SBAC

# RBAC

Revista Brasileira de Análises Clínicas

*Brazilian Journal of Clinical Analyses*

Volume 58 - N° 02 - Supl 01 | Ano 2026

ISSN 2448-3877

51 CBAC Rio

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 58 - Número 2 supl.1 - 2026**
**Edição online - ISSN 2448-3877**

**Editor Emérito/*Emeritus 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 (*in memoriam*)

**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

**Uroanálise e Líquidos Biológicos/*Uroanalysis and Biological Liquids***
Ana Paula Giolo Franz

## 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*

Jorge Luiz Terrão (ES)
Tesoureiro/*Treasurer*

Flávia Martinello (SC)
Tesoureiro Adjunto/*Assistent Treasurer*

**Conselho Fiscal/*Fiscal Board***
***Titulares/Holders***
Cláudio José de Freitas Brandão (BA)
Marcello Ávila Mascarenhas (RS)
Robson Ferreira Ferraz Santos (RJ)

**Suplentes/*Alternates***
Iberê Ferreira da Silva Júnior (MT)
Júlio Cezar Merlin (PR)
Cátia Helena Andrade da Rosa (RS)

**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 2026/2027)

**Presidente**
Dra. Maria Elizabeth Menezes
**Vice-Presidente**
Dr. Marcos Kneip Fleury
**Secretário Geral**
Dr. Juno Damasceno Silva
**Secretário**
Dr. Vanderlei Eustáquio Machado
**Tesoureiro**
Dr. Jorge Luiz Joaquim Terrão
**Tesoureiro Adjunto**
Dra. Flávia Martinello

## CONSELHO FISCAL
**Titulares**
Dr. Cláudio José de Freitas Brandão
Dr. Marcello Ávila Mascarenhas
Dr. Robson Ferreira Ferraz Santos

**Suplentes**
Dr. Iberê Ferreira da Silva Júnior
Dr. Júlio Cezar Merlin
Dra. Cátia Helena Andrade da Rosa

## 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
**Coordenadora de Publicações**
Dra. Mauren Isfer Anghebem
**Coordenador de Congressos**
Dr. Marcos Kneip Fleury

## 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. Mauren Isfer Anghebem
**Tecnologia da Informação e Inteligência Artificial**
Dr. Humberto Marques Tibúrcio

## PRESIDENTE DO 51° CBAC
Dr. José Abol Corrêa

## COMISSÃO CIENTÍFICA DO 51° CBAC

- Marcos Kneip Fleury – **Coordenador**
- Alceu de O. Toledo Junior
- Alverne Passos Barbosa
- Antonio Walter Ferreira
- Fabrício Souza Campos
- Flávia Martinello
- Francisco Edison Pacifici Guimarães
- Gilcilene Maria dos Santos
- José Abol Corrêa
- Julio Cezar Merlin
- Lenilza Matos Lima
- Luiz Fernando Barcelos
- Maria Elizabeth Menezes
- Mauren Isfer Anghebem-Oliveira
- Paulo Murillo Neufeld
- Paulo Roberto Merisio
- Pedro Alves d'Azevedo
- Rafael Noal Moresco
- Valdiery Silva de Araújo

## PALESTRANTES DO 51° CBAC

- Alceu de Oliveira Toledo Jr
- Alda Maria da Cruz
- Alexandre Maçada Andrade
- Alverne Passos Barbosa
- Amadeo Sáez-Alquezar
- Ana Paula Giolo Franz
- André Mario Doi
- Andréa Piazza
- Angela Medeiros Ribeiro Thofehrn
- Antônio Walter Ferreira
- Armando Alves da Fonseca
- Beatriz Coronato Nunes
- Berlley Silva Meira
- Camila Malta Romano
- Carlos Filipe Massoni Garcia
- Carlos Nyander Theiss
- Carlos Reolon
- Carolina Lázari
- Celso Hernandes Granato
- Cesar Higa Nomura
- Claudio José de Freitas Brandão
- Cristina Bertolino
- Cristóvão Luis Pitangueira
- Mangueira
- Dávson Aguilar Guimarães
- Débora Raymundo Melecchi
- Délio Janones Ciriaco de Oliveira
- Edgar Garcez
- Eduardo Paranhos
- Fabiane Gomes de Moraes Rego
- Fabiano Lacerda Carvalho
- Fábio José Basílio
- Fabrício Souza Campos
- Felipe Piedade Gonçalves Neves
- Fernando Barcelos Rosito
- Frederico Oliveira
- Fulvio Facco
- Gilcilene Maria dos Santos
- Guilherme Ferreira de Oliveira
- Gustavo Carvalho de Castro
- Helder Takashi Imoto Nakaya
- Humberto Façanha da Costa Filho
- Humberto Marques Tibúrcio
- Isabeth Gonçalves Silveira
- Itamar Bento Claro
- Jordana Rosati Colares Machado
- Jorge Luiz Joaquim Terrão
- Jorge Luiz Mello Sampaio
- José Robson Venturim
- Júlio Cezar Merlin
- Kleber Zumiotti
- Leandro Matos
- Lenira da Silva Costa
- Lenilza Mattos Lima
- Lucia Martins Teixeira
- Luiz Fernando Barcelos
- Luiz Henrique dos Santos
- Mara Cristina Scheffer

- Marcelo Pillonetto
- Marcos André Cavalcanti Bezerra
- Marcos Kneip Fleury
- Maria Elizabeth Menezes
- Maria Fantinatti Fernandes da Silva
- Mariléia Scartezini
- Mario Plebani
- Martha Cecilia Suàrez Mutis
- Mauren Isfer Anghebem
- Maurício Chiodini
- Mikaella Felix Formiga
- Milena Santana Cabral
- Nathielli Nayara Pauleti
- Orildo dos Santos Pereira
- Paola Cristina Resende
- Patrick Lourenço Menezes
- Paulo Murillo Neufeld
- Paulo Roberto Merísio
- Pedro Alves d'Azevedo
- Pedro Eduardo Almeida da Silva
- Pedro Fernandez Del Peloso
- Pedro Reimão Nogueira Jorge
- Pedro Westphalen
- Rafael Noal Moresco
- Raissa Nunes
- Renata Tigulini
- Ricardo Brito de Oliveira Junior
- Ricardo Luiz Dantas Machado
- Roberto Joji Kimura
- Robson Ferreira Ferraz Santos
- Rodrigo Cunha Dias
- Saulo Almeida de Menezes
- Sidnei Silva
- Silvio Roberto Foletto
- Thiago de Melo Costa Pereira
- Thiago de Souza Cruz
- Thiago Ruan de Lima Alcântara
- Thomas Cardoso Chagas-Neto
- Tomris Ozben
- Ulisses Gazos Lopes
- Valdiery Silva de Araújo
- Wander Marcelo Lorencin

# Palavra da **Presidente** da SBAC



Maria Elizabeth Menezes, *PhD*

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

É com grande alegria que dou as boas-vindas a todos ao 51º Congresso Brasileiro de Análises Clínicas. Mais uma vez, a comunidade laboratorial brasileira se reúne para compartilhar conhecimento, fortalecer conexões, discutir desafios e construir soluções que contribuam para o avanço do diagnóstico laboratorial e da assistência à saúde em nosso país.

O CBAC consolidou-se como o principal encontro científico das análises clínicas no Brasil e, nesta edição, reafirma seu compromisso com a excelência técnica, a inovação e a valorização dos profissionais que atuam diariamente na promoção da saúde da população. Ao longo dos próximos dias, teremos a oportunidade de participar de uma programação científica cuidadosamente elaborada, reunindo especialistas nacionais e internacionais, pesquisadores, gestores e lideranças do setor.

O tema que orienta esta edição, "Diagnóstico Laboratorial na Era da Saúde 5.0", reflete um momento de profunda transformação para nossa área. Vivemos uma época em que novas tecnologias, especialmente a Inteligência Artificial, ampliam nossa capacidade de gerar resultados mais precisos, seguros, ágeis e padronizados. Mais do que uma tendência, trata-se de uma ferramenta estratégica para fortalecer a qualidade dos serviços laboratoriais e contribuir para a sustentabilidade dos pequenos e médios laboratórios, que representam a base da medicina diagnóstica em grande parte do território nacional.

Nesse contexto, teremos a honra de receber um dos maiores especialistas mundiais no tema, o Professor Mario Plebani, referência internacional em qualidade diagnóstica e segurança do paciente. Sua participação, com a conferência magna sobre a aplicação da Inteligência Artificial na fase préanalítica, representa uma oportunidade única para que os congressistas conheçam experiências, evidências e perspectivas que já estão transformando os serviços laboratoriais em diferentes partes do mundo.

Também teremos o privilégio de receber, nesta edição, a professora Dra. Tomris Ozben, presidente da Federação Internacional de Química Clínica e Medicina Laboratorial (IFCC), da qual a SBAC é sócia desde 1974. Sua palestra trará as perspectivas mais atualizadas sobre o uso da tecnologia para o diagnóstico e o cuidado personalizado do paciente, com foco nas doenças oncológicas.

A presidente da IFCC participará, ainda, de reuniões estratégicas com a diretoria da SBAC, como fruto do relacionamento cada vez mais sólido e produtivo entre as duas instituições, ambas comprometidas com a excelência do diagnóstico laboratorial e com o potencial de amplificar o impacto da aplicação do conhecimento técnico-científico nas bancadas dos laboratórios.

Ao mesmo tempo em que discutimos o futuro, também celebramos conquistas concretas alcançadas pela mobilização da nossa comunidade. No ano passado, este congresso foi palco de importantes debates sobre a necessidade de uma Política Nacional de Diagnóstico Laboratorial. Hoje, temos a satisfação de acompanhar a evolução dessa iniciativa, idealizada e liderada pela SBAC, que avançou para o campo legislativo por meio do Projeto de Lei nº 5478/2025.

Recentemente, o Colégio de Líderes da Câmara dos Deputados aprovou, por unanimidade, o regime de urgência para sua votação, colocando a proposta entre as prioridades da pauta legislativa. Trata-se de um passo histórico para o reconhecimento do papel estratégico do diagnóstico laboratorial na promoção da saúde, na prevenção de doenças, na detecção precoce de agravos e na qualificação da assistência prestada à população brasileira.

Acreditamos que a implementação da Política Nacional de Diagnóstico Laboratorial representará um marco para o fortalecimento dos serviços laboratoriais em todo o país, contribuindo para ampliar o acesso da população aos exames, promover maior integração com as políticas públicas de saúde e assegurar melhores condições de sustentabilidade para os pequenos e médios laboratórios.

Ao lado dessas discussões estratégicas, o 51º CBAC mantém sua essência: ser um ambiente de aprendizado, atualização científica, intercâmbio de experiências e fortalecimento profissional. Conferências, mesas-redondas, cursos, workshops, encontros com especialistas, apresentações de trabalhos científicos e momentos de networking proporcionarão uma experiência rica e transformadora para todos os participantes.

Agradeço a presença de cada congressista, palestrante, expositor e parceiro institucional que contribui para o sucesso deste evento. É graças ao comprometimento de todos que a SBAC segue cumprindo sua missão de defender, fortalecer e valorizar as análises clínicas brasileiras.

Desejo a todos um excelente congresso e que estes dias sejam inspiradores, produtivos e capazes de renovar nossa confiança no futuro da medicina diagnóstica.

**Sejam todos muito bem-vindos!**

**Dra. Maria Elizabeth Menezes**

Presidente da SBAC

# Palavra do Presidente do 51º CBAC



Dr. José Abol Corrêa

**Prezados Colegas e Congressistas,**

É com profunda emoção e renovado entusiasmo que assumo a Presidência do 51º Congresso Brasileiro de Análises Clínicas (CBAC). Recebo esta indicação da Diretoria da SBAC não apenas como um cargo, mas como uma das mais significativas homenagens de minha trajetória profissional – um reconhecimento que me permite revisitar a história que construímos juntos.

Ao longo de décadas, tive a honra de presidir conclaves que moldaram o destino da nossa especialidade no Brasil e no mundo. Desde o pioneirismo como Presidente do I Congresso Brasileiro de Análises Clínicas em São Paulo (1971), passando pela histórica tríplice jornada em 1984 no Rio de Janeiro – onde presidi simultaneamente o XII International Congress of Clinical Chemistry (IFCC), o VII Congresso Latino-americano de Bioquímica Clínica (COLABIOCLI) e o XII CBAC – até o nosso XXX Congresso Brasileiro em 2003, cada evento foi um degrau na consolidação da excelência laboratorial brasileira.

Minha dedicação à fundação e crescimento da nossa Sociedade e à criação do Programa Nacional de Controle de Qualidade (PNCQ) sempre foi movida por uma única certeza: a de que a análise clínica é o pilar mestre da decisão dos laudos médicos e da segurança do paciente.

Ver o PNCQ e a SBAC florescerem como referências internacionais é a realização de um sonho compartilhado com tantos colegas.

Neste 51º Congresso, celebramos a longevidade de uma instituição que se mantém na vanguarda.

Convido cada um de vocês a participar deste momento de intercâmbio científico e reencontro, onde honramos o passado para projetar um futuro ainda com mais qualidade, tecnologia e ética.

**Sejam muito bem-vindos ao 51º CBAC!**

**Dr. José Abol Corrêa**

Presidente do 51º Congresso Brasileiro de Análises Clínicas

# Sumário

## PÔSTERES


### BACTERIOLOGIA CLÍNICA
P-017, P-039, P-041 ..... 13
P-042, P-081, P-088 ..... 14
P-109, P-159, P-161 ..... 15

### BIOESTATÍSTICA E BIOINFORMÁTICA
P-050, P-127 ..... 16
P-165 ..... 17

### BIOQUÍMICA CLÍNICA
P-018, P-036 ..... 19
P-048 ..... 21
P-125, P-129 ..... 22
P-136 ..... 23
P-142, P-163 ..... 24

### BIOSSEGURANÇA E SAÚDE OCUPACIONAL
P-096 ..... 25

### CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO
P-073 ..... 27
P-093, P-107 ..... 29
P-134 ..... 31
P-167 ..... 32

### CIÊNCIAS FORENSES
P-092 ..... 34

### CITOLOGIA CLÍNICA
P-040, P-086 ..... 36
P-124, P-137 ..... 37

### DIAGNÓSTICO LABORATORIAL BASEADO EM EVIDÊNCIA
P-051, P-066 ..... 38
P-069, P-070, P-095 ..... 39
P-112, P-160 ..... 41

### ENDOCRINOLOGIA E METABOLOGIA
P-054, P-055 ..... 43
P-063 ..... 44

### ENSINO EM SAÚDE, ANÁLISES CLÍNICAS E EDUCAÇÃO CONTINUADA
P-003 ..... 45
P-015 ..... 47
P-044 ..... 48
P-076, P-079 ..... 49

### GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR
P-087 ..... 50
P-106 ..... 52

### GESTÃO LABORATORIAL
P-058, P-062 ..... 53
P-064, P-065 ..... 55
P-067 ..... 56
P-077 ..... 58
P-105, P-115, P-128 ..... 60

### HEMATOLOGIA CLÍNICA E IMUNOHEMATOLOGIA
P-074 ..... 62
P-083 ..... 63
P-149, P-153 ..... 64
P-158 ..... 65

### IMUNOLOGIA CLÍNICA
P-001, P-020 ..... 65
P-021, P-022, P-025 ..... 66
P-030, P-052 ..... 67
P-068, P-082 ..... 68

### MEDICINA VETERINÁRIA LABORATORIAL/ PATOLOGIA CLÍNICA VETERINÁRIA
P-037, P-075 ..... 70
P-084 ..... 71
P-090 ..... 73

### MICOLOGIA CLÍNICA E MICOTOXICOLOGIA
P-016, P-019 ..... 74
P-038, P-049, P-060 ..... 75
P-156 ..... 76

### PARASITOLOGIA CLÍNICA E IMUNOPARASITOLOGIA
P-164, P-166 ..... 77

# Sumário


QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS
P-059 ..... 80
P-072 ..... 81
P-085, P-089, P-116 ..... 82
P-151, P-157 ..... 84

SAÚDE PÚBLICA E VIGILÂNCIA EM SAÚDE E AMBIENTAL
P-002 ..... 86
P-010 ..... 87
P-013, P-024, P-026 ..... 88
P-027, P-032, P-033 ..... 89
P-034, P-035, P-043, P-045 ..... 90
P-046, P-056 ..... 91
P-057, P-094, P-114 ..... 92
P-141 ..... 93

TOXICOLOGIA CLÍNICA
P-031, P-168 ..... 93

VIROLOGIA CLÍNICA
P-152 ..... 95

COMUNICAÇÃO ORAL
QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS
P-011 ..... 78

CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO
P-023 ..... 26

GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR
P-100 ..... 50

GESTÃO LABORATORIAL
P-104 ..... 58

PREMIAÇÃO
PRÊMIO MATHEUS MANDU
SAÚDE PÚBLICA E VIGILÂNCIA EM SAÚDE E AMBIENTAL
P-002 ..... 98

PRÊMIO SBAC
IMUNOLOGIA CLÍNICA
P-082 ..... 100

PRÊMIO PNCQ
CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO
P-107 ..... 102

# TEMAS LIVRES / RESUMOS

# Pôsteres e Comunicação Oral

## ÁREA: BACTERIOLOGIA CLÍNICA

### P-017

### Prevalência de *Staphylococcus* coagulase negativa e *Staphylococcus aureus* resistentes à meticilina em hemoculturas de pacientes hospitalizados

Lara Ferreira Cassemiro[1], Patrícia Guedes Garcia[2], Caio Barbosa Teodoro[2], Stefhany Caroliny Augusto Ferraz[2], Fernanda Aparecida Oliveira Alves[3], Maria de Lourdes Junqueira[3], Laura Lavorato Soldati[1]

*[1]Hospital Universitário da Universidade Federal de Juiz de Fora; [2]Departamento de Ciências Farmacêuticas da Faculdade de Farmácia da Universidade; [3]Hospital Universitário de Juiz de Fora; [1]Hospital Universitário da Universidade Federal de Juiz de Fora*

**Introdução:** As infecções da corrente sanguínea estão associadas a elevada morbimortalidade, sendo frequentemente causadas por microrganismos do gênero *Staphylococcus*, especialmente *Staphylococcus aureus*. Por outro lado, os estafilococos coagulase-negativa (SCN) são comumente isolados em hemoculturas, sendo frequentemente associados à contaminação, embora possam atuar como patógenos oportunistas em situações específicas. A resistência à meticilina, particularmente em cepas de *S. aureus*, representa um importante desafio terapêutico no ambiente hospitalar. **Objetivos**: Determinar a prevalência de SCN e de *Staphylococcus aureus* resistentes à meticilina (MRSA) em hemoculturas de pacientes hospitalizados em um hospital de ensino na cidade de Juiz de Fora, MG. **Metodologia:** Trata-se de um estudo descritivo, observacional e transversal, realizado por meio da coleta de dados de hemoculturas a partir de registros laboratoriais, no período de janeiro a dezembro de 2024. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos (parecer nº 6.034.608). **Resultados e Discussão:** Foram analisadas 1.422 hemoculturas, das quais 154 (10,83%) apresentaram crescimento de SCN e 44 (3,1%) de *Staphylococcus aureus*. Entre os isolados de *S. aureus*, 36 (81,81%) foram caracterizados como resistentes à meticilina (MRSA). A elevada frequência de SCN sugere possível contaminação durante a coleta, ressaltando a importância de práticas adequadas de antissepsia e da interpretação criteriosa dos resultados laboratoriais. Por outro lado, a alta proporção de MRSA entre os *S. aureus* isolados, evidencia um cenário preocupante de resistência antimicrobiana, com impacto direto nas opções terapêuticas e no manejo clínico dos pacientes. **Conclusão:** Os achados demonstram elevada frequência de SCN em hemoculturas, possivelmente associada à contaminação, além de alta prevalência de MRSA entre os isolados de *S. aureus*. Esses resultados reforçam a necessidade de aprimoramento nas práticas de coleta e de vigilância contínua da resistência antimicrobiana no ambiente hospitalar.

**Palavras-chave:** Staphylococcus aureus resistente à meticilina, Hemocultura, Infecção da Corrente Sanguínea

### P-039

### Vaginose bacteriana: um estudo comparativo entre mulheres em idade fértil e pós-menopausa em UBS

Luísa Schon[1], Gabriely Diduch Meurer[1], Maria Eduarda Leal dos Santos[1], Valéria Pacheco Cavallin[2], Heloisa Gonçalves Kawiatkowski[3], Marcos Ereno Auler[3]

*[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná (UNICENTRO); [2]Uniguairacá Centro Universitário; [3]Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná (UNICENTRO)*

**Introdução:** A vaginose bacteriana é uma alteração da microbiota vaginal caracterizada pela redução de lactobacilos e proliferação de microrganismos anaeróbios, principalmente *Gardnerella* sp. e *Mobiluncus* sp. Trata-se de uma das infecções vaginais mais frequentes em mulheres, podendo causar sintomas vaginais, embora parte das pacientes permaneça assintomática. A ocorrência da vaginose bacteriana pode variar conforme fatores hormonais e faixa etária, sendo mais comum em mulheres em idade fértil. **Objetivo:** Analisar a prevalência de vaginose bacteriana em mulheres atendidas em Unidades Básicas de Saúde do município de Guarapuava-PR, correlacionando os casos positivos com faixa etária e presença de manifestações clínicas. **Métodos:** Realizou-se um estudo observacional transversal com análise de exames de secreção vaginal de pacientes atendidas em Unidades Básicas de Saúde. O banco de dados foi composto por 465 pacientes. As amostras foram submetidas à coloração de *Gram* e analisadas em microscopia óptica com aumento de 1000x. Foram considerados positivos os casos com presença de *Gardnerella* sp. e/ou *Mobiluncus* sp. O projeto possui aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa sob CAAE: 69961523.7.0000.0106. **Resultados e Discussão:** Dos 465 exames analisados, 117 (25,2%) apresentaram positividade para vaginose bacteriana. Entre os casos positivos, 81 (69,2%) ocorreram em mulheres em idade fértil e 36 (30,8%) em mulheres na pós-menopausa. Em relação às manifestações clínicas, 87 (74,4%) pacientes apresentaram sinais e sintomas clínicos, enquanto 30 (25,6%) não apresentaram. A maior prevalência em mulheres em idade fértil pode estar relacionada às variações hormonais e às alterações da microbiota vaginal características desse período. **Conclusão:** Os resultados demonstram elevada frequência de vaginose bacteriana na população analisada, especialmente em mulheres em idade fértil, ressaltando a importância do diagnóstico laboratorial associado à avaliação clínica para identificação e acompanhamento adequado das pacientes.

**Palavras-chave:** Vaginose bacteriana, Microbiota vaginal, Domínio

### P-041

### Análise dos casos de sífilis adquirida, gestacional e congênita notificados no município de Ponte Nova: uma comparação com dados nacionais e do estado de Minas Gerais

Caroliny Rezende Trani[1], Michel Rodrigues Moreira[1]

*[1]Universidade Federal de Juiz de Fora - Campus Governador Valadares*

**Introdução:** A sífilis é uma infecção sexualmente transmissível causada pela bactéria *Treponema pallidum* e persiste como um importante problema de saúde pública. **Objetivo:** Analisar os casos de sífilis adquirida, gestacional e congênita notificados no município de Ponte Nova (PN) e comparar com dados de Minas Gerais (MG) e do país. **Métodos:** Trata-se de um estudo observacional, retrospectivo, a partir de informações obtidas do Sistema de Informação de Agravos de Notificação, considerando o período de janeiro/2010 a dezembro/2024 e aspectos como faixa etária, raça, sexo, escolaridade, critério usado para o diagnóstico, evolução da doença, classificação clínica das gestantes infectadas e realização de pré-natal. **Resultados e Discussão:** Foram notificados 1.538.521 casos de sífilis adquirida no Brasil (BR), 136.788 em MG e 212 em PN, afetando 0,76%, 0,67% e 0,37% da população, respectivamente, principalmente jovens, da raça parda e com ensino médio completo. Em PN os sexos masculino e feminino foram igualmente afetados, entretanto, em MG e no país o sexo masculino foi o mais afetado. Homens e jovens apresentam maior número de parceiros, relações sexuais mais frequentes e menor adesão ao uso de preservativos. O critério laboratorial foi o mais usado para o diagnóstico e maioria dos casos evoluiu para cura, nas três esferas avaliadas. A maioria das gestantes foi diagnosticada com sífilis primária em PN e MG e latente no BR. Conhecer a classificação clínica da sífilis é vital para a adoção da terapêutica adequada. Os casos congênitos foram diagnosticados, predominantemente, até o sexto dia de vida e a maioria das mães realizou o pré-natal, momento em que receberam o diagnóstico, entretanto, a falta de tratamento é o principal determinante da transmissão da infecção via transplacentária. **Conclusão:** Investir em prevenção, educação sexual e acompanhamento clínico é fundamental para reduzir a transmissão e as complicações da sífilis, contribuindo para seu controle.

**Palavras-chave:** Sífilis, Treponema pallidum, Sistemas de Informação em Saúde

## P-042

### Avaliação dos casos notificados de tuberculose no município de Governador Valadares, no âmbito nacional e do estado de Minas Gerais

Kíssylla Emilly Santos Azevedo[1], Michel Rodrigues Moreira[1]

[1]*Universidade Federal de Juiz de Fora - Campus Governador Valadares*

**Introdução:** A tuberculose representa um problema de saúde pública mundial, sendo particularmente grave no Brasil (BR). **Objetivo:** Realizar uma análise da distribuição epidemiológica dos casos notificados de tuberculose em Governador Valadares (GV) e comparar com dados nacionais e do estado de Minas Gerais (MG). **Métodos:** Foi realizado um estudo observacional, retrospectivo, a partir de dados obtidos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação com intuito de obter informações do período de janeiro de 2001 a dezembro de 2022. **Resultados e Discussão:** A tuberculose é uma doença frequente, com 1.967.733 casos notificados no BR no período avaliado, sendo 101.281 em MG e 2.969 em GV, afetando 0,97%, 0,49% e 1,15%, da população, respectivamente. É mais prevalente no sexo masculino, em idade economicamente ativa, na raça parda, em indivíduos com baixa escolaridade, residentes em regiões urbanas e em situação de vulnerabilidade social. Um número considerável de casos ocorreu entre pacientes soropositivos para HIV, diabéticos e naqueles com doenças mentais, sendo a forma exclusivamente pulmonar da doença a mais frequente. A maior parte dos casos apresentou confirmação laboratorial e a baciloscopia do escarro foi a técnica mais usada. Apesar da maioria dos casos ter evoluído para cura, o abandono do tratamento é uma realidade preocupante, em especial considerando-se os portadores de cepas resistentes. A taxa de óbitos por tuberculose em GV (5,9%) foi significativamente mais elevada que no BR (2,8%) e em MG (3,1%). Baixa escolaridade, famílias com três ou mais pessoas por dormitório e ausência de benefícios governamentais estão associados com pior prognóstico. **Conclusão:** O caráter endêmico da tuberculose reforça a necessidade de ações de saúde pública que promovam a prevenção do contágio, voltada principalmente aos grupos de risco, e o acompanhamento dos pacientes, a fim de garantir a completude do tratamento e evitar a transmissão de cepas resistentes.

**Palavras-chave:** Tuberculose, Mycobacterium tuberculosis, Sistemas de Informação em Saúde

## P-081

### Perfil de positividade do teste de Hansen 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[1], Isabela de Oliveira Moura[1], Cyra Mesquita de Araujo[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** A hanseníase é uma doença infecciosa, contagiosa, de evolução crônica, que afeta os nervos e a pele, causada pelo *Mycobacterium leprae*. Associada a desigualdades sociais, afeta principalmente as regiões mais carentes do mundo, como **Ásia, África e América do Sul. A** transmissão é através das vias aéreas superiores de pacientes com a forma infectante. Os principais sintomas da hanseníase são parestesias, com alteração da sensibilidade e diminuição da força muscular. **Objetivos:** O objetivo deste estudo foi verificar o perfil de positividade do teste de Hansen numa população atendida em um laboratório de análises clínicas. **Métodos:** Com dispensa de tramitação no sistema CEP/CONEP, os resultados dos testes de Hansen, foram obtidos do banco de dados de 2024 a 2025, sem identificação individual. As amostras foram de raspado intradérmico ou linfa dos cotovelos, lóbulos das orelhas e lesões, identificadas pela coloração de Ziehl Neelsen a frio. **Resultados e Discussão:** Foram avaliados 86 resultados de baciloscopia, sendo 43,0% positivos e 57,0% negativos. Dentre os positivos, 92% de raspado intradérmico e 8% linfa, com 75,7% gênero masculino e 24,3% feminino. A positividade foi quantificada pelo Índice Baciloscópico (IB), escala de Ridley, que avalia a quantidade de *bacilos,* usando uma escala logarítmica de 0 a 6+. Os dados obtidos mostraram um perfil de 57% com IB entre 3,0 e 6,0 e 43% entre 0,25 e 2,75. **Conclusão:** Nos resultados obtidos a maioria dos pacientes apresentou **alta positividade (multibacilar)**. Os testes avaliados foram provenientes de regiões periféricas, corroborando com dados de literatura em que no Brasil, a doença está espalhada, porém, com maior concentração nas regiões Norte, Centro-Oeste e Nordeste. Além disto, os achados evidenciaram superioridade da amostra de raspado intradérmico comparado à linfa. **Palavras-chave:** H*ansen;* Multibacilar; Raspado intradérmico.

**Palavras-chave:** Hansen, Multibacilar, Raspado intradérmico

## P-088

### Perfil de resistência antimicrobiana em culturas de vigilância de pacientes internados em uma UTI em Palmas, Tocantins

Vanessa Belarmino Pinto[1], Patrícia Cavalcante Araujo França[1], Nayara de Oliveria Borba Sobral[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1], Daniel Oliveira Torres[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** As Unidades de Terapia Intensiva (UTIs) concentram pacientes em estado crítico, frequentemente submetidos a procedimentos invasivos e ao uso prolongado de antimicrobianos, o que aumenta o risco de colonização por microrganismos multirresistentes (MMRs). A cultura de vigilância nasal e retal permite identificar precocemente esses patógenos, mesmo antes do surgimento de infecções, viabilizando medidas de contenção e prevenção, em conformidade com as políticas de segurança do paciente e controle de infecções (IRAS). **Objetivo:** Analisar o perfil de resistência antimicrobiana em culturas de vigilância de pacientes internados em uma UTI em Palmas, Tocantins, no ano de 20256. **Métodos:** Foram analisadas 146 culturas de vigilância, sendo 99 de origem retal, 44 nasais e 3 de outros sítios, coletadas entre janeiro e abril de 2026. Os dados foram extraídos de sistema laboratorial e anonimizados, com dispensa de tramitação do sistema CEP/CONEP (Art.1º, item V, Resolução 510/2016). **Resultados e Discussão:** Das 146 amostras, 47 (32,2%) foram positivas para MMRs e 99 (67,8%) negativas. Entre os microrganismos identificados, destacaram-se *Klebsiella pneumoniae* produtoras de carbapenemases (40,4%), sendo 57,1% produtoras de metalo-β-lactamase (MBL) e 42,8% KPC. Também foram identificados *Enterococcus sp*. resistentes à vancomicina (23,4%), Acinetobacter baumannii resistentes aos carbapenêmicos (12,8%) e *Staphylococcus aureus* resistentes à meticilina (8,5%). Apesar da circulação de enterobactérias multirresistentes, a predominância de culturas negativas indica controle epidemiológico eficaz. **Conclusão:** A elevada taxa de negatividade indica controle epidemiológico eficaz, reforçando a importância da vigilância e dos protocolos de barreira na prevenção de surtos. Apesar da presença de *Klebsiella pneumoniae*, o perfil de resistência permanece estável, sem evidências de disseminação. A identificação precoce de MMRs, aliada a protocolos rigorosos, contribui para prevenção de surtos e promoção da segurança do paciente, ressaltando a importância da vigilância contínua em UTIs.

**Palavras-chave:** Cultura de vigilância, microrganismos multirresistentes, segurança do paciente

## P-109

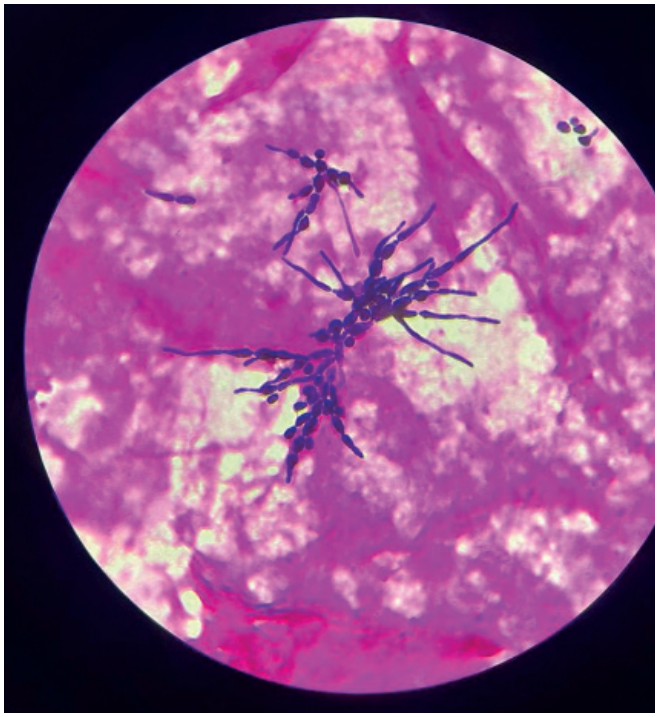
### Leveduras em coloração de Gram

Saulo Luis Neiva Costa Valente[1], Thiago Tonha Fernandes[1], Wemerson Silva do Nascimento[1], Marcus Vinicius Fernandes Caixeta[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Henrique Borges Kappel[1]

*[1]Sabin Diagnostico e Saúde*

**Discussão**. As leveduras são fungos unicelulares frequentemente identificados em amostras clínicas pela coloração de Gram, uma técnica de coloração diferencial amplamente utilizada em microbiologia para identificação e classificação inicial de microrganismos com base na composição da parede celular. Algumas espécies de levedura podem exibir brotamento único ou múltiplo e formação de pseudohifas, características muito importantes para diferenciação morfológica inicial. A visualização microscópica de leveduras em esfregaços de material biológico, representa ferramenta diagnóstica relevante na investigação de infecções fúngicas, especialmente em pacientes imunocomprometidos, usuários de antimicrobianos de amplo espectro ou portadores de dispositivos invasivos. A análise microscópica direta permite rápida suspeita diagnóstica e direcionamento para exames complementares e terapêutica antifúngica adequada. **Métodos**. O esfregaço microbiológico foi confeccionado a partir de amostra clínica submetida à coloração de Gram pelo método convencional. Após secagem, as lâminas foram analisadas em microscopia óptica sob aumento de 1000x com óleo de imersão. As imagens foram obtidas com iPhone 16 acoplado ao microscópio óptico modelo Nikon eclipse E200.**Legenda**. A imagem demonstra levedura corada em roxo pelo Gram com morfologia em brotamento e formação de pseudohifas.

**Palavras-chave:** Levedura, Pseudo-hifas, Bacteriologia



## P-159

### Perfil microbiológico de uroculturas de pacientes ambulatoriais em um laboratório privado de Belém, Pará no ano de 2025

Daniel Oliveira Torres[1], Lívia Ribeiro Vieira Lima[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1], Caio Breno Gomes Vinente[1], Caroline de Cássia Oliveira Pinto[1], Izaura Cristina dos Santos Souza[1], Renata Costa Braga[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**: A infecção do trato urinário é uma das infecções mais frequentemente discutidas na prática clínica, o diagnóstico microbiológico através de uroculturas é imprescindível para identificação e monitoramento dos principais agentes etiológicos, auxiliando na escolha terapêutica, principalmente por grande aumento de resistências bacterianas. **Objetivo**: Identificar e quantificar os microrganismos, faixa etária e sexo mais acometido afim de contribuir para o conhecimento epidemiológico local e melhoramento do manejo clínico. **Métodos**: Foram analisadas 582 uroculturas positivas, coletadas de um de bancos de dados que constavam pacientes ambulatoriais em uma retrospectiva do ano de 2025. Este artigo dispensou submissão ao CEP. **Resultados e discussão**: Do total de amostras analisadas o estudo encontrou a seguinte distribuição de microrganismos no ranking*:* 1º *Escherichia coli*,: 67,01%, 2º *Klebsiella pneumoniae*: 12,37%, 3º *Enterococcus faecalis*,: 5,84%, 4º *Pseudomonas aeruginosa*: 4,30%, 5º *Streptococcus agalactiae*: 2,41%, 6º Demais bactérias distribuídas em gram-negativas e gram-positivas: 8,07 %. Na análise também foi possível identificar que a maioria dos casos envolveu mulheres cerca de 86,43% e a faixa etária mais acometida sendo 50 anos ou mais. **Conclusão**: Os bacilos gram-negativos foram os principais agentes etiológicos das infecções urinárias e a bactéria com mais incidência na população estudada foi *Escherichia coli*, infectando especialmente mulheres com 50 anos ou mais. Os resultados evidenciam a importância de medidas terapêuticas e preventivas adequadas, com o intuito de evitar possíveis complicações que interfiram na qualidade de vida da população.

**Palavras-chave:** Infecção do trato urinário, Urocultura, Resistência bacteriana

## P-161

### Vigilância laboratorial do *Streptococcus* do grupo B em gestantes: prevalência e susceptibilidade antimicrobiana em hospital militar

Leandro Figueira Reis de Sá[1], Carla Ormundo Gonçalves Ximenes Lima[1], Cesar Medeiros de Lima[1], Ruane Marques Martins Santos[1], Orlando Carlos da Conceição Neto[1,2]

*[1]Hospital Central da Aeronáutica, [2]Instituto de Educação Médica - IDOMED*

**Introdução:** O *Streptococcus agalactiae* (*Streptococcus* beta-hemolítico do grupo B) é um dos principais agentes de infecção perinatal, podendo causar sepse, pneumonia e meningite neonatal por transmissão vertical durante o parto. A triagem universal em gestantes por meio do swab anovaginal é recomendada para identificação de portadoras e instituição de quimioprofilaxia intraparto. **Objetivos:** Determinar a taxa de positividade da pesquisa de *Streptococcus* beta-hemolítico em amostras de swab anovaginal de gestantes, estratificando os resultados por ano e faixa etária, e caracterizar o perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos das cepas de *S. agalactiae* isoladas. **Métodos:** Trata-se de um estudo descritivo e retrospectivo que analisou 688 amostras de gestantes atendidas em hospital militar do Rio de Janeiro entre janeiro de 2024 e abril de 2026. As amostras foram semeadas em meio cromogênico seletivo. A identificação e o teste de susceptibilidade aos antimicrobianos foram realizados pelo sistema

Vitek2. **Resultados e Discussão:** Foram identificadas 19 amostras positivas, com positividade global de 2,8%. A positividade anual foi de 1,0% (2024), 4,7% (2025) e 3,4% (janeiro a abril de 2026). A maior taxa proporcional foi observada em gestantes de 15-19 anos (5,9%), seguida por 30-39 anos (3,5%), 40-49 anos (2,6%) e 20-29 anos (1,5%). Os dados são compatíveis com prevalências descritas no Brasil, e o aumento da positividade em 2025 aponta para a necessidade de vigilância contínua. As 19 cepas de *S. agalactiae* apresentaram sensibilidade plena a daptomicina, linezolida, teicoplanina, tigeciclina, sulfametoxazol/trimetoprima e vancomicina, indicando assim alternativas terapêuticas seguras nos casos de alergia grave. Todas as cepas apresentaram sensibilidade com aumento da dose para levofloxacina, reforçando a importância do antibiograma para orientação terapêutica em pacientes com contraindicação à penicilina. **Conclusão:** A manutenção da triagem sistemática, aliada ao monitoramento do perfil de susceptibilidade local, constitui estratégia essencial para orientar a profilaxia e otimizar a segurança materno-neonatal no contexto hospitalar.

**Palavras-chave:** Streptococcus agalactiae, Gestantes, Resistência antimicrobiana

## ÁREA: BIOESTATÍSTICA E BIOINFORMÁTICA

### P-050

### Avaliação in silico e enzimática de polifenóis naftoquinônicos como moduladores da via PI3K/AKT/mTOR

Vittorio Almir Costa Camillato[1], Caroline Damascena Cardoso[2], Kevllyn da Gama Nunes[1], Marcella Bitiler Gallo[1], Eclair Venturini Filho[3], Sandro José Greco[1], Heberth de Paula[1], Klesia Pirola Madeira[1]

*[1]Universidade Federal do Espírito Santo; [2]UFABC; [3]UNISALES*

**Introdução:** A via PI3K/AKT/mTOR regula proliferação, crescimento e sobrevivência celular, sendo um importante alvo terapêutico em neoplasias devido à sua frequente hiperativação. Nesse contexto, polifenóis naftoquinônicos despertam interesse científico por suas propriedades biológicas e farmacológicas, enquanto a biologia computacional destaca-se como abordagem eficiente para análises preliminares de mecanismos de interações. **Objetivo:** Avaliar o potencial inibitório do polifenol naftoquinônico PM-MORF-SAL sobre a proteína PI3K por meio da integração entre ensaio enzimático, docking molecular e dinâmica molecular (DM). **Métodos:** Foi realizado ensaio enzimático ADP-Glo®, seguindo rigorosamente o protocolo do fabricante, para avaliação da atividade do PM-MORF-SAL sobre a PI3K. Em seguida, o docking molecular foi utilizado para prever a melhor pose do complexo ligante-proteína e analisar as interações formadas. Posteriormente, simulações de DM investigaram a estabilidade estrutural do complexo e das interações intermoleculares em condições fisiológicas. Para isso, foram analisados os parâmetros Root Mean Square Deviation (RMSD), Root Mean Square Fluctuation (RMSF) e mapa de interações. **Resultados e Discussão:** O ensaio enzimático apontou IC50 de 249,2 µM do PM-MORF-SAL sobre a subunidade p110α/p85α da PI3K. O docking revelou interações relevantes, incluindo contatos com os resíduos ASP-823 e VAL-741, semelhantes aos observados para Wortmannin. A DM indicou manutenção das interações ao longo do tempo. Além disso, os gráficos de RMSD e RMSF demonstraram estabilidade conformacional e baixa flutuação dos resíduos do sítio ativo. **Conclusão:** PM-MORF-SAL demonstrou potencial de interação com a PI3K, apresentando perfil parcialmente semelhante ao inibidor Wortmannin. Contudo, o perfil irreversível desse inibidor associa-se a efeitos adversos e baixa seletividade, reforçando o potencial do PM-MORF-SAL para futuras investigações como modulador da via PI3K/AKT/mTOR.

**Palavras-chave:** Docking molecular, Dinâmica molecular, Neoplasia.

### P-127

### Diversidade da microbiota intestinal na Doença de Parkinson: reanálise bioinformática de uma coorte latino-americana

Julia Francisco dos Santos[1], Luciane Prioli Ciapina[1], Vinícius de Rezende Rodovalho[1]

*[1]Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC)*

**Introdução:** Alterações na microbiota intestinal têm sido associadas à fisiopatologia da Doença de Parkinson (DP), especialmente no contexto do eixo intestino-cérebro. Nesse cenário, análises baseadas no sequenciamento do gene rRNA 16S têm contribuído para a identificação de assinaturas microbianas relacionadas à doença. **Objetivo:** Reavaliar dados públicos de sequenciamento 16S rRNA de uma coorte colombiana utilizando pipelines bioinformáticos atualizados e métricas composicionais para aprofundar a caracterização do microbioma intestinal associado à DP. **Metodologia:** Os dados foram obtidos do projeto PRJNA975118, disponível no NCBI SRA,

incluindo 25 pacientes portadores de DP e 25 controles saudáveis, entre 54–58 anos, provenientes da região central da Colômbia. Os participantes foram selecionados considerando ausência de uso recente de antibióticos ou probióticos, distúrbios gastrointestinais, doenças neurológicas ou psiquiátricas e diferenças relevantes nos hábitos alimentares. Os dados de sequenciamento provenientes de amostras fecais foram recuperadas com nf-core/fetchngs v1.12.0 e processadas pelo pipeline nf-core/ampliseq v2.15.0. As análises ecológicas e estatísticas foram conduzidas no ambiente R utilizando os pacotes phyloseq e microViz. **Resultados e Discussão:** Estudos prévios dessa coorte identificaram diferenças significativas na beta-diversidade utilizando métricas UniFrac, porém com baixa variabilidade explicada. No presente estudo, foi empregada a distância Robust Aitchison, considerada mais robusta para dados composicionais de microbioma. Não foram observadas diferenças significativas na alfa-diversidade. Entretanto, a beta-diversidade revelou separação significativa entre pacientes com DP e controles (PERMANOVA: $R^2$ = 0,068; F = 3,52; p = 0,0253). Em nível de filo, indivíduos com DP apresentaram menor abundância de Bacillota e aumento de Verrucomicrobiota. Em nível de família, observou-se redução de Lachnospiraceae e aumento de Akkermansiaceae. **Conclusão:** A reanálise com métricas composicionais robustas permitiu detectar diferenças na estrutura microbiana intestinal associadas à DP, reforçando o potencial de abordagens bioinformáticas atualizadas na identificação de biomarcadores relacionados à doença.

**Palavras-chave:** Doença de Parkinson, Microbiota intestinal, Metagenômica.

## P-165

## Genomic Lakehouse: arquitetura Parquet/DuckDB para análise interativa de coortes de exoma em laboratórios clínicos — validação em 3.202 amostras do 1000 Genomes Project

Pedro Góes Mesquita[1], Anderson Coqueiro dos Santos[1], Amanda Minafra Reys Lamas[1], Nara Diniz Soares Pessoa[1], Ilária Cristina Sgardioli[1], Rosenelle Araújo Benício[1], Lorena de Melo Gama[1], Rafael Henriques Jácomo[1], Lídia Freire de Abdalla Nery[1], Gustavo Barcelos Barra[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

O sequenciamento de exoma completo (Whole Exome Sequencing — WES) consolidou-se como método de primeira linha na investigação de doenças mendelianas raras, câncer hereditário e farmacogenômica. A queda do custo do sequenciamento tornou o WES acessível a laboratórios de médio porte, que hoje produzem dezenas a centenas de exomas mensais. A democratização do sequenciamento impõe, simetricamente, a necessidade de democratizar a camada analítica que sustenta a interpretação de variantes. A análise interativa de coortes de exoma é tradicionalmente realizada sobre o Variant Call Format (VCF) e sua serialização binária BCF, padrões consolidados no ecossistema htslib/bcftools. Apesar de excelentes para intercâmbio e manipulação posicional via índice tabix, esses formatos exibem limitações estruturais quando o objetivo é consultar uma coorte de forma analítica multi-amostra: o modelo linha-por-sítio com amostra-por-coluna dificulta filtros por valor de genótipo, a adição de uma nova amostra exige refusão (re-merge) ou rechamada conjunta com custo proporcional ao tamanho da coorte, e operações agregadas como GROUP BY, contagem de portadores e identificação de variantes solitárias exigem extração para outros formatos. Cada laboratório acumula, em sua rotina, uma coorte populacional local. Para laboratórios brasileiros, essa coorte reflete uma mistura ancestral sub-representada em bancos internacionais (gnomAD, 1000 Genomes Project), enviesados para ancestralidade europeia. Variantes "raras" em bases internacionais podem ser frequentes na população local, alterando a aplicação do critério ACMG/AMP PM2 — análogo genômico dos intervalos de referência laboratoriais. Ferramentas que mantenham esses bancos locais consultáveis com baixa fricção e em hardware comum são, portanto, peça crítica para a interpretação contemporânea de variantes em populações sub-representadas.

**Objetivo**

Avaliar comparativamente o desempenho de uma arquitetura columnar de camada única (lakehouse) baseada em Apache Parquet e DuckDB frente aos formatos tradicionais joint VCF.gz e joint BCF, em consultas analíticas e posicionais sobre coortes de exoma clínico, com validação empírica em 3.202 amostras do 1000 Genomes Project. Como objetivos secundários, foram avaliadas: a compactação em disco das quatro representações de armazenamento, o desempenho de ingestão incremental ao adicionar amostras à coorte, e a equivalência semântica entre consultas SQL e operações equivalentes em bcftools.

**Métodos**

Estudo de benchmark computacional conduzido sobre a coorte pública 1000 Genomes Project NYGC (versão de alta cobertura, 30×), composta por 3.202 indivíduos de 26 superpopulações sequenciados em Illumina NovaSeq 6000 e processados em pipeline GATK joint-genotyped phased. O joint VCF original foi restringido ao painel comercial IDT xGen Exome v2-p10 via bcftools, resultando em 655.208 variantes únicas no exoma para as 3.202 amostras.

Os dados foram materializados em quatro representações para comparação de armazenamento: (i) Parquet per-sample, ingerido em camada DuckDB unificada via read_parquet; (ii) VCF.gz per-sample; (iii) joint VCF.gz indexado por tabix; e (iv) joint BCF. As queries foram executadas em três backends (DuckDB+Parquet, joint VCF.gz, joint BCF). Aplicou-se protocolo iso-content, em que todos os backends receberam o mesmo esquema lógico de 12 campos (CHROM, POS, ID, REF, ALT, QUAL, FILTER e cinco campos FORMAT: GT, DP, GQ, AD_ref, AD_alt), com remoção das anotações INFO de coorte.

Foram definidas seis queries clínicas representativas (Q1–Q6; Tabela 1), executadas cinco vezes em estado warm cache (reportando-se a mediana). O benchmark foi conduzido em hardware comum — Apple Mac Mini M1, 8 GB de RAM unificada, SSD externo 1 TB via USB-C — representativo do cenário operacional de laboratórios clínicos de médio porte sem infraestrutura distribuída.

A ingestão incremental foi avaliada simulando o crescimento típico de uma coorte clínica, com adição progressiva de amostras em quatro etapas (100, 500, 1.000, 2.000 e 3.202 amostras), medindo o tempo necessário para integrar cada lote ao backend correspondente.

**Resultados e Discussão**

Os achados confirmaram complementaridade entre os paradigmas, com cada backend dominando perfis de uso distintos. Em compactação em disco para N = 3.202, observaram-se quatro tamanhos: Parquet per-sample (soma) 404,0 MB; VCF.gz per-sample (soma) 256,2 MB; joint VCF.gz 39,3 MB; joint BCF 31,8 MB. Na mesma topologia per-sample, VCF.gz mostrou-se 1,57× menor que Parquet — achado contraintuitivo atribuído ao 1000G phased preservar apenas FORMAT/GT em três tokens altamente compressíveis, sem amortizar o overhead fixo do Parquet em arquivos pequenos (~30k variantes/amostra). Os formatos joint agregados são ainda mais compactos (~10× e ~13× menores que ΣParquet, respectivamente para VCF.gz e BCF), pela concentração de redundância cross-sample no bgzip de arquivo único (~95% dos genótipos são 0|0). BCF é ~20% menor que VCF.gz pela codificação binária densa. Esse benefício de compressão joint é específico de coortes phased congeladas e tende a desaparecer em pipelines clínicos individuais. Em consultas analíticas multi-amostra (Q3–Q6), o lakehouse DuckDB+Parquet superou substancialmente os formatos joint, com ganhos de 21–85× sobre VCF.gz e 14–31× sobre BCF (detalhes na Tabela 1). As consultas estritamente posicionais (Q1–Q2) foram dominadas por bcftools+tabix, com vantagem de 3,8–6,0× sobre o lakehouse, refletindo a maturidade da indexação espacial binária.

**Tabela 1. Latência (warm cache) das seis queries em N = 3.202 amostras do 1000 Genomes Project (exoma).**

| Query | Descrição (operação clínica) | DuckDB | VCF.gz | BCF | Speedup |
|---|---|---|---|---|---|
| Q1 | Variantes em BRCA1 (1 região) | 125,7 ms | 33,1 ms | 32,4 ms | vcf.gz 3,8× +rápido |
| Q2 | Variantes em painel de 5 genes | 171,5 ms | 28,5 ms | 20,9 ms | vcf.gz 6,0× +rápido |
| Q3 | Variantes com amostra hom-alt | 1,26 s | 50,11 s | 37,66 s | 39,9× DuckDB |
| Q4 | Portadores (carriers) por variante | 1,33 s | 46,63 s | 40,22 s | 35,1× DuckDB |
| Q5 | Variantes solitárias (singletons) | 1,58 s | 33,72 s | 23,00 s | 21,3× DuckDB |
| Q6 | Carga mutacional por amostra | 215 ms | 18,32 s | 6,59 s | 85,4× DuckDB |

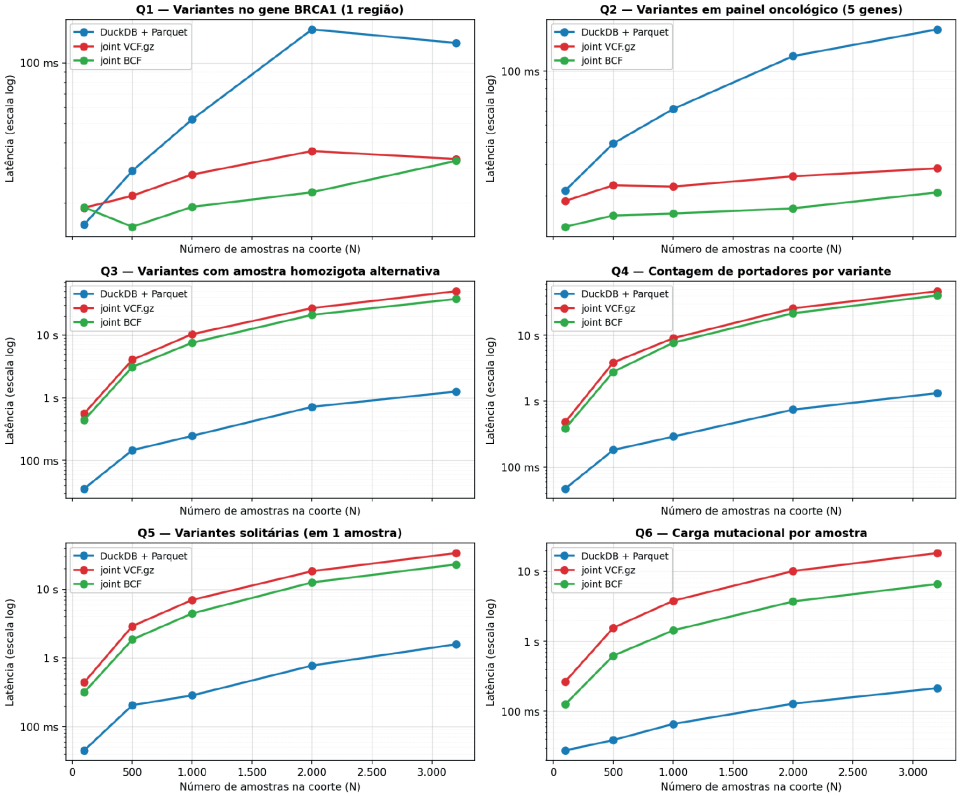



**Figura 1.** Latência das seis queries versus N no exoma do 1000 Genomes Project (escala log). DuckDB+Parquet domina queries analíticas (Q3–Q6); VCF.gz/BCF dominam posicionais (Q1–Q2).

Na ingestão incremental, o lakehouse demonstrou vantagem expressiva: a adição do lote final (2.000 → 3.202 amostras) foi 16,5× mais rápida no Parquet+DuckDB do que a refusão equivalente do joint VCF.gz e 10,5× mais rápida que a refusão do joint BCF, dado que cada amostra nova é simplesmente um novo arquivo Parquet ingerido na camada lógica do DuckDB, sem necessidade de reescrita do arquivo agregado. Essa propriedade é particularmente relevante para coortes clínicas em crescimento contínuo, em que a adição mensal de novos exomas compõe o cenário operacional típico. A análise da Q5 (variantes solitárias) revelou divergência semântica de fator nove entre o DuckDB (que conta indivíduos portadores em estado heterozigoto ou homozigoto) e o bcftools (que conta cópias de alelo alternativo). Essa diferença não é trivial: critérios ACMG/AMP como BS1 e PM2 dependem de contagem de indivíduos, não de alelos, e a expressão direta dessa semântica em linguagem SQL reduz risco de interpretação equivocada em pipelines clínicos automatizados. O achado ilustra ganho epistemológico do lakehouse além da performance bruta.

A escolha racional entre os paradigmas, portanto, depende do perfil de uso. Laboratórios cujos fluxos de trabalho são dominados por consultas posicionais beneficiam-se de manter VCF.gz indexado por tabix. Laboratórios que executam consultas analíticas frequentes — caracterização de coorte, identificação de portadores, frequências locais alelicas, cargas mutacionais por amostra — beneficiam-se do lakehouse. Em laboratórios mistos, manter ambos os formatos é pragmaticamente ótimo, dado o custo modesto adicional do Parquet.

