintomas, os pacientes buscam um diagnóstico rápido e eficiente para iniciar um tratamento. O diagnóstico laboratorial mais rápido é evidenciado por meio da metodologia de testes imunocromatográficos rápidos, cujo princípio baseia-se na reação de antígeno (paciente) e o anticorpo presente no teste, uma vez que a amostra é absorvida por capilaridade, unindo-se ao conjugado, o qual expressa uma coloração em casos positivos[5].

Objetivos:
Este trabalho tem como objetivo analisar a influência das queimadas ocorridas no ano de 2024 no incremento dos testes laboratoriais rápidos de doenças respiratórias virais na população brasileira no mês de setembro, correlacionando-os com o mesmo período do ano anterior.

Material e Métodos:
Trata-se de um estudo retrospectivo e comparativo com análise de dados extraídos pelo Sistema Informatizado Laboratorial, no período do mês de setembro de 2023 e setembro de 2024, de um laboratório de grande porte. Este estudo dispensa a aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP).

Resultados e Discussão:
Os dados analisados evidenciam diferenças significativas entre as regiões no percentual de aumento da procura dos testes rápidos para INFLUENZA e COVID-19. Em se tratando do período de setembro de 2023 a região Norte realizou 49 testes, ao passo que Centro-Oeste executou 2.068 testes, a região Sudeste 218 testes e, por fim, a região Sul com 113 testes. Quando correlacionado com o mesmo mês, mas no ano de 2024, obtém-se da região Norte um total de 49 testes, região Centro-Oeste 3.651 testes, região Sudeste com 778 testes e região Sul, 1.008 testes. Diante desses dados, é possível observar que houve um aumento exponencial entre os testes realizados em cada ano, conforme gráfico na figura abaixo:



Como ilustrado no gráfico, observa-se que a região de menor aumento da procura por testes imunocromatográficos foi a região Norte. Fatores como a umidade relativa do ar e o corredor de fumaça que se formou trazendo as nuvens e fuligem sentido Sul, deduz-se que a baixa procura pelos testes rápidos ocorreu pois foi a região onde a fumaça permaneceu por menos tempo na atmosfera local. Em contrapartida, as regiões Sudeste e Centro-Oeste relataram um aumento moderado, ao passo que o crescimento na região Sul do país foi o mais impactante com seu aumento de 792,04%.

Sugere-se que essa repercussão de larga escala está relacionada ao agravamento do período em que a população esteve exposta a fumaça suspensa na atmosfera vinda através do corredor de fumaça[1].

Conclusão:
Os achados neste trabalho evidenciam uma disparidade entre as quatro regiões brasileiras que foram analisadas. Contudo, não foi evidenciado um crescimento na região Norte do país, no entanto, houve expressivo incremento na região Sul. Com isso, deduz-se que as queimadas, somada a influência nos quadros clínicos semelhantes aos que encontramos em doenças respiratórias, levaram a população a procurar por um diagnóstico que justifique a alteração fisiológica no trato respiratório através dos testes rápidos laboratoriais. Apesar das limitações, esse estudo contribuiu para a compreensão de como a poluição afeta a saúde humana diante de alterações climáticas extremas, provindas de ações antropogênicas, como as queimadas ocorridas no ano de 2024, e a importância do preparo dos sistemas de saúde quando colocados em situações inesperadas. Portanto, equipes preparadas, planos de contingência, robusto sistema de gestão de estoque, entre outras práticas de gestão, são fundamentais para as organizações possam suprir a necessidade da demanda diante de tais acontecimentos intempestivos.

Palavras-chave: Queimadas; Testes Rápidos; Doenças Respiratórias.

Referências

1. Benites Lazaro LL, Jacobi PR, Teixeira RLP. A crise das queimadas na Amazônia: a catástrofe ecológica da América do Sul e o chamado para ação. Rev Adm Soc Ambient. 2024;58(2). Disponível em: https://www.scielo.br/j/asoc/a/qmpvSGftjMdSG7YTJvvScfh/?lang=pt&format=pdf.

2. Silva JC, Souza AC, Pereira RL. Mudanças na exposição da população à fumaça gerada por incêndios florestais na Amazônia: o que dizem os dados sobre desastres e qualidade do ar? Saúde Soc. 2021;30(1). Disponível em: https://www.scielo.br/j/sdeb/a/rR5KnLSMsXrXXmgPvbtrn4Q/.

3. Duchidade MP. Poluição do ar e doenças respiratórias: uma revisão. Cad Saúde Pública. 1992;8(3):391–402. Disponível em: https://www.scielo.br/j/csp/a/tcf3mChjrJcKvfCBg8nDRCz/?lang=pt.

4. Jornal Brasileiro de Pneumologia. A poluição do ar e o sistema respiratório. J Bras Pneumol. 2012;38(5):643–55. Disponível em: https://www.scielo.br/j/jbpneu/a/sD3cLkXqQwmDFpgzsyj7gBm/?lang=pt.

5. Japolla G, Almeida GR, Cunha Junior JP, Bataus LAM, Souza GRL. Teste imunocromatográfico de fluxo lateral: uma ferramenta rápida de diagnóstico. Enciclopédia Biosfera. 2015;11(22):2635–49. Disponível em: https://conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/1635.

ÁREA: TOXICOLOGIA CLÍNICA E DOPING

P-073

Análise Dos Níveis Séricos Da Vitamina A Em Crianças Atendidas Em Um Laboratório Privado Em Manaus-AM

Gélida de Jesus Pessoa[1]*, Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2], Cyra Mesquita de Araujo[2], Lídia Freire Abdalla Nery[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde. Manaus-AM; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde. Brasília-DF

* gelida.pessoa@sabin.com.br

Introdução: A vitamina A é a mais estudada das vitaminas, já que sua deficiência prolongada causa uma grave doença carencial, a hipovitaminose A. Segundo a Organização Mundial de Saúde, cerca de 2,8 milhões de crianças em idade pré-escolar são afetadas pela hipovitaminose A. **Objetivos**: Realizar uma análise dos níveis séricos da Vitamina A em crianças atendidas em um laboratório privado de Manaus-AM. **Material e métodos:** Realizou-se uma análise quantitativa dos níveis séricos dessa vitamina em crianças Manauara ambos os sexos. Foram gerados relatórios no sistema de bancos de dados do laboratório considerando o ano de 2024 e analisado na planilha Excel. Este estudo dispensou tramitação no sistema CEP/CONEP, os resultados foram obtidos em um banco de dados informatizado sem identificação individual. **Resultados e Discussão**: O CLSI recomenda usar os percentis 2,5 e 97,5 como limites inferior e superior do intervalo de referência (correspondente ao intervalo central de 95%). Na população estudada com um total de 2.250 dos resultados de crianças entre 0-12 anos, desconsiderando o fator sexo, o valor para o percentil 2,5% foi de 30,3 mcg/dL e para o percentil 97,5% foi de 63,2 mcg/dL. Considerando os intervalos de referencia atualmente adotados, foi também possível determinar um percentual de crianças com hipervitaminose igual a 9,7% e com deficiência de vitamina A foi de 0,2% na população alvo deste estudo. **Conclusão:** Evidenciou-se que a população alvo deste estudo teve predominância em resultados dentro da normalidade.

Palavras-chave: Vitamina A; Hipovitaminose A; Hipervitaminose A.

ÁREA: VIROLOGIA CLÍNICA

P-013

Potencial Antifúngico do Óleo Essencial Proveniente da Lippia Grata SCHAUER Frente a Isolados Clínicos do Complexo *Cryptococcus Neoformans*.

Amanda Matias de Souza[1], Ana Beatriz de Souza[1], Paula Renata de Castro Peixoto[1], Vânia Sousa Andrade[1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Norte – UFRN

paulinhacastro12@hotmail.com*

A criptococose é uma micose sistêmica que varia de subaguda a crônica, sendo a transmissão realizada pela inalação de partículas infecciosas de *Cryptococcus neoformans* veiculadas no ar e sua incidência crescente nos indivíduos imunodeprimidos. Dessa forma, os efeitos colaterais aos fármacos utilizados para o tratamento desta infecção têm incentivado a pesquisa de novos agentes antifúngicos, através das plantas medicinais, como a Lippia grata que possui atividade antimicrobiana comprovada em vários estudos realizados em países que possuem uma flora diversificada, como o Brasil. Logo, se faz necessário a busca de novas estratégias terapêuticas, considerando a crescente resistência antifúngica. Sendo assim, este trabalho tem como objetivo avaliar a ação antifúngica do óleo essencial proveniente da Lippia grata SCHAUER frente a isolados clínicos do complexo *C. neoformans*. Para tal, foram utilizadas 14 cepas de *C. neoformans* provenientes de diferentes espécimes clínicos. O óleo essencial foi extraído por processo de hidrodestilação e caracterizado através de cromatografia gasosa associada a espectrofotometria de massas. A atividade antifúngica do óleo essencial frente as 14 cepas foi averiguada a partir da determinação da Concetração Inibitória Mínima (CIM) pela técnica de microdiluição em caldo e a determinação da Concentração Fúngicida Minima (CFM) através do semeio em spot. A caracterização química do óleo essencial de Lippia grata identificou quatro componentes principais: carvacrol (51,4%) como constituinte majoritário, timol (15,6%), ρ-cimeno (12,2%) e γ-terpineno (7,4%). O óleo essencial da Lippia grata apresentou atividade inibitória em todas as cepas testadas, apresentando variação de CIM entre 3,12 mg/mL a 0,024 mg/mL e CFM entre 3,12 a 0,048 mg/mL, de forma que todas as estipes testadas apresentaram ação fungicida. Sendo assim, constata-se que o óleo essencial da Lippia grata apresentou atividade antifúngica, configurando-se como uma alternativa promissora para combater microrganismos patogênicos, sobretudo, o *Cryptococcus neoformans*.