**Conclusão**

O lakehouse Parquet+DuckDB supera VCF.gz e BCF em queries analíticas multi-amostra (21–85×) e em ingestão incremental (16,5× vs VCF.gz; 10,5× vs BCF), mantendo viabilidade operacional em hardware comum (~US$ 700). Joint VCF/BCF com tabix mantém superioridade em consultas estritamente posicionais. O Genomic Lakehouse apresenta-se como infraestrutura habilitadora para laboratórios clínicos brasileiros manterem suas coortes

populacionais locais consultáveis em SQL — equivalente genômico dos intervalos de referência laboratoriais —, alimentando a interpretação de variantes segundo critérios ACMG/AMP em populações sub-representadas.

**Palavras-chave:** Bioinformática clínica, sequenciamento de exoma, banco de dados populacional.

**Referências**

Danecek P, Auton A, Abecasis G, et al. The variant call format and VCFtools. Bioinformatics. 2011;27(15):2156-2158.

Bonfield JK, Marshall J, Danecek P, et al. HTSlib: C library for high-throughput sequencing data. Gigascience. 2021;10(2):giab007.

Apache Software Foundation. Apache Parquet: columnar storage format. 2013.

Raasveldt M, Mühleisen H. DuckDB: an embeddable analytical database. In: Proceedings of the 2019 International Conference on Management of Data; 2019. p. 1981-1984.

Byrska-Bishop M, Evani US, Zhao X, et al. High-coverage whole-genome sequencing of the expanded 1000 Genomes Project cohort including 602 trios. Cell. 2022;185(18):3426-3440.

Integrated DNA Technologies. xGen Exome Hyb Panel v2. Coralville (IA): IDT; 2023.

Li H. Tabix: fast retrieval of sequence features from generic TAB-delimited files. Bioinformatics. 2011;27(5):718-719.

Landrum MJ, Chitipiralla S, Brown GR, et al. ClinVar: improvements to accessing data. Nucleic Acids Res. 2020;48(D1):D835-D844.

Richards S, Aziz N, Bale S, et al. Standards and guidelines for the interpretation of sequence variants: ACMG/AMP joint consensus. Genet Med. 2015;17(5):405-424.

Karczewski KJ, Francioli LC, Tiao G, et al. The mutational constraint spectrum quantified from variation in 141,456 humans. Nature. 2020;581(7809):434-443.

McKenna A, Hanna M, Banks E, et al. The Genome Analysis Toolkit: framework for next-generation DNA sequencing. Genome Res. 2010;20(9):1297-1303.

1000 Genomes Project Consortium. A global reference for human genetic variation. Nature. 2015;526(7571):68-74.

## ÁREA: BIOQUÍMICA CLÍNICA

### P-018

### Impacto da atualização dos critérios de interpretação da hemoglobina glicada na distribuição de resultados em um laboratório clínico

Felipe Lopes Silva[1], Denis Baffi Silveira[1]

[1]*Laboratório de Correas*

**Introdução**: A hemoglobina glicada (HbA1c) é amplamente utilizada como exame laboratorial para avaliação do metabolismo glicídico. A atualização dos critérios de interpretação, com a transição de uma abordagem baseada em estratificação de risco para uma classificação diagnóstica padronizada, pode impactar diretamente a categorização e a comunicação dos resultados laboratoriais.

**Objetivo**: Avaliar o impacto da atualização dos critérios de interpretação da HbA1c na distribuição dos resultados emitidos por um laboratório clínico, considerando variáveis como faixa etária e sexo.

**Métodos**: Estudo retrospectivo, descritivo e comparativo, baseado na análise de 36.983 resultados de HbA1c processados em um laboratório clínico, no período de janeiro a março de 2026. Os dados foram avaliados de forma agregada, sem identificação individual. Os resultados foram classificados segundo dois modelos: critério anterior (<5,6% baixo risco; 5,7–6,4% risco aumentado; ≥6,5% consistente com diabetes) e critério atual (<5,7% normal; 5,7–6,4% pré-diabetes; ≥6,5% diagnóstico de diabetes). Foi realizada análise descritiva e comparativa da distribuição dos resultados, incluindo estratificação por faixa etária e sexo. O estudo foi conduzido com dados secundários, sem identificação dos pacientes, dispensando apreciação por Comitê de Ética.

**Resultados**: Observou-se predomínio da classificação normal em ambos os modelos. A reclassificação da faixa entre 5,7% e 6,4% resultou em aumento expressivo da proporção de resultados enquadrados na categoria de pré-diabetes. Esse aumento mostrou-se progressivo com o avanço da idade, sendo mais evidente nas populações adulta e idosa, com maior concentração no sexo feminino. De forma semelhante, a frequência de resultados compatíveis com diagnóstico de diabetes também apresentou incremento com a idade. As demais categorias apresentaram variação menos significativa entre os modelos.

**Conclusão**: A atualização dos critérios de interpretação da HbA1c altera de forma relevante a distribuição dos resultados laboratoriais emitidos, especialmente ao transformar uma categoria de risco em uma condição clínica definida. Em rotina laboratorial de grande volume, essa mudança impacta diretamente a padronização dos laudos e a comunicação dos resultados, reforçando o papel do laboratório clínico no suporte à tomada de decisão diagnóstica.

**Palavras-chave:** Hemoglobina glicada, Pré-diabetes, Interpretação laboratorial.

### P-036

### Ativação do sistema complemento no lipedema: potencial papel do fragmento C3c como biomarcador laboratorial

Michelle Kaefer[1], Sabrina Fontana de Andrade[1], Ighor Seiji Okumura Tioda[2], Luisa Buhse Pasqualoto[1], Laura Eduarda de Oliveira[1], Clóvis Paniz[1], José Antônio Mainardi de Carvalho[1]

[1]*UFSM;* [2]*UNICAMP*

**Introdução**

O lipedema é uma doença crônica do tecido adiposo subcutâneo (TAS) caracterizada pelo acúmulo simétrico e desproporcional de gordura, predominantemente em membros inferiores, acometendo quase exclusivamente mulheres. A condição está frequentemente associada à dor, sensibilidade local, hematomas espontâneos e sensação de peso ou edema nos membros afetados (Kruppa et al. 2026). Apesar de estimativas sugerirem elevada prevalência na população feminina brasileira, o lipedema permanece subdiagnosticado e frequentemente confundido com obesidade (Amato et al. 2022).

Embora o lipedema possa coexistir com sobrepeso e obesidade, evidências recentes sugerem que o TAS afetado apresenta características inflamatórias próprias, distintas da obesidade primária (Kruppa et al. 2023). Além disso, níveis circulantes aumentados de marcadores inflamatórios e do sistema complemento (SC), como proteína C-reativa (PCR), C3 e C4, foram associados à maior adiposidade corporal (Patton et al. 2024).

O SC desempenha papel central na imunidade inata e na inflamação, podendo ser ativado pelas vias clássica, lectina e alternativa, todas convergindo na clivagem do C3. Nesse contexto, o fragmento C3c, gerado pela degradação do C3b, tem emergido como potencial marcador laboratorial de ativação do SC, podendo refletir atividade inflamatória persistente de forma mais sensível do que a simples dosagem de C3 total (Palarasah et al. 2010).

Além disso, marcadores laboratoriais indiretos de resistência à insulina e risco cardiometabólico, como HOMA-IR, razão triglicerídeos/HDL colesterol (TG/HDL) e razão colesterol não HDL/HDL (NHHR), vêm sendo utilizados na prática laboratorial como ferramentas auxiliares na avaliação cardiometabólica (Liu et al. 2025; Tahapary et al. 2022). Entretanto, ainda existem poucos estudos investigando o comportamento desses marcadores em mulheres com lipedema.

Dessa forma, compreender a relação entre ativação do SC, inflamação e perfil metabólico no lipedema pode contribuir para o desenvolvimento de estratégias laboratoriais mais direcionadas à caracterização da doença, especialmente diante da ausência de biomarcadores específicos validados (Kruppa et al. 2026).

**Objetivo**

Investigar o comportamento do fragmento C3c como marcador laboratorial de ativação do SC em mulheres com lipedema, considerando sua associação com adiposidade, inflamação sistêmica e perfil cardiometabólico.

**Métodos**

Foram avaliadas 154 mulheres adultas recrutadas no município de Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, incluindo 104 participantes com diagnóstico clínico de lipedema (LP) e 50 mulheres sem sinais clínicos de lipedema ou linfedema (NLP).

O diagnóstico de lipedema foi realizado por avaliação clínica estruturada, baseada em critérios diagnósticos atuais, incluindo: distribuição desproporcional de gordura em membros, preservação dos pés, dor tecidual e facilidade para hematomas (Kruppa et al. 2026). Todas as participantes assinaram TCLE, e o estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CAAE nº 67040723.1.000.5346). A composição corporal foi avaliada por bioimpedância elétrica, utilizando-se o percentual de gordura corporal total (GCT) como medida de adiposidade. As coletas laboratoriais foram realizadas após jejum mínimo de oito horas.

Foram analisados glicose, triglicerídeos, colesterol total, HDL-c, proteína C reativa (PCR), componentes do complemento C3 e C4 e o fragmento C3c. As análises bioquímicas foram realizadas em analisador automatizado EXL 200 (Siemens Healthineers, Alemanha). As concentrações séricas de insulina foram determinadas por quimioluminescência utilizando o equipamento Cobas 6000 (Roche Diagnostics, Suiça), enquanto o fragmento C3c foi quantificado por imunoturbidimetria no sistema Optilite (The Binding Site, Reino Unido). A seguir, foram calculados os índices HOMA-IR, NHHR e TG/HDL.

As variáveis contínuas foram expressas em mediana e intervalo interquartil. Comparações entre grupos utilizaram o teste de Mann-Whitney, correlações foram avaliadas pelo coeficiente de Spearman e regressão linear multivariada foi empregada para investigar fatores associados aos níveis de C3c (p<0,05).

**Resultados e Discussão**

As características clínicas, metabólicas, antropométricas e inflamatórias das participantes estão apresentadas na Tabela 1.

**Tabela 1.** Características clínicas, metabólicas, lipídicas e inflamatórias de mulheres com e sem lipedema.

| Variável | Lipedema (n=104) | Não Lipedema (n=50) | p |
|---|---|---|---|
| Idade (anos) | 38,5 (31,3–46,3) | 41,0 (30,0–53,5) | 0,281 |
| IMC (kg/m²) | 28,7 (25,9–33,1) | 27,5 (23,3–31,1) | 0,014* |
| GCT (%) | 39,7 (34,2–46,1) | 36,5 (30,8–41,9) | 0,102 |
| RCQ | 0,83 (0,79–0,87) | 0,88 (0,86–0,94) | <0,001*** |
| RCA | 0,57 (0,53–0,63) | 0,58 (0,54–0,63) | 0,402 |
| TG/HDL | 0,97 (0,70–1,41) | 1,20 (0,86–2,00) | 0,102 |
| Triglicerídeos (mg/dL) | 74 (56–104,8) | 92 (61,3–125,5) | 0,09 |
| HDL colesterol(mg/dL) | 70,5 (60,3–79,8) | 65 (57–78,3) | 0,118 |
| Não HDL colesterol (mg/dL) | 132 (108–150) | 144 (117–169) | 0,010* |
| NHHR | 1,86 (1,46–2,37) | 2,30 (1,64–2,75) | 0,003** |
| HOMA-IR | 1,93 (1,41–3,14) | 2,24 (1,75–3,85) | 0,115 |
| PCR (mg/L) | 2,8 (1,6–7,3) | 1,9 (1,3–4,5) | 0,029* |
| C3 (g/L) | 1,22 (1,09–1,39) | 1,22 (1,06–1,41) | 0,889 |
| C3c (g/L) | 1,35 (1,19–1,50) | 1,22 (1,09–1,36) | <0,001*** |
| C4 (g/L) | 0,26 (0,22–0,34) | 0,27 (0,23–0,32) | 0,902 |

Dados apresentados em mediana e intervalo interquartil, IMC: índice de massa corporal; RCQ: relação cintura-quadril; RCA: relação cintura-altura. * p<0.05; **p<0,01; *** p<0,001.

O grupo LP apresentou perfil lipídico e metabólico relativamente mais favorável em comparação ao grupo NLP, caracterizado por menores valores de NHHR e não HDL-colesterol, além de tendência a menor HOMA-IR. Em contraste, as concentrações de PCR e principalmente de C3c foram significativamente mais elevados no grupo LP.

As associações entre componentes do sistema complemento, inflamação, resistência insulínica e adiposidade corporal estão apresentadas na Figura 1.

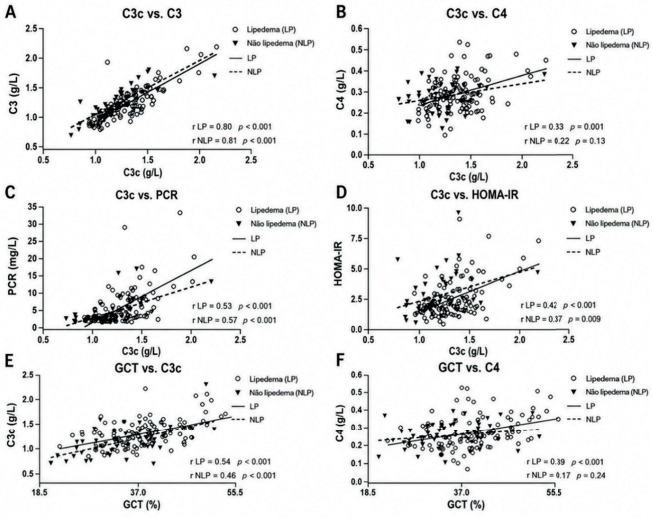



**Figura 1.** Associações entre ativação do sistema complemento, inflamação, resistência à insulina e adiposidade corporal em mulheres com e sem lipedema.

Notas: C3c = fragmento C3c; C3 = componente C3; C4 = componente C4; PCR = proteína C reativa; HOMA-IR = modelo de avaliação da homeostase da resistência à insulina; GCT = gordura corporal total. LP = grupo lipedema; NLP = grupo não lipedema. Linhas contínuas representam o grupo lipedema (LP) e linhas tracejadas o grupo não lipedema (NLP).

Observou-se forte correlação positiva entre C3c e C3 em ambos os grupos, confirmando sua relação biológica direta. Além disso, o C3c apresentou associação positiva com PCR e HOMA-IR sugerindo relação entre ativação do SC, inflamação sistêmica e alterações metabólicas.
Na obesidade primária, a ativação do SC costuma estar relacionada principalmente à hipertrofia adipocitária, inflamação metabólica e ativação predominante da via alternativa (Shim et al. 2020). Entretanto, no grupo LP, observamos correlação positiva entre C3c, C4 e GCT. Como as vias clássica e lectina dependem de C4, diferentemente da via alternativa, esses achados sugerem possível participação dessas vias na ativação do SC no lipedema. Evidências recentes sugerem que o TAS no lipedema apresenta padrão inflamatório distinto, associado a remodelamento tecidual e fibrose precoce. Nesse contexto, adipócitos apoptóticos podem favorecer a ativação das vias clássica e lectina do SC, contribuindo para respostas inflamatórias locais, remodelamento do microambiente tecidual, infiltração de macrófagos de polarização M2, eferocitose e possível aumento dos níveis circulantes de C3c (Bohlson et al. 2014; Kruppa et al. 2023).
No modelo de regressão linear multivariada, PCR (β padronizado = 0,380), HOMA-IR (β = 0,192) e diagnóstico de lipedema (β = 0,427) permaneceram independentemente associados aos níveis circulantes de C3c. Em contrapartida, medidas relacionadas à adiposidade, como a GCT, perderam significância estatística após o ajuste. Dessa forma, o diagnóstico de lipedema permaneceu independentemente associado aos níveis circulantes de C3c, mesmo após ajuste para adiposidade, inflamação sistêmica e resistência à insulina.
Algumas limitações devem ser consideradas. A composição corporal foi avaliada por bioimpedância elétrica, e não por métodos de imagem, enquanto as análises foram baseadas em biomarcadores circulantes, sem avaliação direta do tecido adiposo. Além disso, o delineamento transversal impossibilita inferências causais sobre a relação entre ativação do SC e a fisiopatologia do lipedema.

**Conclusão**
Mulheres com lipedema apresentaram níveis significativamente mais elevados de C3c, apesar de perfil lipídico e metabólico relativamente mais preservado. Em conjunto, os achados reforçam a hipótese de que o lipedema possa representar um fenótipo imunometabólico distinto da obesidade primária, no qual a ativação persistente do sistema complemento esteja relacionada ao remodelamento característico do tecido adiposo. Nesse contexto, o fragmento C3c emerge como potencial biomarcador laboratorial em uma patologia ainda carente de marcadores bioquímicos específicos, podendo auxiliar na caracterização e monitoramento do processo inflamatório associado ao lipedema.

**Palavras-chave:** Lipedema, Sistema Complemento, Fragmento C3c.

**Agradecimentos**
Este trabalho recebeu apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), com suporte parcial adicional da The Binding Site Group Ltd. Os financiadores não participaram do delineamento do estudo, análise dos dados ou elaboração do manuscrito.

**Referências**
Amato ACM, Amato FCM, Amato JLS, Benitti DA. Lipedema prevalence and risk factors in Brazil. *J. Vasc. Bras.*; 2022;21.

Kruppa P, Crescenzi R, Faerber G, Forner-Cordero I, Cornely M, Shayan R, et al. Lipedema World Alliance Delphi Consensus-Based Position Paper on the Definition and Management of Lipedema: Results from the 2023 Lipedema World Congress in Potsdam. *Nature Communications*; 2026 Dec 1;17(1).

Kruppa P, Gohlke S, Łapiński K, Garcia-Carrizo F, Soultoukis GA, Infanger M, et al. Lipedema stage affects adipocyte hypertrophy, subcutaneous adipose tissue inflammation and interstitial fibrosis. *Front. Immunol.;* 2023;14.

Liu C, Zhang Z, Meng T, Li C, Wang B, Zhang X. Cross-sectional analysis of non-HDL/HDL cholesterol ratio as a marker for cardiovascular disease risk in middle-aged and older adults: Evidence from the CHARLS study. *Journal of Stroke and Cerebrovascular Diseases*; 2025 Jan 1;34(1):108168.

Palarasah Y, Skjodt K, Brandt J, Teisner B, Koch C, Vitved L, et al. Generation of a C3c specific monoclonal antibody and assessment of C3c as a putative inflammatory marker derived from complement factor C3. *J. Immunol. Methods*; 2010 Oct 31;362(1–2):142–50.

Patton L, Ricolfi L, Bortolon M, Gabriele G, Zolesio P, Cione E, et al. Observational Study on a Large Italian Population with Lipedema: Biochemical and Hormonal Profile, Anatomical and Clinical Evaluation, Self-Reported History. *Int. J. Mol. Sci.*; 2024 Feb 1;25(3).

Shim K, Begum R, Yang C, Wang H. Complement activation in obesity, insulin resistance, and type 2 diabetes mellitus. *World J. Diabetes*; 2020 Jan 15;11(1):1–12.

Tahapary DL, Pratisthita LB, Fitri NA, Marcella C, Wafa S, Kurniawan F, et al. Challenges in the diagnosis of insulin resistance: Focusing on the role of HOMA-IR and Tryglyceride/glucose index. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews*; 2022 Aug 1;16(8):102581.

## P-048

## Prevalência de valores críticos entre resultados de quatro exames em um laboratório privado

Isabelle Martins Sagas[1], Nicoly Glitzenhirn de Oliveira[1], Paloma Tavares[1], Julia Medeiros Geraldo[1], Bianca Bazote Conationi[1], Gabrielly Pereira Duarte[1], Maria Júlia da Silva Savi[1], Carolina Girardi Hormann[1], Flávia Martinello[1]

[1]*Universidade Federal de Santa Catarina*

**Introdução:** A dosagem de cálcio, albumina, sódio e potássio é utilizada na avaliação do equilíbrio hidroeletrolítico (fluidos e minerais) e da homeostase corporal. Valor crítico é definido como um resultado de exame laboratorial significativamente discrepante da normalidade, capaz de representar risco iminente à vida, exigindo comunicação imediata e adoção de medidas corretivas rápidas. A identificação de valores críticos (VC) é essencial para a segurança do paciente e para intervenção clínica rápida. **Objetivo:** Avaliar a prevalência de valores críticos entre os resultados de exames de albumina, cálcio, potássio e sódio de um laboratório ambulatorial privado. **Métodos:** Em 1º de abril de 2026 foram analisados os últimos 2976 resultados de albumina, 3072 de cálcio, 3020 de potássio e 3007 de sódio. Foram considerados VC ≤1,5g/dl ou ≥15g/dL para albumina, ≤6,2mg/dL ou ≥13,0mg/dL para cálcio, ≤2,8mEq/L ou ≥6,1mEq/L para potássio e ≤121 mEq/L ou ≥159 mEq/L para sódio. **Resultados e Discussão:** A média geral da albuminemia foi de 4,3±0,38g/dL, da calcemia foi 9,2±0,5mg/dL, da natremia foi 139±2,3mEq/L e da potassemia foi 4,3±0,4mEq/L. Foi identificado 1 VC entre os resultados de cálcio 5,7mg/dL em paciente do sexo feminino com idade de 45 e 3 de potássio 2,61mg/dL, 6,4mg/dL e 6,7mg/dL, todos em pacientes do sexo feminino com idades respectivasde 87, 56 e 75, correspondendo a uma prevalência de 0,03% e 0,0993%, respectivamente. Não há co-ocorrência entre os indivíduos que apresentaram valores críticos. A análise dos dados demonstra baixa ocorrência de VC em laboratório ambulatorial. Entretanto, esses achados representam importante risco clínico aos pacientes, pois ambos são eletrólitos que atuam na regulação de funções vitais, como contratilidade cardíaca, transmissão nervosa e saúde óssea. **Conclusão:** A identificação de VC em ambiente ambulatorial evidencia a importância do acompanhamento laboratorial da saúde para detecção precoce de alterações potencialmente fatais, destacando a necessidade de protocolos eficientes para notificação rápida.

**Palavras-chave:** Valores Críticos, Laboratório, Bioquímica Clínica.

## P-125

### Efeitos hepatoprotetores da glucosamina na colestase experimental induzida por ligadura do ducto biliar

Stephane Lima Calixto[1], Charles Pereira Fernandes[1], Ana Paula Lelis Morais[1], Raquel Bragança Menegusse[1], Eliana Cristina de Brito Toscano[1], Beatriz Juliao Vieira Aarestrup[1], Jair Adriano Kopke de Aguiar[1]

[1]*Universidade Federal de Juiz de Fora*

**Introdução:** As doenças hepáticas afetam milhões de pessoas no mundo, sendo responsáveis por cerca de 2 milhões de mortes anuais. Nesse contexto, a busca por compostos com propriedades hepatoprotetoras e anti-inflamatórias é essencial. A glucosamina, utilizada no tratamento da osteoartrite, apresenta potencial anti-inflamatório e pode atuar na regulação da síntese de glicosaminoglicanos e no remodelamento da matriz extracelular hepática. **Objetivo:** Investigar os efeitos hepatoprotetores da glucosamina em ratos Wistar submetidos à colestase experimental induzida pela ligadura do ducto biliar (BDL). **Métodos:** Ratos machos Wistar (200–250 g) foram distribuídos em três grupos (n=8): Controle, BDL sem tratamento e BDL tratado com glucosamina. Após anestesia, os animais BDL foram submetidos à laparotomia e ligadura do ducto biliar. O grupo tratado recebeu glucosamina por via oral durante 28 dias, enquanto os demais receberam solução salina. Após o período experimental, amostras de sangue e órgãos foram coletadas para análises bioquímicas séricas (por meio do analisador Cobas® C111) e histológicas (tricrômio de Gomori). O protocolo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Experimentação Animal da UFJF (nº 018/2022). A análise estatística realizada com o teste T não pareado, utilizando o software GraphPad Prism 8.0. **Resultados e discussão:** Os animais BDL apresentaram aumento significativo de AST, ALT, fosfatase alcalina e proteínas totais, associado à redução sérica de albumina, glicose e creatinina. Histologicamente, observou-se proliferação ductular, infiltrado inflamatório, fibrose e regeneração hepatocitária desorganizada. Em comparação ao grupo BDL sem tratamento, a glucosamina reduziu os níveis de AST (35%), ALT (20%), FA (15%) e proteínas totais (6,5%), além de elevar albumina (9,4%), glicose (16%) e creatinina (33%). O tratamento também atenuou as alterações histológicas, com redução de 33% da área fibrótica. **Conclusão:** A glucosamina apresentou potencial efeito hepatoprotetor, atenuando alterações bioquímicas e histológicas induzidas pela colestase experimental.

**Palavras-chave:** Colestase, Glucosamina, Ligadura do ducto biliar.

## P-129

### Influência do método de quantificação proteica na interpretação de biomarcadores de estresse oxidativo: estudo analítico comparativo entre Bradford, BCA e Biureto

Brunna Tonini Sangy[1], Gisely Ribeiro Graça[1], Kauan Valente Tardem[1], Lais Abreu Lima[1], Maria Clara Torres Lopes[1], Rayssa Ferreira Gonçalves[1], Stéfanne dos Santos Cunha[1], Thayane Quenup Siqueira[1], Thaynara Nascimento Barenco[1], Kelly Costa de Almeida[1]

[1]*UFF - Instituto de Saúde de Nova Friburgo.*

**Introdução**

A avaliação do estresse oxidativo constitui ferramenta experimental e clínica essencial na investigação de processos inflamatórios, metabólicos e degenerativos[4,5]. Biomarcadores como substâncias reativas ao ácido tiobarbitúrico (TBARS), carbonilação proteica e atividade de enzimas antioxidantes — superóxido dismutase (SOD), catalase (CAT) e glutationa peroxidase (GPx) — são amplamente empregados para monitorar alterações redox em matrizes biológicas[6,7,8]. A expressão desses biomarcadores depende, de forma crítica, da normalização pela concentração de proteínas totais da amostra, tornando o método de quantificação proteica um determinante direto da interpretação experimental.

Os principais métodos colorimétricos empregados — Bradford, ácido bicinconínico (BCA) e Biureto — diferem quanto ao princípio bioquímico, sensibilidade e susceptibilidade a interferentes[9,10,11]. O Bradford baseia-se na ligação do Coomassie Brilliant Blue G-250 a resíduos básicos e aromáticos das proteínas[1]; o BCA, na redução de $Cu^{2+}$ a $Cu^{+}$ em meio alcalino com formação de complexo cromogênico[2]; o Biureto, na complexação do cobre com ligações peptídicas[3]. Embora frequentemente utilizados de forma intercambiável, a equivalência analítica entre eles não é pressuposto válido em matrizes com alto teor de interferentes oxidativos — ácido ascórbico, glutationa reduzida (GSH) e lipídios peroxidados —, cujas concentrações variam substancialmente entre protocolos e grupos experimentais[11,14].

**Objetivo**

Comparar os métodos de Bradford, BCA e Biureto na quantificação de proteínas totais em amostras biológicas destinadas à análise de estresse oxidativo, avaliando diferenças estatísticas e variabilidade analítica relativa entre os métodos.

**Métodos**

Trata-se de estudo analítico comparativo, de delineamento pareado, conduzido com 53 amostras biológicas submetidas simultaneamente à quantificação de proteínas totais pelos três métodos. As leituras foram realizadas em leitor de microplaca Epoch (BioTek), com resultados expressos em g/dL. Curvas de calibração foram construídas por regressão linear com albumina como padrão (critério: $R^2 \geq 0,98$; Bradford $R^2$=0,9969; BCA $R^2$=0,9904; Biureto $R^2$=0,9860), sendo cada corrida analítica referenciada à sua própria curva.

A normalidade foi avaliada por quatro testes (Shapiro-Wilk, Anderson-Darling, D'Agostino-Pearson e Kolmogorov-Smirnov). Diante da reprovação do BCA em três dos quatro testes (Anderson-Darling p=0,015; D'Agostino-Pearson p=0,029; Kolmogorov-Smirnov p=0,017), adotou-se abordagem conservadora não paramétrica global. Utilizou-se o teste de Friedman para comparação entre os métodos, seguido do pós-teste de Dunn com correção para múltiplas comparações. A variabilidade analítica relativa foi avaliada pelo coeficiente de variação (CV = DP/média × 100%), medida padronizada para comparação de dispersão entre grupos com médias discrepantes[12,13]. As análises foram conduzidas no GraphPad Prism (α=0,05).

**Resultados e Discussão**

O teste de Friedman demonstrou diferença global significativa entre os métodos (estatística=96,49; p<0,0001; n=53 pares), evidenciando ausência de equivalência analítica. O pós-teste de Dunn confirmou diferença em todas as comparações pareadas (p<0,0001), sumarizadas na Tabela 2. A hierarquia Bradford > BCA > Biureto foi confirmada pelos rank sums (155, 109 e 54) e pelas medianas (14,0; 8,8 e 4,7 g/dL), conforme Tabela 1.

**Tabela 1.** Estatística descritiva dos métodos de quantificação proteica (n=53; valores em g/dL).

| Parâmetro | Bradford | BCA | Biureto |
|---|---|---|---|
| N | 53 | 53 | 53 |
| Mediana (g/dL) | 14,0 | 8,8 | 4,7 |
| Média (g/dL) | 14,0 | 8,7 | 4,7 |
| Desvio-padrão (g/dL) | 2,53 | 2,00 | 0,17 |
| Coeficiente de variação (%) | 18,1 | 23,1 | 3,6 |
| Mínimo–Máximo (g/dL) | 10,5–19,1 | 5,0–13,2 | 4,4–5,1 |
| Amplitude (g/dL) | 8,6 | 8,2 | 0,7 |
| IC 95% da média (g/dL) | 13,3–14,7 | 8,1–9,2 | 4,7–4,8 |

Fonte: Próprios autores

**Tabela 2.** Pós-teste de Dunn para comparações pareadas (Friedman: estatística=96,49; p<0,0001).

| Comparação | Diferença de ranks | p ajustado | Interpretação |
|---|---|---|---|
| Bradford vs. BCA | 46,0 | <0,0001 | Diferença significativa |
| Bradford vs. Biureto | 101,0 | <0,0001 | Diferença significativa |
| BCA vs. Biureto | 55,0 | <0,0001 | Diferença significativa |

Fonte: Próprios autores

A análise pelo coeficiente de variação (CV) revelou que o BCA apresentou a maior variabilidade relativa (CV=23,1%), seguido pelo Bradford (CV=18,1%), enquanto o Biureto demonstrou a maior estabilidade (CV=3,6%; amplitude=0,7 g/dL). A comparação isolada pelo desvio-padrão absoluto, sem correção pela média, seria metodologicamente inadequada dada a magnitude das diferenças entre as médias dos métodos (14,0 vs. 8,7 vs. 4,7 g/dL), induzindo à conclusão equivocada de que o Bradford seria o método de maior dispersão[9,12]. A maior variabilidade relativa do BCA é atribuível à sua sensibilidade a compostos redutores presentes em matrizes oxidativas — ácido ascórbico, GSH e antioxidantes endógenos —, que atuam como interferentes diretos da reação de redução do cobre, gerando superestimativas variáveis segundo o estado redox de cada amostra[11]. Esse fenômeno é particularmente crítico em estudos de estresse oxidativo, nos quais a depleção antioxidante difere sistematicamente entre grupos controle e experimental, introduzindo viés proporcional nos biomarcadores normalizados pela proteína[4,5,14].

A elevada concentração estimada pelo Bradford decorre da susceptibilidade do Coomassie à composição aminoacídica: proteínas ricas em resíduos básicos e aromáticos geram resposta cromogênica superior à do padrão BSA, resultando em superestimativa sistemática[1,11]. O Biureto, por sua vez, apresenta resposta estequiométrica independente da composição aminoacídica e do estado redox, conferindo maior reprodutibilidade[3,9], à custa de menor sensibilidade em amostras de baixo conteúdo proteico.

As diferenças analíticas documentadas possuem relevância metodológica direta para estudos de estresse oxidativo. Ensaios como TBARS, carbonilação proteica, SOD, CAT e GPx expressam seus resultados em relação à massa proteica total da amostra[7,8,15]; portanto, variações sistemáticas na concentração proteica estimada traduzem-se diretamente em variações proporcionais na magnitude dos biomarcadores oxidativos, com potencial de alterar tanto a significância estatística quanto a interpretação biológica dos resultados. Agrega-se a isso o fato de que o método de Bradford apresentou imprecisão inter-corrida expressiva, com variação de 67,3% no coeficiente angular das curvas de calibração construídas em diferentes datas (slope de 0,1300 a 0,2175), o que compromete a comparabilidade direta de resultados obtidos em corridas distintas e reforça a necessidade de curvas de calibração corrida-específicas e de critérios formais de aceitação inter-corrida nos protocolos laboratoriais[13]. A adoção de métodos distintos entre estudos constitui, portanto, fonte relevante de heterogeneidade metodológica não controlada, comprometendo a comparabilidade dos dados entre laboratórios.

**Conclusão**

Os métodos de Bradford, BCA e Biureto apresentaram diferenças estatisticamente significativas na quantificação de proteínas totais (Friedman p<0,0001), com hierarquia Bradford > BCA > Biureto em concentração estimada. O BCA exibiu a maior variabilidade relativa (CV=23,1%), seguido pelo Bradford (CV=18,1%), enquanto o Biureto demonstrou a maior estabilidade (CV=3,6%). A imprecisão inter-corrida do método de Bradford, evidenciada pela variação de 67,3% no coeficiente angular das curvas de calibração, representa fonte adicional de viés analítico que requer controle por protocolos de calibração corrida-específicos. Os resultados demonstram que os métodos não devem ser utilizados de forma intercambiável sem validação experimental, sob risco de comprometer a normalização e a interpretação dos biomarcadores oxidativos. Recomenda-se a adoção de análises de concordância — Bland-Altman e Coeficiente de Correlação Intraclasse — em estudos futuros que visem estabelecer critérios de equivalência entre os métodos[12,13].

**Palavras-chave:** Estresse Oxidativo, Quantificação proteica, Biomarcadores redox.

**Referências**

1. Bradford MM. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. Anal Biochem. 1976;72:248-54.

2. Smith PK, Krohn RI, Hermanson GT, Mallia AK, Gartner FH, Provenzano MD, et al. Measurement of protein using bicinchoninic acid. Anal Biochem. 1985;150(1):76-85.

3. Gornall AG, Bardawill CJ, David MM. Determination of serum proteins by means of the biuret reaction. J Biol Chem. 1949;177(2):751-66.

4. Halliwell B, Gutteridge JMC. Free radicals in biology and medicine. 5th ed. Oxford: Oxford University Press; 2015.

5. Sies H. Oxidative stress: oxidants and antioxidants. Exp Physiol. 1997;82(2):291-5.

6. Aebi H. Catalase in vitro. Methods Enzymol. 1984;105:121-6.

7. Ohkawa H, Ohishi N, Yagi K. Assay for lipid peroxides in animal tissues by thiobarbituric acid reaction. Anal Biochem. 1979;95(2):351-8.

8. Levine RL, Garland D, Oliver CN, Amici A, Climent I, Lenz AG, et al. Determination of carbonyl content in oxidatively modified proteins. Methods Enzymol. 1990;186:464-78.

9. Noble JE, Bailey MJA. Quantitation of protein. Methods Enzymol. 2009;463:73-95.

10. Olson BJSC, Markwell J. Assays for determination of protein concentration. Curr Protoc Protein Sci. 2007;48:3.4.1-3.4.29.

11. Fountoulakis M, Juranville JF, Manneberg M. Comparison of standard protein assay methods. J Biochem Biophys Methods. 1992;24(3-4):265-74.

12. Bland JM, Altman DG. Statistical methods for assessing agreement between two methods of clinical measurement. Lancet. 1986;1(8476):307-10.

13. CLSI. Method Comparison and Bias Estimation Using Patient Samples; Approved Guideline — Third Edition. CLSI document EP9-A3. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2013.

14. Valko M, Rhodes CJ, Moncol J, Izakovic M, Mazur M. Free radicals, metals and antioxidants in oxidative stress-induced cancer. Chem Biol Interact. 2006;160(1):1-40.

15. Ferreira ALA, Matsubara LS. Radicais livres: conceitos, doenças relacionadas, sistema de defesa e estresse oxidativo. Rev Assoc Med Bras. 1997;43(1):61-8.

## P-136

## Prevalência da HbA1c em laboratório clínico nacional entre 2015 e 2025: uma análise estratificada por sexo

Adriana Rodrigues Vieira[1], Luciana Carvalho Figueira[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde.*

**Introdução:** A hemoglobina glicada (HbA1c) reflete a média glicêmica trimestral, sendo essencial no diagnóstico e monitoramento do diabetes. Na última década, mudanças metodológicas, nos critérios diagnósticos e no acesso à saúde impactaram a interpretação de seus resultados. **Objetivo:** Comparar a frequência de resultados alterados de HbA1c entre 2015 e 2025, estratificada por sexo, sob perspectivas analíticas e epidemiológicas. **Métodos:** Estudo retrospectivo comparativo de dados laboratoriais de HbA1c (2015 e 2025) mensurados por método certificado pelo NGSP. Os dados foram estratificados por sexo e classificados em: normal (<5,7%), pré-diabetes (5,7% a 6,4%) e diabetes (6,5%). O estudo utilizou um banco de dados informatizado e anônimo, sendo dispensado de tramitação no sistema CEP/CONEP. **Resultados e Discussão.** Houve elevada estabilidade analítica e epidemiológica entre 2015 e 2025, com médias praticamente idênticas. O sexo feminino apresentou maior proporção de normalidade e menor prevalência de diabetes em ambos os períodos. Em contraste, o

sexo masculino demonstrou menor percentual de normalidade e maiores frequências de pré-diabetes e diabetes, evidenciando perfil de maior risco cardiometabólico (Tabela1). **Conclusão.** Os resultados de HbA1c mantiveram estabilidade epidemiológica entre 2015 e 2025, com alta prevalência de pré-diabetes e maior risco no sexo masculino. O discreto aumento de casos de diabetes em ambos os sexos reforça a relevância do analito no monitoramento metabólico e na vigilância populacional.

**Tabela 1.** Distribuição percentual de HbA1c por sexo

| 2015 | | | |
|---|---|---|---|
| **Sexo** | **Normal (%)** | **Pré-diabetes (%)** | **Diabetes (%)** |
| Feminino | 63,40 | 26,90 | 9,10 |
| Masculino | 58,28 | 29,19 | 12,53 |
| **2025** | | | |
| **Sexo** | **Normal (%)** | **Pré-diabetes (%)** | **Diabetes (%)** |
| Feminino | 63,70 | 27,10 | 9,30 |
| Masculino | 58,10 | 29,10 | 12,70 |

**Método:** Imunoensaio de inibição turbidimétrica.

**Palavras-chave:** HbA1c, Diabetes Mellitus, Vigilancia Epidemiológica.

## P-142

### Avaliação da bioatividade anticoagulante e antifúngica de diferentes extratos do ipê roxo, *Handroanthus impetiginosus*

Helena Nascimento Oliveira[1], Thalita Grazielly Santos[1], Marco Túlio Menezes Carvalho[1]

[1]*Universidade Estadual de Minas Gerais.*

**Introdução:** As plantas medicinais constituem importante fonte para a descoberta de novos fármacos, permitindo a identificação de compostos bioativos com potencial de interação em processos bioquímicos, farmacocinéticos e farmacodinâmicos. Entre as espécies vegetais de interesse destaca-se Handroanthus impetiginosus, popularmente conhecido como ipê-roxo, devido à presença de metabólitos associados a atividades anti-inflamatória, antioxidante, antimicrobiana, além de possíveis efeitos antifúngicos e anticoagulantes. **Objetivo:** Avaliar a atividade anticoagulante, antifúngica e antibiofilme de diferentes extratos obtidos a partir da entrecasca de Handroanthus impetiginosus. **Métodos:** A amostra vegetal foi adquirida comercialmente e submetida à moagem da entrecasca, sendo o material obtido dividido em frações para posterior extração utilizando solventes aquoso, hidroalcoólico e cetônico. Os extratos brutos foram obtidos por extração por exaustão e posteriormente diluídos em concentrações variando entre 80.000 µg/mL e 7,8 µg/mL. A atividade anticoagulante foi avaliada pelos testes de tempo de protrombina e tempo de tromboplastina parcial ativada, analisando as vias extrínseca, intrínseca e comum da coagulação. A atividade antifúngica foi determinada pelo método de microdiluição em placas e a atividade antibiofilme foi avaliada frente a diferentes espécies de Candida. **Resultados e Discussão**: O extrato cetônico apresentou melhor desempenho antifúngico, com valores de Concentração Mínima Inibitória variando entre 125 µg/mL e 1000 µg/mL. Nos ensaios antibiofilme observou-se redução de até 50% da densidade óptica, indicando ação moderada sobre mecanismos relacionados à adesão celular e formação da matriz extracelular. Em relação à atividade anticoagulante, a maioria das concentrações avaliadas não apresentou inibição significativa das vias intrínseca e extrínseca da coagulação. **Conclusão:** Os resultados demonstram potencial antifúngico e antibiofilme dos extratos obtidos a partir de Handroanthus impetiginosus, especialmente do extrato cetônico, embora a atividade anticoagulante não tenha apresentado resultados promissores. Assim, os achados contribuem para o direcionamento de estudos futuros voltados ao isolamento e caracterização dos compostos bioativos responsáveis pelos efeitos observados.

**Palavras-chave:** Coagulação Sanguínea, Biofilme, Handroanthus impetiginosus.

## P-163

### Prevalência de hipovitaminose D em crianças no Estado do Amazonas atendidas em um laboratório de análises clínicas entre 2024 e 2025

Elaine Flaviane Noronha da Silva[1], Luciana Carvalho Figueira[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde.*

**Introdução:** A vitamina D exerce importante papel na saúde óssea, imunológica, vascular e neurológica, sendo essencial para o desenvolvimento infantil. Apesar da elevada incidência de radiação ultravioleta na região amazônica, fatores comportamentais e ambientais podem comprometer a síntese cutânea, favorecendo quadros de hipovitaminose D. Dessa forma, o monitoramento laboratorial possui relevante impacto clínico e epidemiológico na população pediátrica. **Objetivo:** Analisar a prevalência de hipovitaminose D em crianças no Estado do Amazonas atendidas em um laboratório de análises clínicas entre 2024 e 2025. **Métodos:** Estudo retrospectivo transversal realizado a partir de banco de dados informatizado e anônimo, dispensado de tramitação no sistema CEP/CONEP. Foram analisados resultados séricos de 25-hidroxivitamina D [25(OH) de crianças de ambos os sexos, com idade entre 0 e 12 anos, no período de janeiro de 2024 a dezembro de 2025. Os resultados foram classificados em deficiência (<20 ng/mL), insuficiência (20–29 ng/mL) e suficiência (≥30 ng/mL). **Resultados e Discussão:** Foram analisados 16.981 exames de vitamina D em crianças de ambos os sexos entre 0 e 12 anos no Estado do Amazonas (Gráfico 1). Em ambos os anos, observou-se predominância de resultados suficientes (≥30 ng/mL). Em 2025, houve aumento da prevalência de suficiência de vitamina D nos sexos feminino e masculino, acompanhado de redução dos casos classificados como insuficientes e deficientes quando comparado a 2024. Os achados demonstram que, apesar da elevada incidência solar da região amazônica, a hipovitaminose D permanece frequente na população pediátrica, sugerindo influência de fatores comportamentais, alimentares e ambientais. Entretanto, a melhora observada em 2025 pode indicar maior conscientização da população em relação a suplementação vitamínica. **Conclusão:** O monitoramento da vitamina D na infância possui importante relevância clínica e epidemiológica, contribuindo para estratégias de prevenção e promoção da saúde infantil na região Norte do Brasil.

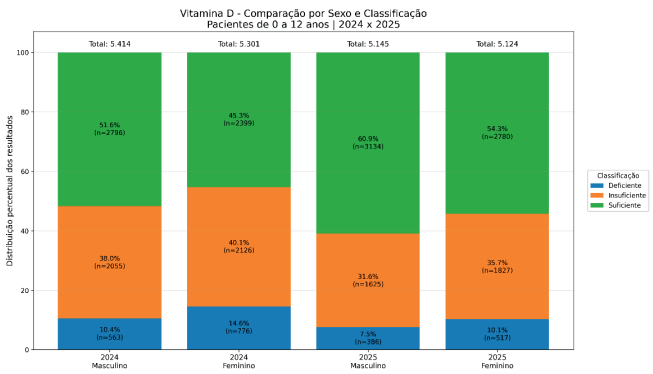



**Gráfico 1**. Distribuição percentual dos resultados

**Palavras-chave:** Hipovitaminose D, Epidemiologia Laboratorial, Saúde Infantil.

## ÁREA: BIOSSEGURANÇA E SAÚDE OCUPACIONAL

### P-096

# Análise, implementação e intensificação de medidas de qualidade e biossegurança em uma unidade de diagnóstico de SARS-CoV-2 na FIOCRUZ

Priscila Azevedo Sant'Ana de Oliveira[1], Érika Martins de Carvalho[1]

[1]*Fiocruz.*

**Introdução**

No início de 2020, a pandemia de COVID-19 marcou um novo capítulo na história da biossegurança. A rápida disseminação do SARS-CoV-2 e seu alto potencial de transmissão respiratória trouxeram novamente à tona a importância dos cuidados relacionados ao risco biológico.

A Fundação Oswaldo Cruz através do Programa Unidos Contra a COVID-19 e sob a coordenação do Ministério da Saúde, inaugurou em agosto de 2020, duas centrais de grande processamento para a testagem do diagnóstico dos pacientes com suspeita e/ou sintomas da COVID-19. Nomeadas como "Unidade de Apoio ao Diagnóstico da COVID-19", as unidades foram instaladas, uma no campus de Manguinhos, no Rio de Janeiro, e outra no Ceará, sendo administradas por meio da Vice-Presidência de Produção e Inovação em Saúde (VPPIS), para atender a uma demanda do Ministério da Saúde que solicitava o aumento da testagem em todo o território nacional.

A UNADIG-RJ foi planejada para contar com um laboratório de Biologia Molecular, capaz de processar até 15 mil amostras diárias para RT-PCR, e um laboratório de Sorologia, com capacidade para realizar até 8 mil testes diários para detecção de anticorpos anti-SARS-CoV-2.

**Objetivo**

Propor, desenvolver e implantar um programa em biossegurança na UNADIG-RJ, abrangendo as áreas de saúde, ambiente, educação, comunicação e informação, de forma a contribuir para o desenvolvimento de um sistema que permita a integração da Gestão da Qualidade, do Ambiente, da Saúde do Trabalhador e da Biossegurança.

**Métodos**

Para implantar as medidas de qualidade e biossegurança nos laboratórios, foi necessário realizar um estudo de caráter exploratório, descritivo e avaliativo, que teve como finalidade identificar, descrever cada etapa do processo e avaliar os critérios que não estavam sendo atendidos, ou aqueles que necessitavam de intensificação devido a gravidade da situação. Foram utilizadas diversas literaturas, tais como manuais e normativas de biossegurança como o Manual de Segurança Biológica em Laboratório (OMS, 2021), Diretrizes Gerais para Trabalho em Contenção com agentes Biológicos (MS, 2010), Biosafety in Microbiological and Biomedical Laboratories (CDC, 2020) entre outros. pesquisados documentos do Centers for Disease Control and Prevention/ World Health Organization (CDC/WHO, 2020), Manuais de Biossegurança e Diretrizes Gerais para o Trabalho com organismos geneticamente não modificados, normas internacionais do INMETRO e internacionais ISO.

A equipe de Qualidades e Biossegurança realizou diversos Brainstorming, com as equipes dos laboratórios e acompanhou efetivamente as atividades dentro das áreas, a fim de identificar os processos e após esta etapa foram elaborados os fluxos.

**Resultados e Discussão**

Desde o início, a macrogestão reconheceu que qualidade e biossegurança devem caminhar juntas em um laboratório diagnóstico, motivando a criação da Divisão da Garantia da Qualidade e Biossegurança (DIGAQ).

Tendo em vista que a unidade entrou em amplo funcionamento concomitantemente com a implantação do Sistema de Gestão da Qualidade e Biossegurança o processo de elaboração dos Procedimentos Operacionais Padrão e as Instruções de Trabalho foi o primeiro desafio enfrentado pela DIGAQ, pois existia uma alta demanda de diagnóstico de COVID-19.

O processo de mapeamento dos processos da unidade teve como foco inicial as áreas técnicas dos laboratórios, sendo considerada como crítica. O objetivo era identificar todos os processos dos laboratórios, desde o recebimento das amostras até o laudo. O objetivo de identificar os riscos e pontos riscos dentro do processo.

Como resultado do trabalho de mapeamento foram elaborados os documentos, o laboratório de Biologia Molecular planejou e elaborou 41 documentos dentre eles POP, IT, formulários e manuais e o laboratório de Sorologia planejou e elaborou 18 documentos dentre eles POP, IT, formulários e manuais.

As equipes dos laboratórios e demais áreas iniciaram as etapas de treinamento logo após a aprovação dos documentos internos, devido a urgência.

A DIGAQ implementou dentro do módulo de registro de ocorrências um ambiente onde todos as não conformidades que possam ocorrer durante o processo de trabalho, sejam registradas, analisadas e concluídas através das ações corretivas, conforme a exigência do sistema de gestão da qualidade – SGQ.

A DIGAQ realizou a primeira auditoria interna no ano de 2021, dando continuidade as atividades da garantia da qualidade. Para isso foram elaborados os documentos internos como o Procedimento de Auditoria da Qualidade, onde foram descritas todas as etapas do processo de auditoria e o Formulário de Checklist de Auditoria que seguiu como base nos requisitos da RDC 302/2005 e a norma ISO 15189 que regem os laboratórios clínicos.

A DIGAQ considerou o resultado da auditoria interna como satisfatória, onde seus resultados revelou os pontos positivos e negativos dos processos implantados e traçou novos objetivos onde foram elaborados novos documentos e versionamento dos documentos implantados.

Todas as Não conformidades foram registradas e investigadas e as ações corretivas implementadas.

O sistema de DIGAQ buscou através da implementação de medidas de contenção e ações preventivas, assegurar a proteção dos trabalhadores em um ambiente livre de contaminação. As medidas de contenção foram implementadas em consonância com a classe de risco do agente biológico que foi manipulado e o nível de exposição dos trabalhadores durante as atividades que foram desenvolvidas.

Durante a realização deste trabalho, foram manipuladas amostras potencialmente infectantes com suspeita para SARS-CoV-2 que foram submetidas ao diagnóstico nos laboratórios da UNADIG-RJ. Sendo assim, as medidas de contenção adotadas tiveram como foco principal os equipamentos de proteção individual e as boas práticas laboratoriais como barreira primária e o projeto de construção das instalações laboratoriais como barreira de contenção secundária.

A DIGAQ elaborou o Manual de Biossegurança onde foram registradas todas a medidas de contenção primárias e secundárias implementadas.

A UNADIG-RJ foi entregue para iniciar suas atividades com os equipamentos de proteção individual e coletivo selecionados de acordo com os resultados das análises dos riscos realizada pela equipe de implantação da unidade, porém diante do cenário de emergência sanitária, onde existia poucas informações à época sobre o vírus SARS-CoV-2.

Diante desse contexto a DIGAQ elaborou um relatório de exposição ao risco biológico para os laboratórios de Biologia Molecular e Sorologia, com o objetivo de sensibilizar as equipes para o risco biológico para outros patógenos que porventura poderiam estar contidos nas amostras recebidas para diagnóstico de SARS-COV-2.

Uma das primeiras ações da DIGAQ, no que tange aos equipamentos de proteção individual e coletivo, foi a verificação junto aos documentos publicados pelos órgãos nacionais e internacionais sobre as orientações aos laboratórios quanto aos equipamentos de proteção indicados para a proteção contra o SARS-CoV-2. Dentre os documentos consultados estavam a nota técnica ANVISA Nº 04/2020 e as Orientações de biossegurança laboratorial relativa à doença do coronavírus, de 19 de março de 2020.

As medidas de contenção secundárias ou barreiras secundárias como também são chamadas estão relacionadas ao projeto de construção das instalações e a infraestrutura do ambiente laboratorial.

O projeto da unidade foi construído para atender dois laboratórios de diagnóstico, foram projetados com salas de classificação NB1 e NB2, construídos e pautados nas exigências de cada nível de contenção e amparados também pelas orientações publicadas pelas agências nacionais e internacionais à época.
Foi elaborado um Mapa de Risco pela equipe de projeto da UNADIG-RJ, baseado nos riscos físico, químico, biológico, ergonômico e de acidentes identificados por cores. O mapa de risco foi analisado pela DIGAQ de acordo com o mapeamento dos processos, identificação das atividades realizadas e verificou-se a necessidade da elaboração de um novo mapa de risco. Sendo assim foi implementado um checklist para dar inícios a detecção dos riscos ocupacionais existentes nas salas dos laboratórios visto que os riscos mencionados no mapa não refletiam a realidade da unidade. O preenchimento do checklist foi realizado juntamente com as equipes dos laboratórios, através de brainstormig.

**Conclusão**
A gestão integrada da Biossegurança e da Qualidade laboratorial busca garantir processos seguros para os trabalhadores e o ambiente. As diretrizes da qualidade, quando alinhadas às normas de biossegurança, contribuem para identificar e avaliar os riscos ocupacionais presentes na rotina e no ambiente laboratorial.
As ferramentas da qualidade permitiram a organização das ideias e a melhor identificação dos problemas, além de promover o engajamento das equipes de diferentes áreas na busca e no emprego das ações corretivas de forma rápida e assertiva, trazendo melhorias aos processos de trabalho.
A identificação dos riscos quando realizada parceria com a equipe laboratorial e atrelada ao mapeamento do processo, permite uma visão mais ampla do contexto, baseando as decisões em cenário mais coerentes com a realidade, assim como a inserção das equipes de trabalhadores. Essa análise conjunta permitiu identificar, a partir dos relatos dos trabalhadores, necessidades e falhas não observadas inicialmente no projeto arquitetônico da unidade.
A gestão da biossegurança é vista como uma aliada dentro do contexto das atividades laboratoriais, pois permite através da implementação de medidas e ações preventivas, um ambiente seguro e processos de qualidade.

**Referências**
Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Atenção à Saúde. Departamento de Ações Programáticas Estratégicas. Exposição a materiais biológicos. Brasília (DF): Ministério da Saúde; 2006.

Fundação Oswaldo Cruz. Comissão Técnica de Biossegurança. Procedimentos para a manipulação de micro-organismos patogênicos e/ou recombinantes na Fiocruz [Internet]. Rio de Janeiro: Fiocruz; 2005.

Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos. Diretrizes gerais para o trabalho em contenção com agentes biológicos. Brasília (DF): Ministério da Saúde; 2010.

**Palavras-chave:** Biossegurança, Qualidade, Gestão.

## ÁREA: CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO

### P-023

### Automação do atendimento em laboratório clínico: impactos na eficiência operacional, segurança da informação e satisfação do cliente

**APRESENTAÇÃO ORAL**

Giani Barbosa Ribeiro[1], Régis Murilo Pena[1], Luciene Cardoso Gonçalves[2], Maurício Carvalho Gomes[1]

*[1]SHIFT; [2]Laboratório São Francisco*

**Introdução**
A transformação digital na saúde tem impulsionado a adoção de soluções voltadas à eficiência operacional, à segurança da informação e à melhoria da experiência do paciente. No contexto laboratorial, esses desafios se intensificam diante da crescente demanda por atendimentos ágeis, acessíveis e seguros, aliados à necessidade de conformidade com a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD). Além disso, a expectativa dos pacientes por interações digitais rápidas e resolutivas tem motivado os laboratórios clínicos a revisarem seus modelos tradicionais de atendimento, muitas vezes baseados em processos manuais, descentralizados e sujeitos a falhas humanas.

Nesse cenário, um laboratório localizado no estado de São Paulo identificou a necessidade de modernizar seus canais de comunicação, reduzir retrabalhos internos e otimizar fluxos operacionais, assegurando também a proteção de dados sensíveis e elevando a satisfação dos clientes. Entre os principais desafios estavam o alto volume de demandas repetitivas, o tempo elevado de resposta ao cliente e a dificuldade de padronização das informações fornecidas pela equipe. Para atender a essas demandas, foi adotada uma solução tecnológica integrada ao sistema laboratorial (LIS), com foco na automação do atendimento ao cliente por meio de chatbot, permitindo a reestruturação dos fluxos de comunicação e a ampliação da capacidade de atendimento sem aumento no quadro de profissionais da equipe. A iniciativa também buscou promover maior rastreabilidade das interações e apoiar a gestão com base em dados.