Palavras-chave: Alecrim-do-mato; Criptococose; Atividade antifúngica.

P-097

Comparação Entre O Uso De RT-PCR E Teste De Antígeno Para Detecção De SARS-Cov-2 Em Diferentes Tipos De Amostras Clínicas

Ana Carolina Muller Tubin[1], Maria Eduarda Marchesan Zanfonato[1], Bernardo Mattiello Cazella[2]*

[1] Aluna do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil; [2] Professor do curso de Farmácia da Universidade do Contestado (UNC), campus Concórdia/SC, Brasil.

* bernardo.cazella@professor.unc.br

Introdução: A pandemia de COVID-19, causada pelo novo coronavírus SARS-CoV-2, trouxe inúmeros desafios à saúde pública global, exigindo estratégias diagnósticas rápidas, eficazes e economicamente viáveis para o controle da disseminação viral. Identificar precocemente os casos positivos é uma das principais estratégias para a contenção de surtos, redução da transmissão comunitária e direcionamento de condutas clínicas. Dentre os métodos diagnósticos disponíveis, o RT-PCR (reação em cadeia da polimerase com transcrição reversa) é amplamente reconhecido como o padrão-ouro. Sua alta sensibilidade e especificidade tornam-no um método confiável para a detecção do RNA viral em amostras respiratórias, mesmo em fases iniciais da infecção ou em pacientes assintomáticos (Corman et al., 2020). No entanto, a aplicação generalizada do RT-PCR enfrenta limitações significativas. O custo elevado, a necessidade de equipamentos sofisticados e pessoal treinado, além do tempo de processamento — que pode variar de 4 a 24 horas — dificultam seu uso rotineiro em contextos de alta demanda. Essas barreiras impulsionaram o desenvolvimento e a implementação de testes alternativos, com destaque para os testes de antígeno. Esses testes são baseados na detecção de proteínas virais específicas e oferecem resultados em menos de 30 minutos, sendo uma solução prática para triagem em massa, especialmente em locais com recursos limitados. Embora apresentem menor sensibilidade, os testes de antígeno têm se mostrado eficientes em pacientes com sintomas iniciais, geralmente associados a uma maior carga viral, o que aumenta a probabilidade de detecção. Segundo Sabat et al. (2021) e Ciotti et al. (2021), a sensibilidade dos testes de antígeno gira em torno de 50% a 80%, dependendo do tipo de amostra, da técnica de coleta e da fase da infecção.

Objetivo: Comparar o desempenho prático dos testes de RT-PCR e antígeno para detecção de SARS-CoV-2, com base em dados reais de um laboratório de análises clínicas localizado no município de Concórdia, Santa Catarina, entre os anos de 2023 e 2024.

Material e Métodos: Este estudo observacional, de caráter retrospectivo e descritivo, utilizou dados secundários provenientes do banco de exames realizados no laboratório clínico de Concórdia. Foram incluídos na análise 411 exames realizados entre os anos de 2023 e 2024, dos quais 226 foram testes de antígeno e 105 foram RT-PCR. As amostras analisadas incluíram swabs nasais, orofaríngeos e combinações dos dois tipos. Todos os pacientes testados apresentavam sintomas respiratórios sugestivos de infecção por SARS-CoV-2 ou haviam tido contato recente com casos confirmados. Em 2023, foram realizados 144 testes de antígeno e 58 testes de RT-PCR. Já em 2024, foram realizados 82 testes de antígeno e 47 testes de RT-PCR. As variáveis avaliadas incluíram o número de testes por tipo e ano, a taxa de positividade e a diferença percentual entre os métodos. Para análise estatística, utilizou-se o teste z para proporções, com nível de significância estabelecido em $p < 0,05$.

Resultados e Discussão: Ao longo do período analisado, a taxa de positividade geral dos testes de antígeno foi de 38%, enquanto a dos testes de RT-PCR foi de 35%. A positividade para testes de antígeno foi de 5,6% (8 de 144) em 2023, aumentando para 37,8% (31 de 82) em 2024. Para o RT-PCR, a positividade foi de 34,5% (20 de 58) em 2023 e 34% (16 de 47) em 2024. Esses dados demonstram variações interanuais relevantes, especialmente no aumento da positividade dos testes de antígeno em 2024, que se aproximou da taxa obtida com RT-PCR. A análise estatística das taxas agregadas por tipo de exame revelou uma taxa de positividade geral de 34,3% para o RT-PCR e de 17,3% para os testes de antígeno, com diferença estatisticamente significativa ($z = -3,44$; $p < 0,05$). Esse resultado reforça a maior sensibilidade do RT-PCR, especialmente em pacientes com baixa carga viral ou em fases mais avançadas da infecção. No entanto, quando os testes de antígeno são aplicados em pacientes com sintomas iniciais, o desempenho melhora significativamente. Do ponto de vista clínico, a interpretação desses dados exige uma análise contextualizada. A maior sensibilidade do RT-PCR é especialmente relevante em pacientes com sintomas leves, quadros atípicos ou em contatos assintomáticos, nos quais a carga viral pode ser baixa. Em contrapartida, os testes de antígeno são mais úteis nos primeiros dias da infecção, quando a carga viral atinge seu pico e há maior probabilidade de detecção. Além disso, sua rapidez no fornecimento de resultados favorece decisões clínicas e medidas de isolamento imediatas, essenciais para a contenção da transmissão. Observou-se ainda que a coleta correta da amostra desempenha papel fundamental na acurácia de ambos os métodos. Amostras de swab nasal apresentaram melhor desempenho, tanto

para RT-PCR quanto para testes de antígeno, conforme também relatado por Corman et al. (2020) e Ciotti et al. (2021). A experiência do laboratório em Concórdia corroborou esse dado, revelando que amostras de escarro ou saliva foram mais suscetíveis a resultados inconclusivos ou falso-negativos, especialmente no caso dos testes de antígeno. A discrepância observada nas taxas de positividade dos testes de antígeno entre 2023 e 2024 pode ser atribuída a diversos fatores. Em 2023, uma parte significativa da testagem foi realizada em pacientes assintomáticos ou em triagens de rotina, o que naturalmente reduz a chance de positividade. Já em 2024, observou-se maior procura por testagem em função de sintomas gripais, elevando a carga viral média das amostras e, consequentemente, a sensibilidade do teste de antígeno. Também é possível que alterações no perfil das variantes circulantes tenham influenciado a carga viral nas amostras analisadas. Outro ponto de relevância é o custo-benefício dos testes. O RT-PCR, embora mais sensível, exige estrutura laboratorial específica, insumos importados e profissionais treinados, o que eleva seu custo e limita seu uso em contextos de grande escala. Em contrapartida, os testes de antígeno, por serem mais baratos e acessíveis, têm sido amplamente utilizados em campanhas de testagem, em unidades de pronto atendimento e em locais com escassez de recursos laboratoriais. Portanto, o uso combinado dos dois métodos se apresenta como uma estratégia eficaz: o RT-PCR deve ser priorizado em situações clínicas que exijam alta precisão, enquanto o teste de antígeno pode ser empregado para triagem rápida, com base no tempo de sintomas e perfil clínico do paciente. Esse modelo híbrido tem sido adotado em diversos países e é considerado uma boa prática no enfrentamento da COVID-19.

Conclusão: A análise dos dados obtidos no laboratório de análises clínicas de Concórdia entre 2023 e 2024 evidencia que o RT-PCR continua sendo o método de referência para diagnóstico da infecção por SARS-CoV-2, graças à sua elevada sensibilidade e especificidade, sobretudo em pacientes com sintomas leves, tardios ou assintomáticos. Por outro lado, os testes de antígeno se mostraram ferramentas valiosas no contexto de testagem rápida, especialmente em pacientes com sintomas recentes e elevada carga viral. As taxas de positividade observadas — 38% para os testes de antígeno e 35% para o RT-PCR — indicam que ambos os métodos têm papel relevante na rotina laboratorial, desde que utilizados com critérios bem definidos. A escolha entre um ou outro deve considerar o tempo desde o início dos sintomas, o tipo de amostra, a urgência do resultado e os recursos disponíveis. Assim, a integração dos testes de antígeno e do RT-PCR em protocolos de diagnóstico adaptados à realidade local pode otimizar a detecção de casos, contribuindo para o controle da pandemia em nível regional. Estudos futuros podem incluir a análise da correlação entre carga viral e sintomas, além da comparação do desempenho dos testes frente a novas variantes do vírus, o que pode alterar sensivelmente os resultados diagnósticos. A experiência local aqui relatada pode servir como referência para outros laboratórios que enfrentam desafios semelhantes, evidenciando a importância de dados regionais no planejamento de políticas de saúde pública eficazes**.**

Palavras-chave: SARS-CoV-2. RT-PCR. Teste de antígeno.

Referências

Corman, V. M., Landt, O., Kaiser, M., et al. (2020). Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Euro Surveillance, 25(3), 2000045. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045

Sabat J, Subhadra S, Rath S, Ho LM, Satpathy T, Pattnaik D, Pati S, Turuk J. A comparison of SARS-CoV-2 rapid antigen testing with realtime RT-PCR among symptomatic and asymptomatic individuals. BMC Infect Dis. 2023 Feb 9;23(1):87. doi: 10.1186/s12879-022-07969-0. PMID: 36759762; PMCID: PMC9909630.

Ciotti M, Maurici M, Pieri M, Andreoni M, Bernardini S. Performance of a rapid antigen test in the diagnosis of SARS-CoV-2 infection. J Med Virol. 2021 May;93(5):2988-2991. doi: 10.1002/jmv.26830. Epub 2021 Feb 9. PMID: 33527409; PMCID: PMC8014551.