**Objetivos**
Implementar solução tecnológica de chatbot integrada ao sistema laboratorial, evidenciando seus impactos na agilidade do atendimento, segurança da informação, eficiência operacional e satisfação do cliente, bem como sua contribuição para a melhoria contínua dos processos.

**Métodos**
Trata-se de um estudo descritivo, com abordagem quantitativa e qualitativa, baseado na análise de indicadores operacionais e de experiência do cliente após a implantação da solução, ocorrida em agosto de 2025. A ferramenta implementada possibilitou a automação de interações com os pacientes por meio de um canal digital amplamente utilizado, permitindo acesso a resultados de exames, recuperação de senhas e consulta de informações laboratoriais de forma rápida e segura. Foram analisados indicadores como volume total de atendimentos, taxa de automação (percentual de interações resolvidas sem intervenção humana), índice de conversas perdidas, tempo médio de resposta, tempo médio de acesso aos resultados e nível de satisfação do cliente, medido por meio do Net Promoter Score (NPS). Adicionalmente, foram consideradas análises qualitativas relacionadas à melhoria dos fluxos operacionais, à redução de retrabalhos e à percepção da equipe quanto à eficiência da solução. A conformidade com a LGPD foi garantida por meio de mecanismos de validação automática implementados no sistema, assegurando que o acesso às informações sensíveis ocorresse de forma segura e controlada. Os dados analisados referem-se ao período imediatamente posterior à implantação, com comparação a indicadores históricos quando aplicável.

**Resultados e Discussão**
A implantação da solução resultou em melhorias significativas nos indicadores operacionais e na experiência do cliente. No período analisado, foram registrados 3.008 atendimentos, dos quais 44% foram concluídos de forma totalmente automatizada, sem necessidade de intervenção humana. Os dados estão em consonância com os achados de Lugli e Filho (2020), que evidenciaram que, após a implementação de um bot, houve uma redução de 30% nos atendimentos realizados por operadores ou que demandavam alguma intervenção humana. Esse resultado contribuiu para o aumento da eficiência no atendimento, além de promover maior autonomia dos clientes, que passaram a realizar consultas e solicitações de forma independente. Esse resultado evidencia o potencial da automação na absorção de demandas repetitivas, reduzindo a carga operacional da equipe e permitindo maior foco em atividades de maior complexidade.
O índice de 0% de conversas perdidas demonstra a efetividade do sistema em garantir que todas as interações fossem atendidas, eliminando lacunas comuns em canais tradicionais de atendimento e contribuindo para uma experiência mais positiva. Além disso, observou-se uma redução significativa no tempo médio de resposta, fator diretamente relacionado à percepção de qualidade do atendimento por parte dos clientes.

Outro resultado relevante foi a redução de 35% no tempo médio de acesso aos resultados laboratoriais, em comparação aos períodos anteriores, evidenciando maior autonomia dos pacientes e maior eficiência na disponibilização das informações. Esse avanço contribui não apenas para a satisfação do cliente, mas também para a melhoria do fluxo assistencial, ao reduzir o tempo de espera por informações clínicas críticas, impactando diretamente a segurança do paciente e os desfechos clínicos. Na análise comparativa entre os períodos pré e pós-implantação da funcionalidade, observou-se redução do tempo médio de acesso os resultados pelos pacientes (TAT), de 169 horas para 148 horas, ao comparar o primeiro trimestre de 2025 com o mesmo período de 2026. Esses achados indicam que a ampliação dos canais digitais exerce impacto direto na assistência, proporcionando maior agilidade na tomada de decisão clínica e potencializando a condução diagnóstica e terapêutica dos pacientes, corroborando com o estudo de Ferreira (2023), em que a implementação dos chatbots também resultou em benefícios significativos, como a melhoria da eficiência operacional, a redução do tempo de espera e a disponibilidade de atendimento 24 horas por dia para os clientes.
No que se refere à segurança da informação, a solução demonstrou aderência aos requisitos da LGPD, por meio de validações automáticas que garantem o acesso seguro aos dados sensíveis. Esse aspecto é fundamental para a confiança dos usuários e para a conformidade regulatória do laboratório. A adoção da ferramenta também possibilitou avanços na gestão operacional, com a disponibilização de indicadores que permitem o monitoramento contínuo da performance do atendimento. Essa visibilidade favorece a tomada de decisão baseada em dados e a identificação de oportunidades de melhoria nos processos. Em relação à satisfação do cliente, o laboratório passou a mensurar a experiência dos usuários, alcançando um NPS de 86, valor que o posiciona na zona de excelência. Esse resultado reflete a percepção positiva dos clientes quanto à agilidade, praticidade e confiabilidade do atendimento digital.

Adicionalmente, a reestruturação dos fluxos de atendimento permitiu a resolução de situações anteriormente críticas, como dificuldades no acesso a resultados, falta de padronização no repasse de informações e dependência de atendimento presencial ou telefônico. A disponibilização de um canal digital automatizado reduziu fricções na jornada do cliente, proporcionando maior conveniência e autonomia. Os resultados observados estão alinhados com tendências sobre transformação digital do mercado, onde se destacam o papel das tecnologias de automação na melhoria da eficiência, na redução de custos operacionais e na ampliação do acesso aos serviços. Com a população cada vez mais conectada à internet, a comunicação tende a se tornar progressivamente mais ágil e autônoma, enquanto a busca por simplicidade no atendimento cresce na mesma proporção. Segundo o Gartner (2011), ao longo da segunda década dos anos 2000, cerca de 85% das interações com clientes ocorreriam sem a necessidade de contato humano direto. A integração entre sistemas laboratoriais e canais digitais representa uma evolução importante na forma como os serviços de saúde se relacionam com seus clientes.

**Conclusão**
A implantação da solução de chatbot integrada ao sistema laboratorial demonstrou impactos positivos relevantes na modernização do atendimento ao cliente. Os resultados evidenciam ganhos expressivos em agilidade, eficiência operacional, segurança da informação e satisfação dos pacientes. A solução consolidou-se como um importante diferencial competitivo, permitindo ao laboratório ampliar sua capacidade de atendimento, reduzir retrabalhos e oferecer uma experiência mais fluida e resolutiva aos seus clientes. Além disso, contribuiu para o fortalecimento da cultura de gestão orientada por dados, apoiando a melhoria contínua dos processos. Dessa forma, a adoção de tecnologias digitais no contexto laboratorial mostra-se uma estratégia eficaz para enfrentar os desafios atuais do setor, promovendo inovação, qualidade e conformidade regulatória, ao mesmo tempo em que atende às expectativas crescentes dos pacientes por serviços mais ágeis e acessíveis.

**Palavras-chave:** Automação do atendimento laboratorial, Eficiência operacional em laboratório clínico, Segurança da informação em saúde.

**Referências**
Brasil. Lei nº 13.709, de 14 de agosto de 2018. **Lei Geral de Proteção de Dados Pessoais (LGPD).** Diário Oficial da União. 2018 ago 15.

FERREIRA, R.C. **Estudo de Caso: A efetividade do uso de chatbots no atendimento aos clientes da Insetan,** 2023. Disponível em: https://bib.pucminas.br/pergamumweb/vinculos/000020/0000202f.pdf, acessado em 03/05/2026.

Gartner. (2011). **Gartner Customer 360 - Summit 2011**. [S.l.].

Lugli VA, Filho J de L. **O uso do chatbot para a excelência em atendimento**. Faculdade de Tecnologia de Taquaritinga (Fatec); 2020. Disponível em: https://revista.fatectq.edu.br/interfacetecnologica/pt_BR/article/view/840/462, acessado em 05/05/2026.

MILMAM, G. **Atendimento Digitalmente Humano: Uma Nova Abordagem No Atendimento Ao Cliente**, 2019. Disponível em: https://lume.ufrgs.br/handle/10183/215183, acessado em 04/05/2026.

## P-073

## Fluxo analítico e otimização em laboratório clínico com aplicação de Lean Healthcare

Gabriella Pires da Silva Macedo[1], Igor Bordallo Werhauser Escalante[1], Caique Lira Borges[1], Anelisa Fernandes Vieira[1], Luiza Rodrigues de Oliveira e Britto[1], Patricia Godoy Garcia Costa[1], Jonas Rodolfo Santana Oliveira[1], Rafael Jacomo[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1]

*[1]Sabin Diagnostico e Saúde.*

**Introdução**
Em ambientes laboratoriais de alta complexidade, a busca por eficiência operacional, redução de custos e melhoria contínua da qualidade assistencial representa um fator crítico de sucesso. O crescimento constante da demanda diagnóstica exige processos cada vez mais robustos, sustentáveis e capazes de garantir maior produtividade sem comprometer qualidade, segurança e tempo de resposta. Nesse contexto, a aplicação dos conceitos de *Lean Healthcare*, aliada à otimização de recursos e ao redesenho de processos, torna-se essencial para garantir maior eficiência operacional com redução de desperdícios. A filosofia *Lean*, originada no Sistema Toyota de Produção, baseia-se na eliminação sistemática de desperdícios, redução de variabilidade e melhoria contínua dos processos (1,2). Em laboratórios clínicos, a aplicação dessas ferramentas permite otimizar fluxos de produção, reduzir gargalos operacionais, melhorar o aproveitamento de recursos disponíveis e promover maior estabilidade da Operação (3-5).

Além dos ganhos operacionais, iniciativas de melhoria em ambientes laboratoriais impactam diretamente a experiência do paciente, especialmente quando relacionadas à redução do número de tubos coletados e diminuição do tempo de resposta dos exames. Dessa forma, o processo deixa de ser apenas operacional e passa a agregar valor assistencial e estratégico. O presente estudo avaliou os impactos da implementação de melhorias operacionais no parque analítico de imunoquímica de um laboratório em Campinas, com foco na unificação de tubos, balanceamento de insumos no abastecimento de máquinas analíticas e otimização do fluxo, analisando seus efeitos sobre produtividade, *Turnaround Time* (TAT), eficiência operacional e utilização de recursos.

**Objetivo**

Avaliar os impactos operacionais e assistenciais provenientes da implementação de melhorias no processo produtivo laboratorial, com foco na otimização do fluxo operacional, redução de desperdícios e aumento da eficiência analítica. O estudo contempla a unificação de tubos destinados aos exames de bioquímica e hormônios, promovendo maior densidade analítica por amostra coletada, além da identificação e mitigação de gargalos operacionais ao longo da cadeia produtiva. Adicionalmente, busca-se analisar os efeitos dessas intervenções sobre os indicadores de desempenho do laboratório, especialmente na redução do TAT, no aumento da produtividade, na melhoria da sustentabilidade operacional e na ampliação da qualidade e agilidade dos serviços prestados aos pacientes.

**Métodos**

O estudo foi conduzido em um Núcleo Técnico Operacional (NTO) de laboratório clínico na cidade de Campinas, utilizando abordagem baseada em *Lean Healthcare* e melhoria contínua (5,6) O projeto foi estruturado a partir do ciclo DMAIC *(Define, Measure, Analyze, Improve e Control*), associado ao mapeamento de fluxo de valor (Value Stream Mapping – VSM) (4,9).

Inicialmente, foi realizado o mapeamento completo do fluxo ponta a ponta, contemplando as etapas de coleta, triagem, processamento, abastecimento analítico dos equipamentos destinados aos exames de bioquímica e hormônios, análise e liberação de resultados. Embora todo o processo laboratorial tenha sido avaliado de forma sistêmica, o foco principal das intervenções concentrou-se na fase analítica, especialmente no processamento dos exames no NTO. A análise do fluxo permitiu identificar desperdícios (muda), variabilidade operacional (mura) e sobrecarga de recursos (muri), possibilitando a implementação de melhorias direcionadas à otimização da eficiência operacional, do fluxo produtivo e dos indicadores de desempenho do setor.

Entre as principais oportunidades identificadas destacaram-se excesso de tubos processados, concentração de demanda em horários específicos, processamento em lote (*batching*), subutilização parcial da capacidade instalada e sobrecarga operacional no período da tarde.

Como estratégia de melhoria, foram implementadas ações voltadas para unificação dos tubos de coleta, balanceamento do abastecimento do equipamento analisador, redistribuição da carga produtiva ao longo do dia, redução do processamento em lote, nivelamento operacional (*heijunka*) e otimização do fluxo contínuo.

Foi realizada análise comparativa entre o cenário pré-implementação (janeiro de 2026) e pós-implementação (março de 2026). Os principais indicadores avaliados foram volume total de testes, quantidade de tubos processados, densidade de exames por tubo, TAT analítico, desempenho pré-analítico interno e distribuição da produção ao longo do dia. Os dados de produção foram obtidos a partir dos indicadores operacionais monitorados mensalmente pelo time de Planejamento e Controle de Produção (PCP).

**Resultados e Discussão**

A análise comparativa demonstrou ganhos expressivos sob a ótica operacional e assistencial. Observou-se aumento de 12,3% no volume total de testes realizados, passando de 166.152 exames em janeiro para 186.556 em março. Simultaneamente, houve redução de 25,4% no número de tubos processados, passando de 28.687 para 21.396 tubos.

Como consequência direta, verificou-se aumento de 50% na densidade de exames por tubo, evoluindo de 5,8 para 8,7 exames/tubo. Os resultados demonstram maior aproveitamento da amostra biológica e otimização da utilização de recursos laboratoriais. Além disso, a redução do número de tubos impacta diretamente a cadeia operacional, promovendo redução do consumo de tubos, etiquetas e insumos indiretos, diminuição do descarte de resíduos laboratoriais, melhoria da experiência do paciente e otimização logística desde a coleta até o descarte final.

Em relação ao desempenho operacional, observou-se redução significativa do *Turnaround Time* (TAT) analítico ao longo do período avaliado. O tempo médio passou de 618 minutos em janeiro para 456 minutos em março, representando uma melhora de 26,2% no indicador. Adicionalmente, verificou-se evolução no desempenho do processo pré-analítico interno, com redução de 8,3% no tempo médio dessa etapa, que passou de 72 minutos para 66 minutos. Esse resultado esteve diretamente relacionado à diminuição do número de tubos recebidos para triagem e processamento, favorecendo maior fluidez operacional e otimização das atividades do setor (Figura 1).




**Figura 1.** Comparação dos principais indicadores operacionais.

A análise de distribuição da produção ao longo do dia demonstrou mudanças relevantes no comportamento operacional. No cenário pré-implementação, observou-se forte concentração produtiva entre 14h e 18h, caracterizando pico operacional importante e subutilização do período da manhã. Esse comportamento indicava processamento em lote, acúmulo de demanda e presença de gargalos no fluxo produtivo.

Após a implementação das melhorias, verificou-se melhor distribuição da produção ao longo do dia, com aumento da utilização da capacidade operacional entre 10h e 13h e redução da concentração extrema no período da tarde (Figura 2).

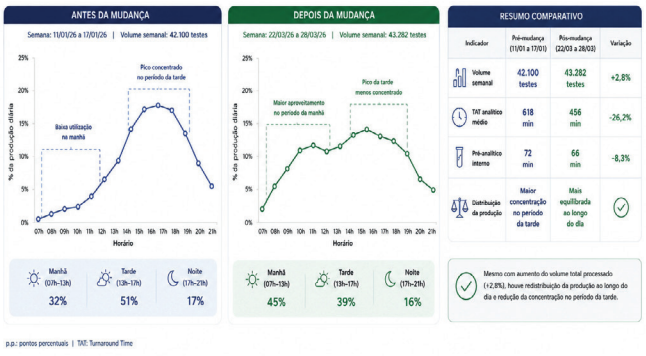



**Figura 2.** Curva de distribuição da produção ao longo do dia.

Sob a ótica da engenharia de produção, os resultados evidenciam uma transformação estrutural do processo operacional. Tradicionalmente, operações laboratoriais enfrentam um *trade-off* entre produtividade, custo e prazo. Entretanto, neste estudo observou-se aumento simultâneo de produtividade, redução do consumo de insumos críticos e redução do tempo de resposta.

Sob a perspectiva *Lean*, os resultados refletem atuação direta sobre os três principais desvios produtivos: redução de muda (desperdícios), evidenciada pela diminuição do número de tubos processados; redução

de mura (variabilidade), observada pela melhor distribuição da produção ao longo do dia; e redução de muri (sobrecarga), refletida na melhora do TAT e redução da concentração operacional. Além disso, a aplicação prática de conceitos como *heijunka*, balanceamento de carga e fluxo contínuo contribuiu para maior estabilidade da operação e melhor aproveitamento dos recursos analíticos (1,2,10). Os resultados reforçam o potencial de aplicação das ferramentas *Lean* em ambientes laboratoriais, com ênfase em saúde, demonstrando que melhorias de fluxo podem gerar ganhos sustentáveis mesmo diante do aumento de demanda, trazendo benefícios para o paciente (5,7,9).

**Conclusão**

A implementação das melhorias operacionais no processo produtivo laboratorial demonstrou ganhos relevantes sob as perspectivas operacional, financeira e assistencial. Destacam-se o aumento de produtividade associado à redução do consumo de recursos, a melhoria significativa do TAT analítico, a redução de gargalos operacionais e a otimização do fluxo ponta a ponta. O projeto evidenciou que a aplicação de ferramentas *Lean Healthcare*, associadas ao balanceamento operacional e à revisão do fluxo produtivo, possibilita maior estabilidade do sistema, melhor utilização da capacidade instalada e redução consistente de desperdícios. Além dos ganhos internos, observou-se impacto positivo na experiência do paciente, especialmente pela redução do número de tubos coletados e pela melhoria do tempo de resposta dos exames. Dessa forma, o estudo consolida um modelo operacional mais eficiente, sustentável e replicável, demonstrando que a otimização de fluxo em laboratórios clínicos pode gerar ganhos estruturais relevantes sem necessidade de expansão proporcional de recursos.

**Palavras-chave:** Fluxo, Lean, laboratório clínico.

**Referências**

1. Womack JP, Jones DT. Lean Thinking: Banish Waste and Create Wealth in Your Corporation. New York: Simon & Schuster; 2003.

2. Ohno T. Toyota Production System: Beyond Large-Scale Production. Portland: *Productivity Press*; 1988.

3. Graban M. Lean Hospitals: Improving Quality, Patient Safety, and Employee Engagement. 3rd ed. Boca Raton: *CRC Press*; 2016.

4. George ML. Lean Six Sigma for Service. New York: McGraw-Hill; 2003.

5. Toussaint JS, Berry LL. The promise of Lean in health care. Mayo Clin Proc. 2013;88(1):74-82.

6. Fillingham D. Can Lean save lives? Leadership in Health Services. 2007;20(4):231-41.

7. Henrique DB, Godinho Filho M. A systematic literature review of empirical research in Lean and Six Sigma in healthcare. Total Qual Manag Bus Excell. 2020;31(3-4):429-49.

8. Dickson EW, Singh S, Cheung DS, Wyatt CC, Nugent AS. Application of Lean manufacturing techniques in the emergency department. *J Emerg Med*. 2009;37(2):177-82.

9. Costa LBM, Godinho Filho M. Lean healthcare: review, classification and analysis of literature. *Prod Plan Control*. 2016;27(10):823-36.

10. Shah R, Ward PT. Lean manufacturing: context, practice bundles, and performance. *J Oper Manag*. 2003;21(2):129-49.

## P-093

## Comparativo entre laudos em PDF e relatórios diagnósticos inteligentes na jornada do médico e do paciente

Mauro Miguel Masiero[1], Manuel Holler[2], Vinícius Masiero Fernandez[3], Natara Maciel Esswein[3], Pedro Rohenkohl[1], Biancà Silva[3], João Víctor Bortolini[3], Jessica Cardoso Reis[3], Marciana M. D'Almeida[3]

*[1]Simplecheck; [2]Zurich University of Applied Sciences (ZHAW); [3]Masi Laboratório.*

**Introdução:** Atualmente, a maior parte dos dados de saúde no mundo é gerada e mantida em silos, onde o uso predominante de laudos estáticos em PDF dificulta o acesso, o monitoramento histórico e a interpretação clínica ao longo do tempo. Esta lacuna de digitalização impõe barreiras significativas para a comunicação eficaz entre pacientes, médicos e laboratórios. **Objetivo**: Comparar a percepção de médicos e pacientes quanto à usabilidade, engajamento e eficácia diagnóstica dos relatórios digitais inteligentes em relação aos laudos padrão em PDF. **Métodos**: Foram realizadas entrevistas estruturadas com médicos e pacientes utilizando as soluções modulares da Simplecheck. Analisou-se a facilidade de compartilhamento de dados, a clareza visual das dashboards interativas e o impacto na gestão de dados históricos e preventivos. **Resultados e Discussão:** Os participantes indicaram que os relatórios digitais promovem uma jornada digital integrada, reduzindo o tempo da consulta e pedidos de exame em duplicidade. Médicos relataram ganho de produtividade com a visualização intuitiva de tendências e a interoperabilidade baseada em padrões internacionais (HL7), superando as limitações técnicas e a estaticidade dos arquivos PDF. A centralização dos dados em nuvem permitiu decisões clínicas mais informadas e uma perspectiva de saúde mais ampla. Conclusão: A transição para soluções digitais interativas democratiza o acesso aos dados, fortalece a continuidade do cuidado, otimizando significativamente a eficiência operacional e a capacidade de inovação dos laboratórios de diagnóstico com outros serviços de saúde.

**Palavras-chave:** Laudo Digital, Interoperabilidade, Visualização de Exames de Diagnósticos.

## P-107

## Sigma LAB: uma nova identidade para o controle de qualidade laboratorial baseada em inteligência artificial e gestão estratégica aplicada ao PNCQ

**PRÊMIO PNCQ**

Ticiana Mont Alverne Parente[1], Ruan Sousa Medeiros[1], Jonathan Fernandes da Costa[1], Benedito Pereira Andrade Junior[1], Antonio Mont Alverne Lopes Parente[1], Diego Ramon Alves[1], Monalisa Fontenele de Carvalho Silva[1], Ana Larisse dos Santos Gomes Benicio[1], Camilla Valeska Vasconcelos Costa[1], Camila Boto Farias[1]

*[1]LACLISO.*

**Introdução**

O controle de qualidade laboratorial constitui um dos pilares centrais para a garantia da confiabilidade analítica, da segurança do paciente e do suporte qualificado à tomada de decisão clínica. Nesse contexto, o Controle Externo da Qualidade (CEQ) assume papel estratégico ao possibilitar a avaliação sistemática do desempenho dos laboratórios por meio da comparação interlaboratorial de resultados. Entre as iniciativas nacionais voltadas a esse propósito, destaca-se o Programa Nacional de Controle de Qualidade (PNCQ), amplamente reconhecido como referência no monitoramento da qualidade analítica e na identificação contínua de oportunidades de melhoria nos laboratórios clínicos brasileiros. Apesar de sua relevância, a interpretação dos relatórios emitidos pelo PNCQ ainda apresenta desafios operacionais significativos. O elevado volume de dados, a multiplicidade de analitos avaliados simultaneamente e a necessidade de monitoramento histórico contínuo tornam o processo analítico complexo e, muitas vezes, dependente de avaliações manuais. Em diversos laboratórios, essa rotina exige a utilização de planilhas paralelas, análises fragmentadas e grande esforço operacional das equipes técnicas, o que pode comprometer a agilidade na identificação de tendências, recorrências de resultados insatisfatórios e rastreabilidade das ações corretivas implementadas. Paralelamente, a transformação digital e o avanço da inteligência artificial vêm promovendo mudanças expressivas nos processos em saúde, ampliando a capacidade de integração de dados, automação de atividades e geração de análises estratégicas mais robustas. No âmbito do controle de qualidade laboratorial, essas tecnologias

despontam como importantes aliadas no fortalecimento dos Sistemas de Gestão da Qualidade (SGQ), contribuindo para maior eficiência operacional, rastreabilidade, segurança da informação e suporte à melhoria contínua. Foi nesse cenário de inovação e busca pela excelência que o Laboratório de Análises Clínicas desenvolveu o Sigma LAB, uma plataforma baseada em inteligência artificial voltada à extração automatizada, organização inteligente e análise estratégica dos resultados do PNCQ. A solução representa um avanço significativo na gestão do CEQ, permitindo transformar dados complexos em informações acessíveis, rastreáveis e orientadas à tomada de decisão, fortalecendo a cultura da qualidade e promovendo maior assertividade nos processos laboratoriais

**Objetivo**
Descrever a implantação do Sigma LAB como ferramenta baseada em inteligência artificial para automatização da análise dos dados do PNCQ, avaliando sua contribuição para otimização dos processos relacionados ao controle externo da qualidade laboratorial.

**Métodos**
Trata-se de um estudo descritivo, do tipo relato de inovação tecnológica aplicada à gestão do controle de qualidade laboratorial, desenvolvido no Laboratório de Análises Clínicas. A plataforma Sigma LAB foi desenvolvida em ambiente web integrada a banco de dados estruturado para armazenamento e processamento das informações do PNCQ. O sistema utiliza inteligência artificial treinada para extração automatizada dos dados presentes nos relatórios em formato PDF disponibilizados pelo programa. Após a extração, as informações são categorizadas automaticamente e armazenadas em banco de dados estruturado, permitindo análises dinâmicas por meio de dashboards interativos e ferramentas de Business Intelligence. Entre as funcionalidades implementadas encontram-se: monitoramento da nota global do laboratório; classificação dos analitos em conceitos bom, aceitável e inaceitável; análise por segmento; avaliação temporal histórica; identificação de recorrência de eventos; análise de tendências; investigação estruturada de causa raiz; elaboração automática de planos de ação utilizando metodologia 5W2H; e avaliação automatizada da eficácia das ações corretivas. As análises históricas realizadas compreenderam dados do período entre 2024 e 2026.

**Resultados e Discussão**
Antes da implantação do Sigma LAB, o processo de avaliação dos resultados do PNCQ envolvia análise mensal de aproximadamente 20 a 25 relatórios contendo entre 130 e 150 analitos. A interpretação dos dados era realizada manualmente, com utilização de planilhas auxiliares para cálculo de erros sistemáticos e avaliação de indicadores como DRM%. Esse processo demandava aproximadamente dois dias para conclusão completa das análises de cada ciclo, além de apresentar limitações relacionadas à rastreabilidade, integração e consolidação histórica das informações.
As análises temporais também apresentavam limitações importantes devido à dificuldade de organização histórica dos dados, restringindo a identificação de padrões, recorrências e tendências analíticas. As avaliações críticas dos resultados classificados como inaceitáveis eram realizadas por meio de formulários físicos durante reuniões periódicas de Controle Interno da Qualidade (CQI) e Controle Externo da Qualidade (CEQ), dificultando o acesso rápido às informações, a recuperação documental e o acompanhamento longitudinal das ações corretivas implementadas. Após a implantação do Sigma LAB, observou-se redução expressiva no tempo operacional necessário para análise dos resultados. O tempo anteriormente estimado em dois dias foi reduzido para aproximadamente vinte minutos, representando diminuição superior a 90% no tempo empregado no processo analítico. Os dados passaram a ser apresentados em dashboards intuitivos e integrados, contendo informações em tempo real relacionadas aos conceitos classificados como "bom", "aceitável" e "inaceitável", permitindo visualização global do desempenho institucional e análise individualizada por setores laboratoriais. Uma das funcionalidades de maior impacto foi a implementação da análise temporal automatizada, possibilitando acompanhamento longitudinal do desempenho institucional e dos analitos individualmente ao longo dos ciclos do PNCQ. Essa abordagem permitiu identificação precoce de tendências analíticas e recorrências de eventos críticos, fortalecendo ações preventivas e estratégias de melhoria contínua.
A plataforma também promoveu automatização do fluxo de melhoria contínua. Resultados classificados como inaceitáveis passaram a gerar automaticamente processos estruturados de investigação, incluindo análise histórica do analito, gráficos de tendência e formulários para investigação de causa raiz. Após essa etapa, o sistema elabora automaticamente planos de ação fundamentados na metodologia 5W2H, favorecendo padronização das condutas e rastreabilidade das intervenções.
Outra inovação observada foi a implementação da avaliação automatizada da eficácia das ações corretivas. O sistema acompanha o desempenho subsequente do analito avaliado e classifica automaticamente a efetividade das intervenções implementadas, mantendo histórico digital organizado e facilmente acessível. A rastreabilidade digital demonstrou desempenho superior ao método anteriormente baseado em documentos físicos, reduzindo riscos de perdas documentais, ampliando a segurança das informações e facilitando auditorias internas e processos de acreditação laboratorial. Além dos ganhos operacionais, observou-se maior envolvimento da equipe multiprofissional no processo de análise crítica do desempenho laboratorial. A visualização dinâmica das informações contribuiu para estimular participação ativa dos colaboradores, fortalecimento da cultura organizacional baseada em melhoria contínua e maior alinhamento às práticas contemporâneas de gestão da qualidade laboratorial. Os resultados encontrados demonstram que a utilização de inteligência artificial aplicada ao controle externo da qualidade ultrapassa a simples automatização de processos, permitindo integração entre análise técnica, gestão estratégica e tomada de decisão baseada em evidências, contribuindo para maior eficiência operacional, rastreabilidade e fortalecimento da cultura da qualidade nos serviços laboratoriais. Nesse sentido, os resultados obtidos evidenciam que a implantação do Sigma LAB promoveu impactos relevantes tanto na dimensão operacional quanto na gestão estratégica da qualidade laboratorial. A significativa redução do tempo necessário para análise dos resultados do PNCQ demonstrou aumento expressivo da eficiência dos processos, permitindo maior agilidade na identificação de não conformidades e na implementação de ações corretivas. Paralelamente, a automatização das análises temporais e da rastreabilidade documental favoreceu maior confiabilidade na gestão das informações, ampliando a capacidade institucional de monitoramento contínuo do desempenho analítico.
Observou-se ainda que a utilização de dashboards integrados e análises automatizadas contribuiu para fortalecimento da cultura organizacional voltada à melhoria contínua, estimulando maior participação das equipes multiprofissionais nos processos de avaliação crítica da qualidade. A centralização dos dados em ambiente digital estruturado também possibilitou maior integração entre os setores laboratoriais, conforme apontado pela implantação do sistema integrado.

**Conclusão**
A implantação do Sigma LAB demonstrou potencial para transformar a gestão do controle externo da qualidade laboratorial por meio da integração entre inteligência artificial, análise temporal e ferramentas estruturadas de melhoria contínua. A redução significativa do tempo operacional, o aumento da rastreabilidade, a automatização das análises críticas e o fortalecimento do envolvimento da equipe evidenciam benefícios relevantes para o Sistema de Gestão da Qualidade. A ferramenta mostrou-se uma estratégia inovadora capaz de ampliar a eficiência analítica e contribuir para novos horizontes no monitoramento da qualidade laboratorial.

**Palavras-chave:** Inteligência Artificial, Gestão da Qualidade Laboratorial, Controle Externo da Qualidade.

**Referências**
1. Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Gestão da fase analítica do laboratório: recomendações da SBPC/ML. Barueri: Manole; 2015.

2. Programa Nacional de Controle de Qualidade. Manual do participante. Rio de Janeiro: SBAC; edição vigente.

3. Westgard JO. Basic quality management systems: essentials for quality management in the medical laboratory. 2. ed. Madison: Westgard QC; 2022.

4. World Health Organization. Laboratory quality management system handbook. Geneva: WHO; 2023.

5. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Assistência laboratorial: segurança do paciente em serviços de saúde. Brasília: ANVISA; 2021.

6. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução da Diretoria Colegiada – RDC nº 786, de 5 de maio de 2023. Dispõe sobre os requisitos técnico-sanitários para o funcionamento de laboratórios clínicos, de laboratórios de anatomia patológica e de outros serviços que executam as atividades relacionadas aos exames de análises clínicas. Brasília: ANVISA; 2023.

7. International Organization for Standardization. ISO 15189:2022 — Medical laboratories — Requirements for quality and competence. Geneva: ISO; 2022.

8. Clinical and Laboratory Standards Institute. Using proficiency testing and alternative assessment to improve medical laboratory quality. 3. ed. Wayne: CLSI; 2020.

**Anexo**

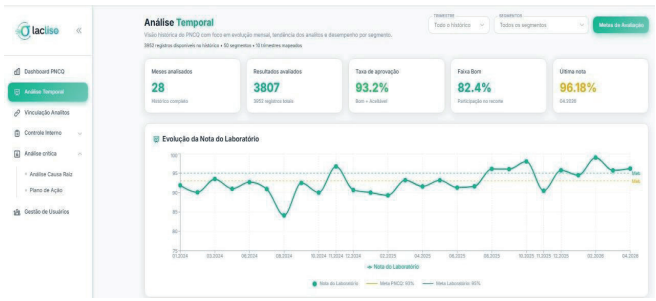



**Figura 1.** Dashboard de desempenho do laboratório no PNQC entre 2024 e 2026
**Fonte:** Plataforma Sigma LAB (2026).

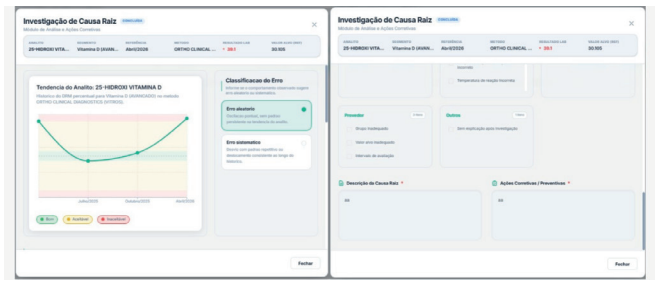



**Figura 2.** Interface do módulo de análise de causa raiz laboratorial
**Fonte:** Plataforma Sigma LAB (2026).

## P-134

# Informatização e rastreabilidade na gestão da qualidade em laboratório clínico: relato de experiência do CentralLab

Francisco Joélito Pereira Roque Soares[1], Josefa Aldeide de Abreu[1], Thayzalane Gomes de Abreu[1], Jaqueline Tavares de Abreu[1], Luciano Gonçalves da Nóbrega[1], Anderson Angel Vieira Pinheiro[1]

[1]*CentralLab.*

**Introdução**
A rastreabilidade é fundamental na gestão da qualidade em laboratórios clínicos, sendo exigida por normas regulatórias como DICQ, PALC e ISO 15189. Ela permite acompanhar todas as etapas do processo laboratorial, da amostra ao laudo, garantindo identificação, registro e recuperação de informações com segurança e precisão (SILVA et al., 2020; LIMA; CORRÊA, 2020). A complexidade crescente das atividades laboratoriais e o volume de dados gerados demandam soluções que assegurem controle em tempo real, eficiência operacional e segurança da informação. Nesse contexto, os Sistemas de Informação Laboratorial (SILs) tornaram-se indispensáveis, integrando setores como administrativo, financeiro, logístico e de qualidade, promovendo padronização, redução de erros manuais e decisões baseadas em dados confiáveis (SOUSA; RIBEIRO; OLIVEIRA, 2019; OLIVEIRA et al., 2022). A informatização contribui para a segurança jurídica e a sustentabilidade. A substituição de formulários manuais por registros eletrônicos, com assinatura digital e guarda segura, assegura validade legal, reduz o consumo de papel e previne falhas de preenchimento (MORAES et al., 2023). A integração com sistemas de gestão da qualidad, permite monitoramento contínuo de não conformidades e ações corretivas.
Com a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD), a rastreabilidade ganhou papel estratégico. Os sistemas devem garantir que apenas usuários autorizados acessem dados sensíveis e que todos os acessos sejam registrados, possibilitando auditorias e reforçando a conformidade ética e legal (BRASIL, 2018; ALMEIDA; TORRES, 2021). Diante disso, este artigo relata a experiência do Grupo CentralLab na implementação progressiva de sistemas informatizados para rastreabilidade de processos, gestão documental, registro de ocorrências e segurança da informação, analisando suas contribuições para a gestão da qualidade e conformidade regulatória em laboratório clínico.

**Objetivo**
Relatar a experiência do Grupo CentralLab na implementação progressiva de sistemas informatizados voltados à rastreabilidade de processos, gestão documental, registro de ocorrências e segurança da informação, analisando suas contribuições para a gestão da qualidade e conformidade regulatória em laboratório clínico.

**Métodos**
Estudo descritivo, retrospectivo, de abordagem qualitativa, realizado no Grupo CentralLab, com análise documental de 2005 a 2025. Foram avaliados registros institucionais referentes à implantação dos sistemas, incluindo atas de reuniões, documentos de implantação, registros de ocorrências, não conformidades, planos de ação, certificados de acreditação, relatórios de treinamento e documentos de adequação à LGPD. A análise foi organizada cronologicamente, considerando categorias como rastreabilidade de amostras, controle documental, segurança da informação, gestão de ocorrências/não conformidades, treinamento de colaboradores e integração entre setores, conforme exigências de normativas como a RDC nº 978/2025 e a LGPD (Lei nº 13.709/2018).

**Resultados e Discussão**
Os resultados da implementação tecnológica e de qualidade no CentralLab ao longo de duas décadas estão consolidados.

**Quadro 1.** Evolução Tecnológica e de Qualidade do Grupo CentralLab (2005-2025)

| Ano | Marco Evolutivo | Contribuições para a Qualidade |
|---|---|---|
| 2005 | Fundação do CentralLab | Início das atividades laboratoriais com foco em excelência técnica e atendimento humanizado |
| 2011 | Implantação do código de barras e sistema SIL | Rastreabilidade de amostras, redução de erros manuais, padronização da fase analítica e assinatura eletrônica de laudos |
| 2021 | Adoção do sistema SIL | Controle da fase pré e pós-analítica, gestão financeira e de suprimentos integrados |
| 2022 | Implementação do novo sistema de gestão da qualidade | Registro de OCNC, planos de ação, gestão documental, treinamentos com avaliação e emissão de certificados |
| 2022 | Desenvolvimento do sistema SAG | Gestão de chamados, atas, validação de insumos e processos administrativos via Kanban |
| 2023 | Implantação da Política de Proteção de Dados e Relatório de Impacto (LGPD) | Segurança jurídica, rastreabilidade de acessos e conformidade com exigências legais |
| 2025 | Integração à rede Labforte | Fortalecimento científico, benchmarking e promoção da melhoria contínua |

*Fonte: Elaborado pelos autores (2026).*

Desde sua fundação em 2005, o CentralLab demonstrou evolução contínua em qualidade e tecnologia. Em 2011, a implantação do código de barras e do sistema de informação laboratorial (SIL) mais atual marcou um avanço na rastreabilidade de amostras e segurança da fase analítica, reduzindo erros e agilizando a liberação de laudos com assinatura eletrônica (OLIVEIRA et al., 2022).
Em 2021, a adoção do sistema de um outro sistema de Informação Laboratorial (SIL) ampliou a informatização, gerenciando desde a fase pré-analítica até a pós-analítica, e integrando gestão financeira e de suprimentos. Isso alinha-se à visão de Moraes et al. (2023) sobre a importância de SILs completos para eficiência operacional e redução de custos.
O ano de 2022 trouxe a implementação do sistema de gestão da qualidade para gestão da qualidade, centralizando o registro e acompanhamento

de Ocorrências (OC), Não Conformidades (NC), planos de ação e controle documental. Sua interface interativa com dashboards e relatórios facilita decisões gerenciais. O módulo de treinamentos permite controle de presença, avaliações e geração de certificados, alinhado às boas práticas de capacitação e gestão de competências exigidas pela ISO 15189.
Simultaneamente, o laboratório CentralLab desenvolveu o sistema SAG (Sistema de Apoio Gerencial) para gestão de processos administrativos, utilizando o método Kanban, registro de atas, controle de formulários e validação de insumos. Essa iniciativa reforça os princípios de governança e qualidade total (SILVA et al., 2020).
Em 2023, o CentralLab formalizou sua Política de Proteção de Dados Pessoais e elaborou o Relatório de Impacto à Proteção de Dados (RIPD), em conformidade com a LGPD. Essa ação fortaleceu o controle sobre dados sensíveis, garantindo transparência, segurança e rastreabilidade dos acessos (BRASIL, 2018; ALMEIDA; TORRES, 2021).
Em 2025, a integração à rede Labforte promoveu o fortalecimento científico, colaboração técnica e benchmarking, reforçando o compromisso com a melhoria contínua e inovação (COSTA; LIMA, 2021).
Como limitação, o estudo baseia-se em análise documental e relato institucional, sem delineamento experimental ou grupo controle. A ausência de indicadores quantitativos sistematizados pode limitar a mensuração direta do impacto dos sistemas na redução de erros operacionais. Contudo, o relato contribui ao demonstrar a aplicação prática de ferramentas informatizadas para rastreabilidade, controle documental e gestão da qualidade em laboratório clínico.

**Conclusão**
A experiência do CentralLab demonstra como a implementação progressiva de sistemas informatizados transforma a gestão laboratorial, promovendo avanços na qualidade dos serviços, segurança da informação e conformidade regulatória. A adoção de tecnologias como código de barras, Sistemas de informação laboratorial mais atuais, sistema de gestão da qualidade e SAG, e a adequação à LGPD, consolidou a rastreabilidade de processos e documentos em todas as fases da atividade laboratorial.
A informatização contribuiu para a redução de erros, padronização de processos e qualificação da gestão, com indicadores, treinamentos estruturados, controle documental eficiente e integração entre setores. Tais práticas fortalecem a cultura da qualidade e favorecem o cumprimento dos requisitos de acreditação como o DICQ.
A integração à rede de laboratórios associados em 2025 reforça o compromisso com a melhoria contínua, inovação e compartilhamento de boas práticas. O investimento em sistemas de rastreabilidade e gestão informatizada representa um diferencial estratégico para laboratórios que buscam excelência técnica, segurança da informação e sustentabilidade institucional.

**Palavras-chave:** Gestão da Qualidade em Saúde, Rastreabilidade, Sistemas de Informação em Saúde.

**Referências**
1. ALMEIDA, R. L.; TORRES, M. A. Implantação de sistemas informatizados em laboratórios clínicos: contribuições para rastreabilidade e segurança da informação. **Revista Brasileira de Qualidade em Saúde**, v. 33, n. 2, p. 88–94, 2021.

2. ANVISA – Agência Nacional de Vigilância Sanitária. RDC nº 978, de 6 de junho de 2025. Dispõe sobre os requisitos de boas práticas em laboratórios clínicos. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 7 jun. 2025.

3. BRASIL. Lei nº 13.709, de 14 de agosto de 2018. Lei Geral de Proteção de Dados Pessoais (LGPD). **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 15 ago. 2018.

4. COSTA, F. L.; LIMA, J. C. Acreditação laboratorial e gestão da qualidade: análise da implementação em laboratórios clínicos. **Revista de Ciências Farmacêuticas Básica e Aplicada**, v. 42, e883, 2021.

5. LIMA, A. C.; CORRÊA, P. S. A importância da rastreabilidade em laboratórios de análises clínicas para a segurança do paciente. **Revista Saúde em Foco**, v. 12, n. 1, p. 45-52, 2020.

6. MORAES, D. F. et al. Sistemas de Informação Laboratorial e certificações de qualidade: uma revisão integrativa. **Journal of Health Informatics**, v. 15, n. 1, p. 1–10, 2023.

7. OLIVEIRA, G. T.; SILVA, M. L.; SANTOS, J. P. Aplicações da tecnologia da informação na gestão laboratorial: uma análise em serviços acreditados. **Revista Gestão & Saúde**, v. 13, n. 2, p. 37–45, 2022.

8. SILVA, M. M. et al. Rastreabilidade em laboratórios clínicos: desafios e perspectivas na era digital. **Revista de Análises Clínicas Online**, v. 12, n. 3, p. 211–217, 2020.

9. SOUSA, R. A.; RIBEIRO, T. M.; OLIVEIRA, D. F. Gestão da informação e controle de qualidade: integração de sistemas laboratoriais. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, v. 51, n. 1, p. 23–30, 2019.

## P-167

## Sistema com framework de inteligência analítica para monitoramento estatístico do controle de qualidade em laboratório clínico com base na métrica sigma

Vitor Santos da Silva[1], Edson Beyker de Mendonça[1], Gilberto Marcelo Sperandio da Silva[1], Alexandre Gomes Vizzoni[1], Mauricio de Moraes Coutinho[2], Rodrigo Ornellas Luz de Moraes[3], Renato Romanhol Coelho[1], Thiago Lourenço Cavalcante[1]

*[1]Instituto Nacional de Infectologia Evandro Chagas/Fiocruz; [2]Universidade Veiga de Almeida; [3]Faculdade de Educação Tecnológica do Estado do Rio de Janeiro.*

**Introdução**
A gestão da qualidade analítica em laboratórios clínicos requer modelos que integrem desempenho estatístico, rastreabilidade, avaliação de risco e decisão padronizada. O documento EP23-A do Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) e a norma ABNT NBR ISO 15189:2024, baseada na ISO 15189:2022, estabelecem diretrizes para planos de controle da qualidade baseados em risco (1,2). A análise das práticas de Controle Interno da Qualidade (CIQ) em centros acadêmicos demonstrou que as regras de Westgard são pouco utilizadas. Na bioquímica, 16 das 21 instituições adotam a regra de dois desvios-padrão (DP) e apenas dois laboratórios usam derivações das regras de Westgard. Perfil semelhante ocorre na imunologia, em que 17 de 21 utilizam 2 DP, 1 de 21 aplica 3 DP e 3 de 21 empregam combinações de regras de Westgard, indicando ausência de padronização na definição de diretrizes e frequências de CIQ (3). Para superar a aplicação genérica de critérios tradicionais, sobretudo o uso uniforme de limites de ±2 DP, a literatura recomenda um modelo de CIQ baseado em evidências, no qual a seleção das regras estatísticas, dos limites e da frequência de controle seja orientada pelo desempenho analítico de cada ensaio e por metas definidas (4). Nesse contexto, a métrica sigma constitui uma ferramenta quantitativa objetiva para orientar o planejamento do CIQ, ao sintetizar, em um único indicador, a relação entre Erro Total Permitido (ETP), viés e imprecisão, permitindo classificar a robustez analítica de cada ensaio (5).

**Objetivo**
Desenvolver um sistema de inteligência analítica para gestão estatística do controle da qualidade, integrando Controle Interno, Controle Externo, métricas sigma, multirregras de Westgard e autoverificação da conformidade analítica, com assinatura eletrônica e visualização em tempo real.

**Métodos**
O processamento dos dados foi estruturado em Microsoft Excel, com módulos de extração, armazenamento e análise estatística, integrados à visualização gerencial no Power BI. Os resultados do CIQ foram importados dos equipamentos por rotina automática de *Extract, Transform and Load* (ETL) no Power Query, que extrai arquivos em formato *Comma-Separated Values* (CSV), padroniza colunas do tipo número, texto e data, e os carrega para um formato de banco de dados estruturado. Em seguida uma programação em

*Visual Basic for Applications* (VBA) transfere os registros para os módulos de cálculo, que geram a média, DP, coeficiente de variação (CV%), limites de controle, Erro Aleatório (EA), Erro Sistemático (ES), Erro Total (ET) e métrica sigma. A autoverificação da imprecisão compara automaticamente o CV% de cada ensaio com limites do *Clinical Laboratory Improvement Amendments (*CLIA), critérios de variação biológica (VB) e recomendações do fabricante (FB), quando disponíveis. Com base nessa comparação, o sistema classifica a conformidade da imprecisão e identifica o limite normativo ou técnico excedido. A mesma lógica foi aplicada ao ETP, considerando critérios do CLIA e da VB. A camada analítica foi implementada no Excel por VBA e por uma matriz de 941.842 fórmulas, organizada como motor algorítmico para cálculo, comparação com limites de aceitabilidade e sinalizações automáticas; o Power BI foi restrito à visualização gerencial dos resultados. Os registros brutos de CIQ, obtidos de 20/02/2025 a 20/02/2026, abrangeram diferentes operadores, lotes e níveis de controle. A conferência diária entre dados interfaceados e registros brutos não revelou divergências. A integridade do histórico, a rastreabilidade e a exatidão dos cálculos foram verificadas anualmente, sem inconsistências, evidenciando a validação do processo de interfaceamento e rastreabilidade. Os módulos foram avaliados em auditoria internacional da Division of AIDS/National Institutes of Health, em 2025, com aprovação em boas práticas laboratoriais. A eficiência operacional foi avaliada pela comparação entre os fluxos manual e automatizado, com tempos comparados pelo teste de Wilcoxon. O sistema integrou ainda dados de CIQ e CEQ, permitindo o cálculo automatizado da métrica sigma e a recomendação dinâmica de regras de Westgard por ensaio.

Aspectos éticos: O estudo foi submetido à apreciação do Comitê de Ética em Pesquisa, que emitiu declaração formal de dispensa de avaliação ética por não envolver pesquisa com seres humanos.
O sistema possui registro protocolado para proteção de propriedade intelectual em tramitação.

**Resultados e discussão**

A implementação integrou, em uma única arquitetura, a análise do CIQ e do CEQ, a autoverificação de conformidade e a documentação eletrônica do monitoramento estatístico. A interface gerencial reúne gráficos de Levey-Jennings, indicadores de média, CV%, ET, EA e ES, sinalização automática de violações das regras de Westgard e alerta de calibração, favorecendo interpretação rápida, padronizada e auditável. Essa abordagem alinha-se ao controle estatístico de processo de Shewhart, à sua adaptação laboratorial por Levey-Jennings e à evolução das multirregras de Westgard, atualmente com o método Westgard sigma Rules (6–8). O sistema contempla ainda assinatura eletrônica com dupla conferência: a primeira, técnica; a segunda, destinada à ciência e autorização do supervisor para liberação dos equipamentos na rotina (Figura 1).




**Figura 1.** Painel do sistema de CQ para monitoramento estatístico do CIQ e CEQ
Fonte: Elaborado pelo autor, 2026

A métrica sigma evidenciou heterogeneidade relevante entre os 26 ensaios avaliados: 18 (69,2%) apresentaram desempenho ≥3 sigma e 9 (34,6%) alcançaram ≥6 sigma, com destaque para amilase, ferro e CPK. Em contrapartida, 8 ensaios (30,8%) ficaram abaixo de 3 sigma, indicando maior criticidade analítica, especialmente LDH, magnésio, ureia, cloro, ECO2, colesterol total e bilirrubinas direta e total. Para esses ensaios, o sistema direciona para maior frequência de CIQ e mais regras de Westgard para controle mais rigoroso. Os resultados evidenciam a métrica sigma como indicador objetivo da robustez analítica, permitindo ajustar regras de Westgard e frequência de CIQ ao desempenho de cada ensaio (Figura 2).

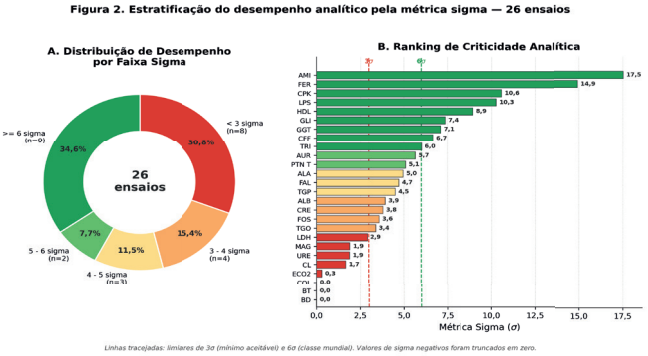



**Figura 2.** Estratificação de desempenho analítico por métrica sigma em 26 ensaios e ranking de criticidade para priorização de intervenção técnica baseada em risco.
Fonte: Elaborado pelo autor, 2026.

Na comparação entre o método anterior, baseado em inserção manual de dados em planilhas de Excel, e o sistema automatizado com BI, o desempenho temporal mostrou redução operacional de 99,94%: o tempo médio de processamento caiu de 1.952 segundos (cerca de 32,5 minutos) no fluxo manual para aproximadamente 1 segundo. Isso correspondeu a aceleração de 1.952 vezes, com diferença significativa pelo teste de Wilcoxon pareado ($p<0,001$). Além do ganho de tempo, essa substituição da transcrição manual por ETL automatizado eliminou uma fonte de erro de digitação, ampliando a segurança do processo.
A solução proposta não se restringe a um sistema executor de funções programadas, mas configura um framework analítico-operacional: uma estrutura que organiza componentes, critérios de decisão e um modo padronizado de trabalho. Sua principal contribuição é unificar, em um único ambiente, o CIQ e o CEQ — tradicionalmente separados — integrando-os à métrica sigma, às multirregras de Westgard, à autoverificação e à rastreabilidade.
Limita-se a estudo unicêntrico, com apenas dois equipamentos, Dimension EXL-200 para análises bioquímicas e XN-1000 para análises hematológicas, sem validação multicêntrica ou em outros equipamentos.
A implementação depende de licenças Microsoft 365 e Power BI Pro.
As análises da métrica sigma restringiram-se ao Dimension EXL-200 e ao mês de março de 2026, em caráter exploratório. Resultados de um único mês podem estar enviesados, exigindo séries de vários meses para conclusões robustas.

**Conclusão**

Os resultados indicam que a integração entre CIQ e CEQ consolidou, em um único ambiente, a avaliação de EA, ES, ET e métrica sigma, orientando a seleção das regras de Westgard e da frequência de CIQ conforme o risco individualizado de cada método. Associada à assinatura eletrônica, essa arquitetura mostrou-se aplicável à gestão do CQ, atuando como framework analítico-operacional que converte dados brutos em informação rastreável e auditável. A autoverificação da imprecisão e do ET frente aos limites do CLIA, da VB e das especificações do FB aproxima o sistema dos modelos descritos por Randell et al. (9), padronizando decisões analíticas e reduzindo etapas suscetíveis a erro humano. Por ser avaliação exploratória unicêntrica, estudos multicêntricos e séries temporais mais amplas são necessários para confirmar a robustez do modelo.

**Palavras-chave:** Westgard Sigma Rules, Controle de qualidade baseado em risco, Laboratório clínico.

**Referências**

1. CLSI. Statistical quality control for quantitative measurement procedures: principles and definitions. 4th ed. CLSI guideline C24. Wayne (PA): Clinical and Laboratory Standards Institute; 2016.

2. Associação Brasileira de Normas Técnicas. ABNT NBR ISO 15189:2024 – Laboratórios clínicos: requisitos de qualidade e competência. Rio de Janeiro: ABNT; 2024.

3. Westgard JO, Westgard SA. Establishing evidence-based statistical quality control practices. Am J Clin Pathol. 2019;151(4):364-70.

4. Agboyi S, Mehta S. Performance standards for quality control systems. Clin Lab Sci. 2018;31(1):32-6.

5. Westgard S, Bayat H, Westgard JO. Analytical Sigma metrics: a review of Six Sigma implementation tools for medical laboratories. Biochem Med (Zagreb). 2018;28(2):020502.

6. Levey S, Jennings ER. The use of control charts in the clinical laboratory. Am J Clin Pathol. 1950;20(11):1059-66.

7. Westgard JO, Barry PL, Hunt MR, Groth T. A multi-rule Shewhart chart for quality control in clinical chemistry. Clin Chem. 1981;27(3):493-501.

8. Westgard JO, Westgard SA. Quality control review: implementing a scientifically based quality control system. Ann Clin Biochem. 2016;53(1):32-50.

9. Randell EW, Yenice S, Khine Wamono AA, Orth M. Autoverification of test results in the core clinical laboratory. Clin Biochem. 2019;73:11-25.

## ÁREA: CIÊNCIAS FORENSES

### P-092

## Desenvolvimento e implementação de uma ferramenta automatizada para a mineração de dados e análise estatística em larga escala de marcadores X-STR para construção de um banco populacional de frequências com distribuição regional do Brasil

Bruno Milhomem Pilati[1], Andressa Folha Vieira[1], Fabián Andres Hurtado Erazo[1], Cláudia Ferreira de Sousa[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Marco Oliveira[1], Aline Belmok de Araujo Dias[1], Lucas Pereira Silva[1], Rafael Henriques Jácomo[1], Lídia Freire de Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde.*

**Introdução**

Os marcadores genéticos do tipo *Short Tandem Repeats* presentes no cromossomo X (X-STR) constituem uma ferramenta analítica de alta relevância com capacidade resolutiva na genética forense, sendo determinantes em vínculos genéticos complexos, aplicáveis principalmente em investigações de paternidade com suposto pai falecido, casos de irmandade do sexo feminino e casos criminais que envolvam determinação de linhagem materna ou paterna . A utilidade prática desses marcadores baseia-se nas propriedades biológicas exclusivas do cromossomo X que se caracterizam por sua herança assimétrica: homens transmitem seu único cromossomo X para todas as suas filhas, enquanto as mulheres transmitem um de seus dois cromossomos X de forma recombinante para descendentes de ambos os sexos .

Em busca de uma validação científica e segura juridicamente, as análises probabilísticas e os cálculos de Razão de Verossimilhança (LR) ou Índice de Paternidade (W) devem estabelecer banco de dados populacionais robustos, refletindo de forma fiel as frequências alélicas e as distribuições de haplótipos na população analisada. A detecção comercial pelo kit *Investigator Argus X-12* (Qiagen) se tornou referência na rotina laboratorial para a amplificação multiplex de X-STR compreendendo 12 loci em quatro grupos de ligação fundamentais (clusters).

Embora a obtenção de dados na bancada laboratorial seja robusta, desde a eletroforese capilar, até a análise de alelos em softwares de genotipagem, consolidar bancos populacionais enfrenta dificuldades na larga escala do pós-analítico, que impõe severos desafios operacionais, onde, convencionalmente, dependem de triagens e tratamentos manuais de planilhas e arquivos de texto . Esse modelo manual é vulnerável a falhas humanas, direta ou indiretamente, tais como erros de digitação, omissão de perfis duplicados provenientes de reanálises, inconsistências de nomenclatura e falhas na segregação de artefatos de amplificação, como eventos inespecíficos (INESP) e alelos fora da escala (*off-ladder*).

Um viés matemático nas frequências populacionais se torna ainda mais provável, inflando ou subestimando o real Poder de Discriminação (PD) dos loci . Com a perspectiva de melhorar este cenário e transicionar para uma visão digital na medicina laboratorial, o desenvolvimento de ferramentas de bioinformáticas e ciência de dados aplicadas a rotina diagnóstica se torna indispensável e proposta para garantir a qualidade dos dados, redução dos riscos e reprodutibilidade técnica aos bancos populacionais estudados .

**Objetivo**

Desenvolver, validar e implementar uma estratégia automatizada, baseada em um pipeline computacional em linguagem Python para a avaliação, padronização, tratamento de qualidade e análise estatística populacional de perfis genéticos X-STR obtidos pelo sistema *Investigator Argus X-12*, visando eliminar vieses analíticos, garantir rastreabilidade total do processo de análise de dados e elevar a confiabilidade dos parâmetros estatísticos aplicados a genética forense.

**Métodos**

O fluxo de trabalho de análise de dados genéticos gerados no setor de Biologia Molecular do Laboratório Sabin Diagnóstico e Saúde entre os anos de 2020 e 2025 foi processado, de forma retroativa e prospectiva, em um pipeline computacional na linguagem de programação Python, versão 3.10, integrada ao ambiente de desenvolvimento interativo Jupyter Notebook .

O código foi estruturado em três pilares principais de bibliotecas especializadas com o objetivo de tratamento dos dados de forma adequada.

O gerenciamento de sistema e arquivos se iniciou pela biblioteca os, empregada para automatizar a varredura de múltiplos arquivos do tipo texto (.txt) e valores separados por tabulação exportados inicialmente pelos softwares de análise de fragmentos utilizados após eletroforese capilar.

O conjunto de 1.215 perfis genéticos de indivíduos foi avaliado e, na sequência do fluxo, o tratamento destes dados se centralizou na biblioteca pandas, servindo como a estrutura principal para converter os dados brutos e semiestruturados em DataFrames que permitiram criptografar e avaliar metadados geográficos das Unidades Federativas e Regiões do Brasil .

Para garantir o controle de qualidade analítico, foram aplicadas rotinas automatizadas de limpeza e validação utilizando expressões regulares implementadas em Python, permitindo o mapeamento de dados com variações de nomenclatura, a remoção de duplicatas, a detecção fora da escala determinada, valores inespecíficos ou grafias mistas com caracteres especiais, finalizando a limpeza de dados criptografados Brasil . Não obstante o algoritmo do fluxo de processamento realizou o parsing e unificou as matrizes de alelos de todos os indivíduos, identificando e removendo automaticamente perfis redundantes provenientes de repetições analíticas de uma mesma amostra, assegurando que cada genótipo único contribuísse apenas uma vez para o cálculo final .

Os eventos analíticos inespecíficos identificados foram excluídos das funções matemáticas de cálculo de frequência alélica para evitar distorções estatísticas, porém foram exportados e mantidos em uma matriz secundária de auditoria vinculada ao identificador da amostra original a fim de garantir rastreabilidade técnica .

Por fim, as amostras validadas foram agrupadas com base nas coordenadas de origem de coleta para a estratificação das cinco regiões político-administrativas do Brasil, servindo como entrada para a execução de funções matemáticas do próprio Python determinando a contagem absoluta de alelos por locus, cálculo de frequência relativa e a avaliação do Poder de Discriminação para cada um dos 12 loci avaliados do kit Investigator Argus X-12. Estudo conduzido com dados laboratoriais retrospectivos, agrupados e anonimizados de forma irreversível, sem qualquer possibilidade de identificação individual dos participantes. De acordo com a Resolução CNS nº 510/2016, Art. 1º, §único, inciso V, pesquisas com bancos de dados cujas informações são agregadas e sem possibilidade de identificação individual estão dispensadas de registro e avaliação pelo Sistema CEP/CONEP.

**Resultados e Discussão**

A automação desenvolvida substituiu por completo a manipulação manual de planilhas eletrônicas na fase pós-analítica do laboratório. A avaliação de relatórios populacionais estruturados apresentou um tempo de processamento técnico inferior a 5 segundos, evidenciando um ganho expressivo de eficiência operacional, reduzindo dezenas de horas de auditoria visual.

Analisando a integridade de dados demonstrou eficácia absoluta na eliminação de duplicidades genotípicas, reduzindo o risco de aumentar artificialmente as frequências alélicas raras. A aplicação do filtro automatizado de re identificou com precisão 147 eventos analíticos atípicos. Estes eventos concentraram-se com predominância nos loci DXS10148 e DXS10146.

A distribuição geográfica dos perfis analisados revelou um banco altamente representativo do território nacional, capturando o perfil de diferentes regiões brasileiras. A maior densidade amostral na região Centro-Oeste (40,0%) reflete o perfil de distribuição geográfica das unidades do Laboratório Sabin, fundado em Brasília. Apesar disso, a região Sul respondeu por 21,1% do banco de dados, seguido por 16,6% do Sudeste e as regiões Nordeste e Norte completaram a distribuição espacial do banco populacional (Figura 1).

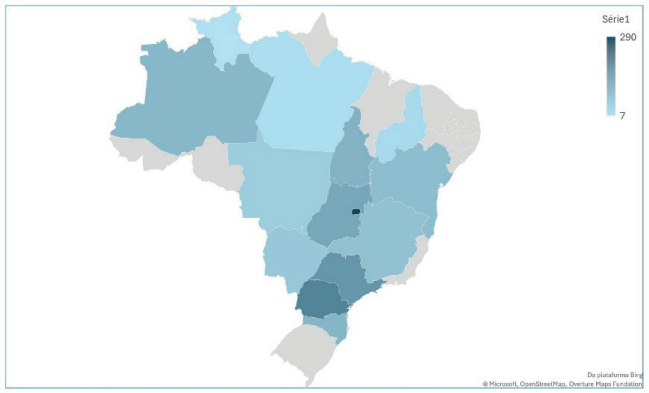



**Figura 1.** Distribuição percentual e quantitativa dos perfis genéticos de X-STR curados e validados pelo pipeline, estratificados por macrorregiões brasileiras (N = 1.215).

O desempenho discriminatório dos 12 marcadores do sistema Investigator Argus X-12 apresentou excelente expressividade da população brasileira. O locus DXS10135 se destacou como o marcador mais polimórfico em comparação com todas as subpopulações regionais avaliadas (Tabela 1). No entanto o locus DXS7423 obteve o menor poder de discriminação, principalmente porque 43,21% da população analisada apresentou o alelo 15, diminuindo a variabilidade estatística do marcador. A automação permitiu a exportação direta dos dados tratados e das tabelas de frequências formatadas em modelos de fácil uso e compatíveis com softwares padrão da comunidade forense.

**Tabela 1.** Parâmetros genético-populacionais e poder de discriminação dos loci de X-STR analisados em ordem decrescente.

| Locus X-STR | Número de Alelos Observados | Faixa de Frequência Alélica | Poder de Discriminação (PD) |
|---|---|---|---|
| DXS10135 | 48 | 0,0004 – 0,0969 | 0,94308 |
| DXS10101 | 25 | 0,0004 – 0,1253 | 0,91829 |
| DXS10146 | 40 | 0,0004 – 0,1400 | 0,91400 |
| DXS10148 | 50 | 0,0004 – 0,1899 | 0,90844 |
| DXS10134 | 38 | 0,0004 – 0,1913 | 0,87935 |
| DXS10074 | 21 | 0,0004 - 0,1921 | 0,86817 |
| DXS10079 | 14 | 0,0009 - 0,2534 | 0,83332 |
| DXS7132 | 13 | 0,0013 - 0,3338 | 0,76789 |
| HPRTB | 9 | 0,0013- 0,3049 | 0,76175 |
| DXS10103 | 7 | 0,0071 – 0,4134 | 0,74443 |
| DXS8378 | 6 | 0,0044 – 0,3372 | 0,69439 |
| DXS7423 | 8 | 0,0004 - 0,4321 | 0,68066 |

**Conclusão**

A estratégia baseada no pipeline em Python se mostrou altamente eficaz na automação dos processos de avaliação, filtragem e análise populacional de dados de marcadores genéticos X-STR em larga escala. A substituição do processamento manual por um fluxo de trabalho digital orientado por algoritmos eliminou a subjetividade, reduziu o erro humano pós-analítico e conferiu robustez estatística superior aos parâmetros populacionais calculados. O sistema demonstrou alta aplicabilidade prática como uma ferramenta de suporte à decisão e de garantia da qualidade, promovendo a padronização laboratorial e oferecendo um modelo reprodutível e seguro para a expansão e validação de bancos de dados genéticos forenses no cenário nacional.

**Palavras-chave:** Marcadores X-STR, Genética forense, Bioinformática.

**Referências**

Butler JM. Advanced topics in forensic DNA typing: interpretation. Oxford (UK)/San Diego (CA): Academic Press; 2015.

Gouy A, Zieger M. STRAF 2: new features and improvements of the STR population data analysis software. Forensic Sci Int Genet. 2025;76:103207.

McKinney W. Data structures for statistical computing in Python. In: Proceedings of the 9th Python in Science Conference; 2010 Jun 28-Jul 3; Austin (TX). 2010. p. 56-61.

National Research Council. The evaluation of forensic DNA evidence. Washington (DC): National Academy Press; 1996.

Qiagen. Investigator Argus X-12 QS Handbook. Hilden (Germany): Qiagen; 2021.

Szibor R. X-chromosomal markers: past, present and future. Forensic Sci Int Genet. 2007;1(2):93-99.

Tillmar AO, Kling D, Butler JM, Parson W, Prinz M, Schneider PM, et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): guidelines on the use of X-STRs in kinship analysis. Forensic Sci Int Genet. 2017;29:269-275.

## ÁREA: CITOLOGIA CLÍNICA

### P-040

### Ocorrência de câncer do colo do útero e de suas lesões precursoras em mulheres que não se enquadram na faixa etária recomendada para o rastreamento pelo exame colpocitológico

Melina Ávila Werneck[1], Michel Rodrigues Moreira[1]

[1]*Universidade Federal de Juiz de Fora - Campus Governador Valadares*

**Introdução:** O câncer do colo do útero é frequente entre as mulheres em diferentes faixas etárias. **Objetivo:** Determinar as taxas de lesões pré-malignas e malignas do colo do útero e analisar a distribuição epidemiológica desta doença nas mulheres fora da população-alvo preconizada para o rastreamento no país, em Minas Gerais (MG) e em Governador Valadares (GV). **Métodos:** Foi realizado um estudo observacional, retrospectivo, a partir de dados obtidos do Sistema de Informação do Câncer, para obter informações de GV, MG e do Brasil (BR), de janeiro de 2013 a dezembro de 2023. Foi verificada a frequência de lesões pré-malignas e malignas do colo do útero, observadas no exame colpocitológico, considerando a faixa etária. **Resultados e Discussão:** As atipias em células escamosas de significado indeterminado (ASC-US) corresponderam à alteração mais frequente, independente da faixa etária e as lesões intraepiteliais escamosas de baixo grau (LSIL) foram significativamente mais elevadas em mulheres com até 24 anos, nas três esferas. As atipias em células escamosas de significado indeterminado não podendo excluir lesão de alto grau (ASC-H), as lesões intraepiteliais escamosas de alto grau com características suspeitas de invasão e o carcinoma escamoso invasor, foram significativamente mais frequentes entre mulheres com 65 anos ou mais, assim como as taxas de adenocarcinoma endocervical invasor no BR e em MG e o adenocarcinoma endometrial invasor no BR. Com o aumento da expectativa de vida, 17% das mulheres entre 75 e 85 anos mantêm atividade sexual regular, ficando expostas ao risco de infecção pelo HPV. **Conclusão:** Foi possível observar taxas mais elevadas de HSIL com características suspeitas de invasão, carcinoma escamoso invasor, adenocarcinoma *in situ* e adenocarcinoma invasor na população com 65 anos ou mais, nas três esferas avaliadas, o que implica a necessidade de manter o rastreamento entre as mulheres mais idosas.

**Palavras-chave:** Câncer de Colo do Útero, Teste de Papanicolau, Rastreamento.

### P-086

### Inovação no ensino em análises clínicas: jogo interativo aplicado à citologia clínica cérvico-vaginal

Kevllyn da Gama Nunes[1], Vittorio Almir Costa Camillato[1], Sarah Santos Gomes[1], Marcella Bitiler Gallo[1], Klesia Pirola Madeira[1]

[1]*Universidade Federal do Espírito Santo.*

**Introdução:** O ensino da citologia cervical representa um desafio na formação acadêmica em Análises Clínicas e na capacitação de profissionais da saúde, devido à necessidade de integrar a análise morfológica celular à interpretação diagnóstica. Nesse contexto, metodologias ativas e estratégias lúdicas têm sido empregadas como ferramentas capazes de favorecer o processo de ensino-aprendizagem, promovendo participação, interação e fixação do conteúdo. No exame citopatológico do colo uterino, é fundamental a representatividade das regiões ectocervical, endocervical e da junção escamo-colunar (JEC), uma vez que cada uma apresenta características celulares específicas importantes para avaliação da qualidade do esfregaço e identificação de alterações citológicas. **Objetivo:** Desenvolver uma atividade educativa denominada "Jogo da Citopatologia Interativa", visando auxiliar

na aprendizagem e memorização das características morfológicas das células presentes nos epitélios do colo uterino por estudantes do curso de Farmácia. **Métodos:** Foram confeccionados cartões físicos contendo imagens microscópicas de células cervicais e suas respectivas descrições morfológicas. A dinâmica foi elaborada em formato semelhante ao jogo da memória, no qual os participantes, organizados em duplas, deveriam associar as imagens celulares às descrições correspondentes. **Resultados e Discussão:** Inicialmente o jogo foi aplicado com os monitores do Programa Institucional de Apoio Acadêmico (PIAA), vinculados ao projeto "Monitoria e revisão de lâminas de citologia da cérvice uterina". Posteriormente, a atividade foi realizada com os alunos participantes da disciplina, possibilitando familiarização com os aspectos morfológicos das células cervicais, além de favorecer a identificação dos diferentes tipos celulares e a compreensão da composição citológica dos epitélios escamoso e glandular. Também foi observada interação entre os participantes, estímulo ao raciocínio associativo e participação mais ativa durante o processo de aprendizagem. **Conclusão:** O "Jogo da Citopatologia Interativa" demonstrou potencial como estratégia didática complementar no ensino da citologia cervical, favorecendo o engajamento acadêmico, a consolidação do conhecimento morfológico e a aprendizagem efetiva dos conteúdos teórico-práticos.

**Palavras-chave:** Citologia cervical, Metodologias ativas, Ensino-aprendizagem.

## P-124

### Prevalência de ASC-US, ASC-H, AGC, LSIL e HSIL em amostras citológicas cervicovaginais em uma Clínica Escola de Universidade em Fortaleza-CE

Renata Mirian Nunes Eleutério[1], Nayara Santos de Oliveira[2], Armanda do Carmo Ponce de Leão Lins[3], Sorele Facundo da Silva[2], Ana Audrey Botelho Corrêa Silva Vera Cruz[2]

*[1]Fiocruz Ceará, Universidade Christus, Laboratório Professor Eleutério; [2]Universidade Christus; [3]Universidade Federal do Ceará, Universidade Christus.*

**Introdução:** O ensino da citologia cervical representa um desafio na formação acadêmica em Análises Clínicas e na capacitação de profissionais da saúde, devido à necessidade de integrar a análise morfológica celular à interpretação diagnóstica. Nesse contexto, metodologias ativas e estratégias lúdicas têm sido empregadas como ferramentas capazes de favorecer o processo de ensino-aprendizagem, promovendo participação, interação e fixação do conteúdo. No exame citopatológico do colo uterino, é fundamental a representatividade das regiões ectocervical, endocervical e da junção escamo-colunar (JEC), uma vez que cada uma apresenta características celulares específicas importantes para avaliação da qualidade do esfregaço e identificação de alterações citológicas. **Objetivo:** Desenvolver uma atividade educativa denominada "Jogo da Citopatologia Interativa", visando auxiliar na aprendizagem e memorização das características morfológicas das células presentes nos epitélios do colo uterino por estudantes do curso de Farmácia. **Métodos:** Foram confeccionados cartões físicos contendo imagens microscópicas de células cervicais e suas respectivas descrições morfológicas. A dinâmica foi elaborada em formato semelhante ao jogo da memória, no qual os participantes, organizados em duplas, deveriam associar as imagens celulares às descrições correspondentes. **Resultados e Discussão:** Inicialmente o jogo foi aplicado com os monitores do Programa Institucional de Apoio Acadêmico (PIAA), vinculados ao projeto "Monitoria e revisão de lâminas de citologia da cérvice uterina". Posteriormente, a atividade foi realizada com os alunos participantes da disciplina, possibilitando familiarização com os aspectos morfológicos das células cervicais, além de favorecer a identificação dos diferentes tipos celulares e a compreensão da composição citológica dos epitélios escamoso e glandular. Também foi observada interação entre os participantes, estímulo ao raciocínio associativo e participação mais ativa durante o processo de aprendizagem. **Conclusão:** O "Jogo da Citopatologia Interativa" demonstrou potencial como estratégia didática complementar no ensino da citologia cervical, favorecendo o engajamento acadêmico, a consolidação do conhecimento morfológico e a aprendizagem efetiva dos conteúdos teórico-práticos.

**Palavras-chave:** Citologia Ginecológica, Lesões cervicovaginais, Células escamosas atípicas.

## P-137

### Prevalência de Papilomavírus Humano e Candidíase em Mulheres Atendidas em uma Unidade Básica de Saúde do Noroeste do Paraná

Patrícia Gurgel Velasquez[1], João Francisco Velasquez Matumoto[1], Amabilly Cristina Martim[1], Leonardo Garcia Velasquez[1], Maria Graciela Iecher Faria Nunes[1]

*[1]Universidade Paranaense - UNIPAR*

**Introdução:** O Papilomavírus Humano (HPV) é uma das infecções sexualmente transmissíveis mais prevalentes no mundo e está diretamente associado ao desenvolvimento do câncer de colo uterino. A candidíase vulvovaginal, causada principalmente por *Candida albicans*, também representa importante infecção ginecológica em mulheres em idade reprodutiva. A coexistência dessas infecções pode favorecer alterações inflamatórias e aumentar o risco de lesões cervicais. **Objetivo:** Analisar a prevalência de HPV e candidíase em mulheres atendidas em uma Unidade Básica de Saúde (UBS). **Métodos:** O estudo foi realizado a partir da análise de fichas de exames colpocitológicos de mulheres atendidas entre 2022 e 2024 na UBS Central de Umuarama/PR. Foram avaliados dados referentes à idade, presença de HPV, outros microrganismos e alterações citológicas relacionadas à malignidade. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética da Universidade Paranaense, parecer nº 7.714.958. **Resultados e Discussão:** Um total de 1071 mulheres realizaram o exame colpocitológico no período estudado. Alterações foram encontradas em 204 casos. A faixa etária mais acometida foi de 41 a 50 anos (33,7%), seguida por mulheres entre 21 e 30 anos (29,1%). Fatores sociodemográficos influenciam na realização do exame, sendo a maior adesão ao exame entre mulheres de 35 a 44 anos. A alteração microbiológica mais frequente foi *Gardnerella vaginalis* (150 casos), seguida por *Candida* sp. (41). O HPV foi identificado em 5 pacientes, sendo observados ainda 1 caso de lesão de baixo grau e 2 casos de lesões de alto grau. Disbioses vaginais estão associadas ao aumento da susceptibilidade a ISTs, assim como infeções pelo HPV predispõem ao desenvolvimento de vaginose bacteriana (VB), sendo a *Gardnerella vaginalis* a principal bactéria responsável pela VB. **Conclusão:** Os resultados reforçam a importância do rastreamento periódico, do exame de Papanicolau e das ações de educação em saúde voltadas à prevenção de infecções ginecológicas e do câncer de colo uterino.

**Palavras-chave:** Papilomavírus Humano, Colpocitológico, Câncer do colo do útero.

## ÁREA: DIAGNÓSTICO LABORATORIAL BASEADO EM EVIDÊNCIA

### P-051

### Mudança no perfil etário das gestantes: análise de exames de beta-HCG em um laboratório privado de Teresina-PI

Lara Rodrigues Gonçalves Dantas[1], Adriana de Oliveira Silva Viana[1], Barbara de Lacerda Valença Martins[1], Sylvio Jose Colonna Romano[1], Lídia Freire Abdalla Nery[2], Daniel Oliveira Torres[2], Cyra Mesquita de Araujo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

*[1]Laboratório Bioanálise/Grupo Sabin; [2]Sabin.*

**Introdução**: A transição demográfica contemporânea reflete o adiamento da progenitura, fenômeno tecnicamente denominado Idade Materna Avançada (IMA), que compreende gestantes com idade > 30 anos. Fisiologicamente, este período é marcado pela redução da reserva ovariana e maior susceptibilidade a aneuploidias fetais. No âmbito laboratorial, a subunidade beta da Gonadotrofina Coriônica Humana é usualmente usada para o diagnóstico de gravidez. Contudo, em gestações tardias, a interpretação da cinética hormonal deve ser rigorosa para diferenciar gestações tópicas de quadros patológicos, perdas gestacionais precoces, cuja incidência aumenta proporcionalmente à idade. **Objetivo**: Analisar o perfil epidemiológico de gestantes em uma população de Teresina – PI. **Materiais e método**: Trata-se de um estudo transversal, baseado na análise dos resultados do BetaHCG coletados entre os meses de janeiro de 2025 a março de 2025, em um laboratório privado de Teresina-PI. E também dados do Sistema de Informações sobre Nascidos Vivos, abrangendo o mesmo periodo. Este artigo dispensou submissão ao CEP. **Resultados**: Foram analisados 3.736 exames de beta-HCG, sendo 1.265 (33,9%) positivos e 2.471 (66,1%) negativos. A maior frequência de resultados positivos ocorreu na faixa etária acima de 30 anos, representando 56,5% do total de testes reagentes. Ao correlacionar os resultados positivos e negativos por faixa etária, observou-se maior taxa de positividade entre mulheres de 30 a 34 anos (52,9%), indicando maior ocorrência proporcional de gestação nesse grupo. Em relação aos nascidos vivos, identificaram-se 1.172 registros em mulheres acima de 30 anos, equivalentes a 45,2% do total, demonstrando associação entre o aumento da idade materna e as taxas de natalidade nessa população. **Conclusão**: Conclui-se que esses achados evidenciam uma mudança no perfil etário das gestantes em Teresina-PI, com tendência crescente de maternidade tardia exigindo atualizações dos protocolos de assistência estudo reforça a necessidade de estratégias de saúde pública direcionadas às especificidades da gestação em idade avançada.

**Palavras-chave:** Gravidez de risco, Idade materna avançada, Beta HCG.

### P-066

### Monitoramento de pacientes pós transplante de medula óssea por meio do teste de Quimerismo

Caroline Mitihe Hosoya Omena, Priscila Vascon Macedo, Patricia Yoshie Nishimura, Flavia Harumi Matsuoka Morais de Oliveira, Andréa Alfieri Gomes da Silva, Luiz Mário Ramos Janini, Carlos Alberto de Moura Aschoff

*DB Molecular (DB Diagnósticos) São Paulo, SP, Brasil; Universidade Federal de São Paulo (Unifesp), São Paulo, SP, Brasil.*

**Introdução**

O transplante de medula óssea (TMO) é um procedimento terapêutico indicado em casos em que o tratamento convencional, como a quimioterapia, não é suficiente para a cura ou controle de doenças hematológicas, como leucemias e síndromes mielodisplásicas. O TMO consiste na substituição das células-tronco hematopoéticas do paciente por células saudáveis, que podem ser provenientes de um doador compatível (transplante alogênico), do próprio paciente (autólogo), de um doador parcialmente compatível (haploidêntico) ou de um irmão gêmeo idêntico(singênico). O monitoramento da eficácia do transplante pode ser realizado por meio do teste de quimerismo, que avalia a origem das células hematopoéticas após o procedimento, sendo essencial para acompanhar a reconstituição do enxerto e detectar precocemente possíveis recaídas.

**Objetivos**

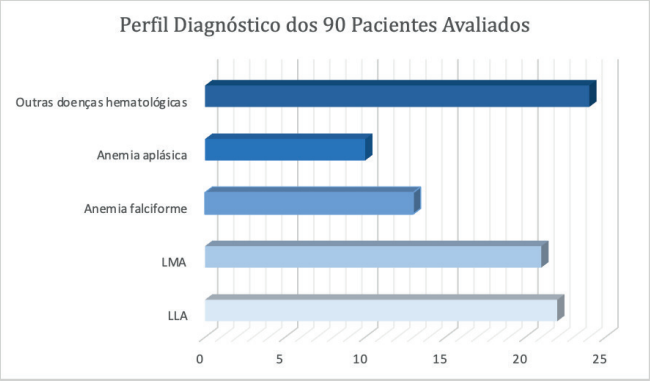
O presente estudo tem como objetivo avaliar a utilização do teste de quimerismo como ferramenta de monitoramento pós-transplante, por meio da análise longitudinal dos resultados obtidos em um laboratório de grande porte.

**Material e Métodos**

Foram analisados 112 resultados de testes de quimerismo. A metodologia do ensaio foi por PCR para amplificação de regiões STRs e análise por eletroforese capilar, processados entre os anos de 2023 e 2024 em um laboratório de grande porte. As amostras foram coletadas em sangue periférico ou medula óssea, em diferentes momentos do pós-transplante. Todos os exames foram realizados conforme procedimentos operacionais validados previamente. Paralelamente, foram identificadas as doenças de base que motivaram a indicação do TMO, conforme declarado pelos pacientes ou registrado nos encaminhamentos clínicos.

**Resultados e Discussão**

Dos 90 exames avaliados, 24,44% (n = 22) eram de pacientes com leucemia linfoblástica aguda (LLA), 23,33% (n = 21) com leucemia mieloide aguda (LMA), 14,44% (n = 13) com anemia falciforme, 11,11% (n = 10) com anemia aplásica e 26,66% (n = 24) com outras doenças hematológicas, como síndromes mielodisplásicas. No total, foram analisadas 32 amostras de pacientes do sexo masculino e 58 do sexo feminino.




Observou-se que a maioria dos pacientes com anemia falciforme não apresentou quimerismo completo. Esse resultado concorda com Pieroni et al., que descrevem quimerismo misto estável em cerca de 25% dos pacientes com a doença submetidos a transplante com doador HLA compatível. Nesses casos, os níveis de hemoglobina S (HbS) se aproximaram dos valores dos doadores, e nenhuma das crianças com quimerismo misto apresentou crises dolorosas ou outras complicações, indicando que o enxerto completo de células do doador pode não ser necessário para o sucesso clínico do TMO nesses pacientes. Dos 22 pacientes com LLA, 20 (90,91%) apresentaram quimerismo completo após o transplante, e dos 21 pacientes com LMA, 10 (47,62%) apresentaram quimerismo completo.

**Conclusão**

A maior incidência de testes de quimerismo ocorreu entre pacientes com LLA, LMA e anemia falciforme. Esses resultados reforçam o papel do quimerismo como ferramenta essencial para monitorar a eficácia do transplante de medula óssea e orientar decisões clínicas individualizadas, sobretudo em

situações em que o quimerismo misto se mostra suficiente para controle da doença. Assim, os achados destacam a importância da avaliação contínua do quimerismo para identificar precocemente falhas de enxertia e ajustar a conduta terapêutica de forma mais precisa.

**Palavras-chave:** Transplante de medula óssea, quimerismo, doenças hematológicas.

**Referências bibliográficas**

**PIERONI, F.** *et al.* Transplante de células-tronco hematopoéticas (TCTH) em doenças falciformes. **Revista Brasileira de Hematologia e Hemoterapia**, v. 29, n. 3, p. 327–330, 2007. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1516-84842007000300026>. Acesso em: **8. Jan. 2026**.

**TOZZO, P.; DELICATI, A.; ZAMBELLO, R.; CAENAZZO, L.** Chimerism monitoring techniques after hematopoietic stem cell transplantation: an overview of the last 15 years of innovations. **Diagnostics**, v. 11, n. 4, p. 621, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/diagnostics11040621>. Acesso em: **10 jan. 2026**.

**LEJMAN, M.** *et al.* Impact of early chimerism status on clinical outcome in children with acute lymphoblastic leukaemia after haematopoietic stem cell transplantation. **BMC Cancer**, v. 19, p. 1141, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12885-019-6360-3>. Acesso em: **10 jan. 2026**.

## P-069

### Análise dos resultados de HPV de pacientes do sexo feminino em 2025 em um Laboratório de Análises Clínicas em Uberaba, Minas Gerais

Josiane Cristina dos Reis Mendes[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** O câncer de colo de útero é uma das principais causas de morbimortalidades entre mulheres em todo o mundo. No Brasil, a doença representa um sério problema de saúde pública, sendo o terceiro tipo de câncer mais comum na população feminina. A principal causa está atribuída à infecção persistente por tipos oncogênicos do Papiloma Vírus (HPV). Estima-se que os subtipos 16 e 18 sejam responsáveis por aproximadamente 70% de todos os casos. **Objetivo:** Este estudo teve como objetivo analisar o número de casos de HPV positivos para os subtipos de alto risco oncogênico em mulheres no ano de 2025 com base em testes realizados por RT-PCR multiplex. **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). Foram analisados resultados de HPV Genotipagem realizados por RT-PCR para detecção de 28 genótipos, utilizando ácidos nucleicos totais purificados**.** **Resultados e Discussão:** No ano de 2025 foram realizados 526 testes em mulheres, com 251 casos positivos para HPV com alto risco oncogênico (48%). Avaliando os subtipos 16 e 18, encontramos a incidência de 23 (9%) e 8 casos (3%), respectivamente. **Conclusão:** Os resultados obtidos demonstraram elevada positividade para HPV de alto risco oncogênico na população analisada, com 48% dos testes apresentando resultado positivo no ano de 2025, representando, aproximadamente, metade dos testes realizados. Entre os subtipos analisados, observou-se uma maior incidência do HPV16 em relação ao HPV 18, reforçando a relevância epidemiológica desses genótipos associados ao câncer de colo de útero. Os achados evidenciam a importância do rastreamento molecular para detecção precoce do HPV. A cobertura vacinal no Brasil ainda está abaixo da meta recomendada pela OMS. É importante ressaltar que a combinação destes dois fatores é a forma mais eficaz de prevenir o câncer de colo de útero.

**Palavras-chave:** HPV, Alto risco, Positividade.

## P-070

### Análise comparativa da circulação do vírus da dengue baseada em testes imunocromatográficos em 2025 e 2026 em um laboratório de análises clínicas em Uberaba, Minas Gerais

Josiane Cristina dos Reis Mendes[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** A NS1 é uma glicoproteína não estrutural que é essencial à replicação viral. Na fase aguda da infecção, é encontrada circulando no soro de pacientes em concentrações detectáveis por métodos imunológicos. Atualmente é considerado como um marcador de infecção pelo vírus da Dengue antes do aparecimento dos anticorpos das classes IgM e IgG. **Objetivo:** Este estudo teve como objetivo comparar o número de casos de Dengue e sua respectiva positividade no primeiro bimestre dos anos de 2025 e 2026, com base em testes realizados por Imunocromatografia. **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 antígeno NS1, quando presente na amostra, liga-se ao anticorpo anti-NS1 conjugado com ouro coloidal formando um complexo antígeno-anticorpo marcado. Esse complexo migra por capilaridade pela membrana de nitrocelulose da tira-teste e é reconhecido por um segundo anticorpo impregnado na área teste, determinando o surgimento de uma banda colorida nesta área. **Resultados e Discussão:** No primeiro bimestre de 2025 foram realizados 1900 testes, com 698 casos positivos para Dengue (37%). Em 2026, foram realizados 386 testes, com 11 casos positivos (3%), evidenciando uma queda significativa dos casos. **Conclusão:** Houve uma redução significativa dos testes realizados e na positividade dos casos. De acordo com o Ministério da Saúde, no Brasil houve uma redução de aproximadamente 75% de casos de Dengue, dados que refletem no uso de tecnologias de controle vetorial e fortalecimento de vigilância e testagem. Há também uma grande expectativa em relação à produção de vacinas e ao desenvolvimento de altas tecnologias. A Dengue ainda é uma doença desafiadora e o Ministério da Saúde, juntamente com a população, seguem atuando na ampliação das ferramentas de prevenção, monitoramento e controle.

**Palavras-chave:** NS1, Imunocromatografia, Dengue.

## P-095

### Susceptibilidade de amostras de *Candida albicans* isoladas de pacientes com Candidíase Vulvovaginal em Cachoeiro de Itapemirim-ES: o laboratório guiando o tratamento clínico

Alicy Ferreira Coelho[1], Emanuelle Andrade Bayerl[1], Luís Fernando Pareto Bastianelli[1], Paula de Andrade Gaburo[2], Schayra Minine Damázio[1], Maicon Marvila Miranda[1]

*[1]Centro Universitário São Camilo - ES, [2]Clínica Paula Gaburo*

**Introdução:** A Candidíase Vulvovaginal (CVV) é uma infecção fúngica causada principalmente por *Candida albicans*, comum entre mulheres em idade reprodutiva [1]. Sintomas incluem leucorreia típica, ardor na vulva e vagina, prurido, disúria, dispareunia, micção frequente e outros, representando um importante desafio clínico devido à etiologia multifatorial, alta prevalência, desenvolvimento de CVV Recorrente (CVVR), quando uma mulher tem quatro ou mais infecções fúngicas durante um período de 12 meses. É a segunda infecção vaginal mais comum, depois da Vaginose Bacteriana (VB) [2]. O fator etiológico ainda não é totalmente conhecido, apenas alguns fatores de

risco. O diagnóstico é majoritariamente clínico, com a existência de alguns desafios. O laboratório clínico é especialmente importante na diferenciação das espécies, incluindo por microscopia, além da identificação adequada do perfil de susceptibilidade [3]. A crescente resistência aos antifúngicos, agravada pela automedicação e diagnóstico não adequados, causado pela falta de testes laboratoriais, contribui para falhas terapêuticas. **Objetivo:** Caracterizar o perfil de susceptibilidade de *C. albicans* isoladas de pacientes com CVV em Cachoeiro de Itapemirim-ES e utilizar dados para o adequado tratamento clínico. **Métodos:** Trata-se de um estudo transversal quali-quantitativo, aprovado em Comitê de Ética em Pesquisa (CAAE: 91194425.7.0000.5073). Foram analisadas 27 amostras coletadas de pacientes da comunidade com sintomas de CVV, atendidas em consultório ginecológico de Cachoeiro de Itapemirim- ES. No consultório ginecológico as pacientes foram previamente selecionadas por meio de um questionário e a ginecologista responsável pela coleta, explicou sobre a pesquisa e verificou o interesse da paciente em participar. Os critérios de inclusão foram pacientes do sexo feminino, de 18 a 60 anos de idade, com sintomas sugestivos de CVV, sendo excluídas pacientes gestantes. A secreção vaginal foi coletada da parede vaginal lateral e processada em até 6 horas. Foram produzidas lâminas a partir da amostra, procedeu-se a coloração de Gram buscando, por meio de microscopia, a identificação morfológica de leveduras, blastoconídeos, hifas e pseudo-hifas [4]. As amostras sugestivas na microscopia foram semeadas em Ágar Sabouraud Dextrose (SDA) (Kasvi Ltda, Paraná, Brasil) e incubadas a 37ºC por 48 horas em estufa e repicadas em Ágar Cromogênico *Candida* (CCA) (Mbiolog, Minas Gerais, Brasil), a 37ºC por 48h. A avaliação da susceptibilidade fúngica ao fluconazol (25µg), miconazol (50µg), nistatina (100UI) e anfotericina B (100µg), foi realizado através do método de disco-difusão, com inóculo de 0,5 na escala de McFarland, em seguida, a suspensão foi semeada em placas com o meio Ágar Mueller-Hinton (MHA) (Kasvi, Ltda, Paraná, Brasil) suplementado com glicose (Neon Comercial Reagentes Analíticos Ltda, São Paulo, Brasil) a 2% e azul de metileno (Cromoline Química Fina Ltda, São Paulo, Brasil) 0,5 mg/mL, sobre as quais aplicaram-se discos impregnados com os antifúngicos supracitados, conforme Silva *et al*. (2016)[5], incubados a 37ºC por 48h. A cepa *C. albicans* ATCC90028 foi utilizada como controle. **Resultados e Discussão:** Todas as mulheres relataram vida sexual ativa; 63% (n= 17) possuíam de 25 e 44 anos, faixa etária correspondente ao período reprodutivo e associada à maior incidência de CVV [6], e 33,3%(n= 9) utilizavam contraceptivos orais, cujo estrogênio pode favorecer a colonização por *Candida* spp. [7]. 77,8% (n= 22) das pacientes apresentaram CVVR, condição multifatorial associada a alterações imunológicas e comportamentais, dessa forma, sem a causa exata o manejo clínico é dificultado [8]. Das 27 amostras, 55% (n= 15) foram positivas na microscopia (Figura 1), enquanto 74,1% (n=20) das amostras foram positivas para *Candida spp*. na cultura, sendo 85% (n= 17) *C. albicans*, confirmando sua predominância nos casos de CVV, em concordância com estudos prévios [6,9]. Sete amostras (25,9%) foram negativas para *Candida*, apesar dos sintomas, evidenciando diagnósticos clínicos imprecisos e a importância da realização de exames laboratoriais, para confirmar o diagnóstico e evitar tratamentos antifúngicos desnecessários e falha terapêutica [10,11]. Também foram identificados casos de infecção mista entre CVV e vaginose bacteriana, condição associada à disbiose vaginal e maior complexidade terapêutica [12], reforçando a importância do diagnóstico laboratorial completo. No antifungigrama (Figura 2), constatou-se alta resistência aos azólicos, com 94% (n= 16) cepas resistentes ao fluconazol e 88% (n=15) ao miconazol, reforçando a importância da identificação da espécie e do antifungigrama para definição da terapêutica adequada [13]. Em contrapartida, observou-se somente uma (6%) amostra resistente a nistatina e à anfotericina B, evidenciando elevada sensibilidade aos polienos e sugerindo maior eficácia desses fármacos, especialmente da nistatina como alternativa terapêutica para essas pacientes [14,15]. **Conclusão:** A CVV permanece um desafio clínico, especialmente pela alta taxa de recorrência e pelo elevado nível de resistência aos azóis, como observado. Os achados reforçam a necessidade de diagnósticos laboratoriais completos, uma vez que o diagnóstico clínico isolado se mostrou insuficiente. Assim, a identificação precisa da espécie e o uso de antifungigrama foram essenciais para orientar terapias clínicas mais eficazes e, consequentemente, resultados clínicos mais satisfatórios e melhora da qualidade de vida das pacientes. O estudo oferece benefícios relevantes para Cachoeiro de Itapemirim e toda a região Sul Capixaba, por se tratar de uma pesquisa inédita, contribuindo para a pesquisa e para a saúde local e global.

**Palavras-chave:** Candidíase Vulvovaginal, Candida, Farmacorresistência.

**Referências**

1. Cooke G, et al. Treatment for recurrent vulvovaginal candidiasis (thrush). Cochrane Database Syst Rev. 2022;1:1-126.

2. Wang Y, Liu Z, Chen T. Vaginal microbiota: potential targets for vulvovaginal candidiasis infection. Heliyon. 2024;10(5):1-9.

3. McMillan A, et al. A multi-platform metabolomics approach identifies highly specific biomarkers of bacterial diversity in the vagina of pregnant and non-pregnant women. Sci Rep. 2015;5(1):1-14.

4. Amrin SS, Lakshmi JG. Vaginal discharge: the diagnostic enigma. Indian J Sex Transm Dis AIDS. 2021;42(1):38-45.

5. Silva ACN, et al. Susceptibility testing of Candida albicans by disk diffusion method: a comparison of the culture media used. Rev. Bras. An. Clin. 2016 (48), 4, 363-369.

6. Rodrigues DD, et al. Avaliação da frequência de espécies de Candida isoladas em secreções vaginais e do perfil de susceptibilidade a antifúngicos. Rev Cient Faminas. 2020;15(2):44-51.

7. Aminzadeh A, Sanat AS, Akhtar SN. Frequency of candidiasis and colonization of Candida albicans in relation to oral contraceptive pills. Iran Red Crescent Med J. 2016;18(10):38-45.

8. Lírio J, et al. Antifungal (oral and vaginal) therapy for recurrent vulvovaginal candidiasis: a systematic review and meta-analysis. Rev Assoc Med Bras. 2022;68(2):261-267.

9. Fernandes A, et al. Vulvovaginal candidiasis and asymptomatic vaginal colonization in Portugal: epidemiology, risk factors and antifungal pattern. Med Mycol. 2022;60(5).

10. Duarte SMS, Faria FV, Martins MO. Métodos diagnósticos para a caracterização de candidíase e papilomavírus humano. Braz J Dev. 2019;5(10):18083-18091.

11. Torres JS, et al. A importância do diagnóstico completo da candidíase. Braz J Health Rev. 2024;7(5):1-12.

12. Sobel JD, Vempati YS. Bacterial vaginosis and vulvovaginal candidiasis pathophysiologic interrelationship. Microorganisms. 2024;12(1):108-118.

13. Lockhart SR, et al. Thinking beyond the common Candida species: need for species-level identification of Candida due to the emergence of multidrug-resistant pathogenic yeasts. J Clin Microbiol. 2017;55(12):3324-3332.

14. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Protocolo clínico e diretrizes terapêuticas para atenção integral às pessoas com infecções sexualmente transmissíveis (IST). Brasília (DF): Ministério da Saúde; 2018.

15. Maftei NM, et al. Vulvovaginal candidiasis in pregnancy—between sensitivity and resistance to antimycotics. J Xenobiot. 2023;13(3):312-322.



**Figura 1.** Microscopia para avaliar presença de *Candida*

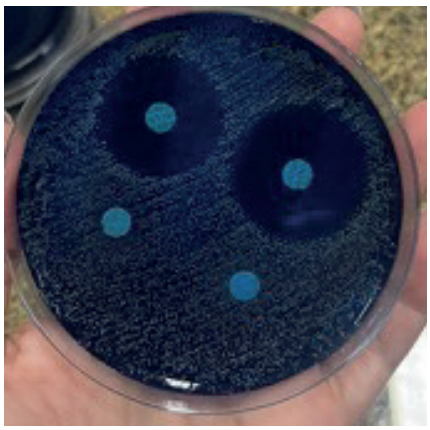


**Figura 2.** Análise do antifungigrama de *Candida*

## P-112

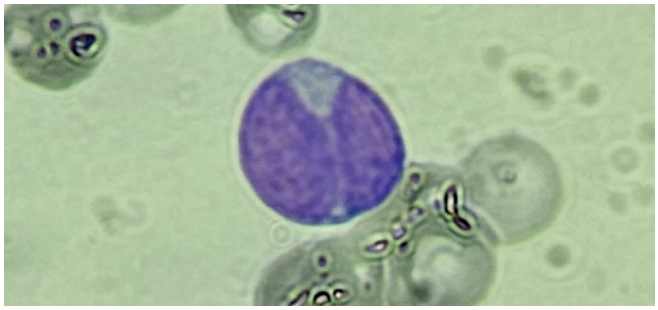
### Blasto em asa de borboleta visualizado em extensão de lâmina hematológica

Ailson Firmino dos Santos[1], Marcus Vinicius Fernandes Caixeta[1], Wemerson Silva do Nascimento[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Henrique Borges Kappel[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Discussão**: O termo "blasto em asa de borboleta" no hemograma ou no esfregaço periférico geralmente descreve um aspecto morfológico de células blásticas observados na microscopia, especialmente com alterações no formato do núcleo. Quando falamos em "asa de borboleta", o termo refere-se a um núcleo bilobado, com leve ou moderada constrição central, lembrando duas asas abertas. Por vezes a cromatina é frouxa e citoplasma escasso, apresentando aspecto compatível com possível origem linfóide, sendo necessária correlação com dados clínicos, hematológicos e de imunofenotipagem para definição diagnóstica. **Método.** Esfregaço sanguíneo periférico confeccionado a partir de sangue total coletado em EDTA e corado pelo método Wright-Giemsa. Nossas imagens foram obtidas com celular Samsung S23 acoplado ao microscópio óptico em aumento de 1000x sob imersão em óleo. **Legenda.** A imagem mostra uma célula grande, arredondada, com núcleo em formato bilobado, lembrando uma "asa de borboleta", compatível com um blastócito linfóide atípico ou um blasto com clivagem nuclear. Esse aspecto morfológico pode ser observado em algumas condições hematológicas, especialmente em leucemias e linfomas linfoblásticos, além de poder ocorrer em células blásticas degeneradas, ou variantes morfológicas de blastos.

**Palavras-chave:** Asa de Borboleta, Blasto, Hemograma.



## P-160

### Integrando dados de farmacovilância e farmacogenética no Brasil: implicações para a medicina de precisão na terapia antitrombótica

Bianca Rodrigues Martinello[1], Raíssa dos Santos Nunes[1], Karla Maria del Passo[1], Marilu Fiegenbau[1], Silvana Almeida[1], Júlia Pasqualini Genro[1]

[1]*Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre*

**Introdução**

A trombose representa a formação patológica de trombos, resultante da ativação anormal da cascata de coagulação no ambiente intravascular [1]. Ao promoverem a oclusão vascular e eventos isquêmicos subsequentes, eventos trombóticos constituem importantes precursores fisiopatológicos das principais doenças cardiovasculares (DCVs), que permanecem como a principal causa de mortalidade global [2]. Segundos dados disponibilizados pelo DATASUS, foram estimados mais de 400 mil óbitos decorrentes de DCVs no Brasil durante 2022 [3], representando aproximadamente um terço de todos as mortes no território nacional [4]. A utilização de medicamentos antitrombóticos desempenha papel central na prevenção e no manejo dessas condições, reduzindo o risco de eventos tromboembólicos e, consequentemente, a mortalidade e a morbidade associadas. Atualmente, o sistema público de saúde do Brasil (SUS) fornece gratuitamente a varfarina, o clopidogrel e a aspirina (ácido acetilsalicílico - AAS), além da heparina e da enoxparina, pelo programa de Relação Nacional de Medicamentos Essenciais (RENAME) [5], garantindo amplo acesso populacional a esses fármacos. Dado o perfil de morbimortalidade cardiovascular no país e o uso crescentes dessas terapias na rede pública, o monitoramento sistemático das reações adversas a medicamentos (RAMs) e eventos de falha terapêutica torna-se essencial. Neste sentido, a farmacovigilância contribui para avaliação e detecção contínua da segurança dos medicamentos em nível populacional, implementado no Brasil por meio do sistema VigiMed, um banco nacional de notificações espontâneas de suspeitas de RAMs [6]. Paralelamente, ao possibilitar a identificação prévia de variantes genéticas capazes de influenciar a resposta individual aos medicamentos a farmacogenética consolida-se como uma ferramenta relevante da medicina de precisão [7]. No contexto dos antitrombóticos, variantes em farmacogenes com evidência estabelecida e aplicabilidade clínica consolidada em *guidelines* internacionais [8,9] permitem orientar a escolha e a dosagem de fármacos amplamente utilizados no SUS. Dessa forma, a incorporação de testes farmacogenéticos à rotina laboratorial de apoio passa a configurar uma demanda relevante da saúde pública brasileira expandindo o nicho de análises laboratoriais e contribuindo diretamente para decisões terapêuticas mais seguras e eficazes.

**Objetivos**

O presente estudo objetivou caracterizar o perfil de RAMs associadas a antitrombóticos no VigiMed e avaliar evidências farmacogenéticas relacionadas à segurança desses fármacos, fornecendo subsídios para melhorar estratégias aplicadas ao manejo terapêutico e propor abordagens translacionais para a implementação de testes farmacogenéticos no SUS.

**Métodos**

O estudo conduzido apresenta uma abordagem transversal retrospectiva de análise secundária de dados obtidos do sistema VigiMed, abrangendo notificações de RAMs de janeiro de 2018 a abril de 2025. Os antitrombóticos analisados foram varfarina, clopidogrel, heparina, edoxabana, AAS, cilostazol, rivaroxabana, apixabana, dabigatrana e enoxaparina. As RAMs foram classificadas por Classe de Sistema de Órgão (SOC), segundo o Medical Dictionary for Regulatory Activities (MedDRA). A análise estatística foi conduzida a partir do Reporting Odds Ratio (ROR), em que associações consideradas estatisticamente significativas apresentaram limite inferior do intervalo de confiança de 95% (IC95%) maior que 1. Ademais, foi realizada a revisão de bulas dos medicamentos fornecidas pela Agência Nacional de

Vigilância Sanitária (ANVISA) e pela Food and Drug Administration (FDA) dos Estados Unidos, além do levantamento de dados farmacogenéticos provenientes do banco de dados ClinPGx e da avaliação de diretrizes clínicas internacionais obtidas a partir do Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC) e do Dutch Pharmacogenetics Working Group (DPWG).

**Resultados e discussão**

O VigiMed registrou 606.315 reações adversas, das quais 12.351 eram referentes a antitrombóticos. Os medicamentos mais frequentemente notificados foram varfarina (45%), rivaroxabana (32%), apixabana (13%) e dabigatrana (10%), sendo as SOCs mais frequentes distúrbios vasculares (1.473 notificações) e distúrbios gastrointestinais (1.215 notificações). Os distúrbios vasculares apresentaram resultados mais robustos, com sinais de desproporcionalidade estatisticamente significativos para 8 dos 10 medicamentos analisados, refletindo o elevado risco de complicações hemorrágicas graves associadas a terapia antitrombótica [10]. Os maiores RORs nessa SOC foram identificados para heparina [ROR 4,9 (4,40–5,45)] e enoxaparina [ROR 3,06 (2,76–3,39)], achados que corroboram estudo recente que analisou sinais de segurança entre diferentes anticoagulantes subcutâneos e identificou padrões semelhantes de eventos adversos vasculares e hematológicos no contexto hospitalar [11]. Varfarina e Clopidogrel apresentaram sinais significativos em múltiplas SOCs, especialmente distúrbios vasculares - [ROR 1,98 (1,74-2,25)] e [ROR 1,64 (1,24-2,17)] - e renais e urinários - [ROR 3,2 (2,58-3,96)] e [ROR 2,31 (1,41-3,8)]. Esses dados revelam o perfil farmacológico característico de cada agente e são consistentes com os padrões de RAM descritos na literatura para antitrombóticos [12]. Na análise de dados farmacogenéticos, clopidogrel e varfarina foram os únicos medicamentos que demonstraram associações com nível 1 de evidência, sustentadas por diretrizes clínicas estabelecidas e estudos replicados. Para o clopidogrel, o gene *CYP2C19*, relacionado à bioativação do fármaco [8], concentrou a maioria das variantes anotadas. Para a varfarina, destacaram-se as anotações para *CYP2C9*, *VKORC1* e *CYP4F2*. As variantes nesses genes influenciam a depuração da varfarina, o tempo para estabilização do RNI e o risco de sangramento, sustentando a necessidade de recomendações de dosagem individualizada baseadas em algoritmos farmacogenéticos validados [9]. Apesar do forte repaldo científico que fundamenta a análise de variantes em farmacogenes relevantes, a implementação da farmacogenética no cenário latino-americano ainda enfrenta certas limitações relacionadas à infraestrutura laboratorial e à validação e padronização de exames moleculares [13]. Essa lacuna também se expande ao âmbito regulatório, em que, a partir da avaliação das bulas de antitrombóticos aprovadas pela ANVISA, não foi encontrada nenhuma informação farmacogenética, contrastando com o conteúdo farmacogenético presente nas bulas regulatórias norte-americanas para varfarina e clopidogrel. Frente aos achados do presente estudo, ressalta-se a necessidade de melhor caracterizar a variabilidade terapêutica do uso de antitrombóticos e promover a incorporação de estratégias farmacogenéticas baseadas em evidências no sistema de saúde brasileiro, aliando-se às metodologias laboratoriais de diagnóstico.

**Conclusão**

Este estudo fornece um panorama da relevância clínica da farmacogenética como ferramenta que contribui para o suporte da tomada de decisão individualizada para a terapia antitrombótica no Brasil. A identificação de sinais de segurança significativos em múltiplos SOCs, aliada à disponibilidade de evidências farmacogenéticas de alto nível para clopidogrel e varfarina, evidencia a demanda em implementar estratégias baseadas em evidências que estejam voltadas à melhoria da segurança do paciente e à otimização dos desfechos terapêuticos a partir da redução de RAMs no sistema público de saúde. Considerando isso, a consolidação de evidências farmacogenéticas robustas pode contribuir para o fortalecimento de um nicho estratégico de expansão para laboratórios de análises clínicas, particularmente no desenvolvimento e validação de metodologias laboratoriais voltadas à otimização da decisão terapêutica e a plena implementação da medicina de precisão em sistemas públicos de saúde.

**Palavras-chave:** Antitrombóticos, Reações adversas a medicamentos, Medicina de precisão.

**Referências**

1. Inherited thrombophilia : report of a Joint WHO/International Society of Thrombosis and Haemostasis (ISTH) Meeting. at <https://iris.who.int/items/d9513bde-4266-49cd-a1c6-7bcfa621531a

2. Joseph P et al. Cardiovascular disease in the Americas: the epidemiology of cardiovascular disease and its risk factors. Lancet Reg Health Am. 2025;42:100960.

3. Oliveira GMM de et al. Estatística Cardiovascular – Brasil 2023. 2024 Feb 14;121(2).

4. Mensah GA et al. Global Burden of Cardiovascular Diseases and Risks, 1990-2022. Journal of the American College of Cardiology. 2023 Dec 1;82(25):2350–473.

5. Saúde, M. Relação Nacional de Medicamentos Essenciais Rename 2024. (Ministério da Saúde, Brasília, DF, 2025).

6. Almeida Szczesny L et al. Opioids in the Brazilian Healthcare Landscape: Crucial Analysis through Anvisa VigiMed Data and Pharmacogenetic Aspects. ACS Omega. 2025;10:22158-22164.

7. Mackman N. Triggers, targets and treatments for thrombosis. Nature. 2008;451(7181):914-918.

8. Lee CR et al. Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium Guideline for CYP2C19 Genotype and Clopidogrel Therapy: 2022 Update. Clinical Pharmacology & Therapeutics. 2022 Jan 16;112(5).

9. Johnson JA et al. Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC) Guideline for Pharmacogenetics-Guided Warfarin Dosing: 2017 update. Clin Pharmacol Ther. 2017;102(3):397-404.

10. Fredenburgh JC, Gross PL, Weitz JI. Emerging anticoagulant strategies. Blood. 2017;129(2):147-154.

11. Lu, B. et al. Safety comparisons among different subcutaneous anticoagulants for venous thromboembolism using FDA adverse event reporting system. Sci Rep. 2025; 15, 17070.

12. Hirsh, J et al. Mechanism of action and pharmacology of unfractionated heparin. Arterioscler Thromb Vasc Biol. 2001;21, 1094–1096.

13. Salas-Hernández et al. An updated examination of the perception of barriers for pharmacogenomics implementation and the usefulness of drug/gene pairs in Latin America and the Caribbean. Frontiers in Pharmacology. 2023; May 11;14.