Donmez AS, Turkyilmaz A, Cayir A. Genetic Forms of Calciopenic Rickets. Eurasian J Med. 2022 Dec;54(Suppl1):159-163. doi: 10.5152/eurasianjmed.2022.22322. PMID: 36655461; PMCID: MC11163336.

Corman, V. M., et al. (2020). Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Eurosurveillance, 25(3), 2000045. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045

Sabat, A. J., et al. (2021). Antigen-detecting rapid diagnostic tests for SARS-CoV-2: a systematic review and meta-analysis. BMJ, 374:n2024. https://doi.org/10.1136/bmj.n2024

Ciotti, M., et al. (2021). COVID-19 diagnostics: molecular biology to nanotechnology. Diagnostics, 11(1), https://doi.org/10.3390/diagnostics11010061

P-110

Relato De Caso: Questionamento Médico Sobre Resultado De HIV De Um Paciente Sem Tratamento Com Carga Viral Não Detectada

Maria Fernanda Feliciano Marques[1]*, Patrícia Cavalcante Araújo[1], Nayara de Oliveira Borba Sobral[1], Lidia Freire Abdalla[2], Cyra Mesquita de Araújo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

[1]Sabin Diagnóstico e Saúde, Palmas - TO; [2]Sabin Diagnóstico e Saúde, Brasília - DF

* maria.marques@sabin.com.br

Introdução: A infecção pelo HIV (Vírus da Imunodeficiência Humana) é uma preocupação mundial de saúde pública, onde ao longo das últimas décadas continua sendo responsável por milhões de mortes, apesar dos avanços nas estratégias de prevenção, diagnóstico e tratamento. No Brasil, a epidemia de HIV/AIDS permanece relevante, aproximadamente 920 mil pessoas vivendo com o vírus, com aproximadamente 80% em tratamento antirretroviral (TRAV). O diagnóstico precoce e o monitoramento do sistema imunológico, por meio de exames laboratoriais como sorologia, carga viral e contagem de CD4+, são essenciais para o manejo clínico e prevenção da transmissão. **Objetivo:** Relatar caso clínico de um paciente com resultado HIV sem tratamento com carga viral não detectada. **Materiais e Métodos:** Foram obtidos de um banco de dados sem identificação individual, com dispensa de tramitação do sistema CEP/CONEP (Art.1º, item V, Resolução 510/2016). Paciente de 50 anos, coletado amostra de sangue periférico para análise da carga viral para HIV e contagem de CD4+. **Descrição:** Os exames mostraram carga viral indetectável e CD4+ de 651,09/mm^3, onde foram realizados dentro dos padrões estabelecidos com controle interno rigoroso, rastreabilidade e estabilidade das amostras. **Discussão:** Diante do relato médico onde paciente ainda estava no processo para iniciar o tratamento, uma retestagem da carga viral foi realizada em dois tubos diferentes, ambos com resultados indetectáveis. Além disso, realizado um teste de sorologia de 4ª geração, que apresentou resultado reagente. **Conclusão:** Com base na análise, o laboratório considerou que o paciente poderia ser um controlador de elite ou um falso positivo para métodos sorológicos. Recomendaram ao médico assistente solicitar um teste de Western Blot para confirmação. O médico confiou na precisão do laboratório, e a conduta futura será guiada pelos resultados, garantindo maior segurança no manejo do caso. Palavras Chaves: HIV, carga viral, CD4+.

P-136

Prevalência dos Casos de Influenza A, B e RSV no Ano de 2024 em Laboratório de Grande Porte.

Gabrielle Caldeira Pedro[1]*, Patrícia Yoshie Nishimura[1], Flávia Harumi Matsuoka Morais de Oliveira[1], Priscila Vascon Macedo[1], Andréa Alfieri Gomes[1], Kristiny Tomi Igari[1], Daniela Moratori[1], Luíz Mario Ramos Janini[2]

[1]DB Molecular, São Paulo – SP; [2]Universidade Federal de São Paulo, São Paulo – SP

*gabrielle.pedro@dbdiagnosticos.com.br

Introdução: Os vírus Influenza A (FluA) e B (FluB), pertencentes à família *Orthomyxoviridae*, e o vírus Sincicial Respiratório (RSV), da família *Paramyxoviridae*, são responsáveis por infecções respiratórias de alta transmissibilidade, causando surtos sazonais anuais. Devido ao clima, o Brasil apresenta padrões epidemiológicos distintos, com picos de infecção associados às estações do ano e regiões sociodemográficas.
Objetivo: Avaliar a distribuição de positividade de FluA, FluB e RSV ao longo do ano de 2024 de amostras processadas em laboratório de grande porte
Materiais e Métodos: Foram analisados dados mensais de casos confirmados de Influenza A, Influenza B e RSV ao longo do ano de 2024, fornecidos pelo laboratório de abrangência nacional. A distribuição geográfica foi categorizada por regiões de maior incidência mensal.
Resultados: Os dados indicaram uma distribuição sazonal definida para os três vírus: **FluA:** Circulação iniciou-se em fevereiro, atingindo pico expressivo em abril (630 casos). A partir de junho, houve queda até agosto, seguida de estabilidade em outubro (128 casos). **FluB:** apresentou circulação mínima no primeiro semestre, com aumento no segundo semestre, com picos em outubro (781 casos) e novembro (38 casos).**RSV:** Seguiu um padrão semelhante a FluA, com aumento em março e pico em abril (284 casos). A partir de junho, a incidência caiu, tornando-se quase inexistente no segundo semestre.
Discussão e conclusão: A circulação de FluA e RSV no primeiro semestre reforça a necessidade de campanhas de vacinação antes dos meses de maior incidência, enquanto a sazonalidade de FluB sugere a importância de vigilância prolongada**.** Os dados epidemiológicos coletados demonstram padrões sazonais bem definidos para os patógenos avaliados neste trabalho. A vigilância contínua e estratégias de vacinação adaptadas são fundamentais para reduzir a carga dessas infecções respiratórias e minimizar seus impactos na saúde pública.

Palavras-chave: Influenza A, Influenza B, Vírus Sincicial Respiratório, Pneumonia, doenças respiratórias

Premiação

Prêmio Prof. Dr. Mateus Mandu

ÁREA: GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

P-051

Padronização de Metodologia Diagnóstica para Fusões Cromossomais: uma Análise Comparativa Entre RT-PCR e NGS Para Detecção Simultânea Das Principais Fusões na Leucemia Mieloide Aguda

Andressa Folha Vieira[1], Fabián Andres Hurtado Erazo[1], Miguel de Souza Andrade[1], Gustavo Barcelos Barra[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

Introdução: A Leucemia Mieloide Aguda (LMA) é uma neoplasia hematológica agressiva, caracterizada por alterações genéticas entre as quais se destacam as fusões gênicas, que podem ser utilizadas como marcadores moleculares para diagnóstico e estratificação de risco. **Objetivos:** Desenvolver e validar um método baseado em RT-qPCR para a detecção simultânea de oito fusões gênicas associadas à LMA: PML::RARA, RUNX1::RUNX1T1, CBFB::MYH11, BCR:ABL1 (p210 e p190), KMT2A::MLLT1, KMT2A::MLLT3 e KMT2A::MLLT10. **Material e métodos:** Foram incluídos 11 pacientes com LMA, diagnosticados por meio de sangue periférico e/ou aspirado de medula óssea, dos quais seis apresentaram fusões gênicas. O RNA total foi extraído, quantificado e submetido à transcrição reversa, seguido por RTqPCR usando QuantiNova Probe RT-PCR (Qiagen). Primers e sondas basearam-se em estudos prévios e especificidade verificada *in silico*. As reações foram organizadas em triplexes com fluoróforos distintos (FAM, HEX, CY5) para detecção simultânea. A técnica foi comparada ao sequenciamento de nova geração (NGS), realizado com o painel AmpliSeq for Illumina Myeloid Panel, cuja parte de RNA permite a detecção de fusões gênicas, para validação dos resultados. Diluições seriadas de DNA plasmidial foram usadas para determinação do limite de detecção (LOD), e amostras clínicas com resultados previamente conhecidos foram utilizadas para avaliar a repetibilidade e a reprodutibilidade do método. (CAAE: 69557823.0.0000.0030). **Resultados e discussão:** O método apresentou concordância total com o NGS (11/11), incluindo concordância positiva (6/6) e negativa (5/5) de 100%, com limites de detecção variando entre 192 e 579 cópias por reação. A avaliação da repetibilidade e da reprodutibilidade foi realizada com amostras positivas e negativas processadas em diferentes experimentos (intra e interensaio), resultando em 100% de concordância. **Conclusão:** A estratégia mostrou-se robusta, rápida e de baixo custo, sendo ideal para implementação em serviços de diagnóstico de rotina, sendo uma alternativa viável ao NGS em contextos com recursos limitados.

Palavras-chave: Leucemia mieloide aguda, Fusões gênicas, NGS

Prêmio SBAC

ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-139

Acreditação e Certificação em Laboratórios clínicos: Realidade, Desafios e oportunidades para a Qualidade na Saúde

Leonichely Guimarães[1], Fabiana Locatelli Rui[1], Vicente Sanderlei Milani[1], Maria Alice Galvão Ribeiroi[1], Mirele Themis Soares Gomes[1]; Priscila Sales[1], Flavio Torres[1]

[1]*Concent Sistemas. Londrina – PR*

*l.guimaraes@concent.com.br

Introdução

A qualidade dos serviços laboratoriais representa um dos pilares da assistência à saúde, visto que aproximadamente 70% das decisões clínicas baseiam-se em resultados laboratoriais. Essa centralidade dos exames laboratoriais no diagnóstico e tratamento exige que os laboratórios operem com elevado padrão técnico e normativo. Nesse contexto, a acreditação e certificação emergem como ferramentas essenciais para garantir precisão, rastreabilidade, confiabilidade e segurança ao paciente.[1]

A adoção de um Sistema de Gestão da Qualidade (SGQ) proporciona ganhos organizacionais significativos, tanto em processos internos quanto na relação com clientes e reguladores. A adesão a programas de acreditação como PALC, DICQ, ONA, ISO 15189 e certificações como ISO 9001, reflete o compromisso com a excelência técnica, gestão eficiente e melhoria contínua.[2;3]

Objetivo

O presente trabalho visa:

- Apresentar os fundamentos da acreditação e certificação em laboratórios clínicos;
- Demonstrar os principais modelos adotados no Brasil;
- Analisar os benefícios e desafios da implantação;
- Avaliar a adesão dos laboratórios clínicos a esses programas com base em dados empíricos.

Material e Método

Trata-se de um estudo qualitativo e exploratório baseado em ampla revisão de literatura científica e técnica, além da análise normativa de organismos certificadores nacionais e internacionais. Como complemento à abordagem teórica, foi realizada uma pesquisa de campo com 20 laboratórios clínicos, a fim de observar o grau de adesão às acreditações.

A coleta de dados da pesquisa foi feita por meio de questionário estruturado, com levantamento das certificações/acreditações vigentes em cada laboratório. Os dados foram tratados de forma quantitativa, e os resultados percentuais foram incorporados na discussão como subsídio prático à análise da realidade nacional.

Resultados e Discussão

1. Conceitos Fundamentais

Certificação e acreditação são ferramentas distintas, mas complementares. A certificação avalia a conformidade com normas técnicas (como a ISO 9001), aplicável a diversos segmentos. Já a acreditação analisa a competência técnica e a aderência aos requisitos de desempenho e qualidade específicos para laboratórios clínicos, como a ONA, DICQ ou PALC.[2]

A ISO 9001 é amplamente utilizada como padrão de gestão da qualidade, enquanto a ISO 15189 representa a principal norma internacional voltada

exclusivamente à qualidade e competência em laboratórios médicos, é a base para acreditações nacionais, DICQ ou PALC.

2. Panorama Nacional – Pesquisa de Campo
A pesquisa com 20 laboratórios revelou o seguinte cenário:
- 60% dos laboratórios não possuem qualquer tipo de acreditação ou certificação.
- 10% são acreditados tanto pela ISO 9001 quanto pelo DICQ.
- 10% possuem apenas a acreditação DICQ.
- 10% possuem acreditação PALC.
- 5% são certificados somente pela ISO 9001.
- 5% possuem acreditação ONA.

Esses dados refletem um baixo índice de acreditação no setor laboratorial, considerando-se a importância da qualidade técnica no impacto clínico dos resultados. A ausência de certificações na maioria dos laboratórios evidencia a necessidade de políticas de incentivo à cultura da qualidade e à capacitação contínua.[4]

3. Benefícios Estratégicos
A adesão a programas de acreditação traz benefícios internos (organização, redução de erros, eficiência) e externos (imagem no mercado, fidelização de clientes, valorização profissional). Também proporciona acesso a programas de qualificação como o QUALISS da ANS, impactando em reajustes contratuais com operadoras de saúde.[3;5]
Entre os ganhos observados:
- Padronização de processos;
- Redução de retrabalho e de não conformidades;
- Capacitação da equipe e valorização profissional;
- Maior segurança para o paciente;
- Fortalecimento da cultura da qualidade.

A pesquisa de campo corrobora a importância desses benefícios, indicando que os poucos laboratórios com acreditação relataram melhorias em desempenho técnico e reconhecimento institucional.

4. Desafios Relacionados
A principal barreira à adesão aos programas de acreditação é o custo de implantação e manutenção, seguido por: Resistência cultural e operacional da equipe; Falta de recursos humanos capacitados; Complexidade na documentação e adequação estrutural. Esses desafios são consistentes apontados pela literatura, que evidencia que a acreditação não é apenas uma adequação técnica, mas um processo de transformação organizacional profunda, com necessidade de engajamento da alta liderança, educação continuada e gestão por processos.[3;6]

5. Modelos de Acreditação
Entre os modelos analisados, destacam-se:
- DICQ/SBAC: modelo tradicional, com crescente alinhamento normativo e avaliação quantitativa do desempenho.
- PALC: patrocinado pela SBPC/ML, alinhado à ISO 15189.
- ONA: padrão nacional para serviços de saúde em geral, com três níveis de maturidade institucional.
- ISO 9001: norma internacional específica para gestão da qualidade.
- CAP: padrão norte-americano com forte reconhecimento técnico.

Apesar da ampla disponibilidade de modelos, a pesquisa mostra que há desconhecimento ou subutilização dos programas, sendo essencial o papel das entidades científicas, gestoras e educacionais na difusão e no apoio técnico às instituições.

Conclusão
O estudo evidencia que, embora os benefícios da acreditação e certificação em laboratórios clínicos sejam amplamente reconhecidos, a adesão a esses programas ainda é incipiente no cenário brasileiro, como demonstrado pela pesquisa com 20 laboratórios, dos quais apenas 40% possuem algum tipo de certificação/acreditação.

É imperativo que os laboratórios, gestores e profissionais de saúde compreendam a acreditação não como uma exigência burocrática, mas como um instrumento de gestão estratégica e segurança assistencial. A melhoria contínua, a educação permanente e o fortalecimento da cultura da qualidade são fatores decisivos para elevar o padrão dos serviços laboratoriais. Políticas públicas, incentivos regulatórios e ações educativas podem ser importantes vetores de transformação, promovendo uma maior adesão aos programas de qualidade e, consequentemente, melhores desfechos clínicos para a população. Portanto, a acreditação é mais do que um selo: é um compromisso institucional com a excelência e a vida.

Palavras-chave: Acreditação; Excelência em processos; Gestão da Qualidade;

Referências
1. PESSOA, Vanessa Ribeiro Alves; RIOS, Danyelle Romana Alves. Acreditação e certificação nos laboratórios clínicos no Brasil: um panorama atual. **Brazilian Journal of Health and Pharmacy**, v. 4, n. 3, 2022.

2. PIRES, Carolina Ponzo; GOMES, Karina Braga; PESTANA, Rodrigo Mendonça Cardoso. **Atualização do panorama das acreditações e certificações laboratoriais no Brasil.** RBAC, v. 55, n. 2, p. 104-114, 2023.

3. DA SILVA, Anderson et al. Estado da arte sobre acreditação hospitalar no Brasil: um ensaio teórico apoiando o ensino. **Revista de Gestão e Secretariado**, v. 14, n. 10, p. 16756-16768, 2023.

4. DA CONCEIÇÃO NETO, Orlando Carlos. **A acreditação do Laboratório de Análises Clínicas do HCA: um avanço em qualidade na gestão de laboratórios clínicos no âmbito do SISAU**. 2022. Tese de Doutorado. Escola de Aperfeiçoamento de Oficiais da Aeronáutica.

5. LEITE, Luiz Gustavo Fraga; DE SENNA JUNIOR, Vicente Antonio. QUALIDADE E COMPETÊNCIA DE LABORATÓRIOS DE ANÁLISES CLÍNICAS REFERENTE A ISO 9001 E ISO 15189. **Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação**, v. 9, n. 10, p. 6525-6538, 2023.

6. DAVI, Sâmara Gomes et al. Impactos com a implantação da certificação da norma ABNT NBR ISO 9001: 2015 em um laboratório de um órgão público. 2021.

Prêmio PNCQ

ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

P-151

Análise de riscos do processo pré-analítico em Laboratório Clínico de Hospital Universitário: aplicação da ferramenta FMEA e avaliação histórica e comparativa de cinco anos

Luciane Marzzullo Cicarelli[1*], Juliana Bannwart de Andrade[1], Sueli Simone Pansica[1], Lucilene de Lima Rodrigues Ruaro[1], Ana Cristina Bussolini[1], Michelle Garcia Discacciati[1,2]

[1] Divisão de Laboratório Clínico, Hospital Universitário, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP; [2] Departamento de Análises Clínicas e Toxicológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

* e-mail: lucianemc@usp.br

1) Introdução:
Os exames laboratoriais e seu processo envolvem múltiplas etapas interdependentes, compreendendo coleta de materiais biológicos, transporte, processamento de amostras, controle de qualidade, interpretação de resultados e liberação de laudo. Falhas e desvios de qualidade, em qualquer dessas fases, podem comprometer a segurança do paciente e atrasar diagnóstico ou tratamento (Agarwal, 2013). A obtenção de amostras é o ponto inicial e determinante de todo o processo laboratorial, pois um erro na coleta de material biológico impacta diretamente no resultado e na segurança do paciente (John et al., 2025).

Em serviços de assistência à saúde, nos quais os Laboratórios Clínicos estão inseridos, gestão de riscos e redução de falhas têm sido reconhecidas como um componente indispensável e parte integrante do Sistema de Gestão da Qualidade (SGQ) (Chiozza; Ponzetti, 2009; Agarwal, 2013; John et al., 2025). A ABNT NBR ISO 15189 recomenda a implementação de processos para identificação dos riscos de danos aos pacientes e de oportunidades para melhorar seu atendimento no ambiente laboratorial, apresentando diretrizes de boas práticas para processos de pré-exames (ABNT, 2024). O modelo para gerenciamento de riscos no Laboratório Clínico está descrito em diretrizes como ABNT NBR ISO 31000, ABNT AMN ISO/TS 22367 e CLSI EP23-A, que recomendam o desenvolvimento de planos de controle personalizados, conforme características do SGQ, dos processos laboratoriais e do uso pretendido de exames diagnósticos (ABNT, 2009; *CLSI*, 2011; ABNT, 2018).