## ÁREA: ENDOCRINOLOGIA E METABOLOGIA

### P-054

### Prevalência de insuficiência e deficiência de vitamina D em pacientes atendidos em um laboratório privado de Teresina-PI

Jessica Maria Rocha Rodrigues[1], Adriana de Oliveira Silva Viana[1], Barbara de Lacerda Valença Martins[1], Sylvio Jose Colonna Romana[1], Daniel Oliveira Torres[2], Lídia Freire Abdalla Nery[2], Cyra Mesquita de Araujo[2], Bruno Oliveira Barreto[2], Isabela de Oliveira Moura[2]

*[1]Laboratório Bioanálise/Grupo Sabin; [2]Sabin*

**Introdução**: A vitamina D desempenha papel importante na homeostase óssea, metabolismo do cálcio e funcionamento do sistema imunológico, sendo sua deficiência considerada um relevante problema de saúde pública, afetando diferentes faixas etárias e perfis clínicos, inclusive em países de clima tropical, como o Brasil, nos quais a elevada incidência solar não garante níveis séricos adequados desse micronutriente. **Objetivo:** Avaliar a prevalência de alterações nos níveis séricos de vitamina D em pacientes atendidos em um laboratório privado de Teresina-PI durante o primeiro trimestre de 2026. **Materiais e métodos**: Pesquisa de caráter retrospectivo, transversal, descritivo e quantitativo, desenvolvida a partir da análise de exames laboratoriais realizados entre janeiro e março de 2026. As dosagens de vitamina D foram obtidas pelo método de imunoensaio por quimioluminescência, amplamente utilizado na prática laboratorial pela sua elevada sensibilidade, especificidade e reprodutibilidade em seus resultados contribuindo com a qualidade dos resultados obtidos durante a rotina. O estudo utilizou dados secundários e dispensou submissão ao Comitê de Ética em Pesquisa (CEP). **Resultados**: Foram analisados 16.438 pacientes no período. Os resultados foram classificados conforme os valores de referência adotados pelo Sociedade Brasileira de Endocrinologia e Metabologia -SBEM deficiência (<20 ng/mL), insuficiência (20–<30 ng/mL), suficiência (30–60 ng/mL) e toxicidade potencial (>100 ng/mL). Do total avaliado, 767 pacientes (4,7%) apresentaram deficiência e 4.696 (28,6%) insuficiência de vitamina D, somando 5.463 indivíduos (33,2%) com níveis inadequados. A suficiência foi identificada em 8.933 casos (54,3%), enquanto 56 pacientes (0,3%) apresentaram valores compatíveis com toxicidade potencial. **Conclusão**: Conclui-se uma frequência expressiva de níveis inadequados de vitamina D na população estudada, mesmo em uma região de clima tropical com elevada exposição solar, reforçando a importância do rastreamento laboratorial rotineiro desse marcador.

**Palavras-chave:** Vitamina D, Clima tropical, Exposição solar.

### P-055

### Avaliação da jornada segura das gestantes atendidas nas unidades básicas de saúde no ano de 2024 com alterações de TSH

Juliana Costa Albuquerque[1], Michelle Moura Brazil[2], Márcia Pinheiro Sales[3], Maria Gabriela Araújo Mendes[2], Juliete Tavares[2], Joel Xavier Gomes[2], Maxwel Sampaio Pereira[2], Daniel dos Santos Ribeiro[4]

*[1]Analista de Qualidade e Segurança/Laboratório Primilab-ISGH; [2]Analista Clínico/Laboratório Primilab-ISGH; [3]Gerente Geral/Laboratório Primilab-ISGH; [4]Supervisor Administrativo*

**Introdução:** O acompanhamento e regulação dos hormônios tireoidianos durante a gestação é crucial para o desenvolvimento fetal, principalmente no primeiro trimestre de gestação, pois o feto depende da transferência de hormônios tireoidianos maternos. De acordo com as Diretrizes clínicas de atenção a gestantes da Secretaria Municipal da Saúde de Fortaleza, a gestante a ser atendida na Atenção Primária de Saúde deve passar pela estratificação de risco da condição específica, visando, a partir do risco, estabelecer a conduta clínica para o diagnóstico, tratamento e acompanhamento contínuo, em diversos aspectos e incluindo as endocrinopatias. **Objetivo:** Realizar uma busca ativa com o objetivo de identificar o quantitativo de gestantes atendidas na APS que tiveram acompanhamento do hormônio hipofisário, regulador da tireóide, que estavam alterados durante a gestação. **Método:** Foram realizados uma busca de dados no no sistema laboratorial Matrix e Fast Medic. Ao todo, foram encontradas 1670 gestantes entre 16 a 34 anos de idade atendidas em 148 unidades de atenção primária à saúde durante o ano de 2024, que apresentaram dosagem de TSH igual ou superior a 4 µUI/mL. **Resultados e Discussão:** De acordo com os registros encontrados no sistema matrix, em 2024 foram atendidas 1670 gestantes com solicitação de TSH, destas, 184 estavam com TSH alterado. Das 184 gestantes, 92 tiveram registros do acompanhamento na APS o que equivale a 50,0% do número pesquisado. Por outro lado, 92 pacientes não tiveram registros de exames ou não compareceram ao laboratório para realização da coleta durante a gestação. E destas, 17 foram atendidas em unidades especializadas, de acordo com informações do Fast Medic. **Considerações finais:** Diante do exposto, observamos que apenas 50% das gestantes analisadas fizeram o acompanhamento nas unidades da APS, não sendo possível assegurar que as diretrizes clínicas de atenção a gestantes recomendadas pela SMS foram seguidas.

**Palavras-chave:** Gestante. Hormônio. Tireóide.

**Trabalho submetido e aprovado pelo CEP-ISGH:** 94379325.0.0000.5684

**Referências**

ANTONNI, Marcelo et al. Valores de normalidade do hormônio tireoestimulante e da tiroxina livre em gestantes. **Einstein (São Paulo)**, p. 51-55, 2007.

BARROS, L. A. et al. Thyroid hormone use and socioeconomic position: Results from the ELSA-Brasil study. *Archives of Endocrinology and Metabolism*, v. 59, n. 5, p. 441-448, 2015. DOI: 10.1590/2359-3997000000086.

COUTO, Egle; CAVICHIOLLI, Fernanda. Doenças da tireoide na gestação. **Femina**, p. 323-327, 2019.

DA SILVA, Guilherme Almeida Rosa; DA COSTA, Thiago Boscher. Hipotireoidismo subclínico: uma revisão para o médico clínico. **Rev Bras Clin Med. São Paulo**, v. 11, n. 3, p. 289-95, 2013.

HAN, Yutong et al. A systematic review and meta-analysis examining the risk of adverse pregnancy and neonatal outcomes in women with isolated hypothyroxinemia in pregnancy. **Thyroid**, v. 33, n. 5, p. 603-614, 2023.

JIAO, Xue-Feng et al. The impact of levothyroxine therapy on the pregnancy, neonatal and childhood outcomes of subclinical hypothyroidism during pregnancy: an updated systematic review, meta-analysis and trial sequential analysis. **Frontiers in endocrinology**, v. 13, p. 964084, 2022.

MAIA, Ana Luiza et al. Consenso brasileiro para o diagnóstico e tratamento do hipertireoidismo: recomendações do Departamento de Tireoide da Sociedade Brasileira de Endocrinologia e Metabologia. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia & Metabologia**, v. 57, p. 205-232, 2013.

PARDINHO, Lethícia Costa et al. Influence of Hypothyroidism on Pregnancy and Fetal Development: A Comprehensive Investigation of the Risks, Mechanisms and Management Strategies with Levothyroxine Sodium. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, v. 6, n. 4, p. 552-564, 2024.

SCHERR, N. C. G. et al. Nutritional status of iodine in a group of pregnant womenfrom the State of Minas Gerais correlated with neonatal thyroid function. Revista Brasileira de Ginecologia e Obstetrícia: Revista da Federação Brasileira das Sociedades de Ginecologia e Obstetrícia, v. 44, n. 10, p. 909–914, 1 out. 2022.

## P-063

# O viés invisível: como a análise estratificada mudou a interpretação da validação de reagente hormonal

Tawana Correa Rodrigues Amorim Rosa[1], Juliana Katalink Said Dutra[1], Mirian July Nogueira de Souza Mendes[1], Heloísa Garcia Rocha Foroni[1], Marcello Augusto de Castro Coutinho[1], Fernanda Rocha Novaes[1], Matheus José Ribeiro[1], Lígia Adjuto Menezes Brandão Gracindo[1], Drielly Rodrigues Moura Izaias[1], Daniela de Freitas Machado[1]

[1]*Sabin Medicina Diagnóstica*

**Introdução**

A validação de métodos e reagentes constitui uma etapa crítica na garantia da qualidade em laboratórios clínicos, assegurando confiabilidade analítica, rastreabilidade dos resultados e segurança na tomada de decisão clínica. Alterações metodológicas introduzidas por fabricantes, mesmo quando associadas a melhorias de desempenho, requerem avaliação criteriosa pelos laboratórios, conforme recomendações de diretrizes internacionais e programas de qualidade, a fim de identificar possíveis impactos clínicos e analíticos decorrentes da transição entre metodologias. Nesse contexto, a Siemens Healthineers publicou o Boletim do Cliente 11557066 Rev. A (2025-03), comunicando a atualização do ensaio Atellica IM DHEAS2 em substituição ao método anterior DHEA-SO4. Segundo o fabricante, a nova metodologia apresenta avanços analíticos e operacionais relevantes, representando uma evolução técnica consistente do ensaio. Entre as principais melhorias descritas, destacando avanços relacionados à sensibilidade analítica, ampliação da faixa analítica inferior, maior resistência à interferência por biotina, redução do volume amostral, aumento da estabilidade do reagente e inclusão de intervalos de referência pediátricos validados conforme CLSI EP28-A3c.Além disso,o aumento expressivo da tolerância à biotina devido à substituição de anticorpos biotinilados por anticorpos marcados com FITC, reduzindo o risco de interferências analíticas. Diante das mudanças implementadas e do potencial impacto analítico associado à nova metodologia, o laboratório realizou validação interna comparativa do reagente DHEAS2, com o objetivo de avaliar a concordância entre métodos e identificar possíveis vieses analíticos, especialmente em diferentes faixas de concentração, garantindo assim a confiabilidade dos resultados liberados aos pacientes.

**Objetivo**

Realizar a validação analítica de um novo reagente, a fim de identificar possíveis inconsistências nos resultados, analisando o viés global e por estratificação de faixas de concentração, especialmente em valores baixos.

**Métodos**

Os ensaios foram previamente calibrados conforme recomendação do fabricante, utilizando calibradores e materiais de controle interno hidratados no dia de início da validação analítica. Para condução do estudo, foi empregada ferramenta específica de validação de métodos laboratoriais, permitindo análise estatística padronizada dos parâmetros avaliados.

A validação do reagente Atellica IM DHEAS2 contemplou estudos de imprecisão intraensaio, comparabilidade entre metodologias e linearidade/faixa de medição analítica (AMR).

O estudo de imprecisão intraensaio foi realizado com 75 replicatas em três níveis de controle interno, representando diferentes concentrações do analito, permitindo avaliar a reprodutibilidade e estabilidade analítica do método. A comparabilidade foi conduzida com amostras distribuídas ao longo da faixa analítica do ensaio, possibilitando análise da concordância entre o novo reagente e a metodologia anterior, incluindo avaliação global e estratificada por faixas de concentração para identificação de possíveis vieses analíticos. O estudo de linearidade avaliou a capacidade do método em produzir resultados diretamente proporcionais à concentração do analito dentro da faixa analítica estabelecida, definindo o intervalo linear a partir das concentrações com resposta estatisticamente aceitável. As verificações periódicas dos parâmetros analíticos permitiram monitorar o desempenho metodológico frente às especificações da qualidade e identificar precocemente limitações analíticas e potenciais desgastes dos sistemas utilizados na rotina laboratorial.

**Resultados e Discussão**

A avaliação da imprecisão analítica demonstrou desempenho satisfatório do Sistema Analítico em Teste, com coeficientes de variação inferiores aos limites estabelecidos pelas Especificações da Qualidade Analítica (EQA), evidenciando adequada precisão, repetibilidade e estabilidade do método. No estudo de linearidade e faixa de medição analítica (AMR), o ensaio apresentou comportamento linear adequado entre 1,65 e 829,15 µg/dL, atendendo aos critérios de aceitação do laboratório, embora ainda seja necessária complementação com amostras próximas ao limite superior da faixa reportável. Para o estudo de comparabilidade, foram analisadas 69 amostras de pacientes com concentrações variando entre 8,7 e 775,41 µg/dL, utilizando como critérios de aceitação Erro Total Máximo (ETM) de 16% e Erro Sistemático Máximo (ESM) de 8%, conforme estabelecido nas EQA do laboratório.

O estudo do fabricante, baseado em regressão de Deming, demonstrou elevada correlação e aparente equivalência analítica global entre os métodos. Entretanto, a análise crítica evidenciou que a utilização isolada dessa abordagem foi insuficiente para identificar vieses clinicamente relevantes em faixas específicas de concentração. Embora amplamente empregada na comparação entre métodos por considerar erro analítico em ambos os sistemas, a regressão de Deming apresenta limitações na avaliação de faixas críticas de decisão clínica, especialmente na presença de viés proporcional dependente da concentração. Neste estudo, o amplo intervalo analítico, predominantemente composto por amostras de altas concentrações, mascarou discrepâncias significativas nas baixas concentrações, superestimando a concordância global entre os métodos.

Quando analisado o conjunto total de amostras, observou-se elevada correlação linear entre os métodos, com coeficiente de correlação de Pearson (R) de 0,997 e coeficiente de concordância de Lin (CCC) de 0,991. Apesar desses achados sugerirem concordância satisfatória, o ESM foi de -14,49%, valor superior ao limite máximo aceitável definido pelo laboratório. Esses resultados demonstram que a elevada correlação linear, isoladamente, não é suficiente para assegurar equivalência analítica, sobretudo em cenários nos quais há presença de viés sistemático clinicamente relevante.

A análise estratificada das amostras com concentrações ≤ 50 µg/dL revelou deterioração importante do desempenho analítico do novo reagente em uma faixa de elevada relevância clínica. Nessa subanálise, embora o coeficiente de correlação de Pearson tenha permanecido elevado (R = 0,985), observou-se queda expressiva da concordância analítica, com CCC de 0,557, caracterizando concordância pobre entre os métodos. Adicionalmente, foi identificado ESM de -46,08% e ESM Absoluto de -10,55 µg/dL, valores significativamente superiores aos limites aceitáveis estabelecidos pelo laboratório. A concordância baseada no Erro Total Máximo foi de 0%, evidenciando incapacidade do método em atender aos critérios analíticos previamente definidos nessa faixa de concentração.

Os resultados demonstram a presença de viés sistemático negativo importante, caracterizado por subestimação consistente dos resultados em baixas concentrações. Esse achado possui impacto clínico relevante, principalmente em populações pediátricas e em situações próximas aos limites de decisão diagnóstica. Ressalta-se que, apesar da manutenção de elevada correlação linear, a correlação não avalia acurácia nem concordância clínica, sendo inadequada como parâmetro isolado para sustentar equivalência metodológica em faixas críticas.

Adicionalmente, a implementação do novo reagente foi acompanhada por alteração dos valores de referência, que passaram de intervalos estratificados por estágio de Tanner para limites definidos por faixa etária e sexo conforme CLSI EP28-A3c. Associada ao viés negativo identificado nas baixas concentrações, essa mudança nos valores de referência colaboram para uma melhor avaliação dos resultados com essa performance mais baixa.

Os achados obtidos demonstram de forma consistente que a ausência de análise estratificada por faixa de concentração compromete significativamente a sensibilidade dos estudos de comparabilidade metodológica. Da mesma forma, evidenciam que métricas complementares, como coeficiente de concordância de Lin, erro sistemático percentual, análise por subfaixas e avaliação de concordância clínica, são indispensáveis para identificação de discrepâncias analíticas potencialmente mascaradas por análises globais. Nesse contexto, os resultados reforçam a importância da validação interna laboratorial como etapa essencial na implementação de novos reagentes e metodologias, mesmo quando previamente validados

pelo fabricante, garantindo maior segurança analítica e confiabilidade clínica na liberação dos resultados laboratoriais; inclusive realizar análises estratificadas por toda a faixa analítica.

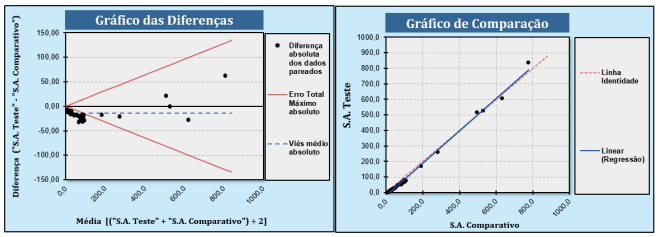



**Figura 1.** Análise global da comparabilidade — Bland-Altman (esquerda) e regressão (direita) ao longo de toda a faixa analítica.

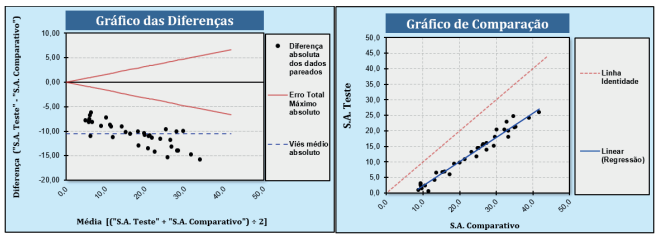



**Figura 2.** Análise estratificada (≤ 50 µg/dL) — viés sistemático negativo evidente no Bland-Altman e desvio da linha de identidade na regressão.

**Conclusão**

Na análise global de 69 amostras (8,7 a 775,41), observou-se alta correlação (R = 0,997) e excelente concordância global (CCC = 0,991). Entretanto, a avaliação estratificada por faixa de concentração evidenciou viés sistemático negativo grave em amostras ≤ 50, com Erro Sistemático Médio Percentual de -46,08%, valor amplamente superior ao limite de aceitabilidade estabelecido (8%). Apesar de o coeficiente de correlação permanecer elevado nessa faixa, a concordância analítica foi inadequada (CCC = 0,557), demonstrando que a correlação isolada não reflete equivalência entre os métodos em níveis críticos de decisão clínica. Adicionalmente, a alteração concomitante dos valores de referência, associada ao viés negativo identificado em baixas concentrações, potencializa o risco clínico, com possibilidade de subestimação de resultados e classificação incorreta de pacientes. Conclui-se que, embora o desempenho global seja aceitável, a mudança de reagente não atende aos critérios de aceitabilidade analítica e clínica do laboratório nas faixas baixas de concentração. O teste foi aprovado a validação, considerando que o valor de referência acompanhará o deslocamento para baixo dos resultados.

**Palavras-chave:** comparabilidade de métodos, análise estratificada, validação analítica.

**Referências**

Westgard JO. *Basic method validation*. 3rd ed. Madison: Westgard QC Inc.; 2008.

Basques JC. *Validação de métodos quantitativos*. 2007.

Parvin C. A direct comparison of two slope-estimation techniques used in method-comparison studies. *Clin Chem*. 1984;30:751-754.

Roads DG. *EP evaluator release 11 user's manual*. South Burlington: Data Innovations LLC; 2013.

Roads DG. *Lab statistics fun and easy: a practical approach to method validation*. 5th ed. South Burlington: Data Innovations LLC; 2012.

Lin L-K. A note on the concordance correlation coefficient. *Biometrics*. 2000;56:324-325.

McBride GB. A proposal for strength-of-agreement criteria for Lin's concordance correlation coefficient. NIWA Client Report: HAM2005-062; 2005.

Hirata VN, Camey SA. Análise de concordância entre métodos de Bland Altman. *Rev HCPA*. 2009;29(3):261-268.

Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). *User demonstration of performance for precision and trueness; approved guideline*. 2nd ed. Wayne (PA): CLSI; 2005. EP15-A2.

## ÁREA: ENSINO EM SAÚDE, ANÁLISES CLÍNICAS E EDUCAÇÃO CONTINUADA

### P-003

## Do jogo à excelência: a ludicidade como estratégia transformadora do aprendizado e da qualidade em processos laboratoriais

Mayane Rocha de Araújo[1]

[1]*Laca Saúde*

**Introdução**

A educação continuada em serviços de saúde é um dos pilares fundamentais para garantir a qualidade, segurança e confiabilidade dos processos assistenciais e laboratoriais. No contexto das análises clínicas, onde há forte dependência de padronização, precisão técnica e cumprimento rigoroso de protocolos, a atualização constante dos colaboradores torna-se indispensável. No entanto, observa-se que metodologias tradicionais de ensino, centradas na transmissão passiva de conteúdo, frequentemente não promovem engajamento suficiente nem garantem a retenção efetiva do conhecimento. Diante desse cenário, estratégias inovadoras têm sido incorporadas à gestão de pessoas e ao desenvolvimento organizacional, destacando-se o uso da ludicidade como ferramenta pedagógica. A ludicidade, entendida como a utilização de elementos de jogos, dinâmicas e atividades interativas no processo de ensino-aprendizagem, favorece a construção ativa do conhecimento, estimula o pensamento crítico e fortalece o aprendizado significativo. No ambiente laboratorial, onde erros podem impactar diretamente na segurança do paciente, iniciativas que promovam maior compreensão e aplicação prática dos processos são altamente relevantes. Além disso, a adoção de metodologias lúdicas pode contribuir para o fortalecimento da cultura organizacional, melhorar o clima interno e estimular o protagonismo dos colaboradores em seu próprio desenvolvimento. Nesse contexto, a gestão estratégica de treinamentos passa a ter um papel essencial, não apenas na transmissão de conhecimento técnico, mas na transformação do comportamento e na consolidação de práticas seguras e eficientes.

**Objetivo**

Avaliar a efetividade da utilização de metodologias lúdicas como estratégia de ensino na educação continuada de colaboradores de um laboratório de análises clínicas, com foco no desenvolvimento profissional, no aumento do engajamento e na melhoria da adesão aos processos internos e padrões de qualidade.

**Métodos**

Trata-se de um estudo descritivo com abordagem qualitativa, realizado em um laboratório de análises clínicas, no contexto de um programa estruturado de educação continuada. A intervenção consistiu na implementação de treinamentos mensais baseados em metodologias lúdicas, desenvolvidos pela equipe de gestão com foco nas principais fragilidades identificadas nos processos internos (Figura 1). Os temas abordados incluíram biossegurança, atendimento ao cliente, coleta de amostras, fluxo laboratorial, qualidade e redução de recoletas. Cada treinamento foi estruturado com base em estratégias ativas de aprendizagem, incluindo jogos educativos, quizzes interativos, simulações realísticas, dramatizações, estudos de caso e gincanas em grupo. As equipes foram divididas em grupos, incentivando a participação coletiva, a troca de experiências e a resolução colaborativa de problemas. Foram utilizados recursos como cartões de perguntas, cenários simulados, desafios práticos e atividades competitivas com pontuação, visando aumentar o engajamento. A avaliação dos resultados foi realizada de forma qualitativa, por meio da observação do comportamento dos colaboradores durante as atividades, feedbacks espontâneos, participação nos treinamentos e análise de indicadores operacionais, como redução de recoletas, melhoria no cumprimento de processos e diminuição de não conformidades.

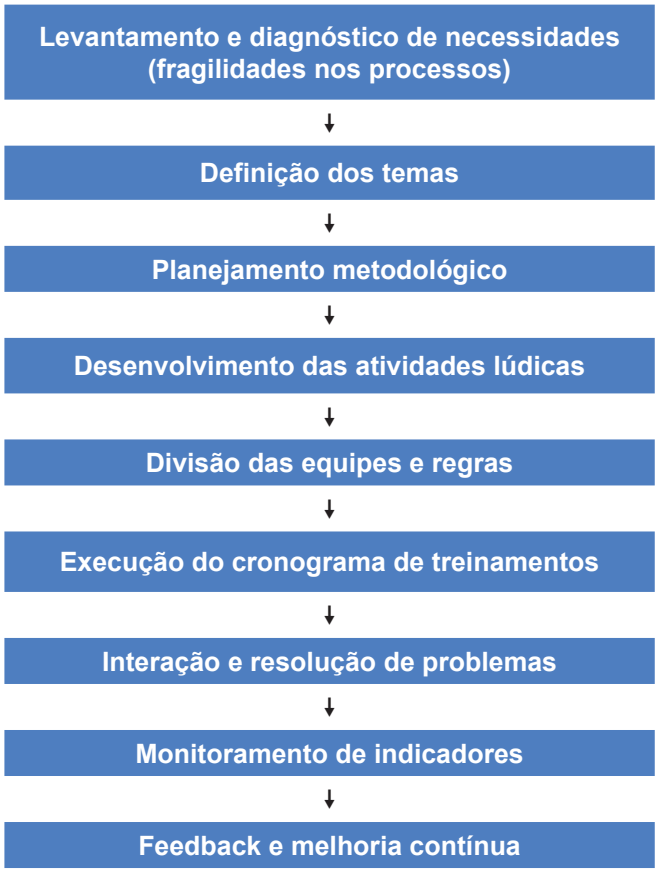



**Figura 1.** Representação esquemática da metodologia aplicada nos treinamentos lúdicos e seu fluxo de execução.

Fonte: Próprio autor.

**Resultados e Discussão**

A implementação de metodologias lúdicas nos treinamentos demonstrou impacto positivo significativo no engajamento dos colaboradores. Observou-se maior participação ativa durante as atividades, aumento do interesse pelos temas abordados e maior interação entre os membros das equipes. A ludicidade mostrou-se especialmente eficaz na facilitação do aprendizado de conteúdos. considerados complexos ou técnicos, como normas de biossegurança e fluxos laboratoriais. A utilização de simulações e dramatizações permitiu que os colaboradores vivenciassem situações do cotidiano, favorecendo a internalização dos conceitos e sua aplicação prática. Outro resultado relevante foi a melhoria na retenção do conhecimento. Diferentemente dos treinamentos tradicionais, nos quais o conteúdo é frequentemente esquecido após curto período, as atividades lúdicas proporcionaram experiências memoráveis, facilitando a assimilação e recuperação das informações no dia a dia de trabalho.

Do ponto de vista operacional, observou-se comportamento controlado dos indicadores críticos, como recoletas de exames, falhas na identificação de amostras e desvios de processo, com percentual médio de recoletas por erro humano de aproximadamente 0,56% ao longo do período analisado, variando entre 0,43% e 0,78%, com maior pico em julho de 2025 e menores valores em março de 2025 e janeiro de 2026 (Figura 2). Quando comparados à literatura, que estabelece valores ideais abaixo de 0,5% e aceitáveis até 1%, os resultados demonstram que o processo se encontra dentro de parâmetros aceitáveis, embora com variações que indicam oportunidades de melhoria. Esses resultados sugerem que o aprendizado ativo contribui diretamente para a melhoria da qualidade e segurança dos serviços prestados. Além disso, a estratégia promoveu o fortalecimento da cultura organizacional, estimulando valores como colaboração, responsabilidade e compromisso com a qualidade. A participação dos colaboradores na construção das dinâmicas também favoreceu o sentimento de pertencimento e valorização profissional.

A ludicidade também se mostrou uma ferramenta importante para a gestão, permitindo identificar lacunas de conhecimento de forma mais clara e direcionar ações corretivas de maneira mais assertiva. Esses achados estão alinhados com a literatura, que aponta que metodologias ativas de ensino aumentam a efetividade do aprendizado em ambientes de saúde, promovendo não apenas aquisição de conhecimento, mas também mudança de comportamento. No entanto, é importante destacar que a implementação dessa abordagem requer planejamento estruturado, alinhamento com os objetivos organizacionais e capacitação da equipe responsável pelos treinamentos. A ludicidade não deve ser utilizada de forma aleatória, mas sim como estratégia pedagógica intencional, com foco em resultados concretos.

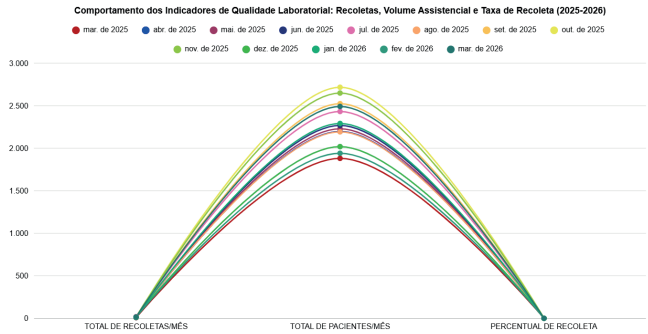



**Figura 2.** Comportamento mensal dos indicadores de recoleta, volume de pacientes e percentual de recoletas no período de março de 2025 a março de 2026. Fonte: Próprio autor.

**Conclusão**

A utilização da ludicidade como estratégia de ensino na educação continuada em análises clínicas mostrou-se altamente eficaz para promover o desenvolvimento dos colaboradores, aumentar o engajamento e melhorar a adesão aos processos internos, refletindo também na manutenção dos indicadores de recoleta dentro de limites aceitáveis segundo a literatura, ainda que com variações que indicam potencial de melhoria contínua. A abordagem contribuiu para a construção de um ambiente de aprendizado mais dinâmico, participativo e alinhado às necessidades do serviço, impactando positivamente na qualidade dos processos e na segurança do paciente. Além disso, reforça-se o papel da gestão como agente transformador, responsável por criar estratégias inovadoras que promovam não apenas o aprendizado técnico, mas também o desenvolvimento comportamental e organizacional. Dessa forma, recomenda-se a continuidade e expansão do uso de metodologias lúdicas em programas de educação continuada, como ferramenta estratégica para melhoria contínua em serviços de saúde.

**Palavras-chave:** Educação continuada, Gamificação, Segurança do paciente.

**Referências**

Freire P. Pedagogia da autonomia: saberes necessários à prática educativa. São Paulo: Paz e Terra; 1996.

Salas E, Tannenbaum SI, Kraiger K, Smith-Jentsch KA. The science of training and development in organizations. Psychol Sci Public Interest. 2012;13(2):74-101.

Gagné RM. The conditions of learning. 4th ed. New York: Holt, Rinehart & Winston; 1985.

World Health Organization. Laboratory quality management system handbook. Geneva: WHO; 2011.

Brasil. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução da Diretoria Colegiada – RDC nº 978, de 6 de junho de 2025. Dispõe sobre o funcionamento de serviços que executam atividades relacionadas aos exames de análises clínicas. Diário Oficial da União. 2025 jun 6;108(Seção 1):78.

Plebani M. Errors in clinical laboratories or errors in laboratory medicine? Clin Chem Lab Med. 2020;58(3):357–364.

Knowles MS, Holton EF, Swanson RA. The adult learner. 8th ed. New York: Routledge; 2015.

Mitre SM, Siqueira-Batista R, Girardi-de-Mendonça JM, et al. Metodologias ativas de ensino-aprendizagem na formação profissional em saúde. Ciênc Saúde Colet. 2008;13(Suppl 2):2133-44.

Moran JM. Metodologias ativas para uma aprendizagem mais profunda. Porto Alegre: Penso; 2018.

Berbel NAN. As metodologias ativas e a promoção da autonomia de estudantes. Semina. 2011;32(1):25-40.

Kolb DA. Experiential learning. New Jersey: Prentice Hall; 1984.

World Health Organization. Patient Safety: Global Action Plan 2021–2030. Geneva: WHO; 2021.

Hamari J, Koivisto J, Sarsa H. Does gamification work? Hawaii Int Conf Syst Sci. 2014;3025-34.

Kirkpatrick DL, Kirkpatrick JD. Evaluating training programs. San Francisco: Berrett-Koehler; 2006.

Bloom BS. Taxonomy of educational objectives. New York: Longman; 1956.

## P-015

## Otimização do Fluxo Analítico em laboratório clínico com aplicação de Lean Healthcare

Gabriella Pires da Silva Macedo[1], Patricia Godoy Garcia Costa[1], Arthur Corrêa Resende Ferreira[1], Igor Bordallo Werkhauser Escalante[1], Caique Lira Borges[1], Anelisa Fernandes Vieira[1], Luiza Rodrigues de Oliveira e Britto[1], Jonas Rodolfo Santana Oliveira[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

Em ambientes laboratoriais de alta complexidade, a busca por eficiência operacional, redução de custos e melhoria contínua da qualidade assistencial representa um fator crítico de sucesso. O crescimento constante da demanda diagnóstica exige processos cada vez mais robustos, sustentáveis e capazes de garantir maior produtividade sem comprometer qualidade, segurança e tempo de resposta. Nesse contexto, a aplicação dos conceitos de *Lean Healthcare*, aliada à otimização de recursos e ao redesenho de processos, torna-se essencial para garantir maior eficiência operacional com redução de desperdícios. A filosofia *Lean*, originada no Sistema Toyota de Produção, baseia-se na eliminação sistemática de desperdícios, redução de variabilidade e melhoria contínua dos processos (1,2). Em laboratórios clínicos, a aplicação dessas ferramentas permite otimizar fluxos de produção, reduzir gargalos operacionais, melhorar o aproveitamento de recursos disponíveis e promover maior estabilidade da Operação (3-5).

Além dos ganhos operacionais, iniciativas de melhoria em ambientes laboratoriais impactam diretamente a experiência do paciente, especialmente quando relacionadas à redução do número de tubos coletados e diminuição do tempo de resposta dos exames. Dessa forma, o processo deixa de ser apenas operacional e passa a agregar valor assistencial e estratégico. O presente estudo avaliou os impactos da implementação de melhorias operacionais no parque analítico de imunoquímica de um laboratório em Campinas, com foco na unificação de tubos, balanceamento de insumos no abastecimento de máquinas analíticas e otimização do fluxo, analisando seus efeitos sobre produtividade, *Turnaround Time* (TAT), eficiência operacional e utilização de recursos.

**Objetivo**

Avaliar os impactos operacionais e assistenciais provenientes da implementação de melhorias no processo produtivo laboratorial, com foco na otimização do fluxo operacional, redução de desperdícios e aumento da eficiência analítica. O estudo contempla a unificação de tubos destinados aos exames de bioquímica e hormônios, promovendo maior densidade analítica por amostra coletada, além da identificação e mitigação de gargalos operacionais ao longo da cadeia produtiva. Adicionalmente, busca-se analisar os efeitos dessas intervenções sobre os indicadores de desempenho do laboratório, especialmente na redução do TAT, no aumento da produtividade, na melhoria da sustentabilidade operacional e na ampliação da qualidade e agilidade dos serviços prestados aos pacientes.

**Métodos**

O estudo foi conduzido em um Núcleo Técnico Operacional (NTO) de laboratório clínico na cidade de Campinas, utilizando abordagem baseada em *Lean Healthcare* e melhoria contínua (5,6) O projeto foi estruturado a partir do ciclo DMAIC *(Define, Measure, Analyze, Improve e Control*), associado ao mapeamento de fluxo de valor (Value Stream Mapping – VSM) (4,9).

Inicialmente, foi realizado o mapeamento completo do fluxo ponta a ponta, contemplando as etapas de coleta, triagem, processamento, abastecimento analítico dos equipamentos destinados aos exames de bioquímica e hormônios, análise e liberação de resultados. Embora todo o processo laboratorial tenha sido avaliado de forma sistêmica, o foco principal das intervenções concentrou-se na fase analítica, especialmente no processamento dos exames no NTO. A análise do fluxo permitiu identificar desperdícios (muda), variabilidade operacional (mura) e sobrecarga de recursos (muri), possibilitando a implementação de melhorias direcionadas à otimização da eficiência operacional, do fluxo produtivo e dos indicadores de desempenho do setor.

Entre as principais oportunidades identificadas destacaram-se excesso de tubos processados, concentração de demanda em horários específicos, processamento em lote (*batching*), subutilização parcial da capacidade instalada e sobrecarga operacional no período da tarde.

Como estratégia de melhoria, foram implementadas ações voltadas para unificação dos tubos de coleta, balanceamento do abastecimento do equipamento analisador, redistribuição da carga produtiva ao longo do dia, redução do processamento em lote, nivelamento operacional (*heijunka*) e otimização do fluxo contínuo.

Foi realizada análise comparativa entre o cenário pré-implementação (janeiro de 2026) e pós-implementação (março de 2026). Os principais indicadores avaliados foram volume total de testes, quantidade de tubos processados, densidade de exames por tubo, TAT analítico, desempenho pré-analítico interno e distribuição da produção ao longo do dia. Os dados de produção foram obtidos a partir dos indicadores operacionais monitorados mensalmente pelo time de Planejamento e Controle de Produção (PCP).

**Resultados e Discussão**

A análise comparativa demonstrou ganhos expressivos sob a ótica operacional e assistencial. Observou-se aumento de 12,3% no volume total de testes realizados, passando de 166.152 exames em janeiro para 186.556 em março. Simultaneamente, houve redução de 25,4% no número de tubos processados, passando de 28.687 para 21.396 tubos.

Como consequência direta, verificou-se aumento de 50% na densidade de exames por tubo, evoluindo de 5,8 para 8,7 exames/tubo. Os resultados demonstram maior aproveitamento da amostra biológica e otimização da utilização de recursos laboratoriais. Além disso, a redução do número de tubos impacta diretamente a cadeia operacional, promovendo redução do consumo de tubos, etiquetas e insumos indiretos, diminuição do descarte de resíduos laboratoriais, melhoria da experiência do paciente e otimização logística desde a coleta até o descarte final.

Em relação ao desempenho operacional, observou-se redução significativa do *Turnaround Time* (TAT) analítico ao longo do período avaliado. O tempo médio passou de 618 minutos em janeiro para 456 minutos em março, representando uma melhora de 26,2% no indicador. Adicionalmente, verificou-se evolução no desempenho do processo pré-analítico interno, com redução de 8,3% no tempo médio dessa etapa, que passou de 72 minutos para 66 minutos. Esse resultado esteve diretamente relacionado à diminuição do número de tubos recebidos para triagem e processamento, favorecendo maior fluidez operacional e otimização das atividades do setor (Figura 1).




**Figura 1.** Comparação dos principais indicadores operacionais.

A análise de distribuição da produção ao longo do dia demonstrou mudanças relevantes no comportamento operacional. No cenário pré-implementação, observou-se forte concentração produtiva entre 14h e 18h, caracterizando pico operacional importante e subutilização do período da manhã. Esse comportamento indicava processamento em lote, acúmulo de demanda e presença de gargalos no fluxo produtivo.
Após a implementação das melhorias, verificou-se melhor distribuição da produção ao longo do dia, com aumento da utilização da capacidade operacional entre 10h e 13h e redução da concentração extrema no período da tarde (Figura 2).

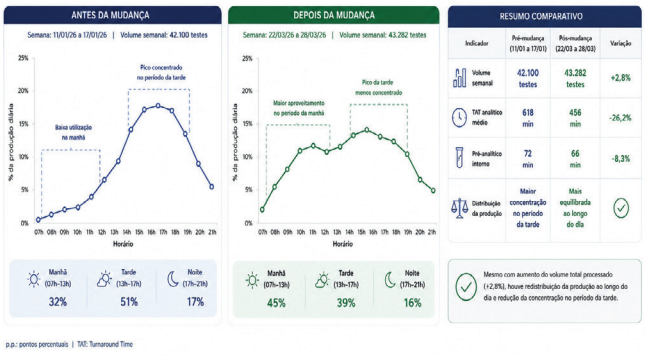



**Figura 2.** Curva de distribuição da produção ao longo do dia.

Sob a ótica da engenharia de produção, os resultados evidenciam uma transformação estrutural do processo operacional. Tradicionalmente, operações laboratoriais enfrentam um *trade-off* entre produtividade, custo e prazo. Entretanto, neste estudo observou-se aumento simultâneo de produtividade, redução do consumo de insumos críticos e redução do tempo de resposta.
Sob a perspectiva *Lean*, os resultados refletem atuação direta sobre os três principais desvios produtivos: redução de muda (desperdícios), evidenciada pela diminuição do número de tubos processados; redução de mura (variabilidade), observada pela melhor distribuição da produção ao longo do dia; e redução de muri (sobrecarga), refletida na melhora do TAT e redução da concentração operacional. Além disso, a aplicação prática de conceitos como *heijunka*, balanceamento de carga e fluxo contínuo contribuiu para maior estabilidade da operação e melhor aproveitamento dos recursos analíticos (1,2,10). Os resultados reforçam o potencial de aplicação das ferramentas *Lean* em ambientes laboratoriais, com ênfase em saúde, demonstrando que melhorias de fluxo podem gerar ganhos sustentáveis mesmo diante do aumento de demanda, trazendo benefícios para o paciente (5,7,9).

**Conclusão**
A implementação das melhorias operacionais no processo produtivo laboratorial demonstrou ganhos relevantes sob as perspectivas operacional, financeira e assistencial. Destacam-se o aumento de produtividade associado à redução do consumo de recursos, a melhoria significativa do TAT analítico, a redução de gargalos operacionais e a otimização do fluxo ponta a ponta. O projeto evidenciou que a aplicação de ferramentas *Lean Healthcare*, associadas ao balanceamento operacional e à revisão do fluxo produtivo, possibilita maior estabilidade do sistema, melhor utilização da capacidade instalada e redução consistente de desperdícios. Além dos ganhos internos, observou-se impacto positivo na experiência do paciente, especialmente pela redução do número de tubos coletados e pela melhoria do tempo de resposta dos exames. Dessa forma, o estudo consolida um modelo operacional mais eficiente, sustentável e replicável, demonstrando que a otimização de fluxo em laboratórios clínicos pode gerar ganhos estruturais relevantes sem necessidade de expansão proporcional de recursos.

**Palavras-chave:** Fluxo Laboratorial, Lean, Otimização.

**Referências**
1. Womack JP, Jones DT. Lean Thinking: Banish Waste and Create Wealth in Your Corporation. New York: Simon & Schuster; 2003.

2. Ohno T. Toyota Production System: Beyond Large-Scale Production. Portland: *Productivity Press*; 1988.

3. Graban M. Lean Hospitals: Improving Quality, Patient Safety, and Employee Engagement. 3rd ed. Boca Raton: *CRC Press*; 2016.

4. George ML. Lean Six Sigma for Service. New York: McGraw-Hill; 2003.

5. Toussaint JS, Berry LL. The promise of Lean in health care. Mayo Clin Proc. 2013;88(1):74-82.

6. Fillingham D. Can Lean save lives? Leadership in Health Services. 2007;20(4):231-41.

7. Henrique DB, Godinho Filho M. A systematic literature review of empirical research in Lean and Six Sigma in healthcare. Total Qual Manag Bus Excell. 2020;31(3-4):429-49.

8. Dickson EW, Singh S, Cheung DS, Wyatt CC, Nugent AS. Application of Lean manufacturing techniques in the emergency department. *J Emerg Med*. 2009;37(2):177-82.

9. Costa LBM, Godinho Filho M. Lean healthcare: review, classification and analysis of literature. *Prod Plan Control*. 2016;27(10):823-36.

10. Shah R, Ward PT. Lean manufacturing: context, practice bundles, and performance. *J Oper Manag*. 2003;21(2):129-49.

## P-044

## A contribuição das ligas acadêmicas na formação de profissionais em Análises Clínicas

Gabrielly Pereira Duarte[1], Bianca Bazote Conationi[1], Gabriel Meira dos Santos[1], Maria Júlia da Silva Savi[1], Mauren Isfer Anghebem[2], Maria Elizabeth Menezes[3], Flávia Martinello[1]

*[1]Universidade Federal de Santa Catarina- UFSC; [2]Universidade Federal do Paraná e da Pontifícia Universidade Católica do Paraná; [3]Sociedade Brasileira de Análises Clínicas*

**Introdução:** As ligas acadêmicas são definidas como grupos de estudantes e docentes que organizam atividades extracurriculares de ensino, pesquisa e extensão em uma determinada área de conhecimento. **Objetivos:** Caracterizar as ligas acadêmicas de análises clínicas (LAAC) no Brasil. **Metodologia:** Informações sobre LAAC foram pesquisadas em redes sociais e na internet em março de 2026. **Resultados e Discussão:** Foram encontrados registros de 43 LAAC no Brasil, sendo 18 na região Nordeste, 11 no Sudeste, 8 no Sul, 3 no Norte e 3 no Centro-Oeste. Entre as instituições sede das LAAC, 22 são privadas, 18 federais, 2 estaduais e 1 com membros de várias instituições. Duas LAAC encontradas no instagram não dispunham informações, sendo uma conta privada e uma sem qualquer postagem. A maioria (23) das LAAC atualizaram os canais de comunicação em 2026, 10 em 2025, 6 em 2024, 1 em 2019 e 1 em 2018. A organização da diretoria foi verificada em alguma postagem de 14 LAAC, com média de 12,7±8,8 membros. 23 LAAC realizam processo seletivo para ingresso de novos ligantes, sendo 10 por entrevista, 3 por prova, 2 por entrevista e prova e 8

sem registro da forma. Entre as atividades desenvolvidas e divulgadas pelas LAAC, 7 LAAC tem projeto de extensão, 15 realizam campanhas e ações sazonais, 9 desenvolvem minicursos, 8 organizam simpósios, 16 oferecem palestras, 11 promovem aulas, 3 realizam semanas ou jornadas acadêmicas, havendo LAAC com projetos simultâneos. A maioria (41) das LAAC posta informativos da área de Análises Clínicas. Nas bases de dados Google Scholar, PubMed e Scopus, apenas um artigo descreveu uma LAAC, entretanto, em redes sociais e sites, as LAAC divulgam os artigos dos respectivos membros. **Conclusão:** As LAAC devem divulgar ainda mais os projetos em seus canais de comunicação e em publicação científica, garantindo maior visibilidade e impacto como instrumento formativo.

**Palavras-chave:** Liga Acadêmica de Análises Clínicas, Educação em Análises Clínicas, Ensino-Aprendizagem.

## P-076

### Problematização e estudos de casos em aulas práticas de microbiologia clínica para o curso de farmácia: aumentando a participação e o aprendizado

Maicon Marvila Miranda[1]

[1]*Centro Universitário São Camilo - ES*

**Introdução:** O egresso do curso de farmácia é um profissional que tem formação, de acordo com diretrizes curriculares nacionais, integrada a área de análises clínicas (AC) e esta é por vezes abstrata, tendo em vista o foco nos fármacos, medicamentos e assistência farmacêutica. Na área de AC, a microbiologia compreende o estudo e diagnóstico dos diversos microrganismos que causam patologias em humanos e seu ensino na atualidade deve sair de um modelo tradicional, para um modelo focado no pensamento crítico e protagonismo. Para tal, metodologias ativas de ensino-aprendizagem, como a problematização e os estudos de casos são importantes. **Objetivo:** Evidenciar a problematização e o estudo de casos enquanto metodologias ativas nas aulas práticas de microbiologia clínica do curso de farmácia do Centro Universitário São Camilo – ES. **Métodos:** Trata-se de um relato de experiência, aplicado a uma turma de 24 alunos no ano de 2024. Inicialmente, existiu aula teórica sobre grupo de microrganismos, patologias associadas e diagnóstico laboratorial; Na semana subsequente, aconteciam aulas práticas, onde a turma era dividida em grupos de quatro alunos e cada grupo recebia uma placa com crescimento recente, juntamente com o caso, devendo chegar ao diagnóstico através de técnicas bioquímicas. Na terceira semana, explicavam como chegaram à conclusão do provável patógeno e respondiam um questionário online sobre a percepção do grupo quanto a atividade. É preciso notar que todas as amostras utilizadas eram cepas padrão (ATCC) e os casos foram criados pelo professor. **Resultados e Discussão:** A maioria dos grupos chegava à conclusão do provável patógeno e demonstrava-se capaz de explicar como chegaram a tal conclusão, destacando no formulário online que a busca pela identificação do patógeno mantinha o engajamento na atividade. **Conclusão:** Em tempos de mudanças educacionais, o uso de metologias ativas nas áreas afins da farmácia, manteve os alunos engajados.

**Palavras-chave:** Aprendizado Baseado em Problemas, Ensino Farmacêutico, Microbiologia.

## P-079

### Promielócitos anômalos e bastonetes de Auer em Leucemia Promielocítica Aguda de esfregaço sanguíneo periférico

Álvaro da Rocha Pinto Neto[1], Ailene Araujo Andrade[1], Ana Carollyna Lucena Magalhães[1], Alice Araujo Gonçalves[1], Jacqueline Pereira Lima[1], Patrícia Ferreira Alves[1], Raimunda Florencio de Lima[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Henrique Borges Kappel[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Discussão**: Os promielócitos são células imaturas da linhagem mieloide caracterizadas por citoplasma abundante, granulações azurófilas proeminentes e núcleo irregular, frequentemente associados à Leucemia Promielocítica Aguda e normalmente chamados de anomalos nesse tipo de condição. Os bastonetes de Auer mostram inclusões citoplasmáticas em formato de agulha compostas por grânulos primários fusionados, sendo considerados marcadores importantes de diferenciação mieloide. A avaliação morfológica dessas células em esfregaço sanguíneo periférico permanece uma ferramenta direcionadora e fundamental na avaliação de doenças hematológicas agudas, principalmente se realizada por observadores capacitados para tal. **Métodos**: Esfregaço sanguíneo periférico confeccionado a partir de sangue total coletado em EDTA e corado pelo método Wright-Giemsa. Nossas imagens foram obtidas com iPhone 14 acoplado ao microscópio óptico em aumento de 1000x sob imersão em óleo.

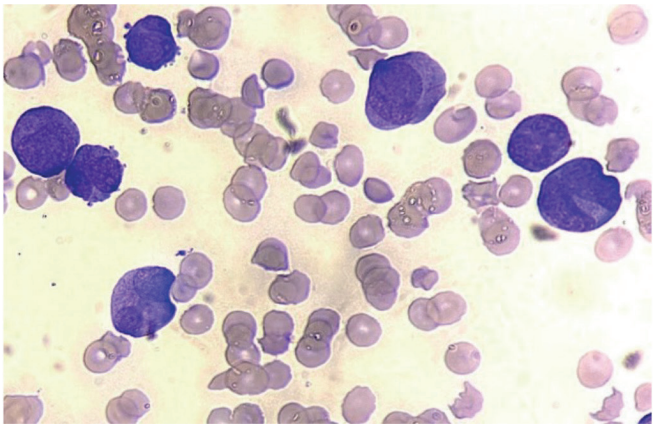


**Imagem 1.** A imagem demonstra promielócitos anômalo com núcleo irregular, citoplasma abundante e intensa granulação azurófila.

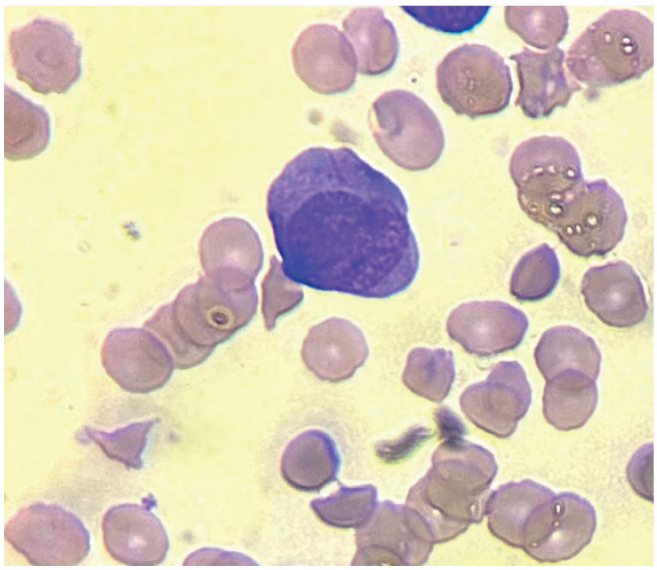


**Imagem 2.** A imagem evidencia uma célula blastica com núcleo de cromatina frouxa, nucléolo evidente e presença de bastonete de Auer

**Palavras-chave:** Promielócitos, Bastonestes de Auer, Laboratório Clínica.

## P-087

### Estratégias educativas para prevenção de IST e câncer do colo do útero em município do sul do Espírito Santo

Marcella Bitiler Gallo[1], Vittorio Almir Costa Camillato[1], Kevllyn da Gama Nunes[1], Elisa Santos Pinheiro Coelho[2], Klesia Pirola Madeira[1]

*[1]Universidade Federal do Espírito Santo; [2]Prefeitura Municipal de Alegre*

**Introdução:** As infecções sexualmente transmissíveis (IST), como sífilis, hepatites virais B e C e infecção pelo papilomavírus humano (HPV), representam importante desafio para a saúde pública, especialmente em contextos que demandam maior acesso à informação e educação em saúde. Dentre essas infecções, destaca-se o HPV, principal agente etiológico do câncer do colo do útero (CCU), reforçando a importância de estratégias educativas voltadas à conscientização, rastreamento e diagnóstico precoce. **Objetivo:** Descrever estratégias de educação em saúde voltadas à conscientização sobre IST e ao CCU no sul do Espírito Santo. **Métodos:** Trata-se de um estudo descritivo, desenvolvido no município de Alegre, junto à comunidade rural e à população universitária. As ações foram conduzidas por docentes e discentes do curso de Farmácia da Universidade Federal do Espírito Santo, em parceria com Centro de Testagem e Aconselhamento (CTA) do município, incluindo orientações educativas, distribuição de materiais educativos e realização de testes rápidos para IST. O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa sob CAAE n° 94107625.1.0000.8151. **Resultados e Discussão:** Foram realizadas duas ações educativas, voltadas à promoção da saúde sexual e associadas à realização de testes rápidos para IST, totalizando 148 testes. Durante as atividades, observou-se interesse dos participantes quanto às formas de transmissão, prevenção e rastreamento do CCU, evidenciando a relevância da educação em saúde como ferramenta para ampliação do acesso à informação e fortalecimento das práticas preventivas. Além disso, as ações favoreceram a aproximação entre universidade, serviços de saúde e comunidade, contribuindo para a promoção do cuidado integral e do diagnóstico precoce. **Conclusão:** As ações educativas demonstraram potencial como estratégia de promoção da saúde sexual e conscientização sobre IST e CCU em diferentes contextos sociais, reforçando a importância da educação em saúde contínua na prevenção e diagnóstico precoce.

**Palavras-chave:** Educação em saúde, Infecções sexualmente transmissíveis, Câncer do colo do útero.

# ÁREA: GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

## P-100

### Genotipagem universal do vírus Influenza A: uma abordagem ágil e eficiente utilizando o sequenciamento por Oxford Nanopore

**APRESENTAÇÃO ORAL**

Lucas Pereira Silva[1], Bruno Milhomem Pilati[1], Fabián Andres Hurtado Erazo[1], Marco Oliveira[1], Hillary Costa Magalhães[1], Miguel Sousa Andrade[1], Lara Franciele Riberio Velasco[1], Rafael Henriques Jácomo[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

O vírus Influenza A possui um genoma de RNA segmentado de sentido negativo, composto por oito segmentos que codificam entre 12 e 14 proteínas. Apresenta-se envolto por um envelope lipídico associado a um nucleocapsídeo. Destaca-se por sua elevada variabilidade genética, evidenciada pela diversidade de 18 subtipos de hemaglutinina (H1–H18) e 11 subtipos de neuraminidase (N1–N11), glicoproteínas localizadas na superfície viral.

A infecção do trato respiratório por esse vírus pode resultar em um amplo espectro de manifestações clínicas, incluindo pirexia, cefaleia, rinorreia, mialgia e odinofagia. Em alguns casos, pode evoluir para complicações como bronquiolite, traqueíte e pneumonia viral. Nas formas mais graves, pode haver progressão para lesão pulmonar aguda, insuficiência respiratória, síndrome da angústia respiratória aguda e até falência múltipla de órgãos. Embora existam progressos significativos no contexto internacional, a participação do Brasil em bases de dados genômicos globais ainda é limitada, evidenciando fragilidades na vigilância genômica nacional. Os laboratórios clínicos possuem grande potencial para a realização de vigilância genômica em tempo real, com acesso direto a amostras de surtos em curso e capacidade de gerar informações rápidas para a tomada de decisão. Nesse contexto, a genotipagem de genomas virais pelo sequenciamento por nanoporos destaca-se como abordagem de baixo custo, rápida e de alta aplicabilidade, permitindo a obtenção de genomas completos ou quase completos de vírus de relevância epidemiológica e fortalecendo as ferramentas de vigilância molecular para monitoramento evolutivo viral e suporte às decisões em saúde pública.

**Objetivo**

Este estudo teve como objetivo padronizar um fluxo de genotipagem baseado no uso de primers universais para a amplificação de todos os segmentos virais, viabilizando o sequenciamento rápido, sensível e confiável por meio da plataforma Oxford Nanopore. Além disso, objetiva-se implementar e validar o uso de ferramentas de análise intuitivas (user-friendly), de modo a permitir que profissionais com diferentes níveis de experiência em bioinformática possam realizar análises voltadas à vigilância molecular de forma acessível, eficiente e de fácil implementação em laboratórios clínicos.