Dentro desse escopo, a ferramenta Análise de Modos e Efeitos de Falha (FMEA, do inglês *Failure Mode and Effect Analysis*) permite identificar falhas potenciais nos processos laboratoriais, seus efeitos sobre a segurança do paciente e propor medidas para reduzir ou eliminar perigos. Para cada etapa do processo, é definido um valor de risco (VR), baseado na gravidade da falha (impacto para segurança do paciente), ocorrência da falha (probabilidade e/ou frequência) e probabilidade de detecção e/ou controle da falha (Chiozza; Ponzetti, 2009; Agarwal, 2013; ABNT, 2018).

A Divisão de Laboratório Clínico do Hospital Universitário da Universidade de São Paulo (DLC-HU-USP) implementou sistemática de análise de riscos, adaptando a FMEA e aplicando a metodologia para todas as etapas do processo laboratorial, da coleta de amostras à emissão de laudos. Como a coleta dos materiais biológicos é considerada etapa crítica e determinante para a qualidade global do processo, este trabalho apresentou resultados específicos dessa fase obtidos e analisados ao longo de cinco anos de prática. Os dados forneceram subsídios relevantes para aprimoramento da qualidade, servindo de modelo para outros setores assistenciais.

2) Objetivos:
Foram avaliados resultados de cinco anos de aplicação da ferramenta FMEA para análise de riscos associados ao processo pré-analítico relacionados com coleta de material biológico na DLC-HU-USP. Também demonstrou sua aplicação no apoio à análise crítica do SGQ, pela avaliação do desempenho histórico de indicadores e monitoramentos da fase pré-analítica, comparando resultados ao longo de cinco anos.

3) Material e Métodos
Foi realizado um estudo descritivo da avaliação de riscos pela utilização da ferramenta FMEA, abrangendo o período de 2020 a 2024. O modelo de gestão de riscos foi aplicado a todos os setores da DLC-HU-USP, conforme Figura 1.

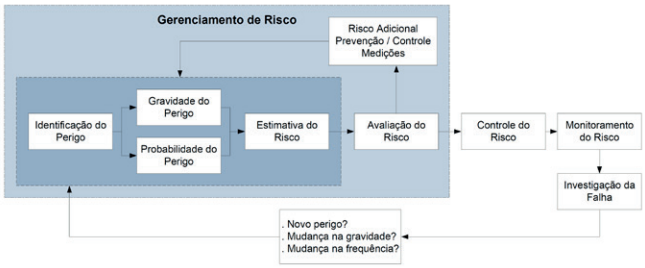


Figura 1. Mapeamento de riscos do processo laboratorial para utilização da ferramenta FMEA (adaptado de CLSI EP23-A, *CLSI*, 2011).

O mapeamento de riscos do processo laboratorial foi adaptado para criação de modelo próprio de identificação e mensuração de riscos, baseado na FMEA, permitindo classificação de perigos, conforme ABNT NBR ISO 31000, ABNT NBR IEC 31010, ABNT AMN ISO/TS 22367 e CLSI EP23-A (ABNT, 2009; *CLSI*, 2011; ABNT, 2018; ABNT, 2021). O mapeamento foi conduzido por grupo de especialistas das áreas técnicas da DLC-HU-USP, sendo identificados potenciais perigos e seus controles para cada etapa do processo laboratorial (Chiozza; Ponzetti, 2009). No presente estudo, o foco principal foi avaliação dos perigos associados à fase pré-analítica.

Valor de Risco (VR) foi calculado no período estudado, considerando quatro critérios do modelo adotado:
- (C) Controle atual: grau de controle sobre o processo;
- (F) Frequência do processo: número de vezes que a atividade específica é realizada;
- (G) Gravidade do efeito: gravidade do risco e impacto para a segurança do paciente;
- (O) Ocorrência do efeito: probabilidade de ocorrer o evento com consequência perigosa.

Cada critério analisado recebeu uma pontuação de 1 a 5, conforme escala previamente definida, sendo o VR foi obtido pela fórmula: $VR = C \times F \times G \times O$.

Os perigos da fase pré-analítica foram analisados ao longo de cinco anos, sendo os VRs calculados para cada etapa do processo. Durante as análises das ocorrências associadas aos perigos identificados, foram utilizados dados retrospectivos de indicadores e monitoramentos do SGQ, para definição das pontuações utilizadas nos cálculos.

Modelo de classificação dos riscos aceitáveis foi definido, conforme ABNT NBR IEC 31010 e ABNT AMN ISO/TS 22367, para elaboração da Matriz de Aceitabilidade dos Riscos para o processo laboratorial na DLC-HU-USP (ABNT, 2009; ABNT, 2021). Conforme FMEA, a aceitabilidade dos riscos combina a frequência de ocorrência e a gravidade dos efeitos sobre a segurança do paciente ($G \times O$), sendo classificados em três categorias: aceitáveis (com mecanismos de controle e monitoramento adequados), toleráveis (ocorrência de eventos com mecanismos de controle e monitoramento contínuo) e inaceitáveis (ocorrência de eventos com necessidade de intervenções para contenção imediata das falhas e seus efeitos).

4) Resultados e Discussão:
A FMEA é reconhecida como método "padrão-ouro" na identificação e priorização de falhas pré-analíticas em laboratórios clínicos (John et al., 2025). Nesse estudo, a FMEA foi aplicada como sistemática para identificação de melhoria para potenciais desvios em políticas e procedimentos do SGQ relacionados à fase pré-analítica. A aplicação da ferramenta ao longo de cinco anos (2020 a 2024) permitiu a antecipação de eventos adversos potenciais, com foco na prevenção e controle de falhas que possam comprometer a segurança dos pacientes atendidos na DLC-HU-USP.

Para todas as etapas do processo pré-exames, foram descritas falhas potenciais e respectivos mecanismos de controle, conforme documentação do SGQ. Indicadores e monitoramentos de desempenho também foram analisados anualmente, servindo para verificação e classificação dos riscos. Neste trabalho, foram apresentados os principais perigos da fase pré-analítica (Figura 2) e atribuídos valores de risco (VR) para as seguintes etapas:

- Atendimento inicial: falha na identificação do paciente;
- Preparo do paciente: falha na orientação, falha na verificação de condições para coleta, falha na identificação do paciente, falha na seleção de recipientes e/ou tubos de coleta, dano ao paciente;
- Armazenamento de amostras: perda de material coletado por conservação inadequada, até encaminhamento para área técnica;
- Transporte de amostras: perda de material durante o envio à área técnica.

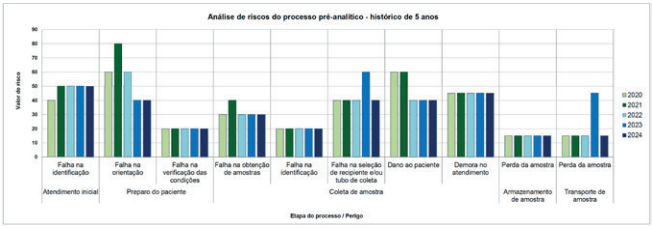


Figura 2. Histórico comparativo de valor de risco (VR) para perigos do processo pré-analítico na DLC-HU-USP, para cinco anos de aplicação da ferramenta FMEA.

Neste estudo não foram incluídas falhas relativas à solicitação ou seleção de exames, pois são etapas realizadas exclusivamente via sistema eletrônico institucional. Também foram excluídas falhas ocorridas fora do escopo de atuação direta do Laboratório, como aquelas geradas por profissionais externos de áreas assistências do Hospital. Os perigos relacionados ao pré-processamento e à guarda de amostras até o momento da análise foram tratados no mapeamento da fase analítica.

VRs atribuídos para a fase pré-analítica, entre 2020 e 2024, foram apresentados na Figura 2. Observou-se VR aumentado para preparo do paciente – falha de orientação, em 2020, 2021 e 2022, devido à ocorrência de falhas no atendimento inicial dos pacientes, com o pico em 2021 coincidindo com fase crítica da Pandemia de Covid-19. Neste período, houve reestruturação abrupta de fluxos assistenciais, aumento da demanda por atendimentos a gestantes de alto risco, idosos e crianças, em razão da classificação do Hospital como "livre de Covid". A necessidade de ampliação emergencial da equipe impactou na padronização das orientações dadas aos pacientes. Também se observou aumento de ocorrências de falha na obtenção de amostras, em 2021.

Em 2023, verificaram-se VRs aumentados para coleta de amostra – falha na seleção de recipientes/tubos e transporte de amostra – perda de amostras, coincidindo com a saída de profissionais da equipe de coleta, contratos temporários e necessidade de treinamento e restruturação de escalas de trabalho, impactando no monitoramento de recoletas e no atendimento a critérios de qualidade definidos pela DLC-HU-USP.

Para 2024, foi apresentada a Matriz de Aceitabilidade dos Riscos da fase pré-analítica (Figura 3), sendo dois riscos classificados como toleráveis para atendimento inicial – falha na identificação do paciente (etapa compartilhada com profissionais do Hospital) e a coleta de amostras – dano ao paciente. As ocorrências de falhas nestas etapas permaneceram controladas e com mecanismos de monitoramento bem estabelecidos. As demais etapas apresentaram riscos classificados como aceitáveis.

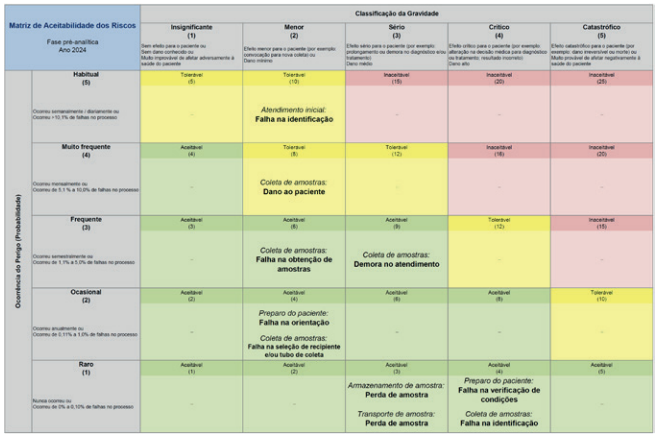


Figura 3. Matriz de aceitabilidade de riscos da fase pré-analítica da DLC-HU-USP, dados obtidos da análise realizada em 2024.