**Métodos**

Foram utilizadas amostras coletadas entre outubro e novembro de 2025 que apresentaram resultado positivo para Influenza A por qPCR, a partir do material genético obtido durante o diagnóstico. As amostras foram previamente anonimizadas e submetidas à síntese de cDNA utilizando o kit High-Capacity cDNA Reverse Transcription, suplementado com primers universais direcionados às regiões terminais conservadas do genoma viral. A amplificação dos segmentos virais foi realizada empregando os mesmos conjuntos de primers universais, em conjunto com o Q5® High-Fidelity 2X Master Mix. A eficiência da amplificação foi avaliada por eletroforese em gel de agarose. Após o PCR, os produtos da amplificação foram utilizados para montagem da biblioteca de sequenciamento com o kit Rapid sequencing DNA V14 (SQK-RBK114.96), em seguida, foram incluídos os adaptadores de sequenciamento à biblioteca preparada e carregada em flow cell R10.4.1

(NANO-FLOMIN114-1UN), sendo sequenciadas no equipamento MinION com tecnologia Q20+. Durante o sequenciamento, o monitoramento em tempo real da cobertura genômica e do progresso da amplificação foi realizado com o software RAMPART (Read Assignment, Mapping and Phylogenetic Analysis in Real Time), que mapeia os arquivos FASTQ ao genoma de referência do Influenza A, permitindo a visualização da cobertura por posição genômica e por barcode. Essa abordagem possibilitou a identificação de regiões com falhas de cobertura (dropouts) e a definição do ponto para término da corrida. Após a finalização do sequenciamento, o basecalling final foi realizado no modo "Super Accuracy", utilizando o software MinKNOW v.25.05.12 em conjunto com a ferramenta Dorado v0.9.6 (Oxford Nanopore). A demultiplexação dos arquivos FASTQ foi conduzida no próprio MinKNOW. Os reads demultiplexados foram posteriormente processados por meio do pipeline automatizado da plataforma Epi2Me, baseado no protocolo ARTIC, para a obtenção dos genomas consenso. As análises subsequentes foram realizadas com a ferramenta Nextclade, utilizando os conjuntos de referência Influenza A H3N2 HA e Influenza A(H3N2) NA, baseados na cepa A/Darwin/6/2021. O Nextclade foi empregado para alinhamento das sequências, identificação de mutações, avaliação da qualidade e atribuição de clados genéticos com base na similaridade com sequências de referência. Estudo aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HCFM/USP), CAAE 85221024.6.1001.0068.

**Resultados e Discussão**

A biblioteca, composta por 95 amostras, foi sequenciada ao longo de 5 horas e 31 minutos, resultando na geração de 752,91 mil reads. Destas, 87 amostras foram genotipadas como pertencentes ao clado J.2.3, compatível com o vírus H3N2 identificado no país no mesmo período.

Com base nos critérios estabelecidos para profundidade de cobertura de pelo menos 20x e de cobertura horizontal de 75% do genoma viral, 71 amostras atenderam aos parâmetros estabelecidos. Em quatro amostras, não foram observadas leituras mapeadas, enquanto 20 amostras apresentaram cobertura horizontal média de 52% (variando de 8,08% a 74,94%). Do total de amostras, apenas oito não foram genotipadas: quatro devido à ausência de leituras mapeadas e quatro por apresentarem cobertura horizontal inferior a 75% (Figura 1). Esses achados podem indicar degradação do material genético, potencialmente relacionada ao tempo prolongado de armazenamento das amostras. Assim, 87 de 95 amostras foram classificadas com sucesso até o nível de clado utilizando o software EPI2ME.

A vigilância genômica de vírus respiratórios, em especial o vírus Influenza A, tem se consolidado como uma ferramenta estratégica nos laboratórios clínicos brasileiros, promovendo uma transição do diagnóstico tradicional para uma abordagem mais integrada, preventiva e orientada por dados. Ao incorporar informações moleculares à prática assistencial e à vigilância em saúde pública, essa metodologia amplia significativamente a capacidade de resposta dos serviços de saúde, permitindo o monitoramento contínuo da circulação viral e a detecção precoce de variantes com potencial impacto clínico, incluindo eventos de escape imunológico, previsão de aumento de casos e consequentemente gestão na compra de reagentes e insumos. Dessa forma, fortalece-se não apenas a tomada de decisão médica, mas também o planejamento de ações epidemiológicas e o controle de surtos. Apesar dos avanços, a viabilidade econômica ainda representa um desafio relevante para a ampla adoção dessa prática. A consolidação da vigilância genômica também está intrinsecamente relacionada ao fortalecimento de aspectos estruturais, como a capacitação contínua de profissionais e a capacidade de traduzir dados complexos em informações úteis para a prática clínica. Nesse contexto, tecnologias como o sequenciamento por nanoporos associadas a plataformas intuitivas de análise, apresentam-se como soluções promissoras para laboratórios que já dispõem de estrutura em biologia molecular, viabilizando a implementação gradual dessa prática. Por fim, o reconhecimento da vigilância genômica como um diferencial competitivo tende a estimular investimentos no setor privado, favorecendo sua incorporação sustentável ao sistema de saúde e ampliando sua contribuição para o controle de doenças respiratórias no Brasil.

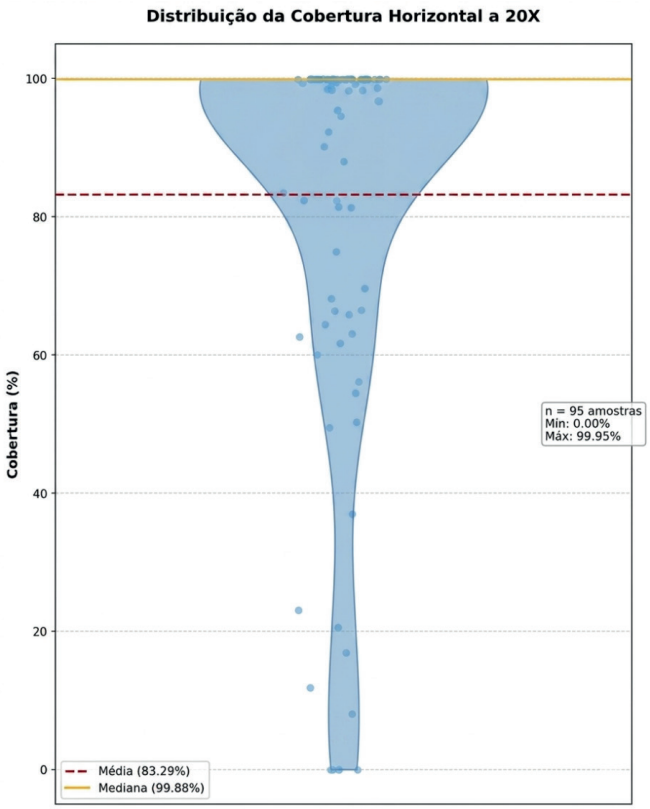



**Figura 1.** Distribuição das 95 amostras, com a cobertura do genoma representada ao longo do eixo Y. Os dados foram gerados utilizando um limite mínimo de profundidade de cobertura de 20x.

**Conclusão**

A corrida de sequenciamento demonstrou alta eficiência, com uma taxa de sucesso de aproximadamente 91,5% na genotipagem das amostras. Os parâmetros estabelecidos de profundidade de 20x e cobertura horizontal de 75% mostraram-se controles de qualidade eficazes, garantindo que o software EPI2ME pudesse caracterizar de forma confiável a maioria dos genomas virais, apesar das variações na qualidade das amostras. Dessa forma, este estudo proporcionou a rápida identificação do Influenza A, demonstrando ser uma poderosa ferramenta de vigilância genômica para laboratórios clínicos, oferecendo resposta ágil, monitoramento em tempo real e custo-efetividade. O fluxo de trabalho adotado permitiu a utilização de ferramentas user friendly desde o chamamento de bases (basecalling), montagem do genoma e análise filogenética das sequências o que torna a ferramenta acessível tanto a laboratórios de pequeno porte com profissionais com mínima experiência em bioinformática, quanto padroniza o processo entre profissionais, fortalecendo a concordância dos resultados. A metodologia desenvolvida demonstra potencial para expansão e aplicação futura na vigilância genômica de outras viroses respiratórias de relevância clínica, como SARS-CoV-2, vírus sincicial respiratório (RSV) e Influenza B, contribuindo para o fortalecimento das estratégias de monitoramento epidemiológico.

**Palavras-chave:** Vigilância Genômica, Influenza A, Sequenciamento por Nanoporos.

**Referências**

Chen Z, Yu H. Importance of integrating epidemiological and genomic surveillance of seasonal influenza viruses to monitor global circulation. Clin Transl Med. 2024 Dec;14(12):e70126. Available from: https://doi.org/10.1002/ctm2.70126.

Gresham L, et al. Modernizing Public Health Surveillance. In: Modernizing Global Health Security to Prevent, Detect, and Respond. Elsevier; 2024. p. 307–27. Available from: https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90945-7.00002-6.

Mapleson D, Drou N, Swarbreck D. RAMPART: a workflow management system for de novo genome assembly. Bioinformatics. 2015 Jun 1;31(11):1824–6.

Pillai TK, et al. Tracking the emergence of antigenic variants in influenza A virus epidemics in Brazil. Virus Evol. 2023 Apr;9(1):vead027. Available from: https://doi.org/10.1093/ve/vead027.

Wang Y, et al. Different Subtypes of Influenza Viruses Target Different Human Proteins and Pathways Leading to Different Pathogenic Phenotypes. Biomed Res Int. 2019;2019:4794910. Available from: https://doi.org/10.1155/2019/4794910.

Zhou B, et al. Single-Reaction Genomic Amplification Accelerates Sequencing and Vaccine Production for Classical and Swine Origin Human Influenza A Viruses. J Virol. 2009 Oct;83(19):10309–13. Available from: https://doi.org/10.1128/JVI.01109-09.

## P-106

# Validação analítica e implementação de um ensaio de qPCR alelo-específico de alta performance para genotipagem do polimorfismo PAI-1 4G/5G

Bruno Milhomem Pilati Rodrigues[1], Ethiane Rozo[1], Yanara Alves Costa[1], Rhanna Celestina Lopes[1], Maria Cecília Caixeta[1], Fabian Andres Hurtado Erazo[1], Rafael Correa[1], Lara Franciele Ribeiro Velasco[1], Rafael Henriques Jácomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

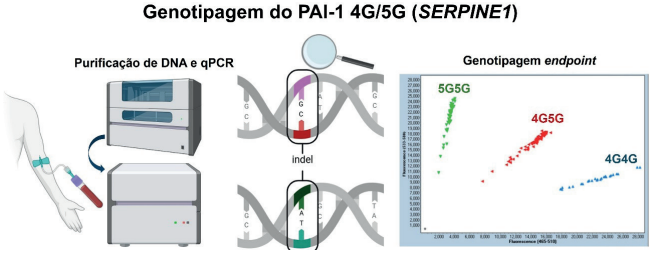
O polimorfismo do promotor do gene SERPINE1, caracterizado por uma inserção/deleção de uma única guanina (4G/5G, rs1799889), é um determinante importante dos níveis plasmáticos do Inibidor do Ativador de Plasminogênio-1 (PAI-1). O alelo 4G está associado ao aumento da expressão de PAI-1 e correlaciona-se com fibrinólise prejudicada e maior risco relativo de tromboembolismo venoso, infarto do miocárdio e complicações obstétricas. A investigação desse polimorfismo tem relevância clínica crescente na avaliação do risco trombótico individual e na orientação de decisões terapêuticas em pacientes com condições de hipercoagulabilidade. Do ponto de vista técnico, a genotipagem do PAI-1 4G/5G representa um desafio analítico particular: o polimorfismo consiste na diferença de uma única guanina em uma região de sequência homopolimérica, tornando-o especialmente difícil de distinguir por métodos convencionais. Os métodos tradicionais mais utilizados incluem o sequenciamento de Sanger e a análise por RFLP acoplada à eletroforese em gel, ambos laboriosos, com elevado custo por amostra, longos prazos de entrega de resultados e baixa escalabilidade para o ambiente de rotina laboratorial. Diante disso, existe uma necessidade clara de métodos alternativos que combinem precisão analítica, automação e capacidade de processamento em larga escala.

**Objetivo**

Desenvolver e validar analiticamente um ensaio de qPCR alelo-específico de alta performance e baixo custo para a genotipagem do polimorfismo PAI-1 4G/5G em ambiente clínico-laboratorial.

**Métodos**

Foi desenvolvido um ensaio de qPCR utilizando sondas de hidrólise alelo-específicas, modificadas com a porção Minor Groove Binder (MGB), direcionadas ao polimorfismo rs1799889 (4G/5G). A modificação MGB confere maior estabilidade térmica às sondas curtas, sendo especialmente adequada para a discriminação de polimorfismos em regiões de alta homologia, como a presente. Diversos ensaios foram realizados para otimização das concentrações das sondas e do protocolo de reação para maximizar a separação espacial dos clusters de genótipos durante a análise de *endpoint*. A plataforma Roche FLOW foi utilizada para automatização do processo de extração de ácidos nucleicos e preparo de reações de qPCR, realizadas em duplicatas por amostra. A adoção de uma plataforma totalmente automatizada minimizou a variabilidade introduzida por etapas manuais e padronizou o processamento entre diferentes operadores. A validação analítica foi conduzida com 145 amostras de sangue total previamente caracterizadas por sequenciamento de Sanger; a acurácia foi definida por concordância de 100% com os resultados de referência. Os parâmetros de validação seguiram as recomendações do CLSI EP09-A3 (concordância com método de referência) e EP15-A2 (precisão). A precisão foi avaliada por meio de ensaios de repetibilidade entre corridas, com processamento independente em três dias distintos por diferentes operadores, e da repetibilidade intracorrida, com processamento em paralelo de amostras em triplicatas. Foram realizadas análises qualitativas e quantitativas da separação espacial de clusters e da capacidade de discriminação genotípica.




**Resultados e Discussão**

O ensaio demonstrou especificidade e sensibilidade analítica de 100% (145/145) em comparação ao sequenciamento de Sanger. Uma clara separação espacial foi observada nos gráficos de discriminação alélica por *endpoint*, sem ocorrência de resultados inconclusivos ou clusters ambíguos na coorte de validação. A intensidade média do sinal de fluorescência máximo (RFU) das sondas complementares foi 5 vezes superior ao sinal das sondas não complementares, garantindo elevadas razões sinal-ruído. Esse resultado é particularmente relevante dado o desafio intrínseco de distinguir os alelos, que diferem por uma única guanina em uma região homopolimérica, contexto no qual métodos de sequenciamento convencional frequentemente apresentam dificuldades de leitura e interpretação, com risco aumentado de resultados ambíguos ou inconclusivos.

Os estudos de precisão demonstraram reprodutibilidade de 100% tanto entre corridas quanto intracorrida, mesmo com variação de operadores, o que atesta a robustez e a padronização do método no ambiente de rotina. As frequências genotípicas na população avaliada foram de 15,17% para 4G/4G (22/145), 42,76% para 4G/5G (62/145) e 42,07% para 5G/5G (61/145), valores consistentes com os descritos na literatura para populações de origem europeia e latino-americana, reforçando a representatividade da coorte utilizada na validação. As frequências genotípicas observadas estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg ($\chi^2 = 0{,}90$; $p \approx 0{,}34$), reforçando a aderência populacional do conjunto de validação.

Do ponto de vista operacional, o tempo de processamento total, da extração à determinação do genótipo, foi de aproximadamente 5 horas para 92 amostras. Em comparação, o sequenciamento de Sanger tipicamente requer de 24 a 48 horas para número equivalente de amostras, além de etapas adicionais de purificação e análise de cromatograma. A redução do tempo de resposta, aliada à capacidade de processar 92 amostras por batelada de forma automatizada, representa um ganho expressivo em eficiência operacional e viabiliza a oferta desse exame em maior escala. A automação integral do fluxo de trabalho também reduz o risco de erros pré-analíticos e analíticos associados ao processamento manual, contribuindo diretamente para a segurança diagnóstica. A metodologia validada também apresenta vantagem econômica relevante frente às alternativas tradicionais. O preço de custo estimado por exame nesta metodologia é de 5 a 10 vezes menor do que sequenciamento Sanger, a depender da quantidade de amostras processadas por batelada, ampliando o acesso à genotipagem molecular em laboratórios de diferentes portes e contextos assistenciais.

**Conclusão**
Foi validado e implementado um ensaio de qPCR alelo-específico rápido e robusto para genotipagem da variante 4G/5G do gene SERPINE1 (PAI-1), com acurácia de 100%. Este método oferece uma alternativa eficaz ao sequenciamento de Sanger e à análise por RFLP, reduzindo significativamente o custo e o tempo total de processamento e melhorando a eficiência do fluxo de trabalho laboratorial. A automação integral do processo e o elevado desempenho analítico demonstrado, associado a simplicidade da análise de resultados, tornam este ensaio adequado para implementação em laboratórios clínicos de rotina, independentemente do porte. Ao fornecer informações genéticas sobre a predisposição trombótica de forma ágil e confiável, este ensaio favorece a integração da análise molecular personalizada como ferramenta na avaliação do perfil de risco integrado de pacientes, contribuindo para diagnósticos mais precisos e para a consolidação da medicina de precisão aplicada à rotina laboratorial.

**Palavras-chave:** PAI-1, qPCR alelo-específico, risco trombótico.

**Referências**
Dawson SJ, Wiman B, Hamsten A, Green F, Humphries S, Henney AM. The two allele sequences of a common polymorphism in the promoter of the plasminogen activator inhibitor-1 (PAI-1) gene respond differently to interleukin-1 in HepG2 cells. J Biol Chem. 1993;268(15):10739-45.

Eriksson P, Kallin B, van 't Hooft FM, Båvenholm P, Hamsten A. Allele-specific increase in basal transcription of the plasminogen-activator inhibitor 1 gene is associated with myocardial infarction. Proc Natl Acad Sci U S A. 1995;92(6):1851-5.

Zhang Q, Jin Y, Li X, Peng X, Peng N, Song J, et al. Plasminogen activator inhibitor-1 (PAI-1) 4G/5G promoter polymorphisms and risk of venous thromboembolism: a meta-analysis and systematic review. Vasa. 2020;49(2):141-6.

Wang Z, Kong L, Luo G, Zhang H, Sun F, Liang W, et al. Clinical impact of the PAI-1 4G/5G polymorphism in Chinese patients with venous thromboembolism. Thromb J. 2022;20(1):68.

Kutyavin IV, Afonina IA, Mills A, Gorn VV, Lukhtanov EA, Belousov ES, et al. 3'-minor groove binder-DNA probes increase sequence specificity at PCR extension temperatures. Nucleic Acids Res. 2000;28(2):655-61.

Clinical and Laboratory Standards Institute. Measurement procedure comparison and bias estimation using patient samples; approved guideline. 3rd ed. Wayne (PA): CLSI; 2013. CLSI document EP09-A3.

Clinical and Laboratory Standards Institute. User verification of precision and estimation of bias; approved guideline. 3rd ed. Wayne (PA): CLSI; 2014. CLSI document EP15-A3.

## ÁREA: GESTÃO LABORATORIAL

### P-058

## Recursos visuais como apoio à tomada de decisão em laboratório clínico de médio porte

Maria Eduarda Teodoro[1], Larissa Cristine Machado Welter[1], Franciele Cristina Valandro Roedel[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** A complexidade dos dados laboratoriais exige ferramentas que possibilitem interpretação rápida, segura e assertiva. Nesse contexto, recursos visuais, como gráficos de controle, dashboards e sinalizações, auxiliam a tomada de decisão. Em laboratórios clínicos, contribuem para análise do controle da qualidade, monitoramento de indicadores e priorização de atividades, especialmente em ambientes com alto volume, onde agilidade e precisão são essenciais. **Objetivo:** Descrever a aplicação de recursos visuais na rotina analítica e operacional de um laboratório clínico de médio porte, com foco no controle da qualidade, monitoramento de indicadores e apoio à tomada de decisão. **Métodos:** Estudo descritivo realizado em laboratório clínico de médio porte (média 110 mil exames mensais) e TAT total de até 10 horas (TAT analítico médio 7h56). Foram avaliados: sinalização cromática na liberação de resultados; ferramentas de controle interno (gráficos de Levey-Jennings, regras de Westgard, CV, sigma); planilhas com formatação condicional; dashboards de indicadores (TAT, recoletas, produtividade); e painéis para priorização de exames. Também foram considerados dados de benchmarking com laboratórios de mesmo porte. **Resultados e discussão:** A utilização de recursos visuais demonstrou impacto positivo na segurança analítica, controle da qualidade e gestão operacional. A sinalização cromática permitiu identificação mais ágil de eventos críticos. Ferramentas visuais favoreceram a detecção precoce de desvios e a avaliação objetiva do desempenho analítico. Dashboards possibilitaram monitoramento contínuo de indicadores e melhor organização do fluxo de trabalho, contribuindo para manutenção de TAT analítico inferior a 8h. Em benchmarking, o laboratório apresentou destaque em produtividade (3ª posição geral e 1ª produtividade técnica), resultados associados à adoção estruturada dessas ferramentas. Observou-se ainda maior padronização, redução da dependência de análises manuais e ganho de eficiência. **Conclusão:** Os recursos visuais configuram estratégia eficaz para apoiar a tomada de decisão em laboratórios clínicos, promovendo maior segurança, eficiência e padronização dos processos, com impacto positivo no desempenho operacional.

**Palavras-chave:** Recursos visuais, Tomada de decisão, Business Intelligence.

### P-062

## Inovação e Segurança Analítica: Aplicação de Business Intelligence no Gerenciamento de Indicadores do CIQ

Tawana Correa Rodrigues Amorim Rosa[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Medicina Diagnóstica*

**Introdução**
O avanço das tecnologias da informação tem promovido mudanças significativas na gestão da qualidade em laboratórios clínicos e serviços de saúde, especialmente no que se refere à análise e monitoramento de indicadores laboratoriais. Nesse contexto, as ferramentas de Business Intelligence (BI) destacam-se como importantes instrumentos para organização, integração, visualização e interpretação de dados, permitindo maior agilidade na tomada de decisão e fortalecimento da gestão baseada em evidências.

O BI consiste em um conjunto de processos e tecnologias capazes de transformar grandes volumes de dados em informações estratégicas e visualmente acessíveis. A construção de um BI envolve etapas como coleta de dados provenientes dos sistemas laboratoriais, tratamento e padronização das informações, criação de bancos de dados integrados e elaboração de painéis interativos (dashboards) que possibilitam acompanhamento em tempo real dos indicadores de desempenho. Dessa forma, a utilização de BI favorece a identificação de tendências, não conformidades e oportunidades de melhoria, contribuindo diretamente para a segurança analítica e para a qualidade dos resultados laboratoriais.

Entre os processos essenciais para garantia da confiabilidade analítica está o Controle Interno da Qualidade (CIQ), ferramenta utilizada para monitorar continuamente o desempenho dos métodos analíticos e assegurar a precisão e exatidão dos exames realizados. O acompanhamento sistemático dos indicadores relacionados ao CIQ permite detectar precocemente desvios analíticos, minimizar erros laboratoriais e garantir maior segurança ao paciente. Nesse cenário, a implementação de painéis em BI possibilita visualização dinâmica e integrada dos resultados de controle, facilitando o monitoramento dos indicadores de qualidade e promovendo respostas mais rápidas frente às inconsistências identificadas.

Dentre os indicadores utilizados na avaliação do desempenho analítico, destaca-se o Coeficiente de Variação (CV), parâmetro estatístico amplamente empregado para mensurar a variabilidade dos resultados em relação à média obtida. O CV é calculado pela relação entre o desvio padrão e a média dos resultados, expresso em percentual, permitindo avaliar a precisão analítica dos métodos laboratoriais. Valores reduzidos de CV indicam maior estabilidade e reprodutibilidade do processo analítico, enquanto valores elevados podem sinalizar falhas operacionais, necessidade de manutenção de equipamentos, recalibração ou revisão de procedimentos técnicos.

Assim, a associação entre ferramentas de BI e os indicadores do CIQ representa uma estratégia inovadora para fortalecimento da gestão laboratorial, promovendo monitoramento contínuo, análise crítica dos processos e apoio à tomada de decisão, com impacto direto na qualidade dos serviços prestados e na segurança do paciente.

**Objetivo**

Realizar o monitoramento, análise e registro de indicadores relacionados ao Controle Interno da Qualidade (CIQ); além de atender aos requisitos da norma PALC e ISO.

**Métodos**

Trata-se de um estudo descritivo, desenvolvido em laboratório clínico, com foco no monitoramento dos indicadores do CIQ por meio da utilização de ferramenta de Business Intelligence (BI) no ano de 2026.

Os dados utilizados para análise foram obtidos através do sistema laboratorial Infinity, utilizado rotineiramente para gerenciamento das informações analíticas e dos resultados de controle interno da qualidade. Inicialmente, foi realizada a extração dos dados do CIQ por meio de relatórios em formato Microsoft Excel®, contendo informações relacionadas aos analitos monitorados e seus respectivos coeficientes de variação (CV).

Posteriormente, os dados extraídos foram importados para a plataforma Microsoft Power BI, previamente configurada para análise automática dos indicadores de desempenho analítico. O painel de BI foi estruturado com parâmetros e metas de Coeficiente de Variação estabelecidas conforme critérios internos da qualidade laboratorial, permitindo a comparação entre os resultados obtidos e os limites aceitáveis definidos para cada exame.

A ferramenta possibilitou a criação de dashboards interativos para acompanhamento contínuo dos indicadores do CIQ, favorecendo a visualização dinâmica dos resultados, identificação de desvios analíticos e monitoramento da conformidade dos processos laboratoriais em tempo real. Após processamento e atualização das informações, os resultados consolidados foram disponibilizados na plataforma Microsoft Teams, garantindo acesso compartilhado para toda a equipe técnica e gerencial do laboratório. Essa estratégia permitiu maior transparência dos indicadores, fortalecimento da cultura da qualidade e suporte ágil à tomada de decisão frente às não conformidades identificadas.

**Resultados e Discussão**

A análise crítica do mês de abril de 2026 demonstrou que a maior parte das não conformidades observadas estiveram relacionadas a fatores operacionais já identificados, como trocas de lote de reagentes e controles, calibrações, utilização inicial de médias e desvios padrão de bula, além de falhas pontuais na omissão de resultados não aprovados. Em diversos analitos, verificou-se que, após intervenções corretivas (incluindo ajuste de média e DP, rejeição de pontos inadequados, calibrações e limpeza de equipamentos) os coeficientes de variação retornaram à adequação em relação às metas de EQA, evidenciando efetividade das ações implementadas e acompanhamento ativo das equipes técnicas.

Destaca-se que o equipamento BN permanece como principal ponto de atenção, especialmente no equipamento BN1, no qual persistem analitos com CV acima da meta. As limitações estruturais do sistema, associadas ao funcionamento em sistema aberto, ausência de refrigeração contínua de reagentes e limitações de rastreabilidade do sistema Infinity, reforçam a necessidade de continuidade do acompanhamento técnico junto à Siemens e da estratégia de migração de testes para plataformas mais robustas, como o Atellica.

Nos demais equipamentos, observou-se predominância de desvios transitórios associados a eventos conhecidos e controláveis, sem evidências de comprometimento sistêmico da qualidade analítica. O monitoramento contínuo, aliado às adequações estatísticas e operacionais realizadas ao longo do período, demonstra maturidade no gerenciamento da qualidade e capacidade de resposta rápida frente às variabilidades identificadas.

Além disso, merece destaque positivo o desempenho do equipamento Diestro, que não apresentou coeficientes de variação acima das metas após as devidas avaliações e correções dos pontos identificados, evidenciando estabilidade analítica e adequada condução do controle interno da qualidade. Outro equipamento que apresentou melhora significativa após chamados/intervenções e limpezas foi o Liaison; com apenas 2 testes acima da meta no mês de abril.

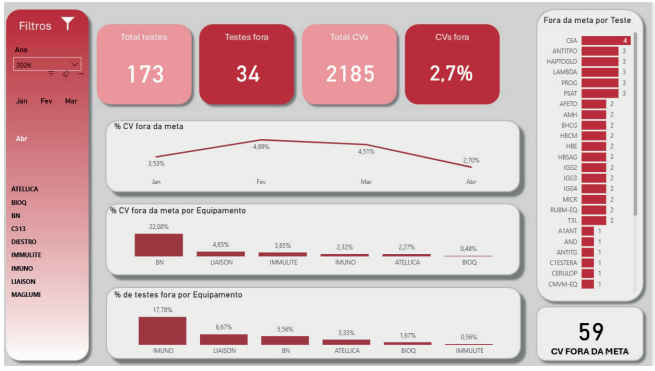



**Figura 1.** Painel Power BI — indicadores de CV acima da meta.

**Conclusão**

A análise crítica dos coeficientes de variação acima das metas ao longo do mês de abril de 2026 evidenciou não apenas a capacidade técnica do serviço em identificar precocemente desvios analíticos, mas, sobretudo, a efetividade do monitoramento contínuo e das ações corretivas implementadas na manutenção da qualidade laboratorial. Os resultados demonstraram que a maioria das não conformidades esteve associada a eventos operacionais conhecidos e controláveis, os quais foram prontamente conduzidos por meio de intervenções técnicas assertivas, permitindo o retorno dos indicadores aos limites aceitáveis estabelecidos pelos programas de avaliação externa da qualidade.

O acompanhamento sistemático dos indicadores possibilitou respostas rápidas frente às variabilidades identificadas, reduzindo impactos analíticos e fortalecendo a confiabilidade dos resultados liberados. Nesse contexto, destaca-se a relevância da análise crítica contínua como ferramenta estratégica para a gestão da qualidade, promovendo rastreabilidade, segurança diagnóstica e tomada de decisão baseada em evidências. A

melhora observada em equipamentos como o Liaison e, principalmente, a estabilidade analítica alcançada pelo Diestro, reforçam a efetividade das intervenções realizadas e demonstram maturidade técnica das equipes envolvidas no processo.
Embora o equipamento BN permaneça como desafio relevante, especialmente em razão de limitações estruturais inerentes ao sistema, o estudo evidencia que o acompanhamento próximo, aliado à atuação multiprofissional e ao planejamento de migração tecnológica, constitui medida essencial para mitigação de riscos e fortalecimento da qualidade analítica institucional.
Dessa forma, os achados apresentados reforçam que o monitoramento ativo dos coeficientes de variação acima da meta vai além de uma prática de controle estatístico, configurando-se como um instrumento fundamental para garantia da excelência laboratorial, melhoria contínua dos processos e fortalecimento da segurança do paciente, demonstrando impacto direto e positivo na confiabilidade dos resultados e na sustentabilidade da gestão da qualidade.

**Palavras-chave:** coeficiente de variação, segurança analítica, indicadores laboratoriais.

**Referências**

Westgard JO, Barry PL. Cost-effective quality control: managing the quality and productivity of analytical processes. Washington: AACC Press; 2001.

Brasil. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução RDC nº 786, de 5 de maio de 2023. Dispõe sobre os requisitos técnico-sanitários para o funcionamento de laboratórios clínicos. Diário Oficial da União, Brasília, DF; 2023.

Henriksen K, Battles JB, Keyes MA, Grady ML, editors. Advances in patient safety: new directions and alternative approaches. Rockville (MD): Agency for Healthcare Research and Quality; 2008.

Turban E, Sharda R, Delen D. Business intelligence, analytics, and data science: a managerial perspective. 4th ed. Boston: Pearson Education; 2018.

Burmann RR, Viana MLG. Controle interno da qualidade em laboratórios clínicos: importância dos indicadores laboratoriais na garantia da confiabilidade analítica. J Bras Patol Med Lab. 2019;55(2):145-152.

Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Controle da qualidade laboratorial. Barueri: Manole; 2016.

Motta VT. Bioestatística. 2. ed. Caxias do Sul: EDUCS; 2006.

## P-064

### NPS como diferencial competitivo no atendimento laboratorial: Relato da implementação de estratégias de melhoria contínua em um laboratório de análises clínicas no Ceará

Shirley do Nascimento Rodrigues[1], Fernanda Morais de Negreiros[1], Maria Eduarda Farias de Sousa[1], Halyk Stefany da Silva Lourenço[1], Ticiana Mont Alverne Parente Feijão[1], Diego Ramon Alves[1], Antonio Mont Alverne Lopes Parente[1]

*[1]LACLISO*

**Introdução:** O Net Promoter Score (NPS) representa uma ferramenta estratégica amplamente utilizada para mensurar a experiência e a satisfação do cliente por meio da probabilidade de recomendação de serviços. No contexto laboratorial, além de avaliar a percepção do paciente, o NPS configura-se como diferencial competitivo, permitindo identificar fragilidades assistenciais e promover melhorias contínuas relacionadas à experiência do atendimento, humanização, fidelização e fortalecimento da reputação institucional. **Relato do caso:**Trata-se da implementação de um plano de ação estruturado em unidades do laboratório LACLISO visando aumentar a adesão às pesquisas de satisfação e alcançar a meta institucional de NPS ≥90.Durante abril, foi executado plano baseado na metodologia 5W2H, envolvendo análise da forma de solicitação das pesquisas, utilização da abordagem verbal "Você poderia avaliar meu atendimento?", treinamento dos colaboradores, inserção do conteúdo nas integrações de novos funcionários e acompanhamento contínuo por meio da plataforma XBI.Em maio, foram incorporadas novas estratégias como reforço da supervisão no processo de solicitação por tablets durante recepção e coleta, estímulo contínuo às equipes e solicitação sistemática da avaliação ao final do atendimento.O acompanhamento ocorreu diariamente pelas lideranças, recepcionistas e equipes de coleta, sem custos adicionais. **Discussão:** A compreensão da importância do NPS pelos colaboradores mostrou-se essencial para o sucesso das intervenções. O entendimento sobre promotores, neutros e detratores, associado à comunicação visual estratégica, divulgação mensal dos resultados em canais institucionais, gestão à vista e vídeos educativos, fortaleceu o engajamento das equipes e a cultura de melhoria contínua. **Conclusão:** A implementação das ações mostrou-se fundamental para aumento do número de pesquisas e melhoria da confiabilidade do indicador, evidenciando que comunicação assertiva, alinhamento de propósito institucional e fortalecimento da cultura organizacional constituem fatores essenciais para alcance sustentável das metas de satisfação do cliente.

**Palavras-chave:** Net Promoter Score (NPS), Satisfação do cliente, Melhoria contínua.

## P-065

### Importância da Determinação da Proporção Amostral Ótima para a Estimativa Confiável de Métricas de Sentimento do Cliente: Análise da Variabilidade Histórica e Uso de Regressão Segmentada para Otimização do Limite Amostral

Alan Carvalho Dias[1], João Lucas Soares Normandes[1], Camila Coelho Alves[1], Aline Emily Felix da Silva[1], Maria Rafaella Scaff de Almeida[1], Lucas Nathan Nazareth[1], Sandra Regina Leite Pereira[1], Marly Vidal Silva[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

*[1]Sabin Medicina Diagnóstica – Brasília-DF.*

**Introdução**
Indicadores de experiência do cliente, como o Customer Satisfaction Score (CSAT) e o Net Promoter Score (NPS), são amplamente utilizados na área da saúde. No entanto, as metas de desempenho para essas métricas frequentemente são definidas de forma arbitrária e são altamente sensíveis à variabilidade amostral, especialmente quando a proporção de observações em relação à população total disponível é pequena. A alta variabilidade em baixas proporções amostrais podem obscurecer a real qualidade do serviço, gerar interpretações equivocadas e dificultar a definição de metas de desempenho realistas.

**Objetivo**
Este estudo teve como objetivo determinar a proporção amostral mínima, em relação à amostra total disponível, necessária para estabilizar a variabilidade do CSAT e do NPS e apoiar a definição de metas baseada em evidências utilizando dados históricos.

**Métodos**
As análises foram conduzidas no R e no RStudio utilizando dados históricos de CSAT e NPS coletados de janeiro de 2023 a dezembro de 2025 em 25 unidades regionais e na matriz em Brasília de um laboratório clínico privado no Brasil. Inicialmente, os dados foram organizados por unidade, período de análise, métrica avaliada e proporção de amostragem aleatória em relação ao total de observações disponíveis. Para cada proporção amostral avaliada, foram calculadas separadamente as estimativas de CSAT e NPS obtidas nas amostragens aleatórias. Em seguida, a variabilidade de cada métrica foi estimada individualmente por meio do desvio-padrão das estimativas de CSAT e do desvio-padrão das estimativas de NPS dentro de cada nível de amostragem.

Após essa etapa, os desvios-padrão individuais de CSAT e NPS foram combinados em uma única medida de variabilidade, denominada desvio-padrão agrupado das métricas. Esse DP agrupado sintetizou a instabilidade conjunta das duas métricas em cada proporção amostral e foi utilizado como variável dependente na regressão segmentada. A proporção média de amostragem aleatória foi utilizada como variável independente. O limiar de proporção amostral associado à estabilização da variabilidade foi identificado por meio da estimativa de um ponto de mudança (PM) e de seu intervalo de confiança (IC) de 99,5%, utilizando o pacote segmented de Muggeo. A regressão segmentada modelou a relação entre a proporção amostral média e o DP agrupado das métricas como funções lineares contínuas por partes, com um PM desconhecido. Inicialmente, foi ajustado um modelo linear simples, posteriormente estendido para incluir os parâmetros do PM. O PM foi selecionado pela minimização da soma dos quadrados dos resíduos e estimado conjuntamente com os coeficientes da regressão por meio de linearização iterativa até a convergência. O IC de 99,5% para o PM foi obtido pelo método baseado no gradiente, que lida com a não diferenciabilidade da verossimilhança e com irregularidades assintóticas, tendo demonstrado desempenho superior às abordagens de Wald e de razão de verossimilhança para inferência sobre pontos de mudança.

**Resultados e Discussão**

O conjunto de dados global incluiu n = 1.015.281 observações. A regressão segmentada identificou um ponto de mudança (PM) de 7,3% para a proporção média de amostragem aleatória, com IC 99,5% de 5,6% a 10,1%. Em termos absolutos, amostragens acima do limite superior do IC corresponderam a tamanhos amostrais totais variando de 61 a 3.961 observações, com mediana de 977 e intervalo interquartil de 380 a 1.843 observações. Nesse limiar, o desvio-padrão agrupado para CSAT e NPS foi de 2,65% (IC 99,5%: 0,07–5,23%). Para proporções amostrais abaixo do limite inferior do IC do PM, a variabilidade agrupada aumentou substancialmente, atingindo valores de até 15,79% (Figura). Abaixo do limite inferior do IC 99,5% do PM, o CSAT apresentou média de 91,2%, mediana de 94%, percentil 75 de 96% e percentil 95 de 99,45%, enquanto o NPS apresentou média de 87,6%, mediana de 91%, percentil 75 de 94% e percentil 95 de 97%. Acima do limite superior do IC do PM, o CSAT estabilizou-se em média de 98,35%, mediana de 99%, percentil 75 de 99% e percentil 95 de 100%, enquanto o NPS atingiu média de 96,35%, mediana de 97%, percentil 75 de 98% e percentil 95 de 99%.

Após a identificação do PM, foram realizadas reuniões de alinhamento com os gestores das unidades regionais e da matriz, com o objetivo de apresentar os achados e reforçar a importância de alcançar proporções de amostragem superiores ao limite estimado. Nessas reuniões, foi discutido que amostragens abaixo desse patamar aumentam a instabilidade dos indicadores e podem comprometer a interpretação do desempenho real das unidades. A partir desse alinhamento, foram desdobrados planos de ação para ampliar a captação de respostas, fortalecer a representatividade amostral e aumentar a confiabilidade dos indicadores de CSAT e NPS utilizados na gestão da experiência do cliente.

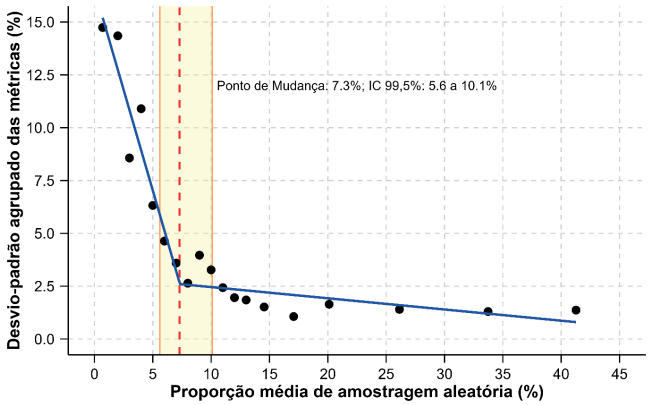



**Figura.** Regressão segmentada do desvio padrão agrupado (%) para CSAT/NPS em função da proporção média de amostragem aleatória (%). IC, intervalo de confiança.

**Conclusão**

A adoção de uma proporção amostral acima do limite superior do IC do ponto de mudança fornece uma margem de segurança conservadora para garantir maior estabilidade estatística nas estimativas de CSAT e NPS. Nessa faixa, a variabilidade dos indicadores passa a ser menos influenciada pelo erro amostral e mais provavelmente reflete mudanças reais na qualidade do serviço, tornando as flutuações mais interpretáveis como alterações genuínas de desempenho.

Além da identificação estatística do limiar, o estudo permitiu o desdobramento prático dos achados para a gestão operacional. As reuniões de alinhamento com os gestores regionais e da matriz possibilitaram a comunicação da relevância do limiar amostral e subsidiaram a elaboração de planos de ação voltados ao aumento da taxa de respostas. Dessa forma, a abordagem proposta não apenas reduz o risco de alarmes falsos e interpretações equivocadas, mas também apoia a definição de metas, intervenções e estratégias de melhoria baseadas em evidências, fortalecendo a tomada de decisão e a confiabilidade dos indicadores de experiência do cliente.

**Palavras-chave:** Tamanho amostral, Regressão segmentada, experiência do paciente.

**Referências**

1. Sergio Fasola, Vito M.R. Muggeo, Helmut Küchenhoff. A heuristic, iterative algorithm for change-point detection in abrupt change models. Comput Stat. 2018;33:997-1015. doi:10.1007/s00180-017-0740-4.

2. Vito M.R. Muggeo. Interval estimation for the breakpoint in segmented regression: a smoothed score-based approach. Aust N Z J Stat. 2017;59:311-322. doi:10.1111/anzs.12200.

3. Vito M.R. Muggeo. segmented: Regression Models with Break-Points/Change-Points Estimation (with Possibly Random Effects) [software]. 2003. doi:10.32614/CRAN.package.segmented.

4. Peter Turk, John Cinderich, Elizabeth McNeill. Coverage and precision of Net Promoter Score confidence intervals across sampling distributions. Stats. 2026;9:45. doi:10.3390/stats9020045.

5. E.G. Costa, R.T.Q. Ponte. Minimum sample size for estimating the Net Promoter Score under a Bayesian approach. An Acad Bras Cienc. 2024;96:e20230991. doi:10.1590/0001-3765202420230091.

6. Bradley Rocks. Interval estimation for the "Net Promoter Score." Am Stat. 2016;70:365-372. doi:10.1080/00031305.2016.1158124.

## P-067

## Implementando a análise de sentimentos no laboratório clínico: mapeamento dos sentimentos gerais e das emoções com base no modelo de Plutchik e cálculo do Net Sentiment Score

Alan Carvalho Dias[1], Djeniffer Greffin[1], João Lucas Soares Normandes[1], Camila Coelho Alves[1], Maria Rafaella Scaff de Almeida[1], Aline Emily Felix da Silva[1], Ana Claudia Diniz Costa[1], Marly Vidal Silva[1], Sandra Regina Leite Pereira[1]

[1]*Sabin Medicina Diagnóstica – Brasília-DF*

**Introdução**

Nos laboratórios clínicos, a experiência do paciente é tradicionalmente avaliada por métricas como o *Customer Satisfaction Score* (CSAT) e o *Net Promoter Score* (NPS), que estimam satisfação com o serviço e lealdade pela probabilidade de recomendação. Embora populares pela objetividade, ambas são unidimensionais e quantitativas, sintetizando percepções complexas em um único valor numérico e não captando os componentes emocionais dos relatos abertos.

Para suprir essa lacuna, propõe-se o *Net Sentiment Score* (NSS), que classifica cada comentário em positivo, negativo ou neutro. Ao incorporar as oito emoções de Plutchik — alegria, confiança, aversão, surpresa, antecipação,

raiva, medo e tristeza —, é possível qualificar o sentimento, identificando emoções como frustração, alívio ou apreensão e oferecendo subsídios acionáveis à gestão.

**Objetivo**

Este estudo teve como objetivos: (i) desenvolver um pipeline para análise automatizada de sentimentos e emoções em comentários abertos; (ii) validar seu desempenho; (iii) explorar o NSS como métrica complementar ao CSAT e NPS; e (iv) demonstrar as vantagens da estratificação para identificar pontos de melhoria.

**Métodos**

Pipeline de análise (SEMPA)

Foi desenvolvido o *Sentiment and Emotion Mapping Algorithm* (SEMPA), pipeline automatizado de Processamento de Linguagem Natural (PLN) integrando pré-processamento, tokenização, mapeamento léxico e classificação. As análises foram conduzidas em R 4.5.0 e RStudio 2025.05.0+496.

O pré-processamento incluiu remoção de caracteres especiais, pontuação e números, conversão para minúsculas e exclusão de *stopwords* personalizadas, com enriquecimento por categoria, setor e motivo do relato. Os textos foram tokenizados em unigramas, bigramas e trigramas, e os tokens cruzados com léxico emocional em português (>17 mil tokens), traduzido e expandido a partir do *NRC Emotion Lexicon* com apoio do ChatGPT-4o e validação manual, associando palavras a polaridades e às oito emoções de Plutchik. A intensidade emocional foi estimada pela frequência dos termos.

A classificação seguiu regras hierárquicas: predominância inicial de termos positivos ou negativos, com reclassificação quando (i) apenas alegria/confiança estavam presentes (negativo→positivo); (ii) havia pares de emoções negativas, ex. raiva e tristeza (positivo→negativo); ou (iii) bigramas específicos (ex.: "reclamacao rec") indicavam negatividade. Comentários neutros mantiveram todas as emoções; positivos e negativos.

O NSS foi calculado por NSS = (Nº Positivos – Nº Negativos) ÷ Total, de forma global e estratificada por tipo de negócio. Conforme Campos (2013), na ausência de limites históricos de controle estatístico, adotou-se 5%± em relação ao NSS global como variação aceitável; diferenças superiores foram interpretadas como praticamente relevantes.

Avaliação do desempenho

O SEMPA foi avaliado contra a classificação manual atribuída pelo time de atendimento na coleta, em 142.392 comentários (jan–dez/2024). Foram considerados positivos os rótulos "Elogio", "Elogio para outra unidade", "Satisfação" e "Sugestão - Satisfação"; negativos, "Reclamação", "Reclamação para outra unidade" e "Improdutivo". Calcularam-se acurácia, acurácia balanceada, F1-score, sensibilidade, especificidade e valor preditivo positivo (VPP) em três cenários: (i) global — binário com neutros reclassificados como positivos; (ii) negativo — identificação de negativos, sem neutros; e (iii) positivo — identificação de positivos, sem neutros.

Desdobramento analítico

Foram analisados 41.887 comentários abertos registrados entre janeiro e março de 2025. O pipeline gerou: (i) gráficos de Pareto das emoções predominantes por tipo de sentimento, com estratificação por unidade, regional e negócio; (ii) Top 15 das unidades com maior volume absoluto e proporção percentual de negativos; e (iii) calendários interativos HTML com gradiente contínuo da frequência diária de comentários por polaridade.

Considerações éticas

Os dados consistem exclusivamente em comentários anônimos, sem informações sensíveis ou identificáveis, em conformidade com a LGPD (Lei nº 13.709/2018). A análise concentrou-se em padrões agregados, com finalidade de orientar melhorias organizacionais.

**Resultados e Discussão**

A Tabela 1 apresenta as métricas de desempenho do SEMPA nos três cenários de validação.

**Tabela 1.** Métricas de desempenho do SEMPA em três cenários de validação.

| Métrica | Cenário global | Cenário negativo | Cenário positivo |
|---|---|---|---|
| Acurácia | 99,51% | 99,50% | 99,50% |
| Acurácia balanceada | 99,68% | 99,68% | 99,68% |
| F1-score | 94,87% | 94,88% | 99,74% |
| Sensibilidade | 99,88% | 99,89% | 99,48% |
| Especificidade | 99,49% | 99,48% | 99,89% |
| VPP | 90,34% | 90,34% | 99,99% |

*VPP, valor preditivo positivo.*

O NSS global foi 88,75%, com faixa aceitável de 84,32% a 93,18% (4,43%±). Os negócios Imagem (77,44%) e Checkup Executivo (72,13%) apresentaram NSS abaixo do limite, indicando relevância prática.

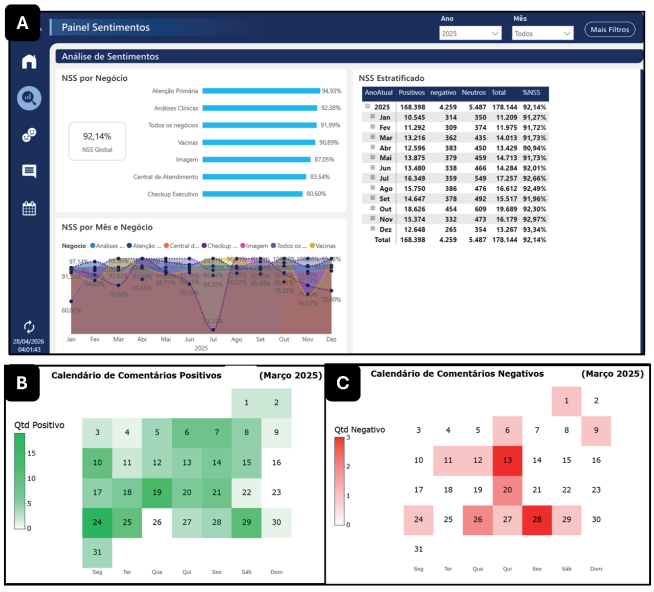



**Figura 1.** Painel de monitoramento de sentimentos e distribuição temporal de comentários positivos e negativos. (A) Dashboard geral de análise de sentimentos, apresentando o NSS global, o NSS por negócio, a evolução mensal do NSS por negócio e a tabela estratificada com o número de comentários positivos, negativos, neutros, total de interações e percentual de NSS por mês. (B) Exemplo do Calendário de calor dos comentários positivos de uma unidade de negócio em março de 2025. (C) Exemplo do Calendário de calor dos comentários negativos na mesma unidade de negócio em março de 2025.

Para exemplificar, a implementação da análise de sentimento e emoções com os resultados de NSS por tipo e por Unidade de Negócio, o Painel Power BI (Figura 1; Painel A) e os mapas de calor de calendário de uma unidade de negócio evidenciando média diária de positivos (Figura 1; Painel B) cinco vezes superior à de negativos (Figura 1; Painel C) em março/2025, com picos negativos nos dias 13, 20, 26 e 28.

Comparativamente, Kumar e Vardhan (2022), aplicando Naïve Bayes, Árvore de Decisão, SVM, SVM Multiclasse e PWEBSA — abordagem baseada na Roda de Plutchik com *word embeddings* — em dados do Twitter e avaliações de produtos, reportaram VPP, sensibilidade, acurácia e F1-score entre 62% e 76%. O desempenho superior do SEMPA decorre da natureza mais direta dos comentários laboratoriais, sem complexidades linguísticas (sarcasmo, ironia, duplo sentido) frequentes em redes sociais.

Os padrões obtidos pelo NSS mostraram-se semelhantes aos do NPS, mas o NSS associado ao PLN amplia a perspectiva: enquanto o NPS se restringe à intenção de recomendação, o NSS interpreta em escala o conteúdo semântico dos relatos abertos, atuando de forma complementar.
A combinação de Pareto e mapas-calendário com Plutchik mostrou-se eficaz para identificar padrões recorrentes, com estratificação flexível (global, por negócio, regional ou unidade), permitindo detectar variações temporais. A automação com atualização diária amplia o potencial do SEMPA para monitoramento contínuo da experiência do paciente e detecção tempestiva de causas-raiz. Como próximos passos, prevê-se a transcrição do algoritmo de R para Python, com automação diária e exportação para painéis Power BI.

**Conclusão**
O SEMPA demonstrou elevada acurácia na classificação automatizada de sentimentos e emoções em comentários de pacientes, com desempenho superior ao reportado na literatura. A integração do NSS com as oito emoções de Plutchik permitiu análise mais rica que CSAT e NPS isoladamente, e a estratificação por negócio, unidade e período mostrou-se estratégica para identificar padrões emocionais e pontos críticos.

**Palavras-chave:** análise de sentimentos, experiência do paciente, processamento de linguagem natural.

**Referências**
Lewis C, Mehmet M. Does the NPS® reflect consumer sentiment? A qualitative examination of the NPS using a sentiment analysis approach. Int J Mark Res. 2020;62(1):9-17.

De Freitas LA, Vieira R. Exploring resources for sentiment analysis in Portuguese language. In: 2015 Brazilian Conference on Intelligent Systems (BRACIS); 2015 Nov 4-7; Natal, Brazil. IEEE; 2015. p. 152-6.

Semeraro A, Vilella S, Ruffo G. PyPlutchik: visualising and comparing emotion-annotated corpora. PLoS One. 2021;16(9):e0256503.

Plutchik R. The nature of emotions: clinical implications. In: Clynes M, Panksepp J, editors. Emotions and psychopathology. Boston: Springer US; 1988. p. 1-20.

Kumar P, Vardhan M. PWEBSA: Twitter sentiment analysis by combining Plutchik wheel of emotion and word embedding. Int J Inf Technol. 2022;14(1):69-77.

R Core Team. R: a language and environment for statistical computing [software]. Version 4.5.0. Vienna: R Foundation for Statistical Computing; 2025.

RStudio Team. RStudio: integrated development environment for R [software]. Version 2025.05.0+496. Boston: Posit Software PBC; 2025.

Mohammad SM, Turney PD. NRC Emotion Lexicon. Ottawa: National Research Council of Canada; 2013.

Campos VF. Estágio 1: prática de golpes faixa branca. In: Campos VF. Gerenciamento pelas diretrizes (Hoshin Kanri): o que todo membro da alta administração precisa saber para entrar no terceiro milênio. 5. ed. Nova Lima: Falconi; 2013. p. 99.

Brasil. Lei nº 13.709, de 14 de agosto de 2018. Dispõe sobre a proteção de dados pessoais (LGPD). Diário Oficial da União, Brasília, DF, 15 ago. 2018; Seção 1.

## P-077

### Estratégias pré-analíticas no acolhimento de pacientes com transtorno do espectro autista em laboratório clínico – Relato de caso

Maria Vitória Queiroz Marques[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1], Patricia Cavalcante Araujo França[1], Nayara de Oliveira Borba Sobral[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** O Transtorno do Espectro Autista (TEA) demanda abordagens assistenciais individualizadas. No ambiente laboratorial, estímulos sensoriais, espera prolongada e imprevisibilidade podem desencadear crises, comprometer a coleta e elevar o risco de falhas pré-analíticas, gerando experiências aversivas. Dessa forma, estratégias de acolhimento e adaptação ambiental são cruciais para garantir a segurança e a confiabilidade diagnóstica. **Relato do caso:** Implantou-se um fluxo especializado para pacientes com TEA em um laboratório em Palmas-TO, focado na humanização. As intervenções compreenderam capacitação da equipe para comunicação acolhedora, priorização assistencial com pré-cadastro digital, reduzindo o tempo de permanência, e reestruturação ambiental com iluminação regulável, recursos táteis e estímulos lúdicos. Estruturou-se também a coleta domiciliar para casos de maior sensibilidade. Observou-se maior adesão aos procedimentos, otimização do fluxo, mitigação do estresse dos pacientes e facilitação da coleta biológica. **Discussão:** A fase pré-analítica concentra a maior ocorrência de não conformidades laboratoriais, sendo sensível à cooperação do paciente. Indivíduos com TEA enfrentam barreiras adicionais em procedimentos invasivos. A literatura aponta que intervenções preditivas e manejo ambiental reduzem intercorrências como coletas frustradas, necessidade de restrição física e alterações fisiológicas induzidas por estresse agudo, que interferem nos analitos. Desse modo, as ações adotadas atuam diretamente na mitigação de riscos pré-analíticos e na qualidade da amostra. **Conclusão:** A customização de estratégias pré-analíticas para pacientes com TEA demonstrou-se eficaz para promover um atendimento seguro, inclusivo e humanizado, otimizando a eficiência operacional e assegurando a acessibilidade na medicina diagnóstica.

**Palavras-chave:** Transtorno do Espectro Autista, Fase Pré-Analítica, Humanização da Assistência e Segurança do Paciente.

## P-104

### DataSift: Desenvolvimento de ferramenta web para filtragem de dados laboratoriais com motor DuckDB e aplicação da abordagem LAVE

**APRESENTAÇÃO ORAL**

Marcello Augusto de Castro Coutinho[1], Alan Carvalho Dias[1], Alessandra Teixeira Quadros Lopes[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Henriques Jácomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1]

[1]*Sabin Medicina Diagnóstica*

**Introdução:** A determinação de intervalos de referência (IR) precisos e confiáveis é um dos pilares da medicina laboratorial, sendo essencial para a correta interpretação de exames e tomada de decisão clínica. Tradicionalmente, o estabelecimento de IRs é realizado por meio de métodos diretos, que exigem a seleção criteriosa de indivíduos saudáveis. Contudo, essa abordagem é sabidamente dispendiosa, logisticamente complexa e de difícil aplicação para grupos específicos, como pacientes pediátricos e geriátricos. Diante disso, o método indireto, que consiste na utilização de dados do mundo real extraídos diretamente dos Sistemas de Informação Laboratorial (SIL), consolidou-se como uma alternativa viável para a determinação de IR.
Apesar de sua vasta disponibilidade, o uso do banco de dados impõe um desafio metodológico: os resultados são inerentemente mistos, contendo tanto resultados de indivíduos saudáveis quanto de pacientes com patologias diversas. A presença de resultados patológicos "ocultos" pode contaminar a amostragem e distorcer as curvas de distribuição. É nesse cenário que o método LAVE (*Latent Abnormal Values Exclusion*) se destaca. Diferente de exclusões de *outliers* simples, o LAVE opera sob uma premissa fisiológica multivariada: ele avalia analitos correlacionados para identificar estados patológicos "latentes". Se um paciente apresenta alteração em algum dos analitos de correlação, o resultado do analito em estudo é excluído da base de cálculo, garantindo uma amostra final substancialmente saudável. No entanto, a aplicação do LAVE em larga escala esbarra em barreiras

tecnológicas. Analistas de laboratório frequentemente dependem de planilhas eletrônicas convencionais para a manipulação desses dados. Quando submetidos a exclusões manuais em bases com centenas de milhares de linhas, esses *softwares* apresentam gargalos críticos, resultando em longos tempos de congelamento sistêmico e deixando a rotina operacional morosa. Os modelos avançados de linguagem disponíveis hoje permitem que profissionais da saúde, mesmo sem formação original em sistemas da informação, desenvolvam ferramentas de alta complexidade. Este trabalho descreve o desenvolvimento do "DataSift", um aplicativo web criado com assistência de Inteligência Artificial (IA), desenhado especificamente para superar as limitações das planilhas eletrônicas na filtragem de dados laboratoriais volumosos, aplicando a abordagem LAVE, análise visual de dispersão e de medidas de tendência central e o teste de Harris-Boyd, para sugestões de particionamento populacional.

**Objetivo:** Desenvolver e validar uma ferramenta web open-source (DataSift) para filtragem multivariada de dados laboratoriais utilizando o método LAVE (*Latent Abnormal Values Exclusion*), com aplicação à estimativa indireta de intervalos de referência.

**Métodos:** O desenvolvimento do DataSift foi conduzido utilizando o framework de código aberto Streamlit, baseado na linguagem Python. A arquitetura e codificação das lógicas de filtragem foram integralmente guiadas com o suporte do modelo de Inteligência Artificial Gemini.
Para contornar o limite de processamento de dados na interface gráfica, a ferramenta abandonou a dependência do motor de planilhas tradicional e integrou o sistema de gerenciamento de banco de dados DuckDB. Essa escolha arquitetônica permitiu que o DataSift executasse consultas e exclusões em massa utilizando a linguagem SQL (*Structured Query Language*), sem a necessidade de renderização visual, assim como é observado nas ferramentas de planilhas eletrônica.
A validação da ferramenta foi realizada utilizando um banco de dados laboratorial anonimizado, contendo aproximadamente 2,5 milhões de pontos de dados distribuídos em cerca de 450 mil linhas de registros de pacientes.
O algoritmo central foi programado para executar três etapas essenciais:
**1. Método LAVE:** Aplicação sequencial e iterativa de regras de exclusão sobre múltiplos resultados de analitos simultaneamente.
**2. Visualização:** Geração de gráficos para avaliar o comportamento dos dados após a filtragem. O sistema foi programado para plotar gráficos de dispersão e de medidas de tendência central, permitindo ao usuário analisar médias e medianas móveis, além de boxplots para garantir a eliminação de vieses de seleção.
**3. Teste de Harris-Boyd:** Implementação programática dos critérios estatísticos de Harris e Boyd (baseados no teste Z) para sugerir pontos de corte objetivos para a separação dos intervalos de referência por sexo e faixas etárias.

Para quantificar a eficácia operacional da solução, foi estabelecido um teste comparativo. O tempo de processamento necessário para aplicar as regras de exclusão a analitos específicos (TSH, Ácido Úrico e Bilirrubina Direta) foi cronometrado no DataSift. Simultaneamente, o mesmo processo foi replicado em um script em Python para comparar as diferenças entre os motores de processamento, além do Microsoft Excel por meio de um script em VBA (*Visual Basic for Applications*). O script em VBA teve como objetivo simular a ação humana exata de aplicar filtros, selecionar as células visíveis conforme os critérios de filtragem preestabelecidos e comandar a exclusão física das linhas, medindo o tempo de "congelamento" exigido pelo Excel.
Foi realizada uma análise de concordância para verificar se as metodologias de filtro excluíam os mesmos dados em cada planilha estudada.
Estudo dispensado de avaliação CEP/CONEP conforme Resolução CNS nº 510/2016, Art. 1º, §único, inciso V.
A eficiência do ganho computacional foi calculada pela fórmula de redução relativa:

$$\text{Redução (\%)} = ((\text{TExcel} - \text{TDataSift}) / \text{TExcel}) \times 100.$$

**Resultados e Discussão:** O desenvolvimento assistido por Inteligência Artificial provou ser um catalisador significativo. A capacidade da IA de traduzir necessidades laboratoriais complexas (como a exclusão multivariada) para lógicas SQL e *Python* reduziu drasticamente o tempo necessário para a codificação da ferramenta. Regras de limpeza de dados, que manualmente exigiriam um tempo expressivo, foram otimizadas para um processamento na ordem de segundos.
No que tange à performance computacional, o DataSift demonstrou uma superioridade absoluta na manipulação da base volumosa (≈ 450 mil linhas). O teste de estresse demonstrou que as planilhas eletrônicas convencionais, embora funcionais, apresentam eficiência reduzida para a aplicação do método LAVE em larga escala, assim como demonstrado na Tabela 1.

**Tabela 1**. Avaliação comparativa de eficiência processual: Excel vs. DataSift.

| Analito | Excel (s) | DataSift (s) | Ganho Excel vs DataSift | Python (s) | Ganho Python vs DataSift |
|---|---|---|---|---|---|
| TSH | 1455 (≈24 min 15 s) | 2,90 | 99,80% | 14,03 | 79,33% |
| Ácido Úrico (AUR) | 817 (≈13 min 37 s) | 1,17 | 99,85% | 10,16 | 88,48% |
| Bilirrubina Direta (BILD) | 832,49 (≈13 min 52 s) | 2,30 | 99,72% | 5,21 | 55,85% |

Essa discrepância severa entre Excel e DataSift ocorre porque planilhas tradicionais não operam como bancos de dados relacionais, o ato de deletar milhares de linhas fracionadas exige recálculos constantes de interface e alocação de memória enquanto o sistema SQL do DataSift filtra os dados de forma tabular diretamente. A discrepância entre Python e DataSift demonstra que o motor DuckDB é mais eficiente para o processamento de dados, além disso, é possível que para arquivos de menor tamanho, a diferença não seja tão expressiva, efeito observado especialmente para o BILD, arquivo de menor tamanho.
A concordância entre as exclusões do DataSift, do script em Python e da simulação do procedimento manual utilizando o VBA foi de 100% ($\kappa = 1,0$) no analito TSH.
Além do ganho logístico, a validação evidenciou o impacto positivo da ferramenta. A aplicação automatizada do método LAVE viabilizou a exclusão refinada de subpopulações patológicas de maneira reprodutível, anulando o risco de erros operacionais e o viés do observador humano. Além disso, a geração imediata de gráficos dentro da própria ferramenta facilitou o estudo de particionamento populacional. Através dos gráficos de boxplot, médias e medianas móveis, foi possível constatar visualmente as diferenças de comportamento dos resultados entre pacientes de sexo e faixas etárias distintos, além do módulo de estratificação de Harris-Boyd, que processou os dados filtrados para sugerir partições demográficas estatisticamente válidas, automatizando um cálculo que, de outra forma, demandaria outros softwares estatísticos, frequentemente inacessíveis ou de alto custo para laboratórios de médio porte.

**Conclusão:** O DataSift consolida-se como resposta tecnológica robusta às limitações operacionais enfrentadas por analistas clínicos diante de grandes volumes de dados. A ferramenta resolve de forma efetiva o gargalo computacional associado à limpeza de dados clínicos. A redução consistente e superior a 99,7% no tempo de processamento das bases, em comparação aos métodos tradicionais, ou 55,8% em comparação com outras metodologias automatizadas comprova sua eficiência. Acima de tudo, ao implementar o método LAVE, acompanhado da análise visual dos gráficos, o DataSift garante o rigor científico necessário para a estimativa indireta de Intervalos de Referência, assegurando maior confiabilidade e precisão do diagnóstico laboratorial.

**Palavras-chave:** Intervalos de referência, Análise de dados laboratoriais, método indireto LAVE.

**Referências**

1. Jones GRD, Haeckel R, Loh TP, Sicchiero R, Streichert T, Katayev A, et al. IFCC Committee on Reference Intervals and Decision Limits (C-RIDL) recommendation on the use of indirect methods for reference intervals. Clin Chem Lab Med. 2021;60(1):128-138.

2. Ichihara K, Boyd JC. An appraisal of statistical procedures used in derivation of reference intervals. Clin Chem Lab Med. 2010;48(11). doi: 10.1515/CCLM.2010.319.

3. Clinical and Laboratory Standards Institute. Defining, Establishing, and Verifying Reference Intervals in the Clinical Laboratory; Approved Guideline – Third Edition. CLSI document EP28-A3c. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2010.

4. Raasveldt M, Mühleisen H. DuckDB: an Embeddable Analytical Database. In: Proceedings of the 2019 International Conference on Management of Data; 2019. p. 1981-1984. doi:10.1145/3299869.3320212.

## P-105

### Gestão do indicador de atrasos no laboratório clínico: Impactos operacionais e resultados obtidos em 2025

Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1], Mirella Garcia Saraiva Bueno[1], Yohana Santos Massabani Ambrosio[1]

*[1]Sabin Diagnóstico e Saúde.*

**Introdução:** O indicador de atrasos é um importante indicador laboratorial, pois demonstra efetividade dos processos internos estabelecidos e processos com parceiros apontando oportunidades de melhoria. **Objetivo:** Demonstrar como o gerenciamento do indicador de atrasos pode contribuir para a melhoria dos processos internos laboratoriais. **Métodos:** Foram analisados os planos de ação implantados em um laboratório de análises clínicas no ano de 2025, responsável pela prestação de serviços para dois hospitais em Londrina, a partir dos dados do indicador de atrasos. **Resultados e discussão:** A meta estabelecida foi de 0,5% de atrasos. Inicialmente identificou-se como principal ofensor um dos hospitais atendidos. Janeiro, fevereiro e março apresentaram os maiores índices: 0,55%, 0,75% e 0,79%, respectivamente. Em abril (0,58%) e maio (0,56%) foi realizada conscientização da equipe técnica por meio de relatórios diários de atrasos, promovendo maior integração entre time técnico e a coleta, resultando em melhora do indicador. Em junho (0,07%), um estudo identificou configuração incorreta do SLA entre os setores hospitalares no sistema laboratorial. Após reconfiguração conforme contrato, foram eliminados dados que contaminavam o indicador. Em julho (0,04%), verificou-se que o exame ULTRAPCR apresentava baixa linearidade, gerando necessidade frequente de diluição e atraso na liberação. Após alinhamento com o corpo clínico, implantou-se a PCR convencional no monitoramento de infecção hospitalar, reduzindo diluições e melhorando a performance do indicador. Entre agosto (0,13%) e outubro (0,3%), o laboratório passou por troca de parque tecnológico e, mesmo diante da mudança, manteve-se dentro da meta. Em novembro (0,04%) e dezembro (0,08%) houve estabilização dos resultados. **Conclusão:** Através de uma boa análise crítica, identificando as principais oportunidades de melhoria o indicador de atrasos se torna um importante aliado estratégico para promover qualidade, eficiência operacional e melhoria contínua dentro da instituição.

**Palavras-chave:** Indicador, Atrasos, Gestão.

## P-115

### Rumo à Erradicação Definitiva: O Papel Crítico dos Laboratórios de Análises Clínicas na Contenção do Poliovírus

Marielly Reis Resende Sousa[1], Syme Thaís Silva Sousa[1], Bruno Silva Milagres[1], Karen Machado Gomes[1]

*[1]Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB) Ministério da Saúde*

**Introdução:** A erradicação global da poliomielite exige a contenção laboratorial estrita do poliovírus para evitar sua reintrodução comunitária. Diante da persistência de transmissão internacional e do risco de poliovírus derivados de vacina (cVDPV), a rede de laboratórios de análises clínicas (públicos, privados e de pesquisa) desempenha papel crucial na biossegurança nacional através do inventário de seus acervos biológicos. **Objetivo:** Descrever as estratégias de sensibilização do Plano Nacional de Contenção de Poliovírus no Brasil e evidenciar a necessidade de adesão laboratorial ao Inquérito Nacional para obtenção do certificado de erradicação. **Material e Métodos:** Estudo descritivo das ações coordenadas pela Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública da Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente do Ministério da Saúde (CGLAB/SVSA/MS) na Fase I do plano. Realizou-se o mapeamento de laboratórios via Cadastro Nacional de Estabelecimentos de Saúde (CNES). Para o diagnóstico de armazenamento de cepas, aplicou-se o Inquérito Nacional de Contenção do Poliovírus (INCP) via Google Forms, baseado nas diretrizes da OPAS/OMS. As estratégias incluíram mobilização institucional, webinários, busca ativa e comunicação direta, priorizando municípios com mais de 100 mil habitantes. **Resultados e Discussão:** Identificou-se 1.726 laboratórios elegíveis no país. Até a Semana Epidemiológica 21/2026, estabeleceu-se contato efetivo com 802 (46,5%) instituições. Destas, 220 (27,4%) responderam integralmente ao INCP, enquanto 583 (72,6%) aguardam retorno. Das 924 instituições restantes, 280 estavam desativadas e 644 seguem em processo de articulação. Nenhuma instituição respondente declarou reter amostras de poliovírus selvagem ou cVDPV. **Conclusão:** Embora as ações de comunicação tenham estruturado a base da Fase I, o elevado percentual de respostas pendentes evidencia a necessidade urgente de sensibilização dos profissionais de análises clínicas. A ampla adesão e o preenchimento voluntário do INCP são passos indispensáveis e decisivos para que o Brasil consolide o inventário nacional e obtenha a certificação internacional de erradicação da poliomielite.

**Palavras-chave:** Contenção Laboratorial, Gestão Laboratorial, Biossegurança.

## P-128

### Implementação de um relatório microbiológico online para monitoramento da resistência bacteriana em um hospital militar federal do Rio de Janeiro

Daniele Caetano dos Santos[1], Líllian Oliveira Pereira da Silva[2], Robson Carvalho de Abreu Rodrigues[1], Gisele da Costa Ximenes[1], Cristiane da Silva Leal da Motta[1], Jaime Antonio Abrantes[2], Ana Cláudia de Paula Rosa Ignácio[3]

*[1]Hospital de Aeronáutica dos Afonsos, Força Aérea Brasileira; [2]Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca, Fundação Oswaldo Cruz; [3]Universidade Estadual do Rio de Janeiro*

**Introdução**

A resistência aos antimicrobianos é um problema de saúde pública que impacta diretamente na manutenção da qualidade de vida humana, agravando os casos de infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS).[1] Neste contexto, os laboratórios de microbiologia desempenham um papel crucial no controle das IRAS.[2] Ao estreitar seu relacionamento com a equipe médica e com a Comissão de Controle de Infecção Hospitalar (CCIH), o setor de microbiologia pode não só auxiliar na detecção de microrganismos, mas também na descrição do perfil de resistência aos antimicrobianos.

De modo geral, a implementação de um relatório online é uma ferramenta crucial para fornecer informações em tempo real da situação epidemiológica local, auxiliando na implementação de medidas de controle e prevenção. [3] Nesta premissa, o laboratório de microbiologia passa a antecipar o andamento das análises microbiológicas, acelerando a liberação dos resultados das culturas e, consequentemente, o tratamento adequado do paciente. [3]

Não obstante, ao considerar que a prescrição inadequada de antibióticos está associada à redução da qualidade da assistência prestada e ao aumento do custo dos serviços de saúde,[4] o uso rotineiro de um relatório microbiológico com acesso em tempo real pode minimizar o aumento de estirpes resistentes ao promover o uso racional de antimicrobianos dentro da unidade hospitalar.

**Objetivo**

Implementar um relatório microbiológico online para o monitoramento da resistência aos antimicrobianos em um hospital militar federal situado no município do Rio de Janeiro.

**Metodologia**

A fim de aprimorar a rotina laboratorial e centralizar os dados microbiológicos, propôs-se um sistema digital para gestão de dados personalizado de acordo com as necessidades encontradas pela equipe técnico-laboratorial do hospital, contendo número da requisição, informações sobre o paciente, data de coleta, material coletado, andamento da análise microbiológica, resultado da análise, teste de sensibilidade aos antimicrobianos e perfil de resistência identificado. Por sua vez, os dados primários foram extraídos do Sistema Informatizado Laboratorial Complab®, desenvolvido pelo Centro de Computação e responsável pelo armazenamento dos resultados dos exames realizados no hospital.

As informações coletadas dos pacientes contemplam nome, sexo, idade e origem (internado, sala médica ou terapia intensiva), enquanto a origem das amostras biológicas inclui escarro, secreção traqueal, fezes, urina, swab nasal, swab retal, ponta de cateter, ferida, lavado bronco-alveolar e sangue, que pode ser coletado em frascos de hemocultura aeróbica e/ou anaeróbica. Os resultados dessas análises são liberados como amostra negativa ou com o nome do microrganismo identificado. Por sua vez, o andamento da análise é categorizado de acordo com o estágio, sendo atualizados como "necessitando nova amostra", "em andamento", "em incubação", "inoculação em processo", "isolamento ou reisolamento do microrganismo", "repetindo antibiograma", "resultado parcial", "processo concluído" ou "negativo até o momento", quando as amostras apresentaram resultado negativo próximo ao período máximo de incubação para o protocolo do material clínico analisado. O sistema, desenvolvido na interface do Google Sheets®, foi preenchido manual e diariamente, permitindo a apresentação de laudos microbiológicos em tempo real, além da construção de gráficos estatísticos do perfil de resistência dos microrganismos isolados frente aos antimicrobianos testados. Ao final de cada mês, os dados são compilados em uma tabela de classificação (Figura 1).

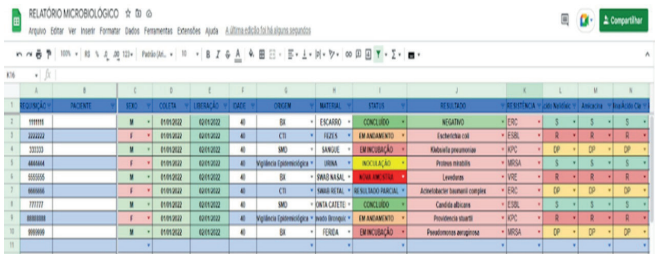



**Figura 1.** Aparência da aba de preenchimento do relatório microbiológico online no Google Sheets®.

Legenda: BX – Baixado (internado); CTI – Centro de Tratamento Intensivo; SMD – Sala de Médico de Dia (Setor de emergência); VRE – *Enterococcus* sp. resistente a vancomicina, ERC – Enterobacterales resistente a carbapenêmicos, KPC – *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase, MRSA – *S. aureus* resistente a meticilina, ESBL – Beta-lactamase de espectro estendido, S - Sensível, R - Resistente, DP – Dose dependente. Fonte: Rodrigues (2023).

O presente estudo, oriundo da dissertação de Mestrado da autora Rodrigues, D.C.S., foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital Universitário Pedro Ernesto – HUPE, Universidade do Estado do Rio de Janeiro – UERJ, parecer consubstanciado 3.963.096, em 09 de abril de 2020.

**Resultados e Discussão**

Implementado entre Janeiro de 2022 e Dezembro de 2024, como um projeto piloto para determinação do perfil de resistência bacteriana, o relatório microbiológico online foi alimentado com dados oriundos de 1619 pacientes, totalizando 4199 amostras analisadas, incluindo escarro (0,07%), secreção traqueal (2,64%), fezes (0,14%), sangue (24,91%), urina (28,79%), swab retal (23,01%), swab nasal (19,70%), ponta de cateter (0,21%), líquido ascítico (0,12%), ferida (0,12%), líquido pleural (0,12%), líquor (0,12%) e lavado bronco-alveolar (0,05%).

Durante os três anos de implementação, foram identificados 1243 Bastonetes Gram-negativos (76,91%), sendo 956 enterobactérias e 287 não-fermentadores (23,09%), e 268 Cocos Gram positivos, sendo 222 catalase positivos (82,84%) e 46 catalase negativos (17,16%). Dos isolados analisados, houve maior prevalência de *Escherichia coli* (n = 272; 22,46%), *Klebsiella pneumoniae* (n = 258; 21,30%), *Acinetobacter baumannii* (n = 147; 12,14%), *Pseudomonas aeruginosa* (n = 133; 10,98%), *Proteus mirabilis* (n = 62; 5,12%), *Enterobacter cloacae* (n = 22; 1,82%), *Enterococcus faecalis* (n = 19; 1,57%), *Enterobacter aerogenes* (n = 8; 0,66%), *Citrobacter koseri* (n = 7; 0,58%) e *Staphylococcus saprophyticus* (n = 1; 0,08%).

Dos 1066 perfis apresentados, 547 foram considerados sensíveis aos antimicrobianos (51%). No referido hospital, as infecções por MRSA totalizaram 4,88% dos casos notificados entre 2022 e 2024, enquanto as infecções por VRE corresponderam a apenas 0,2% das notificações. Por sua vez, os isolados de KPC foram os mais prevalentes nos últimos três anos ($n_{total}$ = 174; 16,32%), seguido de *Acinetobacter baumannii* resistentes aos carbapenêmicos ($n_{total}$ = 146; 13,70%), enterobactérias não-*Klebsiella pneumoniae* produtoras de carbapenemase ($n_{total}$ = 53; 4,97%) e *Pseudomonas aeruginosa* resistentes aos carbapenêmicos ($n_{total}$ = 49; 4,60%), ainda que este último tenha sofrido uma queda em 2023 (Figura 2).

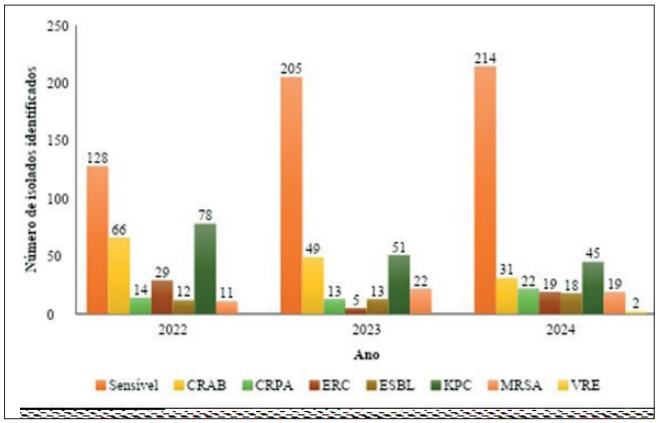



**Figura 2.** Perfis de resistência bacteriana em amostras oriundas de um hospital militar do Rio de Janeiro, entre janeiro de 2022 e dezembro de 2024.

Legenda: CRAB - *Acinetobacter baumannii* resistentes aos carbapenêmicos; CRPA - *Pseudomonas aeruginosa* resistentes aos carbapenêmicos; ERC - enterobactérias não-*Klebsiella pneumoniae* produtoras de carbapenemase; ESBL - Bastonetes Gram-negativos produtores de β- lactamase de espectro estendido; KPC – Klebsiella pneumoniae carbapenemase; MRSA - *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina; VRE - *Enterococcus* resistentes à vancomicina. Fonte: Os Autores (2025).

É válido ressaltar que infecções causadas por bactérias resistentes se mostraram mais prevalentes a partir de 2021, o que pode estar diretamente relacionado ao uso incorreto dos antimicrobianos como estratégia profilática ou tratamento em casos de pacientes acometidos pela COVID-19.[5] Diante deste cenário, o acesso ao relatório microbiológico auxilia não só a equipe médica com a adaptação da antibioticoterapia individual, mas também na atuação da CCIH frente o monitoramento da resistência aos antimicrobianos, fornecendo subsídios necessários para controle da tomada de decisão e redução dos custos hospitalares.[6] Sendo assim, apesar de apresentar limitações em sua utilização diária, o relatório microbiológico online pode ser caracterizado como uma inovação na área da saúde, principalmente na rede de hospitais, proporcionando melhor comunicação e troca de informações entre os profissionais, bem como manejo e controle da qualidade da assistência à saúde.

**Conclusão**

A implementação de um relatório microbiológico online pode contribuir diretamente na qualidade da assistência à saúde, otimização dos processos

hospitalares e fortalecimento da segurança do paciente, além de auxiliar no monitoramento e identificação precoce de surtos, o que impacta diretamente na economicidade dos custos hospitalares e na saúde coletiva. Ao considerar sua implementação em um hospital militar, nota-se um avanço significativo na gestão da informação e na otimização dos processos clínicos. Neste cenário, a equipe de saúde do hospital pode ter acesso rápido e fácil aos resultados, permitindo decisões clínicas mais ágeis e informadas em tempo real.

**Palavras-chave:** Resistência Antimicrobiana, Gestão Hospitalar, Saúde Digital.

**Referências**

1. Da Costa, A. L. P., & Junior, A. C. S. S. (2017). Resistência bacteriana aos antibióticos e Saúde Pública: uma breve revisão de literatura. *Estação Científica (UNIFAP)*, *7*(2), 45-57.

2. Ministério da Saúde. Secretaria-Executiva. Departamento de Informática do SUS. *Estratégia de Saúde Digital para o Brasil 2020-2028*. Brasília: Ministério da Saúde; 2020.

3. Nizam D. *Manual of infection prevention and control*. 4th ed. 2019. p. 304-333.

4. Koneman, et al. *Diagnóstico microbiológico: texto e atlas colorido*. 5a ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2018. p. 143-150.

5. L. O. P. Silva, E. A. Alves, J. M. R. Nogueira. Consequências do uso indiscriminado de antimicrobianos durante a pandemia de COVID-19. *Brazilian Journal of Development*. 2022;8(2):10381-10397.

6. Bail, et al. Perfil de sensibilidade de bactérias isoladas em uroculturas de pacientes atendidos em um hospital brasileiro. *Cadernos da Escola de Saúde*. 2017;17(2):52-60.

## ÁREA: HEMATOLOGIA CLÍNICA E IMUNOHEMATOLOGIA

### P-074

### Impacto da sedimentação nos resultados do exame de hemoglobina glicada

Mirian July Nogueira de Souza Mendes[1], Pillar Pace Menezes Sartori[1], Elen Camila Queiroz Galvão da Frota[1], Alessandra Teixeira Quadros Lopes[1], Ana Carla Azevedo Neves Costa[1], Andreia Oliveira Monteiro[1], Graciella Ribeiro Martins[1], Rafael Jacomo[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Tawana Correa Rodrigues Amorim Rosa[1]

[1]*Sabin Medicina Diagnóstica*

**Introdução**

A hemoglobina glicada (HbA1c) é amplamente utilizada no diagnóstico e acompanhamento do diabetes mellitus, sendo fundamental a obtenção de resultados confiáveis e reprodutíveis. Métodos automatizados, como a imunoturbidimetria, são amplamente empregados na rotina laboratorial devido à elevada capacidade analítica e integração aos sistemas automatizados. Entretanto, variáveis pré-analíticas, como a necessidade de homogeneização das amostras coletadas em tubos contendo EDTA antes do processamento, ainda podem interferir nos resultados laboratoriais.
Em laboratórios com alto volume de processamento e crescente automatização operacional, a redução de etapas manuais pode contribuir para maior eficiência do fluxo analítico. Nesse contexto, avaliar o impacto da sedimentação e da ausência de homogeneização sobre os resultados de hemoglobina glicada torna-se relevante para ampliação das possibilidades de automação laboratorial sem comprometimento da qualidade analítica.

**Objetivo**

O presente estudo teve como objetivo avaliar a influência da ausência de homogeneização e dos diferentes tempos de sedimentação nos resultados de hemoglobina glicada por imunoturbidimetria.

**Métodos**

Foi realizado um estudo experimental destinado a avaliar a influência da sedimentação e da ausência de homogeneização pré-analítica nos resultados de hemoglobina glicada determinados por imunoturbidimetria em equipamentos Cobas c513. Foram utilizadas ao todo 113 amostras provenientes da rotina de um laboratório de análises clínicas, coletadas em tubos contendo EDTA, com resultados prévios de hemoglobina glicada entre 5,0% e 6,9%. Essa faixa analítica foi selecionada por abranger valores próximos aos pontos de decisão clínica utilizados para classificação glicêmica, incluindo os limites entre normalidade e pré-diabetes (5,6–5,7%) e entre pré-diabetes e diabetes mellitus (6,4–6,5%). O estudo foi dividido em três etapas experimentais. Na primeira etapa, as amostras foram inicialmente homogeneizadas e processadas no tempo zero, considerado como valor de referência. Posteriormente, permaneceram em repouso, sem homogeneização adicional, sendo reprocessadas após 1, 2, 3, 7, 12, 16 e 19 horas de sedimentação. Ao término do experimento, as amostras foram novamente homogeneizadas e reprocessadas. Essa etapa foi realizada com o equipamento dedicado exclusivamente ao estudo, utilizando o mesmo pack de reagente durante todo o ensaio, com o objetivo de minimizar variáveis analíticas relacionadas à rotina laboratorial. Na segunda etapa, o experimento foi reproduzido em condições reais de rotina laboratorial. As amostras foram processadas no tempo zero após homogeneização e reavaliadas sem homogeneização após 3, 7, 12, 15 e 24 horas de sedimentação. Após 24 horas, as amostras foram novamente homogeneizadas e reprocessadas. Diferentemente da primeira etapa, os ensaios ocorreram durante a rotina operacional do laboratório, com utilização de diferentes packs de reagentes ao longo do processamento. Na terceira etapa, o protocolo foi repetido em um segundo equipamento Cobas c513, visando avaliar a harmonização

entre equipamentos. Nessa fase, as amostras foram analisadas no tempo zero com homogeneização, após 3, 7, 12 e 15 horas sem homogeneização e, posteriormente, após 24 horas com nova homogeneização. Assim como na segunda etapa, os testes foram realizados em condições rotineiras de processamento. Os resultados obtidos em cada tempo de sedimentação foram comparados aos resultados do tempo zero, considerado referência analítica. A análise dos dados baseou-se na avaliação da variação absoluta entre os resultados obtidos nos diferentes tempos, bem como em sua relevância clínica. Amostras que apresentaram erros analíticos ou inconsistências técnicas durante o processamento foram excluídas da análise, considerando que tais resultados não seriam passíveis de liberação na rotina laboratorial.

**Resultados e Discussão**

No primeiro ensaio, os resultados obtidos após 1, 2 e 3 horas de sedimentação sem homogeneização não apresentaram variação absoluta superior a 0,1 em relação ao tempo zero, utilizado como referência analítica. Após 7, 12, 16 e 19 horas de sedimentação, as amostras permaneceram estáveis, com variações inferiores a 0,2. Após nova homogeneização das amostras ao término do ensaio, os resultados apresentaram redução dos valores absolutos, aproximando-se novamente dos resultados obtidos no tempo zero. Os achados do primeiro ensaio demonstraram baixa variabilidade analítica mesmo após períodos prolongados de sedimentação, sugerindo que a ausência de homogeneização prévia não promove alterações clinicamente relevantes nos resultados de hemoglobina glicada por imunoturbidimetria. Além disso, o comportamento observado após a nova homogeneização sugere redistribuição adequada dos componentes celulares, sem evidência de impacto analítico persistente.

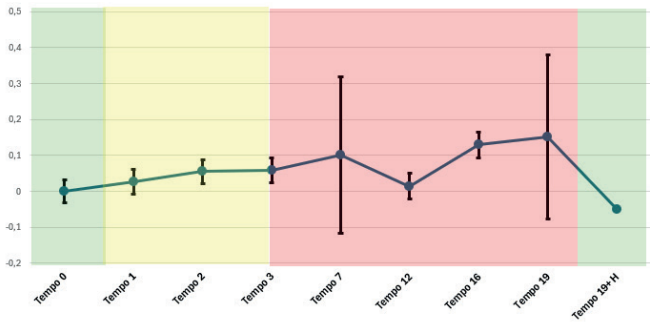



**Figura 1.** Variação dos resultados de hemoglobina glicada em função do tempo de sedimentação.

No segundo ensaio, realizado em condições rotineiras de processamento laboratorial e com utilização de diferentes packs de reagentes, nenhuma das amostras apresentou variação absoluta superior a 0,1 nos tempos avaliados de 3, 7, 12, 15 e 24 horas. Esses resultados reforçam a estabilidade analítica das amostras mesmo em condições reais de rotina, nas quais há maior variabilidade operacional. Resultados semelhantes foram observados no terceiro ensaio, realizado em um segundo equipamento Cobas c513, no qual também não foram identificadas variações superiores a 0,1 em valor absoluto. Os achados reforçam a harmonização entre os equipamentos avaliados e demonstram adequada reprodutibilidade analítica, mesmo na ausência de homogeneização prévia das amostras. De forma geral, a baixa variabilidade observada ao longo dos ensaios sugere que o método imunoturbidimétrico utilizado apresenta robustez analítica frente aos diferentes tempos de sedimentação avaliados. Considerando que as variações encontradas permaneceram dentro da variabilidade esperada para a rotina laboratorial e sem impacto clínico relevante, os resultados indicam potencial aplicabilidade da análise de amostras não homogeneizadas em ambientes laboratoriais com elevado grau de automação.

**Conclusão**

Os resultados demonstraram que as variações observadas ao longo dos testes são compatíveis com a variabilidade analítica normalmente encontrada na rotina laboratorial, mesmo em amostras previamente homogeneizadas. Dessa forma, para os tempos de sedimentação avaliados, a ausência de homogeneização não promoveu interferência significativa nos resultados de hemoglobina glicada por imunoturbidimetria. Os achados sugerem que o processamento de amostras não homogeneizadas pode representar uma alternativa viável em laboratórios com alto grau de automação, contribuindo para otimização do fluxo analítico sem comprometimento da qualidade dos resultados liberados, além de reforçar a reprodutibilidade do método nas condições testadas e sua aplicabilidade na rotina laboratorial.

**Palavras-chave:** Sedimentação, Hemoglobina Glicada, Automação laboratorial.

**Referências**

Rodacki M, Cobas RA, Zajdenverg L, Silva Júnior WS, Giacaglia L, Calliari LE, et al. Diagnóstico de diabetes mellitus. Diretriz da Sociedade Brasileira de Diabetes – Ed. 2024. São Paulo: Sociedade Brasileira de Diabetes; 2024. Disponível em: Diretriz SBD – Diagnóstico de diabetes mellitus. Acesso em: 19 maio 2026.

## P-083

## Perfil epidemiológico, clínico e laboratorial dos pacientes com hemofilia acompanhados no HEMOMAR

Aline Raquel Ferreira Silva[1], Elizeu Pereira dos Santos[1], Samantha Borges Villis[1], Michael Santos Ribeiro[2], Ana Larysse Lacerda Dourado[2], Flávia Mendonça Lima Batista[2], Aruanã Joaquim Matheus Costa Rodrigues Pinheiro[3]

*[1]Mestrado em Biociências Aplicadas à Saúde - Universidade CEUMA; [2]Doutorado Rede Bionorte - Universidade CEUMA; [3]Docente - Universidade CEUMA*

A hemofilia é uma coagulopatia hereditária rara caracterizada pela deficiência dos fatores VIII (hemofilia A) ou IX (hemofilia B), apresentando importante impacto clínico e laboratorial, especialmente nos casos moderados e graves. A presença de inibidores representa uma das principais complicações terapêuticas, dificultando o manejo clínico e aumentando a morbidade. Esse trabalho objetivou descrever o perfil epidemiológico, clínico e laboratorial dos pacientes com hemofilia cadastrados no HEMOMAR, com ênfase na gravidade da doença e na testagem de inibidores. Trata-se de um estudo observacional, transversal e retrospectivo, realizado a partir de dados extraídos da plataforma Hemovida Web do Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão (HEMOMAR). O estudo possui aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa através do Número do Parecer: 8.400.213 e CAAE: 96192526.0.0000.5084. Dos 611 pacientes cadastrados na plataforma, 268 (43,9%) apresentavam hemofilia A, 36 (5,9%) hemofilia B e apenas 5 mulheres eram portadoras de hemofilia A. Entre os pacientes com hemofilia A, observou-se predominância da forma moderada (113/268; 42,2%), seguida das formas grave (76/268; 28,4%) e leve (71/268; 26,5%). A análise da testagem de inibidores demonstrou maior frequência de resultados positivos em pacientes graves (11 casos), corroborando a literatura quanto à associação entre formas graves e maior risco de desenvolvimento de aloanticorpos. Entretanto, identificou-se número expressivo de indivíduos sem testagem registrada, principalmente entre pacientes leves e moderados, evidenciando fragilidades no monitoramento laboratorial contínuo. Os achados reforçam a importância da vigilância hematológica sistemática e do fortalecimento das estratégias de rastreamento de inibidores. Dessa forma, os dados demonstram predominância da hemofilia A moderada no HEMOMAR e maior ocorrência de inibidores entre pacientes graves. A subnotificação e ausência de testagem em parte dos pacientes evidenciam necessidade de ampliação do acompanhamento laboratorial e fortalecimento das políticas de monitoramento da hemofilia no Maranhão.

**Palavras-chave:** Coagulopatias, epidemiologia, coagulação.

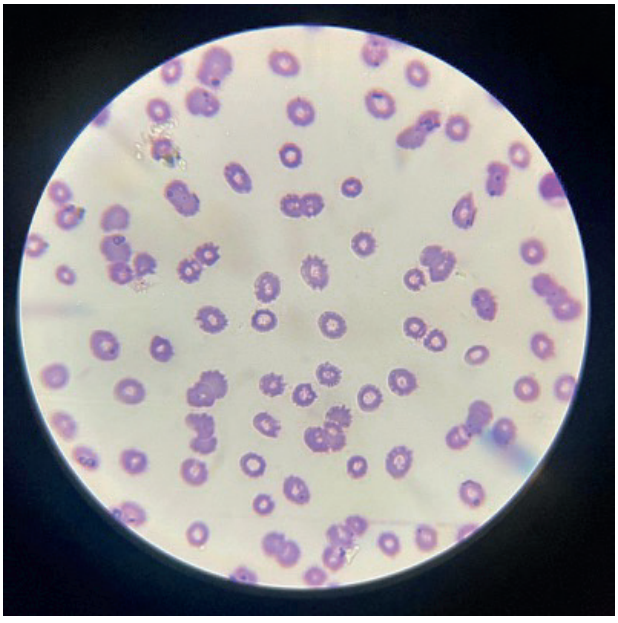
## P-149

### The Importance of Peripheral Blood Smear in the Etiological Investigation of Anemias

Amanda de Aragão Ferreira Barboza[1], Pedro Henrique Wanderley Emiliano[1], Alinne Samara Félix de Farias[1], Rikelly Rhuana Nunes da Silva[1], Cícera dos Santos[1]

*[1]Faculdade Santa Bárbara*

**Abstract**: Anemia is defined as a reduction in the number of red blood cells, or erythrocytes, or in hemoglobin levels in the blood, which decreases the body's ability to transport oxygen to tissues and organs. Rather than being considered an isolated disease, anemia should be understood as a clinical finding; that is, a warning sign indicating that another underlying dysfunction in the body must be investigated and treated. Peripheral blood smear analysis for the diagnosis of anemia allows the cytomorphological identification of anisocytosis, chromia changes, and poikilocytosis, thereby guiding the etiological investigation of this clinical finding. In the assessment of anisocytosis, microscopy detects microcytosis and macrocytosis. Regarding chromia, hypochromia can be identified and is characterized by enlargement of the central pallor due to hemoglobin deficiency. In contrast, hyperchromia is a rare finding typically associated with conditions such as hereditary spherocytosis. Diagnostic guidance is established through the characterization of poikilocytosis, whose specific morphotypes, such as sickle cells, target cells, and schistocytes, act as definitive diagnostic markers, converting quantitative indices into a precise qualitative diagnosis. **Method**: A peripheral blood sample, collected in a tube containing EDTA anticoagulant, was used to prepare a blood smear by manual spreading on a glass slide. After drying at room temperature, Rapid Panoptic staining was performed through sequential immersion in the fixative reagent, acidic reagent, and basic reagent, respecting an immersion time of 5 to 10 seconds for each step. Subsequently, the slide was washed under running water, dried, and submitted to morphological analysis by optical microscopy using an oil immersion objective. **Caption**: Anisocytosis and chromia changes: presence of microcytic and hypochromic red blood cells. Rapid Panoptic staining, 100x.



**Keywords:** Anemia, Blood Smear, Screening.

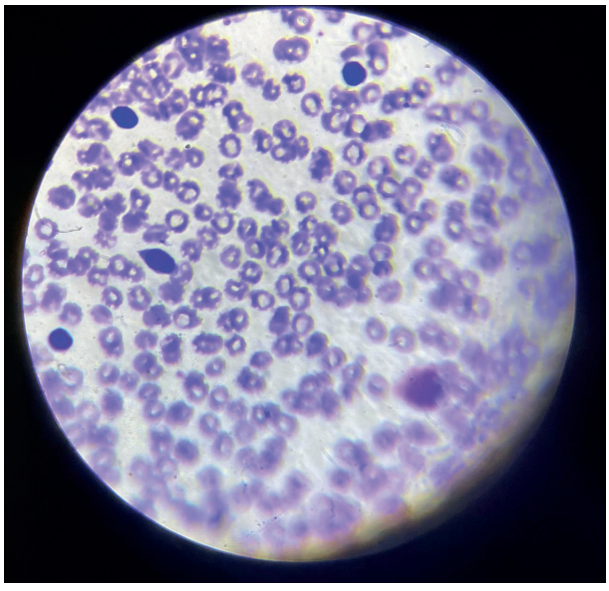
## P-153

### Peripheral Blood Smear in the Presumptive Diagnosis of Chronic Lymphocytic Leukemia

Amanda de Aragão Ferreira Barboza[1], Hosana Marques Ferreira[1], Pedro Henrique Wanderley Emiliano[1], Rikelly Rhuana Nunes da Silva[1], Cícera dos Santos[1]

*[1]Faculdade Santa Bárbara*

**Abstract**: Chronic Lymphocytic Leukemia (CLL) is a slowly progressive hematological neoplasm characterized by the clonal proliferation and progressive accumulation of phenotypically mature B lymphocytes with reduced immunological function. These cells are distributed throughout the peripheral blood, bone marrow, and lymphoid tissues. During the diagnostic investigation, the peripheral blood smear plays a fundamental role in screening and diagnostic orientation, establishing the initial morphological suspicion before confirmation by immunophenotyping. Microscopic analysis reveals an absolute predominance of small, mature lymphocytes with scant cytoplasm and a rounded nucleus containing densely condensed chromatin. The most characteristic finding is the presence of Gumprecht shadows, also known as smudge cells, which appear as blurred cellular remnants lacking well-defined cytoplasmic borders. **Method**: A peripheral blood sample collected in a tube containing EDTA anticoagulant was used to prepare a blood smear by manual spreading on a glass slide. After drying at room temperature, Rapid Panoptic staining was performed through sequential immersion in the fixative, acidic, and basic reagents, respecting an immersion time of 5 to 10 seconds for each step. Subsequently, the slide was washed under running water, dried, and submitted to morphological analysis by optical microscopy using a 40x objective lens. **Caption**: Peripheral blood smear stained by the Rapid Panoptic method (40x) showing lymphocytosis and the presence of Gumprecht shadows (smudge cells).



**Keywords:** Blood Smear, Chronic Lymphocytic Leukemia, Diagnosis.

## P-158

### Avaliação retrospectiva da pseudotrombocitopenia induzida por EDTA em um laboratório privado de análises clínicas em Anápolis-GO

Tainá de Paula Pinheiro[1], Isabella Cristina Araújo[1], Matheus Henrique de Souza Reis[1], Anna Carolina Boaventura[1], Claudianne Vieira Chagas[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**
A pseudotrombocitopenia induzida por EDTA é um fenômeno laboratorial caracterizado pela redução espúria da contagem plaquetária decorrente da agregação plaquetária in vitro, o que pode levar a interpretações clínicas equivocadas e a intervenções desnecessárias. A confirmação diagnóstica por meio da contagem plaquetária em citrato constitui uma importante ferramenta na rotina laboratorial.

**Objetivo**
Avaliar retrospectivamente a ocorrência de pseudotrombocitopenia induzida por EDTA em pacientes atendidos em um laboratório privado de análises clínicas no município de Anápolis-GO, por meio da comparação entre contagens plaquetárias realizadas com EDTA e com citrato.

**Métodos**
Trata-se de um estudo retrospectivo, observacional e analítico, realizado a partir de um banco de dados laboratorial referente ao período de janeiro a dezembro de 2025. Foram incluídos pacientes submetidos à realização de hemograma completo, com posterior contagem plaquetária em amostra com citrato de sódio. As variáveis analisadas incluíram idade, sexo, hemoglobina, hematócrito, contagem plaquetária em EDTA, contagem plaquetária em citrato, volume plaquetário médio (MPV) em EDTA e revisão microscópica do esfregaço sanguíneo. As análises hematológicas foram realizadas em analisador hematológico automatizado Sysmex XN-550®. Foi considerada pseudotrombocitopenia a recuperação significativa da contagem plaquetária em citrato em relação à do EDTA, com aumento percentual de 20% ou mais. Os dados foram analisados com software estatístico apropriado, adotando-se o nível de significância de 5%.

**Resultados e Discussão**
Foram analisados 113 pacientes com suspeita laboratorial de pseudotrombocitopenia. Observou-se diferença estatisticamente significativa entre as contagens plaquetárias realizadas em EDTA e em citrato ($p < 0,05$). A recuperação plaquetária média foi de 113,3%. A prevalência de pseudotrombocitopenia observada foi de 53,0%.

**Conclusão**
A pseudotrombocitopenia induzida por EDTA apresentou ocorrência relevante na rotina laboratorial analisada. A utilização do citrato mostrou-se eficaz para a confirmação diagnóstica, contribuindo para maior segurança na interpretação dos resultados hematológicos e para a redução de diagnósticos incorretos de trombocitopenia.

**Palavras-chave:** pseudotrombocitopenia, Hematologia, EDTA.

# ÁREA: IMUNOLOGIA CLÍNICA

## P-001

### Papel da Adenosina Deaminase na resposta imune celular e humoral anti-SARS-CoV2 em pacientes após a COVID-19 e vacinados

Rosana Pereira Morais[1], Rodrigo Saar Gomes[1], Murilo Barros Silveira[1], Fatima Ribeiro Dias[1]

[1]*IPTSP/UFG*

**Introdução:** A COVID-19, causada pelo SARS-CoV-2, apresenta amplo espectro clínico, de formas assintomáticas a quadros graves. Apesar da eficácia das vacinas, persistem dúvidas sobre a magnitude e duração da resposta imune. A adenosina deaminase (ADA) desempenha papel relevante na modulação da resposta inflamatória e na ativação de linfócitos T e B. **Objetivo:** Avaliar a participação da ADA no perfil da resposta imune após infecção natural pelo SARS-CoV-2 e após vacinação. **Métodos:** Foram analisadas a concentração e a atividade da ADA em amostras séricas de indivíduos com e sem histórico de COVID-19, antes e após vacinação. Avaliou-se a resposta humoral por meio da quantificação de anticorpos IgG anti-S (total, S1, S2, RBD) e anti-N. A produção de IFN-γ foi correlacionada com a atividade de ADA. Adicionalmente, foram analisados dados de transcriptoma de sangue total disponíveis em banco público. **Resultados e discussão:** Indivíduos com COVID-19 prévia apresentaram maiores níveis de ADA antes da vacinação. Após a primeira dose vacinal, houve aumento significativo da concentração e atividade de ADA em todos os grupos. Observou-se maior intensidade de fluorescência média de anticorpos em indivíduos previamente infectados, com aumento adicional após vacinação. A atividade de ADA correlacionou-se positivamente com níveis de IFN-γ. A análise transcriptômica revelou correlação positiva da ADA com citocinas pró-inflamatórias (IFN-γ, TNF, IL-6) e genes associados à ativação e diferenciação de linfócitos B e T (MS4A1, CD44, CD27, XBP1, IL2RA, CD69, CD40LG, PTPRC, IL7R). **Conclusão:** A infecção por SARS-CoV-2 e a vacinação aumentam a concentração e atividade de ADA, independentemente de infecção prévia. Na imunidade híbrida, a ADA associa-se a um perfil de resposta TH1, sugerindo papel relevante na modulação da resposta imune adaptativa celular e humoral.

**Palavras-chave:** COVID19, adenosina deaminase, vacina.

## P-020

### Incidência de sorologias de doadores HIV positivas em um hemocentro de referência do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2025

Vanessa Kelly Alves da Silva Marinho[1], Klarissa Bezerra de Souza Brandão[1], Fernanda Pinto Gadelha[1], Daliana Caldas Pessoa da Silva[1]

[1]*SESAP RN*

**Introdução:** A triagem sorológica em serviços de hemoterapia constitui uma importante ferramenta para garantia da segurança transfusional e prevenção da transmissão de infecções por via sanguínea. Entre as infecções investigadas, o vírus da imunodeficiência humana (HIV) apresenta relevante impacto epidemiológico e sanitário, reforçando a necessidade do monitoramento contínuo nos hemocentros.
**Objetivo:** Analisar a incidência de sorologias positivas para HIV em doadores de sangue de um hemocentro de referência do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2025.

**Método:** Trata-se de um estudo retrospectivo, descritivo, realizado a partir de dados obtidos no sistema Hemovida, software utilizado pelo hemocentro para gerenciamento das informações hemoterápicas. Foram analisadas as sorologias realizadas em candidatos à doação de sangue no período de janeiro a dezembro de 2025.
**Resultados:** No período analisado, foram realizadas 71.181 sorologias em doadores de sangue, das quais 94 apresentaram resultado positivo para HIV, correspondendo a uma incidência aproximada de 0,13%. Os dados demonstram baixa frequência de positividade entre os doadores avaliados, evidenciando a efetividade das estratégias de triagem clínica e laboratorial adotadas pelo serviço hemoterápico.
**Conclusão:** A incidência de sorologias positivas para HIV observada no período estudado reforça a importância da triagem sorológica como medida essencial para a segurança transfusional. O monitoramento contínuo dos indicadores epidemiológicos em hemocentros contribui para a prevenção da transmissão de infecções por transfusão sanguínea e para a manutenção da qualidade dos serviços de hemoterapia.

**Palavras-chave:** HIV, Triagem sorológica, Segurança transfusional.

## P-021

### Incidência de sorologias de doadores HTLV positivas em um hemocentro de referência do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2025

Daliana Caldas Pessoa da Silva[1], Vanessa Kelly Alves da Silva Marinho[1], Fernanda Pinto Gadelha[1], Klarissa Bezerra de Souza Brandão[1]

*[1]SESAP RN*

**Introdução:** A triagem sorológica em serviços de hemoterapia é fundamental para a garantia da segurança transfusional e prevenção da transmissão de infecções por via sanguínea. Entre os agentes investigados, o vírus linfotrópico de células T humanas (HTLV) possui relevância epidemiológica devido ao potencial de transmissão transfusional e associação com doenças infecciosas e neurológicas.
**Objetivo:** Analisar a incidência de sorologias positivas para HTLV em doadores de sangue de um hemocentro de referência do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2025.
**Método:** Trata-se de um estudo retrospectivo, descritivo, realizado a partir de dados obtidos no sistema Hemovida, software utilizado pelo hemocentro para gerenciamento das informações hemoterápicas. Foram analisadas as sorologias realizadas em candidatos à doação de sangue no período de janeiro a dezembro de 2025.
**Resultados:** No período analisado, foram realizadas 71.181 sorologias em doadores de sangue, das quais 72 apresentaram resultado positivo para HTLV, correspondendo a uma incidência aproximada de 0,10%. Os dados evidenciam baixa frequência de positividade entre os doadores avaliados, demonstrando a importância da triagem clínica e laboratorial na redução dos riscos transfusionais.
**Conclusão:** A incidência de sorologias positivas para HTLV observada no período estudado reforça a relevância da triagem sorológica como estratégia indispensável para a segurança transfusional. O monitoramento contínuo dos indicadores epidemiológicos em hemocentros contribui para a prevenção da transmissão de infecções por transfusão sanguínea e para a manutenção da qualidade dos serviços hemoterápicos.

**Palavras-chave:** HTLV, Segurança transfusional, Triagem sorológica.

## P-022

### Incidência de sorologias treponêmicas positivas para sífilis em um hemocentro de referência do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2025

Vanessa Kelly Alves da Silva Marinho[1], Fernanda Pinto Gadelha[1], Klarissa Bezerra de Souza Brandão[1], Daliana Caldas Pessoa da Silva[1]

*[1]SESAP RN*

**Introdução:** A sífilis permanece como um importante problema de saúde pública, apresentando relevância nos serviços de hemoterapia devido ao potencial risco de transmissão transfusional. A triagem sorológica em bancos de sangue é fundamental para garantir a segurança transfusional e a qualidade dos hemocomponentes disponibilizados à população.
**Objetivo:** Analisar a incidência de sorologias positivas para sífilis em doadores de sangue de um hemocentro de referência do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2025.
**Método:** Trata-se de um estudo retrospectivo, descritivo, realizado a partir de dados obtidos no sistema Hemovida, software utilizado pelo hemocentro para gerenciamento das informações hemoterápicas. Foram analisadas as sorologias realizadas em candidatos à doação de sangue no período de janeiro a dezembro de 2025. O teste utilizado para triagem da sífilis foi a quimioluminescência, caracterizada como exame sorológico treponêmico.
**Resultados:** No período analisado, foram realizadas 71.181 sorologias em doadores de sangue, das quais 598 apresentaram resultado positivo para sífilis, correspondendo a uma incidência aproximada de 0,84%. Por se tratar de um teste treponêmico, os resultados positivos podem indicar infecção ativa ou infecção pregressa, incluindo indivíduos previamente tratados que permanecem com cicatriz sorológica. Dessa forma, mesmo após tratamento e cura clínica, a persistência da positividade inviabiliza a utilização da bolsa de sangue para transfusão.
**Conclusão:** Os achados reforçam a importância da triagem sorológica na segurança transfusional, especialmente na detecção de marcadores infecciosos que podem comprometer a qualidade dos hemocomponentes. O monitoramento contínuo das sorologias positivas para sífilis contribui para a prevenção da transmissão transfusional e para o fortalecimento das estratégias de vigilância em hemoterapia.

**Palavras-chave:** Sífilis, Segurança transfusional, Triagem sorológica.

## P-025

### Title: Comparison of two chemiluminescent immunoassay (CLIA) methods for the determination of IL-1β and soluble IL-2 receptor.

Diego Faggian[1]

*[1]Hospital University of Padua Italy*

**Introduction**: The measurement of interleukin-1 β and soluble IL-2 receptor represent a key laboratory tool for evaluating inflammatory status. **Objective**: To identify a suitable alternative to the current methods for IL-1β and sIL-2R quantification performed on the Immulite1 analyser (Siemens). For this purpose, results obtained with the Immulite1 were compared with those generated by a new analyser (DF100i, Diagreat, China). **Methods**: For the DF100i, the Expanded Measurement uncertainty was estimated using Internal Quality Control (IQC) material. Method comparison was performed using serum samples from 34 consecutive patients referred to our laboratory. Agreement between methods was assessed by Bland–Altman analysis, Passing–Bablok regression, and linear regression. **Results and**

**Discussion**: Analytical performance was evaluated in terms of imprecision (CV%), correlation (r), and bias (systematic error). For the DF100i method: ***sIL-2R*:** at level 92, expanded uncertainty = 6.8%; at level 2268, expanded uncertainty = 5.0%. ***IL-1β*:** at level 98, expanded uncertainty = 7.7%; at level 795, expanded uncertainty = 8.0%. Compared with the Immulite One, IL-1β measurements showed a marked underestimation by the DF100i method. Bland–Altman analysis demonstrated a strongly negative and statistically significant percentage bias, while linear regression revealed weak correlation, indicating poor agreement and lack of interchangeability. This discrepancy may lead to clinically relevant misclassification, particularly at low concentration levels. For sIL-2R, the DF100i method showed systematic overestimation. Bland–Altman analysis demonstrated a statistically significant positive percentage bias. Passing–Bablok regression confirmed the presence of a proportional bias, while linear regression showed good correlation but with deviation from the line of identity, especially at higher concentrations. These findings indicate lack of interchangeability and a potential clinical impact in the upper measurement range. **Conclusion**: New CLIA methods implemented on the Diagreat platform demonstrated acceptable intra-laboratory imprecision. However, poor agreement with the previously used Immulite1 method was observed for both analytes.