5) Conclusão:
A aplicação da ferramenta FMEA na fase pré-analítica, ao longo de cinco anos, demonstrou-se eficaz no monitoramento de riscos do processo, na prevenção de falhas e na promoção da segurança do paciente na DLC-HU-USP. Foi possível identificar tendências e impactos em indicadores e monitoramentos do SGQ, apoiando decisões gerenciais e estratégicas com base em evidências. A FMEA é uma ferramenta prática e aplicável na gestão da qualidade em serviços laboratoriais, fornecendo subsídios para o gerenciamento de riscos.

6) Palavras-chave: Gestão de Riscos; FMEA; Fase pré-analítica.

7) Referências:
Agarwal R. Measurement of errors in clinical laboratories. Indian J Clin Biochem. 2013;28(3):227-234. doi:10.1007/s12291-013-0314-3

Associação Brasileira de Normas Técnicas. AMN ISO/TS 22367: Laboratório Clínica: Redução do erro através da gestão de riscos e melhoria contínua. Rio de Janeiro: ABNT; 2009.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR ISO 15189: Laboratório clínico: requisitos de qualidade e competência. Rio de Janeiro: ABNT; 2024.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR ISO 31000: Gestão de riscos: diretrizes. Rio de Janeiro: ABNT; 2018.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR IEC 31010: Gestão de riscos: técnicas para o processo de avaliação de riscos. Rio de Janeiro: ABNT; 2021.

Chiozza ML, Ponzetti C. FMEA: a model for reducing medical errors. Clin Chim Acta. 2009;404(1):75-78. doi:10.1016/j.cca.2009.03.015

Clinical and Laboratory Standards Institute. EP23-A: Laboratory quality control based on risk management; 2nd ed.; approved guideline. Wayne, PA: CLSI; 2011.

John GK, Favaloro EJ, Austin S, Islam MZ, Santhakumar AB. From errors to excellence: the pre-analytical journey to improved quality in diagnostics. A scoping review. Clin Chem Lab Med. *Published online* January 28, 2025. *Online antes da impressão*. doi:10.1515/cclm-2024-1277

ÍNDICE REMISSIVO DE AUTORES

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Abdalla, Lídia Freire	P-126	55
	P-110	86
	P-054	16
	P-021	24
	P-145	46
	P-060	48
	P-062	50
	P-020	54
	P-068	54
	P-069	72
	P-092	83
	P-141	52
Abrantes, Jaime Antonio	P-084	60
	P-045	82
Aguiar, Dayane Ferreira	P-044	27
Aguiar, Nadia Portela	P-049	28
Al-Lahham, Yusra	P-019	24
	P-028	25
Alliny Almeida Queiroz	P-171	42
Almeida, Marcela de Oliveira	P-060	48
Almeida, Micaela Aparecida Gonzaga de	P-015	21
Almeida, Rodolfo Nunes de	P-015	21
Alves, Gabrielle Marinho	P-081	33
Alves, Lohana Alexciene de Sousa	P-062	50
	P-068	54
	P-069	72
Alves, Mayara dos Santos	P-054	16
Amarante, Ethiene Prigol do	P-169	56
Amorim, Valtair de	P-149	73
Andrade, Alessandra de Freitas	P-103	12
	P-088	41
Andrade, Joana Maria Luz	P-092	83
Andrade, Juliana Bannwart de	P-151	79
	P-151	91
Andrade, Miguel de Souza	P-051	38
	P-065	39
	P-066	40
	P-072	40
	P-104	42
	P-051	89
Andrade, Vânia Sousa	P-013	85
Anghebem, Mauren Isfer	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
	P-019	24
	P-028	25
	P-041	26
	P-042	26
	P-043	27
	P-044	27
	P-046	27
	P-031	59

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Antunes, Julia Fernandes	P-044	27
Anunciação, Andressa Vitoria Diniz	P-107	75
Araújo e Silva, Denilson de	P-020	54
Araújo Paula, Fernanda Borges de	P-096	28
Araujo, Bevily Helen Carvalho de	P-069	72
Araujo, Cyra Mesquita de	P-036	12
	P-061	16
	P-080	17
	P-074	44
	P-141	52
	P-146	52
	P-073	84
	P-054	16
	P-058	16
	P-021	24
	P-145	46
	P-060	48
	P-062	50
	P-082	51
	P-020	54
	P-068	54
	P-126	55
	P-069	72
	P-118	72
	P-092	83
	P-110	86
Araújo, Patrícia Cavalcante	P-126	55
	P-110	86
Araújo, Vanessa Alexandre	P-107	75
Assunção, Larissa Dias	P-106	31
Augusto, Vanessa	P-060	48
Azevedo, Heloisa Signorini	P-153	20
Baldissarelli, Emilly	P-158	34
Banzato, Julio Marcos	P-125	29
Barasuol, Bibiana Martins	P-154	73
Barbosa, Ariane de Fátima	P-152	81
Barbosa, Gabriela Burguez	P-112	61
	P-113	61
	P-114	62
	P-115	64
	P-116	64
	P-117	66
Barbosa, Jósquia dos Santos	P-081	33
Barbosa, Layla Luyze da Silva	P-006	58
Barcellos, Leonardo José Gil	P-158	34
Barra, Gustavo Barcelos	P-050	13
	P-049	28
	P-038	38
	P-051	38
	P-072	40
	P-088	41
	P-051	89

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Barreto, Bruno Oliveira	P-036	12
	P-054	16
	P-058	16
	P-061	16
	P-080	17
	P-021	24
	P-074	44
	P-145	46
	P-060	48
	P-062	50
	P-082	51
	P-141	52
	P-146	52
	P-020	54
	P-068	54
	P-126	55
	P-069	72
	P-118	72
	P-092	83
	P-073	84
	P-110	86
Barreto, Karolina Rocha	P-152	81
Bassi, Paula Boeira	P-112	61
	P-113	61
	P-114	62
	P-115	64
	P-116	64
	P-117	66
	P-157	66
Batista, Flávia Mendonça Lima	P-076	51
Bazé Junior, Gilberto Ferreira	P-171	42
Belfort Jr., Rubens	P-160	55
	P-169	56
Benedetti, Volmir Pitt	P-086	32
	P-159	32
Benício, Rosenelle Araújo	P-088	41
Benini, Tanna Luiza Gottert	P-053	15
	P-099	17
Bernadinho, Gabriela Alves	P-087	51
Betinardi, Natália	P-042	26
Bezerra, Rose Mary Pimentel	P-084	60
	P-045	82
Bianchini, Guilherme	P-148	33
Bombonato, Lorena Moran	P-153	20
Borges, Gabriela Abrão Lemos	P-015	21
Borges, Manuela Costa de Lima	P-030	60
Bortolini, Giovana Vera	P-038	38
Brandão, Deysiane Oliveira	P-032	47
Brandão, Híbera Lopes Campos	P-058	16
Brianezi, Larissa de Souza	P-153	20
Budag, Julia	P-042	26
Bueno, Jose Eduardo	P-050	13
	P-049	28
	P-063	28

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Bueno, Laura Eliza Ferreira	P-092	83
Bueno, Mirella Garcia Saraiva	P-036	12
Bussolini, Ana Cristina	P-151	79
	P-151	91
Cabral, Aline da Silva Gomes	P-103	12
Cabral, Karla do Rocio	P-043	27
Caixeta, Maria Cecília	P-072	40
Calazans, Gabriella Cristina Lopes	P-084	60
	P-045	82
Caleffi-Ferracioli, Katiany	P-153	20
Calixto, Patricia Sthefani	P-041	26
	P-044	27
Campanha, Ingrid Beatriz	P-153	20
Cardoso, Karla de Lima	P-015	21
Cardoso, Naiane Silva	P-096	28
Cardoso, Rosilene Fressatti	P-153	20
Carvalho, Julia de	P-030	60
Cassenote, Liege Gonçalves	P-150	37
Castro, Fabiano Lucas Moraes de	P-015	21
Castro, Keren Hapuc	P-105	44
Caumo, Karin Silva	P-149	73
Cavalin, Marina	P-017	23
Cazella, Bernardo Mattiello	P-052	13
	P-053	15
	P-099	17
	P-097	85
Cespedes, Isabel Cristina	P-107	75
Cicarelli, Luciane Marzzullo	P-151	79
	P-151	91
Cicchelero, Laiz Mangini	P-153	20
Coelho, Bruno Costa	P-145	46
Colonelli, Daniela Etlinger	P-030	60
	P-035	30
Correia, Stephanie Santos	P-088	41
Costa, Ana Carolina Ferreira	P-015	21
Costa, Juliana Oba	P-007	47
	P-009	54
Costa, Luana Cristine de Lima	P-152	81
Costa, Renata Garcia	P-084	60
	P-045	82
Costa, Yanara Alves	P-066	40
	P-104	42
Coutinho, Vanessa Fontes Pereira	P-125	29
Cunha, Renata Gualberto da	P-171	42
Custodio, Gislaine	P-043	27
Dias, Alan Carvalho	P-103	12
Dias, Luciana Basili	P-010	12
Diniz, Iagho José Lima	P-076	51
Discacciati, Michelle Garcia	P-106	31
	P-151	79
	P-151	91
Donadel, Guilherme	P-165	29
Dornelas, Julia Batista	P-024	37
Duarte, Rafaela Goettems	P-146	52

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Dutra, Luana Werner	P-112	61
	P-113	61
	P-114	62
	P-115	64
	P-116	64
	P-117	66
Erazo, Fabián Andres Hurtado	P-051	38
	P-065	39
	P-072	40
	P-051	89
Evangelista Júnior, Márcio José	P-054	16
Fallett e Silva, Matheus Felipe	P-163	70
Fantini, Leticia Ferraz	P-007	47
Faria, Bruno Quintanilha	P-019	24
Faria, Cláudia Regina	P-061	16
Felicio, Giovana	P-031	59
Fernandes, Natália Coelho Couto de Azevedo	P-030	60
Ferreira, Graziele Cristina	P-122	69
Ferreira, Juliana Cristina	P-040	38
Fidalski, Solena Ziemer Kusma	P-028	25
Figueira, Mariana Brasil de Andrade	P-171	42
Figueiredo, Aline de Oliveira	P-064	82
Flores, Vitória	P-113	61
	P-116	64
Flores, Vitoria Fernandes	P-117	66
	P-112	61
	P-114	62
Fonseca, Silvana Fahel	P-103	12
Formiga, Mikaella Lucia Felix	P-161	70
	P-163	70
	P-164	70
	P-166	71
	P-167	71
	P-168	71
França, Suzana Nesi	P-019	24
Franco, Maria Odélia Carneiro	P-038	38
Franz, Ana Paula Giolo	P-158	34
	P-154	73
Freitas, Samanta Pinheiro Baia de	P-076	51
Freitas, Waldineia Cassia de	P-107	75
Fukasawa, Lucila Okuyama	P-089	41
	P-090	41
	P-091	82
Gaidzinski, Fernanda Maciel	P-148	33
Gama, Lorena de Melo	P-088	41
Garbo, Rita de Cássia	P-007	47
	P-009	54
Garcia, Jamile Macedo	P-030	60
Garcia, Paola Schuler	P-060	48
Gomes, Andréa Alfieri	P-136	86
Gomes, Lílian Monteiro	P-106	31
Gomes, Mirele Themis Soares	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-135	77
	P-139	78
	P-139	89
Gomes, Pedro Henrique	P-100	33
Gomes, Victória Antunes do Santos	P-168	71
Gonçalves, Itamar Luís	P-160	55
	P-169	56
Gonçalves, Maria Gisele	P-089	41
	P-090	41
	P-091	82
Gonçalves, Vitória Souza	P-033	81
Goulart, Juliane Araújo Greinert	P-149	73
Guerra, Gabrielli	P-009	54
Guerra, Juliana Mariotti	P-030	60
Guimarães, Leonichely	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-135	77
	P-139	78
	P-139	89
Guimarães, Maria Eduarda Tagliari	P-154	73
Guimarães, Nathane Helena Corrêa	P-107	75
Hauser- Davis, Rachel Ann	P-084	60
	P-045	82
Helvécio Corrêa Póvoa	P-128	19
Herpich, Maíra Amélia Mafessoni	P-053	15
	P-099	17
Hidalgo, Giovanna Balsanelli	P-042	26
Higa, Fábio Takenori	P-089	41
	P-090	41
	P-091	82
Hormann, Carolina Girardi	P-149	73
Igari, Kristiny Tomi	P-136	86
Ikeda, Ana Patricia Fonseca	P-061	16
Inoue, Fernanda M.	P-122	69
Jacomo, Rafael	P-050	13
	P-049	28
	P-063	28
	P-051	38
	P-065	39
	P-066	40
	P-072	40
	P-088	41
	P-104	42
	P-051	89
Janini, Luíz Mario Ramos	P-136	86
Jesus, Geovanna Sosinho de	P-112	61
	P-113	61
	P-114	62
	P-116	64
	P-117	66

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Joventino, Milena Lyrio dos Santos	P-081	33
Kappel, Henrique Borges	P-050	13
	P-049	28
	P-038	38
Kipper, Diéssy	P-157	66
Kirsten, Karina	P-158	34
	P-154	73
Kul, Ana Daniela Cabianca Pacheco	P-038	38
Lamas, Amanda Minafra Reys	P-088	41
Landi, Marina Frota de Albuquerque	P-030	60
Lazarini, Fabiana Silva	P-015	21
Leandro, Hassan Jerdy	P-045	82
Lima, Ana Carolina Ferreira de	P-007	47
Lima, Ana Paula Cordeiro	P-030	60
Lima, Camila Cristina Sant'ana de	P-061	16
Lima, Christiane Mayrhofer Grocoske de	P-041	26
	P-046	27
Lima, Gustavo Felippe Cerqueira	P-009	54
Lima, Maria Alice Escalante	P-038	38
Lima, Nathan Nascimento	P-130	52
Lima, Taís Rodrigues Flaubert	P-076	51
Lima, Vitoria da Silva Neves	P-050	13
Lobo, Ana Paula	P-122	69
Lopes, Mateus Santana	P-041	26
	P-044	27
	P-046	27
Lorente, Sandra	P-035	30
Loureiro, Ana Paula de Melo	P-096	28
Lourenço, Emerson Luiz Botelho	P-165	29
Lunge, Vagner Ricardo	P-157	66
Macedo, Priscila Vascon	P-136	86
Machado, Ana Carolina Pizaia	P-153	20
Machado, Eduardo Ferreira	P-030	60
Maeda, Maria Júlia	P-153	20
Mandel, Saulo Martins de Sá	P-063	28
Manfredini, Vanusa	P-160	55
Mantovani, Maria Ellis da Silva	P-053	15
	P-099	17
Marconcine, Bruna Alessandra	P-117	66
Marini, Neyane	P-105	44
Marques, Maria Fernanda Feliciano	P-110	86
Marques, Maria Vitória Queiroz	P-126	55
Martinello, Flávia	P-149	73
Martins, Graciella Ribeiro	P-103	12
	P-063	28
	P-051	38
	P-088	41
	P-051	89
Martins, Karine de Paula	P-009	54
Matumoto, João Francisco Velasquez	P-165	29
Melo, Lenielle Sabino Tassoti Souza	P-107	75
Melo, Rafaela Cirillo de	P-046	27
Mendonça, Diego	P-141	52
Meneguello, Jean Eduardo	P-153	20
Menezes, Cátia Alexandra Ribeiro	P-040	38
Menezes, Ralciane de Paula	P-005	69
Mesquita, Evellyn Cristynne Costa	P-076	51
Mesquita, Pedro Góes	P-088	41
Milani, Vicente Sanderlei	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-135	77
	P-139	78
	P-139	89
Millomen, Bruno	P-072	40
Monteiro, Erika da Silva	P-103	12
Monteiro, João Pedro Cruz de Souza	P-081	33
Monteiro, Jussimara	P-122	69
Monteiro, Marcia de Melo	P-080	17
Moraes Neto, Ademar Ribeiro	P-071	50
Moraes, Viviane Felix	P-084	60
Morais, Maria Cíntia Marques de	P-152	81
Moratori, Daniela	P-136	86
Moreira, Carla Helena Amato	P-103	12
Moura, Betânia Silva de	P-100	33
Moura, Isabela de Oliveira	P-036	12
	P-054	16
	P-058	16
	P-061	16
	P-080	17
	P-021	24
	P-074	44
	P-145	46
	P-060	48
	P-062	50
	P-082	51
	P-141	52
	P-146	52
	P-020	54
	P-068	54
	P-126	55
	P-069	72
	P-118	72
	P-092	83
	P-073	84
	P-110	86
Moutinho, Leonardo	P-100	33
Nascimento, Jessica de Brito Ferreira	P-030	60

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Nery, Lídia Freire Abdalla	P-103	12
	P-036	12
	P-050	13
	P-061	16
	P-080	17
	P-049	28
	P-063	28
	P-038	38
	P-051	38
	P-065	39
	P-066	40
	P-072	40
	P-088	41
	P-104	42
	P-074	44
	P-082	51
	P-141	52
	P-146	52
	P-118	72
	P-073	84
	P-051	89
Neufeld, Paulo Murillo	P-161	70
	P-163	70
	P-164	70
	P-166	71
	P-167	71
	P-168	71
Nishimura, Patrícia Yoshie	P-136	86
Nogueira, Joseli Maria da Rocha	P-047	13
	P-128	19
	P-084	60
	P-045	82
Nogueira, Meri Bordignon	P-043	27
Nojosa, Zachary Emanuela	P-062	50
	P-068	54
	P-069	72
Noronha, Elda Pereira	P-087	51
Novello, Eduardo	P-158	34
Nunes, Samanta Aparecida	P-009	54
Ogusku, Mauricio Morishi	P-171	42
Oliveira, Aryadne Sara Cardoso Silva	P-066	40
	P-104	42
Oliveira, Elaine Cristina de	P-010	12
Oliveira, Flávia Harumi Matsuoka Morais de	P-136	86
Oliveira, Isis Giovanna de	P-096	28
Oliveira, José Augusto de	P-107	75
Oliveira, Leonardo Albuquerque Tavares de	P-130	52
Ortiz, Cassio Murilo Damascena	P-015	21
Pacheco, Diego Borges	P-092	83
Panfilio, Carlos Eduardo	P-107	75
Pansica, Sueli Simone	P-151	79
Pansica, Sueli Simone	P-151	91
Paraboni, Marisa Lúcia Romani	P-160	55
	P-169	56

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Paula, Eduarda Carvalho de	P-107	75
Pavan, Priscila Roberta	P-030	60
Pedro, Gabrielle Caldeira	P-136	86
Pedroso, Juliana da Silva	P-152	81
Pedroso, Reginaldo dos Santos	P-005	69
Peixoto, Paula Renata de Castro	P-032	47
	P-013	85
Pelizer, Beatriz Teixeira	P-009	54
Pellizzaro, Luciana	P-086	32
Pena, Régis Murilo Brandão	P-039	74
Pepato, Marco Andrey	P-010	12
Pereira, Janete de Jesus Soares	P-071	50
Pereira, Karla Nunes	P-150	37
Pereira, Maria Aparecida Borges	P-071	50
Pessoa, Gélida de Jesus	P-080	17
	P-074	44
	P-073	84
Pessoa, Nara Diniz Soares	P-088	41
Piccinini, Carolina Xavier Lima	P-125	29
Picheth, Geraldo	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
	P-019	24
	P-028	25
	P-041	26
	P-042	26
	P-043	27
	P-044	27
	P-046	27
Picolli, Monalisa Cássia Mazetto	P-052	13
Pinheiro, Ana Carolina Gomes	P-050	13
	P-049	28
	P-063	28
Pinheiro, Aruanã Joaquim Mateus Costa Rodrigues	P-076	51
Pires, Bruno de Andrade	P-033	81
Pomponet, Thais Morais	P-058	16
Pontes, Mariana Neiva	P-076	51
Póvoa, Helvécio Cardoso Corrêa	P-047	13
Póvoa, Natália Iorio Lopes Pontes	P-047	13
	P-128	19
Prado, Ademir Luiz do	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
Queiroz, Francieli	P-159	32
Ramadan, Débora Ribeiro	P-125	29
	P-122	69
Ramos, Andreza Leão	P-015	21
Rascov, Nicolas Alves	P-128	19
Réa, Rosângela Roginski	P-016	23
	P-028	25
Redante, Ana Júlia	P-158	34

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Rego, Fabiane Gomes de Moraes	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
	P-019	24
	P-028	25
	P-041	26
	P-042	26
	P-043	27
	P-044	27
	P-046	27
Ribas, Bruna Alessandra Marconcine	P-112	61
	P-113	61
	P-114	62
	P-116	64
Ribeiro, Ângela Viana	P-081	33
Ribeiro, Giani Barbosa	P-039	74
Ribeiro, Maria Alice Galvão	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-135	77
	P-139	78
	P-139	89
Ribeiro, Marilene de Fátima Reis	P-071	50
Ribeiro, Michael Santos	P-076	51
Rocha, Camila Ourives Oliveira	P-043	27
Rocha, Laianne Lopes	P-171	42
Rocha, Luana Beatriz	P-015	21
Rocha, Luisa Tajujá	P-040	38
Rocha, Mateus Rodrigo Leopoldino da	P-007	47
Rodrigues, Gabrielly Salomão Barreto	P-081	33
Rodrigues, Luiza Manaut	P-145	46
	P-092	83
Rodrigues, Marcos Henrique Gurgel	P-171	42
Rodrigues, Maria Rita	P-096	28
Romano, Sylvio José Colonna	P-021	24
	P-020	54
Rosignoli Júnior, Jayme	P-033	81
Rotta, Inajara	P-028	25
Rotta, Indianara	P-043	27
Rozo, Ethiane	P-072	40
Ruaro, Lucilene de Lima Rodrigues	P-151	79
	P-151	91
Rui, Fabiana Locatelli	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-135	77
	P-139	78
	P-139	89
Sadahiro, Aya	P-171	42
Sales, Priscila	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-139	78
	P-139	89

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Sallesi, Priscila Mompean	P-135	77
Santos, Aline Maria Meira dos	P-007	47
Santos, Amanda Côrrea dos	P-158	34
Santos, Ana Luiza de Britto	P-159	32
Santos, Anderson Coqueiro dos	P-088	41
Santos, Caroline Fabian dos	P-169	56
Santos, Diego Rodrigues Pena dos	P-082	51
	P-118	72
Santos, Julia Ceolato Moreira dos	P-009	54
Santos, Luiz Carlos Senna Carvalho dos	P-058	16
Santos, Maria Isabel Dias dos	P-033	81
Santos, Stephane da Silva dos	P-076	51
Sari, Marcel Henrique Marcondes	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
	P-019	24
	P-028	25
	P-041	26
	P-042	26
	P-043	27
	P-044	27
	P-046	27
Sarmento, Ana Beatriz de Oliveira	P-081	33
Sausen, Julia Gabriela	P-086	32
Savoldi, Ana Paula	P-052	13
Scaléa, Tamires Ornellas Fuzaro	P-064	82
Schirmer, Tiago Rangel	P-167	71
Schreiner, Genifer Erminda	P-160	55
Scodro, Regiane Bertin de Lima	P-153	20
Segalin, Júlia Trevizan	P-158	34
Sena, Isabella Romeiro de Paula	P-076	51
Sena, Thais Lima de	P-066	40
	P-104	42
Sgardioli, Ilária Cristina	P-088	41
Signorini, Liana	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
Silva Filho, Marcelo Pereira da	P-041	26
Silva, Aline Maria Magalhães da	P-107	75
Silva, Aline Raquel Ferreira	P-071	50
	P-076	51
	P-087	51
	P-092	83
Silva, Carlos Danilo Cardoso Matos	P-081	33
Silva, Daniele Camargo da	P-024	37
Silva, Dayane Fraga da	P-024	37
Silva, Francisco Gabriel Souza da	P-076	51
Silva, Jean Moreira de Oliveira da	P-163	70
	P-164	70
	P-166	71
Silva, Leticia da	P-157	66
Silva, Marcus Vinícius Cardoso Matos	P-081	33
Silva, Matheus Gabriel Brandão da	P-024	37

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Silva, Paula Rothbarth	P-041	26
	P-044	27
	P-046	27
Silva, Roberto Surek Gonçalves da	P-018	23
Silva, Tamiris Domingues Grangeiro	P-152	81
Silveira, Claudio	P-160	55
Silveira, Flávia Maia	P-128	19
Silveira, Vinicius Proença da	P-112	61
	P-114	62
	P-117	66
	P-157	66
	P-113	61
	P-116	64
Silverio, Morgana Guilherme de Castro	P-005	69
Simão, Suellen Cristina Reis	P-107	75
Sipple, Roliane de Oliveira	P-005	69
Siqueira, Lisiane	P-158	34
Siqueira, Thatiani Lopes	P-007	47
Soares, Sabrina Gonçalves Aguiar	P-150	37
Sobral, Nayara de Oliveira Borba	P-126	55
	P-110	86
Sodatti, Jaqueline Leme	P-007	47
Sousa, Daiara Alexandre de	P-068	54
	P-069	72
	P-062	50
Sousa, Gisleine Carolina de	P-145	46
	P-146	52
	P-092	83
Souza Cruz, Júlia Rosental de	P-096	28
Souza, Amanda Matias de	P-032	47
	P-013	85
Souza, Ana Beatriz de	P-032	47
	P-013	85
Souza, Ana Júlia Amorim de	P-005	69
Souza, Ana Paula Nóbrega Teixeira	P-103	12
Souza, Laiane Silva	P-024	37
Souza, Marjuriquelli de	P-105	44
Souza, Nathalia Marçallo Peixoto	P-041	26
	P-043	27
	P-044	27
	P-046	27
Spilmam, Samara Patrícia Teodoro	P-086	32
Staggemeier, Andressa	P-112	61
	P-113	61
	P-114	62
	P-115	64
	P-116	64
	P-117	66
	P-157	66
Sudré, Rayene da Silva	P-084	60
	P-045	82
Tavares, Isabella Morais	P-165	29
Teixeira, Júlio Cesar	P-106	31
Teleginski, Adriana	P-028	25
	P-019	24

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Torres, Flavio	P-131	76
	P-133	77
	P-134	77
	P-135	77
	P-139	78
	P-139	89
Tubin, Ana Carolina Muller	P-097	85
Tufik, Sergio	P-122	69
Turati, Thais	P-122	69
Utiyama, Alexandre Hiroshi	P-125	29
Valdameri, Glaucio	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
	P-042	26
Valdameri, Vivian Rotuno Moure	P-059	22
	P-016	23
	P-017	23
	P-018	23
	P-042	26
Valentim, Carlos David	P-021	24
	P-020	54
Valverde, Tamires Leite	P-153	20
Vandresen, Fabio	P-153	20
Varela, Amanda Carolina Cole	P-158	34
Varella, Marcia Xavier da Silva	P-046	27
Vasconcelos, Klaucia Rodrigues	P-010	12
Velasco, Lara Franciele Ribeiro	P-051	38
	P-065	39
	P-066	40
	P-072	40
	P-104	42
	P-051	89
Velasquez, Leonardo Garcia	P-165	29
Velasquez, Patrícia Amaral Gurgel	P-086	32
Velasquez, Patrícia Gurgel	P-159	32
Venancio, Dallynne Bárbara Ramos	P-162	42
Versiani, Beatriz Ribeiro	P-038	38
Viana, Adriana de Oliveira Silva	P-021	24
Viana, Adriana de Oliveira Silva	P-020	54
Vicente, Izabela Martins	P-045	82
Vicente, Izabela Martins	P-084	60
Vicente, Regiane Trigueiro	P-084	60
Vicente, Regiane Trigueiro	P-045	82
Vieira, Adriana Rodrigues	P-074	44
Vieira, Andressa Folha	P-051	38
Vieira, Andressa Folha	P-065	39
Vieira, Andressa Folha	P-051	89
Vieira, Samuel Gerson M.	P-122	69
Volanski, Waldemar	P-059	22
Volanski, Waldemar	P-016	23
Volanski, Waldemar	P-017	23
Volanski, Waldemar	P-018	23
Volanski, Waldemar	P-019	24
Volanski, Waldemar	P-028	25
Volanski, Waldemar	P-031	59

Autor/Author	Resumo/Abstract	página/page
Welter, Marciane	P-059	22
Welter, Marciane	P-042	26
Welter, Marciane	P-019	24
Woritivicz, Gabriela Dorigatti	P-149	73
Xavier, Natana Ferreira de Oliveira	P-040	38
Zanfonato, Maria Eduarda Marchesan	P-097	85