**Keywords:** Interleukins, Inflammatory state, immune system.

## P-030

## Estratificação de risco infeccioso gestacional e análise da notificação no SINAN em gestantes com VDRL reagente acompanhadas em unidades básicas de saúde de Fortaleza - CE.

Juliete Tavares[2], Maria Gabriela Araújo Mendes[2], Juliana Costa Albuquerque[1], Joel Xavier Gomes[2], Maxwel Sampaio Pereira[2], Márcia Pinheiro Sales[3]

*[1]Analista de Qualidade e Segurança/Laboratório Primilab-ISGH; [2]Analista Clínico/Laboratório Primilab-ISGH; [3]Gerente Geral/Laboratório Primilab-ISGH.*

**Introdução**: A sífilis é uma infecção sexualmente transmissível provocada pela bactéria *Treponema pallidum*. Representa um relevante desafio para a saúde pública, uma vez que gera sérios problemas para a saúde materno-fetal quando não é identificada e tratada previamente. Durante a gravidez, a infecção pode levar a aborto espontâneo, natimortalidade, nascimento prematuro e sífilis congênita, além de problemas neonatais como surdez, cegueira e malformações. **Objetivo**: O objetivo deste estudo foi comparar os resultados de *Venereal Disease Research Laboratory* (VDRL) reagentes em gestantes com os casos confirmados de sífilis gestacional notificados no SINAN em Fortaleza no ano de 2024. A pesquisa buscou avaliar a concordância entre os dados laboratoriais e epidemiológicos, além de estratificar os casos por faixa etária e unidade básica de saúde de origem. **Métodos**: Trata-se de um estudo observacional, analítico e transversal, conduzido com base em dados secundários de gestantes atendidas no laboratório PRIMILAB, em Fortaleza, no ano de 2024. Foram removidas as amostras das gestantes com registros incompletos ou inconsistentes. **Resultados e Discussão**: Foram identificados 2.042 exames VDRL reagentes em gestantes. Destes, 544 (26,6%) apresentaram titulações ≥1:32. Na análise por faixa etária, as gestantes <20 anos apresentaram a maior gravidade clínica, com 33,0% (n=181). Observou-se uma subnotificação estimada de 70,2% ao comparar os dados laboratoriais (2.042) com os registros oficiais do SINAN(608) verificados através do TabNet/DATASUS. **Conclusão**: Os resultados laboratoriais e as notificações oficiais apresentaram uma discrepância importante, indicando subnotificação. Além disso, observou-se maior média de titulações de VDRL reagente em gestantes <20 anos. Esses achados destacam a importância de melhorar as notificações, fortalecer a Atenção Primária à Saúde (APS) e expandir as iniciativas educativas e o acompanhamento pré-natal para adolescentes.

**Palavras-chave:** Sífilis gestacional, VDRL, Subnotificação, Vigilância epidemiológica, SINAN.

**Referências**

COSTA, C. C. et al. Sífilis congênita no Ceará: análise epidemiológica de uma década. Revista da Escola de Enfermagem da USP, São Paulo, v. 47, n. 1, p. 152-159, 2013.

LESLIE, S. W.; VAIDYA, R. Congenital and maternal syphilis. In: STATPEARLS [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing, 2026. Atualizado em: 17 ago. 2024.

SECRETARIA DA SAÚDE DO ESTADO DO CEARÁ. Boletim epidemiológico: sífilis. Ceará: Secretaria da Saúde do Estado do Ceará, 2025. Disponível em: Secretaria da Saúde do Ceará. Acesso em: 08 maio 2026.

RODRIGUES BARBOSA DE MORAES, Alice et al. Epidemiological profile of gestational syphilis and congenital syphilis in a reference center in Northeast Brazil: risk factors and trend from 2019 to 2021. Brazilian Journal of Sexually Transmitted Diseases, Niterói, v. 35, 2023.

## P-052

## Aumento de casos de Influenza A no primeiro trimestre de 2026 em laboratório privado de Teresina-PI

Denilson de Araujo e Silva[1], Adriana de Oliveira Silva Viana[1], Barbara de Lacerda Valença Martins[1], Sylvio Jose Colonna Romano[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

*[1]Laboratório Bioanálise/Grupo Sabin; [2]Sabin*

**Introdução:** A Influenza é uma infecção viral respiratória de grande relevância em saúde pública, com padrões sazonais variáveis no Brasil, especialmente nas regiões Norte e Nordeste. **Objetivo:** Avaliar a variação temporal dos casos de Influenza em um laboratório privado de Teresina-PI, comparando o primeiro trimestre de 2025 e 2026. **Métodos:** Estudo retrospectivo descritivo baseado em dados laboratoriais de testes para detecção de Influenza A e B realizados entre janeiro e março de 2025 e 2026. Foram analisados o número total de exames e a taxa de positividade. Esse artigo dispensa submissão ao CEP. **Resultados e Discussão:** Em 2025, foram realizados 13 testes, sem detecção de casos positivos (0%). Em 2026, observou-se aumento expressivo para 34 testes, representando crescimento de 161,5% na demanda diagnóstica. Desses, 6 apresentaram resultado positivo para Influenza A, correspondendo a uma taxa de positividade de 17,6%, com concentração nos meses de fevereiro (2/14; 14,3%) e março (4/15; 26,7%). Não houve detecção de Influenza B em nenhum dos períodos analisados. Os achados sugerem maior circulação viral em 2026, compatível com a retomada da sazonalidade dos vírus respiratórios no período pós-pandêmico. A predominância exclusiva de Influenza A está alinhada a dados nacionais recentes, nos quais esse subtipo representa parcela significativa dos casos e óbitos por vírus respiratórios. Adicionalmente, o aumento observado é consistente com tendências regionais descritas para o Nordeste, incluindo elevação de hospitalizações associadas à Influenza A. A variabilidade sazonal regional reforça a influência de fatores climáticos e comportamentais na dinâmica de transmissão. **Conclusão:** Evidencia-se aumento relevante da circulação de Influenza A no início de 2026 em Teresina, sugerindo intensificação sazonal ou surto local. Os achados reforçam a importância da vigilância laboratorial contínua, considerando limitações como tamanho amostral reduzido e viés de seleção.

**Palavras-chave:** Influenza A,Vírus respiratório, Infecção Viral.

## P-068

### Leptospirose: Relato de caso e análise clínica de um paciente atendido em um laboratório de Uberaba, Minas Gerais

Josiane Cristina dos Reis Mendes[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução:** A Leptospirose humana é uma zoonose de alta incidência no Brasil e endêmica no estado de Minas Gerais, tornando-se epidêmica nas estações chuvosas, sobretudo em cidades com condições inadequadas de saneamento básico, que propiciam a contaminação da água com urina de roedores, o *Raltus norvegicus*. O agente causador da doença é a *Leptospira sp*. **Relato do caso:** 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). Paciente do sexo feminino, com 39 anos de idade, apresentou resultado positivo para Leptospirose IgM, diagnosticado pelo método de Imunoensaio Enzimático. **Discussão:** Em amostra de sangue periférico do paciente, foram detectados a presença de Anticorpos IgM, com índice de 1,4. A complexidade do teste de MAT (Técnica de Aglutinação Microscópica), leva ao emprego de testes sorológicos mais simples, que podem ser utilizados na fase aguda da doença, permitindo o diagnóstico precoce da Leptospirose. **Conclusão:** O teste de ELISA-IgM apresenta uma boa eficácia para detecção precoce da doença, devido à alta sensibilidade, contribuindo para o melhor prognóstico dos pacientes e diminuindo a letalidade. Embora não apresente a mesma especificidade do padrão-ouro (MAT), o teste pode ser utilizado como triagem em locais com pouca infraestrutura, o que contribui para o diagnóstico precoce da Leptospirose. O diagnóstico laboratorial precoce permite orientação clínica adequada e prevenção de complicações associadas.

**Palavras-chave:** Leptospirose, ELISA, Anticorpos.

## P-082

### Associação entre hipergamaglobulinemia policlonal e positividade do FAN/HEp-2: um estudo caso-controle pareado

**PRÊMIO SBAC**

Juan Manuel Diniz Vargas Arancibia[1], Nathália Cristinah Lima Evangelista[1], Camila Yamamoto Rodrigues[1], Leonardo Oliveira Milhomem[1], Maria Luiza dos Santos Rodrigues Vaz[1], Guilherme Matos de Lima[1], Marcelo Braga Brandão Melo[1], Alessandra Lopes Barbosa[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Rafael Henriques Jácomo[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

A eletroforese de proteínas séricas (EPROT) é uma metodologia consolidada na rotina laboratorial para avaliação do perfil proteico sérico, permitindo a análise das frações albumina, alfa-1, alfa-2, beta-1, beta-2 e gama[1]. Além de sua aplicação na investigação de gamopatias monoclonais, a EPROT pode evidenciar alterações associadas a outros processos patológicos[1,2]. A fração gama tem relevância clínica por concentrar grande parte das imunoglobulinas circulantes e por refletir alterações da resposta imunológica humoral[2]. O aumento difuso dessa região, na ausência de pico ou componente monoclonal, caracteriza a hipergamaglobulinemia policlonal (HP), alteração observada em contextos como doenças inflamatórias, hepáticas, infecciosas e autoimunes[3-5]. O FAN/HEp-2 é utilizado na investigação de autoanticorpos associados a doenças autoimunes sistêmicas, e sua interpretação envolve a reatividade, o título e o padrão de fluorescência observado[6,7]. De forma isolada, a reatividade do FAN/HEp-2 não define diagnóstico de doença autoimune, entretanto, títulos elevados e determinados padrões podem apresentar maior relevância clínica quando interpretados em conjunto com dados clínicos e laboratoriais[8,9].

Considerando que a HP e a reatividade do FAN/HEp-2 podem refletir a ativação da imunidade humoral, investigar essa associação pode favorecer uma interpretação laboratorial mais integrada. A identificação de perfis laboratoriais associados também pode subsidiar estratégias futuras de uso racional de exames, alinhadas ao conceito de gestão do uso de testes laboratoriais (*laboratory stewardship*).

**Objetivo**

Avaliar a associação entre hipergamaglobulinemia policlonal, definida por fração gama > 2,0 g/dL na EPROT, e reatividade do FAN/HEp-2 de resultados laboratoriais simultâneos. Como objetivos secundários, avaliar a frequência de títulos elevados de FAN/HEp-2 (≥ 1:320) e descrever os principais padrões de fluorescência nos casos com hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente.

**Métodos**

Foi realizado um estudo observacional retrospectivo, com desenho caso-controle pareado, utilizando resultados laboratoriais de EPROT e FAN/HEp-2 obtidos entre janeiro e dezembro de 2025 em um laboratório de análises clínicas. Os dados foram extraídos de um banco laboratorial interno mediante autorização institucional do Núcleo de Apoio à Pesquisa, em projeto previamente registrado e aprovado pela instituição. A base foi fornecida anonimizada e irreversível, com análise e apresentação dos resultados exclusivamente agregadas. Estudo dispensado de registro CEP/CONEP conforme Resolução CNS nº 510/2016, art. 1º, Súnico, inciso V. Foram identificados 36.932 resultados simultâneos de EPROT e FAN/HEp-2. Após a exclusão de 564 registros com pico monoclonal, componente monoclonal ou descrição compatível com gamopatia monoclonal na EPROT, permaneceram 36.368 resultados elegíveis. Entre eles, 289 apresentavam fração gama > 2,0 g/dL. Fluxograma representado na figura 1.

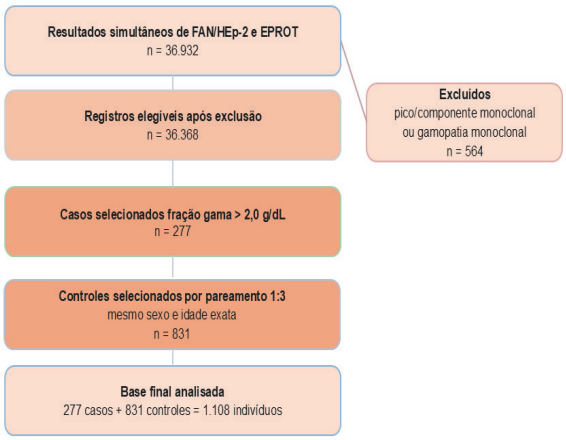



**Figura 1.** Fluxograma da seleção de dados.

**Fonte:** elaborada pelos autores.

Os casos foram definidos como indivíduos com hipergamaglobulinemia policlonal, considerando fração gama > 2,0 g/dL. Como não há consenso universal para esse ponto de corte, o valor foi escolhido por representar elevação laboratorial expressiva e por estar acima de valores de referência descritos na literatura[3,4,10]. A classificação como policlonal foi estabelecida pela ausência de pico monoclonal, componente monoclonal ou descrição compatível com gamopatia monoclonal na EPROT.

Os controles foram definidos como resultados com fração gama ≤ 2,0 g/dL. Após curadoria da base e aplicação de critério de elegibilidade, foram incluídos 277 casos. Para cada caso, foram selecionados três controles, pareados individualmente por sexo e idade exata, sem reposição, totalizando 831 controles e 1.108 indivíduos na base final analisada[11]. Análises realizadas em Python.

A reatividade do FAN/HEp-2 foi categorizada como reagente ou não reagente. Para avaliação de títulos elevados, foi considerada a presença de FAN/HEp-2 em título ≥ 1:320. A associação entre hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente, assim como entre hipergamaglobulinemia e títulos ≥ 1:320, foi avaliada por regressão logística condicional pareada, considerando cada conjunto caso-controles como estrato. Os resultados foram expressos como odds ratio pareado, intervalo de confiança de 95% e valor de p. Como análise complementar, foi construída uma curva ROC do título máximo do FAN/HEp-2 para discriminação entre casos e controles.

**Resultados e Discussão**

A amostra final incluiu 277 indivíduos com hipergamaglobulinemia policlonal e 831 controles pareados por sexo e idade exata, totalizando 1.108 indivíduos. A frequência de FAN/HEp-2 reagente foi maior nos indivíduos com fração gama > 2,0 g/dL. Entre os casos, 58,5% apresentaram FAN/HEp-2 reagente, enquanto nos controles essa frequência foi de 16,1%. Na regressão logística condicional pareada, a hipergamaglobulinemia esteve associada de forma significativa à reatividade do FAN/HEp-2, com OR pareado de 8,15, IC95% 5,76–11,54 e p < 0,001.

A análise dos títulos indicou associação de maior magnitude. FAN/HEp-2 em título ≥ 1:320 foi observado em 47,3% dos casos e em 7,0% dos controles. A regressão logística condicional pareada indicou associação significativa entre hipergamaglobulinemia e títulos elevados de FAN/HEp-2, com OR pareado de 14,34, IC95% 9,17–22,41 e p < 0,001. Esses achados sugerem que a hipergamaglobulinemia policlonal não está apenas associada à reatividade geral do FAN/HEp-2, mas também a resultados com maiores titulações de reatividade.

A curva ROC do título máximo do FAN/HEp-2 para discriminar indivíduos com fração gama > 2,0 g/dL de controles com fração gama ≤ 2,0 g/dL apresentou AUC de 0,74, indicando capacidade discriminatória moderada. O ponto de corte de 1:320 apresentou especificidade de 89,4% no conjunto analisado. Essa análise deve ser interpretada como complementar, uma vez que a análise principal foi baseada no modelo pareado.

Entre os indivíduos com hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente, os padrões mais frequentes foram Nuclear Pontilhado Fino/AC-4 (30,2%) e Nuclear Homogêneo/AC-1 (20,4%). A predominância desses padrões sugere que a associação entre hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 não se restringe a um único perfil de fluorescência, podendo refletir diferentes perfis de ativação do sistema imunológico.

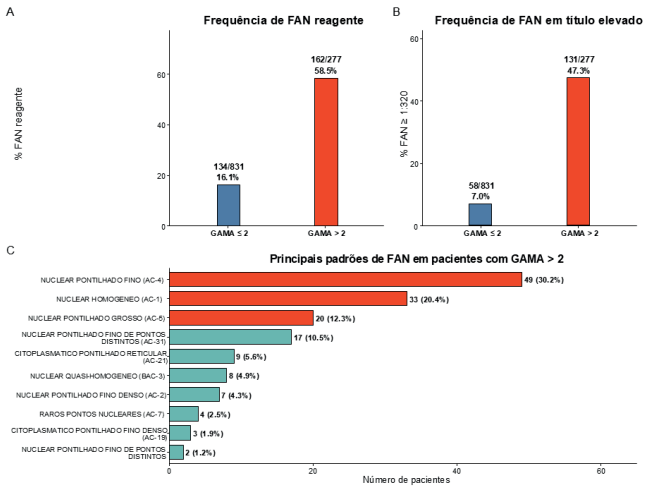



**Figura 2.** Associação entre hipergamaglobulinemia policlonal e reatividade do FAN/HEp-2. A) FAN/HEp-2 reagente. B) FAN/HEp-2 ≥ 1:320. C) Principais padrões de fluorescência em indivíduos com fração gama > 2,0 g/dL.

**Fonte:** elaborada pelos autores.

A correlação fisiológica dessa associação decorre do fato de que a hipergamaglobulinemia policlonal reflete ativação ampla de linfócitos B e plasmócitos, enquanto a reatividade do FAN/HEp-2 indica presença de autoanticorpos contra antígenos celulares. Assim, ambos os achados podem representar manifestações laboratoriais de ativação imunológica sustentada. Na rotina laboratorial, os resultados sugerem que a EPROT pode fornecer informação relevante para a interpretação integrada de indivíduos com maior frequência de FAN/HEp-2 reagente, especialmente em títulos elevados. No entanto, a aplicação prática como alerta laboratorial de EPROT com FAN/HEp-2 exige validação adicional, incluindo avaliação de sensibilidade, especificidade e impacto clínico. Uma limitação importante é que a amostra foi composta por resultados que já possuíam solicitação simultânea de ambos os exames, o que pode representar uma população previamente selecionada por suspeita clínica e limitar a generalização dos achados.

**Conclusão**

A hipergamaglobulinemia policlonal (fração gama > 2,0 g/dL) na EPROT esteve significativamente associada à reatividade do FAN/HEp-2 e à presença de títulos elevados, especialmente ≥ 1:320. Os padrões mais frequentes entre hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente foram AC-4 e AC-1. Esses achados reforçam a importância da interpretação integrada entre EPROT e FAN/HEp-2 na rotina laboratorial e sugerem que a hipergamaglobulinemia pode atuar como marcador laboratorial auxiliar de ativação imune humoral. Estudos prospectivos, com dados clínicos complementares e avaliação de desempenho diagnóstico, são necessários para validar a aplicabilidade desses achados em protocolos reflexos ou estratégias de *laboratory stewardship*.

**Referências**

1. Keren DF, Bocsi G, Billman BL, et al. Laboratory Detection and Initial Diagnosis of Monoclonal Gammopathies. Arch Pathol Lab Med. 2022;146(5):575-590. doi:10.5858/arpa.2020-0794-CP

2. Solanki AS, Sharma N, Thadani D. Pattern of Serum Protein Electrophoresis: Advances in Laboratory Medicine. J Med Evid. 2025;6(1):45. doi:10.4103/JME.JME_103_23

3. Baillou C, Jacomet F, Dejoie T, et al. Polyclonal hypergammaglobulinaemia: towards definition of a threshold. Postgrad Med J. 2023;99(1170):296-301. doi:10.1136/postgradmedj-2021-140591

4. Beuvon C, Martin M, Baillou C, Roblot P, Puyade M. Etiologies of Polyclonal Hypergammaglobulinemia: A scoping review. Eur J Intern Med. 2021;90:119-121. doi:10.1016/j.ejim.2021.05.023

5. Zhao EJ, Cheng CV, Mattman A, Chen LYC. Polyclonal hypergammaglobulinaemia: assessment, clinical interpretation, and management. Lancet Haematol. 2021;8(5):e365-e375. doi:10.1016/S2352-3026(21)00056-9

6. Bonroy C, Vercammen M, Fierz W, et al. Detection of antinuclear antibodies: recommendations from EFLM, EASI and ICAP. Clin Chem Lab Med. 2023;61(7):1167-1198. doi:10.1515/cclm-2023-0209

7. Agmon-Levin N, Damoiseaux J, Kallenberg C, et al. International recommendations for the assessment of autoantibodies to cellular antigens referred to as anti-nuclear antibodies. Ann Rheum Dis. 2014;73(1):17-23. doi:10.1136/annrheumdis-2013-203863

8. Chan EKL, Damoiseaux J, Carballo OG, et al. Report of the First International Consensus on Standardized Nomenclature of Antinuclear Antibody HEp-2 Cell Patterns 2014–2015. Front Immunol. 2015;6:412. doi:10.3389/fimmu.2015.00412

9. Cruvinel W de M, Andrade LEC, Dellavance A, et al. VI Brazilian consensus guidelines for detection of anti-cell autoantibodies on HEp-2 cells. Adv Rheumatol. 2022;62(1):34. doi:10.1186/s42358-022-00266-z

10. Masuda Y, Morita K, Kurokawa M. Positive Anti-nuclear Antibody in Patients with Polyclonal Hypergammaglobulinemia Suggests the Presence of Multiple Distinct Comorbidities. Intern Med. 2024;63(24):3291-3297. doi:10.2169/internalmedicine.3594-24

11. Iwagami M, Shinozaki T. Introduction to Matching in Case-Control and Cohort Studies. Ann Clin Epidemiol. 2022;4(2):33-40. doi:10.37737/ace.22005

**Palavras-chave:** Hipergamaglobulinemia policlonal, FAN/HEp-2, Eletroforese de proteínas séricas.

## ÁREA: MEDICINA VETERINÁRIA LABORATORIAL/ PATOLOGIA CLÍNICA VETERINÁRIA

### P-037

### Estudo da diversidade microbiana e perfil de resistência aos antimicrobianos em espécies de *Hypanus guttatus* do Litoral de Matinhos, Paraná/PR

Renata Garcia Costa[1], Rose Mary Pimentel Bezerra[1], Regiane Trigueiro Vicente[1], Izabela Martins Vicente[1], Eloísa Pinheiro Giareta[2], Renata Daldin Leite[2], Leonardo de Paula Rios[2], Natascha Wosnick[2], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1], Rachel Ann Hauser-Davis[3]

*[1]Laboratório de Microbiologia/LabMicro/DCB/ENSP/FIOCRUZ; [2]Associação MarBrasil, Pontal do Paraná, PR, Brasil; [3]Laboratório de Avaliação e Promoção da Saúde Ambiental/ LAPSA/IOC/FIOCRUZ*

**Introdução** *Hypanus guttatus* é uma espécie de raia marinha encontrada principalmente em regiões costeiras do litoral brasileiro. Esses animais desempenham importante papel ecológico nos ecossistemas marinhos, atuando no controle de populações de invertebrados, contribuindo para o equilíbrio da cadeia alimentar. No entanto, enfrenta riscos relacionados à degradação dos ambientes costeiros, à poluição marinha e principalmente à pesca excessiva e captura acidental em redes de pesca. Dessa forma, estudos sobre conservação, ecologia e microbiologia tornam-se essenciais para monitorar a saúde desses animais. **Objetivo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar a microbiota residente, evidenciando microrganismos potencialmente patogênicos e seu perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos. **Metodologia:** Foram analisados 14 espécimens do litoral de Matinhos/PR, através da coleta em diferentes sítios (cavidade oral, cloaca, superfície dorsolateral, cérebro, gônadas, rins e fígado), em meio Cary-Blair (aprovação CEUA/ UFPR N-1668-23075069300/2024-11). As amostras foram encaminhadas ao LABMicro/DCB/ENSP/FIOCRUZ para isolamento em meios seletivos-indicadores e identificação por provas bioquímicas clássicas. Realizou-se avaliação da suscetibilidade antimicrobiana, segundo CLSI/BrCAST, para drogas de importância clínica e veterinária. **Resultado e Discussão:** A análise microbiológica evidenciou 22 espécies distintas nos diferentes sítios avaliados. Na sua maioria, bactérias oportunistas associadas ao ambiente aquático ou à microbiota desses animais, como *Aeromonas* sp.; *Serratia* sp. e *Shewanella putrefaciens*, patógenos de relevância epidemiológica. Destacam-se ainda *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli e Proteus* sp., bioindicadores de poluição ambiental e contaminação fecal desses ambientes. Esses microrganismos, apresentaram perfil MDR, incluindo drogas de última geração como Cefalosporinas de 3ª/4ª geração e Fluoroquinolonas, possivelmente reflexo da pressão seletiva exercida pelo meio, representando um risco para a saúde animal, humana e para o equilíbrio ecológico. **Conclusão:** Os resultados indicam que elasmobrânquios são bons indicadores ambientais e a circulação de microrganismos resistentes reforçam a importância de estudos de vigilância que forneçam subsídios para o desenvolvimento de estratégias que auxiliem na preservação desta espécie nos ecossistemas marinhos.

**Palavras-chave:** Raias, Patógenos bacterianos, Resistência Antimicrobiana.

### P-075

### Monitorização Microbiológica Ambiental em Hospital Veterinário: Prevalência de Microrganismos Multirresistentes e Implicações para Controle de Infecção

Andressa Staggemeier[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Camila Rheinheimer[1], Lauren Santos de Mello[1], Cássia da Silva Marchi[1], Melissa Silveira Vieira[1], Ana Raquel Capeletti Imfeld[1], Gabriela Burguez Barbosa[1], Luana Werner Dutra[1], Paula Boeira Bassi[1]

*[1]Lab Center Vet*

**Introdução**

As Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) representam um desafio significativo em ambientes hospitalares, particularmente em instituições veterinárias. O ambiente hospitalar funciona como interface de troca de microrganismos multirresistentes, exigindo vigilância contínua sob a ótica de "Saúde Única". A contaminação microbiológica de superfícies e equipamentos constitui fator de risco importante para a disseminação de patógenos, especialmente quando associada ao perfil de multirresistência antimicrobiana. Gêneros como *Staphylococcus*, *Pseudomonas*, *Serratia* e *Bacillus* são frequentemente isolados em ambientes hospitalares, apresentando resistência intrínseca ou adquirida a múltiplas classes de antibióticos. Bactérias formadoras de esporos, como *Bacillus*, possuem capacidade de diferenciação em endósporos, tornando-as particularmente críticas no controle de infecções em ambientes hospitalares veterinários devido à sua resistência a desinfetantes comuns, desidratação, calor e privação de nutrientes. Leveduras como *Trichosporon* spp. são comuns em ambientes veterinários, especialmente em instrumentos de tosa e áreas úmidas.

**Objetivo**

Identificar a microbiota prevalente nas superfícies e equipamentos de um hospital veterinário, avaliar a eficácia dos protocolos de higienização vigentes e mapear o perfil de sensibilidade antimicrobiana para prevenir Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS).

**Métodos**

Foram coletadas 30 amostras de superfícies em diferentes áreas do Hospital Veterinário em 17 de março de 2026. O procedimento de coleta incluiu passagem de suabes de algodão umedecidos com solução fisiológica em superfícies de 25 $cm^2$ e acondicionamento em tubos estéreis com 5 mL de solução fisiológica. Também foram colocadas placas de cultura de ágar sangue e MacConkey abertas em cada local para verificar contaminação aérea, mantidas com ar-condicionado ligado por 15 minutos a 1,0 metro do chão. O isolamento foi realizado em meios de cultura específicos, seguido de identificação fenotípica mediante coloração de Gram, testes bioquimícos e equipamento Beckman-Coulter. O teste de suscetibilidade aos antibacterianos (antibiograma) foi realizado em placa de ágar Mueller-Hinton pela metodologia de disco-difusão (método Kirby e Bauer), com antibióticos e pontos de corte para tamanho de halos definidos conforme a 5ª Edição de 2020 do CLSI (Clinical & Laboratory Standards Institute).

**Resultados e Discussão**

A contagem de colônias revelou variação significativa entre os locais analisados. Vinte e três amostras apresentaram crescimento microbiano, com contagens variando de 1 a >100 colônias. A maior carga microbiana foi observada na pia do canil (>100 colônias), seguida pela máscara de $O_2$ do bloco 2 (50 colônias). Dezessete amostras não apresentaram crescimento visível, indicando que algumas áreas mantêm adequado controle de contaminação ambiental.

A análise morfológica das colônias revelou características típicas de bactérias ambientais: 46,7% apresentaram morfologia de cocos Gram-positivos, 20% de bacilos Gram-negativos, 16,7% de cocos Gram-negativos, 13,3% de bacilos Gram-positivos e 3,3% de leveduras. A identificação bacteriana revelou predominância de *Staphylococcus* spp. (52,4%), seguido por *Streptococcus* spp. (9,5%), *Bacillus* spp. (9,5%), *Pseudomonas* spp. (4,8%), *Empedobacter brevis* (4,8%), *Serratia marcescens* (4,8%) e *Chryseobacterium indologenes* (4,8%). Também foi isolado *Trichosporon* spp. na pia do gatil. A Figura 1 resume a distribuição dos microrganismos isolados.

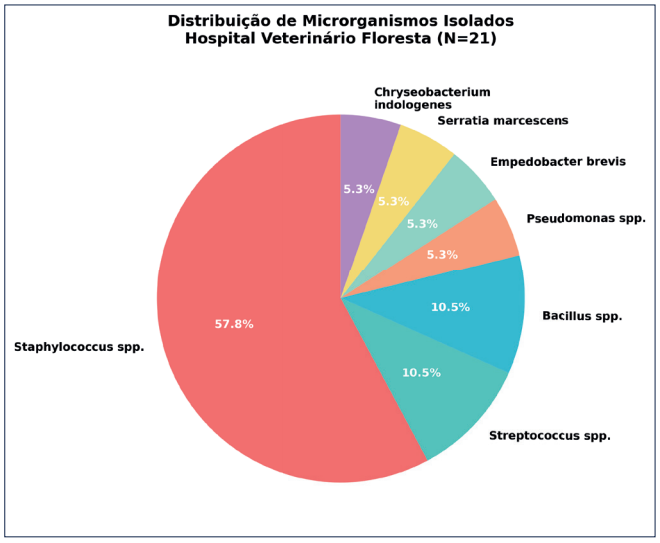



**Figura 1.** Distribuição percentual de microrganismos isolados em amostras ambientais do Hospital Veterinário (N=21 amostras com crescimento microbiano).

O perfil de multirresistência (MDR) foi particularmente preocupante. *Staphylococcus* spp. isolado das pissetas do canil (C3) demonstrou resistência a Ampicilina, Cefalotina, Cefalexina, Imipenem e Polimixina B. Bacilos Gram-negativos isolados da pia do canil (C1/C2) apresentaram resistência a quase todos os fármacos testados, incluindo Cefalosporinas de diversas gerações e Imipenem. A amostra isolada do álcool do bloco 1 apresentou resistência a Vancomicina e Ampicilina, sugerindo contaminação de insumos de limpeza. *Bacillus* spp., como bactérias formadoras de esporos, revelam fragilidades nos processos de desinfecção terminal.

**Tabela 1.** Perfis de multirresistência (MDR) observados em isolados ambientais.

| Local de Coleta | Microrganismo | Antibióticos de Resistência | Perfil |
|---|---|---|---|
| Pissetas do Canil C3 | Staphylococcus spp. | AMP, CEF, CFX, IPM, PMB | **MDR** |
| Pia do Canil C1/C2 | Bacilos Gram-negativos | AMP, CEF, CFX, IPM, ERM | **MDR** |
| Álcool Bloco 1 | Bacilo Gram-negativo | VAN, AMP, CEF, CFX | **MDR** |
| Baias do Canil C1 | Staphylococcus spp. | AMP, CEF, CFX, PMB, VAN | **MDR** |
| Pia do Canil C3 | Bacilos Gram-negativos | AMP, CEF, CFX, IPM, ERM | **MDR** |

AMP: Ampicilina; CEF: Cefalotina; CFX: Cefalexina; IPM: Imipenem; PMB: Polimixina B; ERM: Enrofloxacina; VAN: Vancomicina.

A Tabela 1 destaca os isolados com padrão de multirresistência, refletindo a complexidade do ambiente hospitalar veterinário. *Empedobacter brevis* apresenta resistência intrínseca a diversos antibióticos, incluindo betalactâmicos. *Chryseobacterium indologenes* possui resistência intrínseca aos carbapenêmicos, enquanto *Serratia marcescens* demonstra resistência natural a Ampicilina e Cefalosporinas de primeira geração. A presença de *Bacillus* formadores de esporos na mão de profissionais indica que higienização apenas com álcool gel é insuficiente para remover essas estruturas altamente resistentes. Áreas úmidas, como pias, mostraram-se como reservatórios para múltiplos patógenos oportunistas, evidenciando a necessidade de controle rígido sobre a qualidade da água e higienização de drenos.

**Conclusão**

O ambiente hospitalar veterinário apresenta múltiplos reservatórios de microrganismos multirresistentes, demandando implementação urgente de protocolos específicos de desinfecção. A adoção de medidas como: treinamento em higiene para equipe de limpeza enfatizando tempo de contato de sanitizantes; substituição de pissetas por frascos de uso único; intensificação de higienização de áreas úmidas; utilização de agentes com ação esporicida e biofílmica em blocos cirúrgicos; treinamento em lavagem mecânica com água e sabão para remoção de esporos; reforço no uso de equipamentos de proteção individual; e monitoramento ambiental trimestral constituem estratégias fundamentais para reduzir a carga microbiana e prevenir IRAS, alinhando-se aos princípios de "Saúde Única".

**Palavras-chave:** Infecção Hospitalar, Multirresistente, Microbiologia Ambiental.

**Referências**

ANVISA. Segurança do Paciente em Serviços de Saúde: Limpeza e Desinfecção de Superfícies. Brasília: Ministério da Saúde; 2012.

Mattei AS, et al. Presença de fungos com potencial patogênico em instrumentos de tosa. Archives of Veterinary Science. 2014;19(2):40-45.

Verdial C, et al. Controlling bacteriological contamination of environmental surfaces at the biological isolation and containment unit of a veterinary teaching hospital. Irish Veterinary Journal. 2021;74(1):1-9.

Lin PY, et al. Clinical characteristics and antimicrobial resistance of Chryseobacterium indologenes infections. Journal of Infection and Chemotherapy. 2010;16(6):388-394.

Mahadevia RK, et al. Serratia marcescens Outbreak Related to Contaminated Microdilution Antibiogram Panels. Journal of Clinical Microbiology. 2011;49(7):2418-2424.

Cabral RG, et al. Biofilm formation and antimicrobial resistance of Pseudomonas aeruginosa isolated from environmental sources in a veterinary hospital. Microb Drug Resist. 2022;28(5):621-629.

De la Rosa MC, et al. Airborne microorganisms in hospitals. Current Opinion in Infectious Diseases. 2023;36(3):214-220.

Poirier E, et al. Prevalence of multidrug-resistant organisms in hospital environments. Am J Infect Control. 2022;50(4):403-410.

Weinstein RA, Hota B. Contamination, disinfection, and cross-colonization: are hospital surfaces reservoirs for nosocomial infection? Clin Infect Dis. 2004;39(8):1182-1189.

## P-084

## Prevalência das parasitoses gastrointestinais em cães e gatos na região metropolitana de Porto Alegre

Gabriela Burguez Barbosa[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Camila Rheinheimer[1], Lauren Santos de Mello[1], Cássia da Silva Marchi[1], Melissa Silveira Vieira[1], Ana Raquel Capeletti Imfeld[1], Luana Werner Dutra[1], Andressa Staggemeier[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]*Lab Center Vet*

**Introdução**

As parasitoses gastrointestinais em cães e gatos desafiam a saúde animal e pública devido ao seu potencial zoonótico. Helmintos como *Ancylostoma* sp. e *Toxocara* sp., e protozoários como *Giardia* sp. e *Cystoisospora* sp., são frequentes na rotina veterinária. Os quadros clínicos variam de infecções assintomáticas a manifestações graves como diarreia crônica, anemia, retardo no crescimento e comprometimento visceral, sobretudo em animais jovens ou imunossuprimidos.

Em humanos, as larvas *migrans* cutânea e visceral, associadas a *Ancylostoma* sp. e *Toxocara* sp., respectivamente, são zoonoses de relevância epidemiológica em regiões tropicais e subtropicais, incluindo o Brasil. A giardíase é reconhecida pela Organização Mundial da Saúde (OMS) como uma das principais parasitoses de transmissão hídrica, superando 30% de prevalência em países em desenvolvimento. Na região metropolitana de Porto Alegre, o clima subtropical úmido e a crescente população de animais de estimação favorecem a circulação ambiental desses parasitas. O exame coproparasitológico rotineiro é essencial para o diagnóstico, controle e vigilância epidemiológica, subsidiando ações de Saúde Única.

**Objetivo**
Identificar e quantificar as parasitoses gastrointestinais mais prevalentes em cães e gatos atendidos em clínicas veterinárias na região metropolitana de Porto Alegre, enfatizando a distribuição temporal e o perfil das espécies parasitárias.

**Métodos**
Estudo retrospectivo, descritivo e transversal baseado em registros de exames coproparasitológicos de rotina de um laboratório veterinário em Canoas-RS, de janeiro de 2025 a maio de 2026. Foram analisados 557 resultados de exames de fezes de cães e gatos encaminhados por médicos veterinários. As amostras foram processadas por técnicas de flutuação e sedimentação, com identificação morfológica padronizada. Os parasitas foram classificados em: protozoários (*Giardia* sp., *Cystoisospora* sp., coccídios e outros) e helmintos (ancilostomídeos, *Toxocara* sp., *Trichuris* sp. e outros). Os dados foram organizados em planilha eletrônica e analisados por estatística descritiva (frequências absolutas, relativas e distribuição mensal), utilizando a nomenclatura taxonômica atual.

**Resultados e Discussão**
Dos 557 exames realizados, 84 (15,1%) foram positivos para ao menos um parasita. O parasita mais prevalente foi *Giardia* sp., identificada em 60 amostras (71,4% dos positivos), seguida por ancilostomídeos em 8 casos (9,5%), *Toxocara* sp. em 5 casos (6,0%), coccídios em 5 casos (6,0%), *Isospora* sp. em 4 casos (4,8%), *Trichuris* sp. em 1 caso (1,2%) e Entamoeba em 1 caso (1,2%). Cistos foram o achado morfológico mais frequente (66,7%), seguidos por ovos de helmintos (19,0%) e oocistos (17,9%).
A predominância de *Giardia* spp. é consistente com achados de estudos brasileiros. Trabalhos realizados em outras regiões do país relataram prevalências variando de 3,34% a 26,7% em cães, com taxas ainda maiores em animais errantes ou de abrigos. A via fecal-oral e a contaminação hídrica são as principais rotas de transmissão desse protozoário, reforçando sua relevância em saúde única. A presença de ancilostomídeos e *Toxocara* spp., embora em menor frequência (1,4% e 0,9%, respectivamente), merece atenção pelo potencial zoonótico: *Ancylostoma* spp. é o principal agente da larva migrans cutânea no Brasil, enquanto *Toxocara* spp. pode causar larva migrans visceral, com comprometimento hepático, pulmonar e ocular em humanos. Estudo realizado em comunidades indígenas no sul e sudeste do Brasil demonstrou soroprevalência de 73,9% para *Toxocara* spp., com consumo de água de rio como principal fator de risco.
A distribuição temporal revelou variação sazonal expressiva. Os meses com maior positividade foram janeiro de 2026 (32,4%), fevereiro de 2026 (27,5%), agosto de 2025 (22,6%), dezembro de 2025 (23,3%) e setembro de 2025 (21,1%), ao passo que outubro de 2025 e maio de 2026 não registraram nenhum positivo. O aumento de casos no verão e início do outono pode estar relacionado a condições climáticas favoráveis à sobrevivência e à esporulação de formas parasitárias no ambiente, como cistos e ovos. O pico observado no verão do hemisfério sul (dezembro a fevereiro) é compatível com a biologia de *Giardia* spp. e helmintos em ambientes úmidos e quentes.
A tabela abaixo sintetiza os principais achados parasitológicos do estudo:

**Tabela 1.** Frequência dos parasitas identificados nos exames coproparasitológicos (n=557; positivos=84). Porto Alegre, 2025-2026. Fonte: elaborada pelos autores.

| Parasita/Achado | Nº de ocorrências | % dos positivos | % do total |
|---|---|---|---|
| *Giardia* sp. | 60 | 71,4% | 10,8% |
| *Ancylostoma* sp. | 8 | 9,5% | 1,4% |
| *Toxocara* sp. | 5 | 6,0% | 0,9% |
| Coccídios | 5 | 6,0% | 0,9% |
| *Isospora* sp. | 4 | 4,8% | 0,7% |
| *Trichuris trichiura* | 1 | 1,2% | 0,2% |
| *Entamoeba* | 1 | 1,2% | 0,2% |
| Total de positivos | 84 | 100% | 15,1% |

A resistência anti-helmíntica emergente, documentada em *Ancylostoma caninum* em cães nos Estados Unidos com prevalência de mutações de resistência a benzimidazóis em 49,7% das amostras, reforça a necessidade de monitoramento epidemiológico contínuo e uso criterioso de antiparasitários. Embora o presente estudo não tenha avaliado a resistência, os dados de frequência parasitária subsidiam decisões terapêuticas e de controle no contexto clínico veterinário local.

**Conclusão**
*Giardia* spp. foi o parasita mais prevalente nos exames coproparasitológicos realizados na clínica veterinária estudada, respondendo por 71,4% dos casos positivos e confirmando seu papel central na saúde animal e pública da região. Helmintos zoonóticos como ancilostomídeos e *Toxocara* spp. também foram identificados, evidenciando risco potencial à saúde humana. A variação sazonal observada sugere influência das condições climáticas sobre a prevalência parasitária. Os resultados reforçam a importância do exame coproparasitológico como ferramenta de rotina na clínica veterinária e da educação em saúde única para tutores e profissionais da área.

**Palavras-chave:** Parasitoses, Cães, Gastrointestinais.

**Referências**
**1.** Souza JBB, Silva ZM, Alves-Ribeiro BS, Moraes IS, Alves-Sobrinho AV, Saturnino KC, et al. Risk factors associated with intestinal parasites found in fecal samples from dogs and cats. Preprints.org [Preprint]. 2023 Jun 20. doi:10.20944/preprints202306.1462.v1

**2.** Santarém VA, Doline FR, Ferreira IB, Farinhas JH, Biondo LM, de Souza Filho RT, et al. One health approach to toxocariasis in Brazilian indigenous populations, their dogs, and soil contamination. Front Public Health. 2023;11:1220001. doi:10.3389/fpubh.2023.1220001

**3.** Venkatesan A, Jimenez Castro PD, Morosetti A, Horvath H, Chen R, Redman E, et al. Molecular evidence of widespread benzimidazole drug resistance in *Ancylostoma caninum* from domestic dogs throughout the USA and discovery of a novel β-tubulin benzimidazole resistance mutation. PLoS Pathog. 2023;19(3):e1011146. doi:10.1371/journal.ppat.1011146

**4.** Beltrão MS, Silva VLD, Souza CM, Santos TCC, Moraes IS. Giardíase em cães e gatos, uma emergência em saúde única: revisão. PUBVET. 2022;16(11):a1272. doi:10.31533/pubvet.v16n11a1272.1-11

**5.** Anim-Baidoo I, Adorkor ACN, Johnson SAM, Tingan TK, Forson AO, Owusu E, et al. Prevalence of gastrointestinal parasites in dogs and potential implications to human health in Accra, Ghana. J Parasitol Res. 2025;2025:3973074. doi:10.1155/japr/3973074

**6.** Rostami A, Riahi SM, Holland CV, Taghipour A, Khalili-Fomeshi M, Fakhri Y, et al. Seroprevalence estimates for toxocariasis in people worldwide: a systematic review and meta-analysis. PLoS Negl Trop Dis. 2019;13(12):e0007809. doi:10.1371/journal.pntd.0007809

**7.** Ballweber LR, Xiao L, Bowman DD, Kahn G, Cama VA. Giardiasis in dogs and cats: update on epidemiology and public health significance. Trends Parasitol. 2010;26(4):180-189. doi:10.1016/j.pt.2010.02.005

**8.** Bowman DD, Montgomery SP, Zajac AM, Eberhard ML, Kazacos KR. Hookworms of dogs and cats as agents of cutaneous larva migrans. Trends Parasitol. 2010;26(4):162-167. doi:10.1016/j.pt.2010.01.005

**9.** Savioli L, Smith H, Thompson A. Giardia and Cryptosporidium join the 'Neglected Diseases Initiative'. Trends Parasitol. 2006;22(5):203-208. doi:10.1016/j.pt.2006.02.015

**10.** Ferreira JIGS, Pena HFJ, Azevedo SS, Labruna MB, Gennari SM. Occurrences of gastrointestinal parasites in fecal samples from domestic dogs in São Paulo, SP, Brazil. Rev Bras Parasitol Vet. 2016;25(4):435-440. doi:10.1590/S1984-29612016081

**11.** Oliveira-Sequeira TCG, Amarante AFT, Ferrari TB, Nunes LC. Prevalence of intestinal parasites in dogs from São Paulo State, Brazil. Vet Parasitol. 2002;103(1-2):19-27. doi:10.1016/S0304-4017(01)00575-1

**12.** Nunes MO, Rocha TJM. Fatores condicionantes para a ocorrência de parasitoses entéricas de adolescentes. J Health Biol Sci. 2019;7(3):265-270. doi:10.12662/2317-3076jhbs.v7i3.2244.p265-270.2019

**13.** Fantinatti M, Gonçalves-Pinto M, Lopes-Oliveira LAP, Cruz AM. Epidemiology of *Giardia duodenalis* assemblages in Brazil: there is still a long way to go. Mem Inst Oswaldo Cruz. 2020;115:e200431. doi:10.1590/0074-02760200431

**14.** Brener B, Mattos DPBG, Lisboa L, Arashiro EKN, Millar PR, Sudré AP, et al. Frequência de enteroparasitas em amostras fecais de cães e gatos dos municípios do Rio de Janeiro e Niterói. Rev Bras Ciênc Vet. 2005;12(1-3):102-105. doi:10.4322/rbcv.2014.313

**15.** Jimenez Castro PD, Howell SB, Schaefer JJ, Avramenko RW, Gilleard JS, Kaplan RM. Multiple drug resistance in the canine hookworm *Ancylostoma caninum*: an emerging threat? Parasit Vectors. 2019;12(1):576. doi:10.1186/s13071-019-3828-6

## P-090

## Parâmetros eritrocitários associados à anemia regenerativa e não regenerativa em cães e gatos: estudo retrospectivo em laboratório veterinário na cidade de Canoas-RS

Luana Werner Dutra[1], Gabriela Burguez Barbosa[1], Bruna Alessandra Marconcine Ribas[1], Camila Rheinheimer[1], Lauren Santos de Mello[1], Melissa Silveira Vieira[1], Ana Raquel Capeletti Imfeld[1], Andressa Staggemeier[1], Paula Boeira Bassi[1]

[1]*Lab Center Vet*

**Introdução**

A anemia é apontada como a principal alteração hematológica observada na rotina do laboratório de patologia clínica veterinária, sendo definida como a redução do hematócrito, da concentração de hemoglobina e/ou da contagem de eritrócitos abaixo dos valores de referência para a espécie. Trata-se de um achado secundário a diversas condições sistêmicas, o que frequentemente dificulta sua identificação precoce e resulta em quadros subdiagnosticados. A classificação das anemias em regenerativas e não regenerativas, fundamentada na avaliação da resposta eritropoiética da medula óssea por meio da contagem de reticulócitos e da análise morfológica eritrocitária, é considerada etapa essencial para o direcionamento diagnóstico e terapêutico. As anemias regenerativas, normalmente associadas a quadros hemolíticos ou hemorrágicos, caracterizam-se pela presença de anisocitose, policromasia e reticulocitose. Já as anemias não regenerativas refletem redução ou ineficácia da produção medular, comumente relacionadas a doenças inflamatórias crônicas, insuficiência renal, retroviroses felinas (FeLV/FIV), aplasia medular e neoplasias. Felinos apresentam particularidades fisiológicas que os predispõem à anemia, como menor tempo de vida eritrocitária (aproximadamente 73 dias, contra 115 dias nos caninos), menor volume sanguíneo relativo e maior sensibilidade à oxidação da hemoglobina, com formação de corpúsculos de Heinz. Estudos realizados em hospitais veterinários brasileiros demonstram alta prevalência de anemias não regenerativas em ambas as espécies, com proporções variando entre 60% e 74% nos caninos e entre 60% e 87% nos felinos. O levantamento de dados de serviços de diagnóstico laboratorial veterinário contribui para o entendimento epidemiológico da condição e para o aprimoramento das práticas diagnósticas em pequenos animais.

**Objetivo**

Avaliar os parâmetros eritrocitários (hematócrito, hemoglobina e VCM) e classificar o tipo de anemia — regenerativa ou não regenerativa — em cães e gatos com diagnóstico de anemia identificados em banco de dados de um serviço de diagnóstico laboratorial veterinário.

**Métodos**

Trata-se de um estudo descritivo retrospectivo do ano de 2025 conduzido a partir de hemogramas registrados em serviço de diagnóstico laboratorial veterinário. Foram incluídos 244 animais com diagnóstico de anemia — 113 felinos (46,3%) e 131 caninos (53,7%) — selecionados a partir de um banco de dados do laboratório. Para cada caso, foram analisados: hematócrito (Ht, %), hemoglobina (Hgb, g/dL), VCM (fL) e a classificação quanto ao potencial regenerativo da anemia. A classificação foi realizada com base na análise morfológica do esfregaço sanguíneo, incluindo a presença de anisocitose, policromasia, reticulócitos e eritrócitos nucleados, sendo as anemias categorizadas em: não regenerativa, regenerativa e regeneração máxima, conforme critérios descritos por Thrall et al. (2015) e Dias et al. (2014). Os valores de referência adotados foram os propostos por Weiss e Wardrop (2010): Ht 24–45% e Hgb 8–15 g/dL para felinos; Ht 37–55% e Hgb 12–18 g/dL para caninos; VCM 39–55 fL e 60–77 fL, respectivamente. Os dados foram submetidos à análise estatística descritiva, com cálculo de médias e valores extremos, estratificados por espécie.

**Resultados e Discussão**

Do total de 244 animais anêmicos, 184 (75,4%) foram classificados como anemia não regenerativa, 50 (20,5%) como regenerativa e 10 (4,1%) como regeneração máxima. Esses achados corroboram com os resultados de Dias et al. (2014), que encontraram prevalência de 74% de anemia não regenerativa em caninos e 60% em felinos atendidos no Hospital Veterinário da CAV-UDESC, e de Bosculo Lima e Breno (2016), que identificaram predomínio de anemia normocítica normocrômica — morfologia típica das anemias não regenerativas — em 50% dos cães e 35% dos gatos avaliados em Ourinhos-SP. Entre os felinos do presente estudo, a anemia não regenerativa correspondeu a 86,7% dos casos (98/113), enquanto as formas regenerativas totalizaram 13,3% (15/113). Nos caninos, a não regenerativa foi também predominante, porém em menor proporção: 65,6% (86/131), com 34,4% de resposta regenerativa (45/131), incluindo os casos de regeneração máxima. A maior frequência relativa de anemias não regenerativas em felinos é consistente com a literatura. Santos et al. (2023) apontam que os principais fatores associados a essa forma em gatos incluem a doença renal crônica, que compromete a produção de eritropoietina, as retroviroses felinas (FeLV/FIV), a aplasia medular e as doenças inflamatórias crônicas. O menor tempo de vida eritrocitária dos felinos e a resposta reticulocitária mais discreta nessa espécie também contribuem para menor frequência de resposta regenerativa detectável ao hemograma.

Os parâmetros eritrocitários médios dos animais com dados disponíveis (107 felinos e 116 caninos) evidenciaram valores expressivamente abaixo dos limites de referência para as respectivas espécies. Nos felinos, o hematócrito médio foi de 18,2% (mín. 5,3%; máx. 41,4%), a hemoglobina média de 5,9 g/dL e o VCM médio de 55,3 fL. Nos caninos, os valores foram superiores: Ht médio de 24,9% (mín. 5,8%; máx. 60,8%), Hgb média de 8,8 g/dL e VCM médio de 68,6 fL (Tabela 1). A maior gravidade hematimétrica observada nos felinos em relação aos caninos reforça os achados de Dias et al. (2014), que também identificaram maior prevalência relativa de anemia em cães (32% dos hemogramas) em comparação com gatos (11%), sugerindo que quando a anemia é confirmada nos felinos, tende a ser mais grave. Santos et al. (2023) ressaltam que os gatos, apesar de apresentarem mecanismos compensatórios mais eficientes frente à hipóxia crônica — como a redução da afinidade da hemoglobina ao oxigênio —, são predispostos a desenvolver anemias mais intensas devido ao menor volume sanguíneo relativo por kg de peso corporal.

Como limitação deste estudo, destaca-se o caráter retrospectivo com ausência de dados completos em parte dos registros, o que restringiu a análise de alguns parâmetros. A ausência de informações sobre a causa primária da anemia em cada caso também limita inferências fisiopatológicas mais aprofundadas.

**Tabela 1.** Parâmetros eritrocitários médios e classificação de anemia em felinos e caninos anêmicos.

| Parâmetro | Felinos (n=107) | Caninos (n=116) | Referência* |
|---|---|---|---|
| Ht médio (%) | 18,2 (5,3–41,4) | 24,9 (5,8–60,8) | 24–45 / 37–55 |
| Hgb médio (g/dL) | 5,9 | 8,8 | 8–15 / 12–18 |
| VCM médio (fL) | 55,3 | 68,6 | 39–55 / 60–77 |
| Não regenerativa | 98 (86,7%) | 86 (65,6%) | — |
| Regenerativa | 14 (12,4%) | 36 (27,5%) | — |
| Regeneração máxima | 1 (0,9%) | 9 (6,9%) | — |

**Valores de referência: felinos / caninos (Weiss & Wardrop, 2010). Fonte: dados da pesquisa.*

**Conclusão**
A anemia não regenerativa foi o achado predominante em cães e gatos anêmicos atendidos neste serviço de diagnóstico laboratorial, com frequência especialmente elevada nos felinos (86,7%), seguidos dos caninos (65,6%). Os parâmetros eritrocitários médios, particularmente o hematócrito e a hemoglobina, encontravam-se consideravelmente abaixo dos valores de referência em ambas as espécies, indicando elevada gravidade dos casos identificados. Os resultados são concordantes com estudos brasileiros prévios e reforçam a importância da classificação da resposta regenerativa como ferramenta indispensável na rotina diagnóstica hematológica veterinária, contribuindo para o entendimento epidemiológico da anemia em pequenos animais no contexto nacional.

**Palavras-chave:** Anemia, Reticulócitos, Felinos.

**Referências**
1. Bosculo Lima MRM, Breno F. Ocorrência e classificação das anêmias de cães e gatos em Ourinhos-SP. São José do Rio Preto: Academia de Ciência e Tecnologia; 2016. (Trabalho de Conclusão de Curso – Especialização em Hematologia Clínica e Laboratorial).

2. Santos APP, Crippa LB, Duda NCB, Lima DA. Anemia em felinos – Uma revisão de literatura. Research, Society and Development. 2023;12(4):e24012440711. doi: 10.33448/rsd-v12i4.40711.

3. Dias CS, Lima IT, Volpato J, Weinert NC, Mattoso CRS, Saito ME. Levantamento de exames laboratoriais e casuística de anemia em cães e gatos atendidos no Hospital de Clínica Veterinária do CAV-UDESC no ano de 2013. UDESC em Ação. 2014;8(1).

4. Thrall MA, Weiser G, Allison RW, Campbell TW. Hematologia e Bioquímica Clínica Veterinária. 2. ed. São Paulo: Guanabara Koogan; 2015.

5. Nelson RW, Couto CG. Medicina Interna de Pequenos Animais. 5. ed. Rio de Janeiro: Elsevier; 2015.

6. Jericó MM, Kogika MM, Neto JPA. Tratado de Medicina Interna de Cães e Gatos. São Paulo: Roca; 2015.

7. Little SE. O Gato: Medicina Interna. São Paulo: Roca; 2015.

8. Weiss DJ, Wardrop KJ. Schalm's Veterinary Hematology. 6. ed. Ames: Wiley-Blackwell; 2010.

9. Gonzáles FHD, Silva SC. Patologia Clínica Veterinária: Texto Introdutório. Porto Alegre: UFRGS; 2008.

10. Lopes STA, Biondo WA, Santos AP. Manual de Patologia Clínica Veterinária. 3. ed. Santa Maria: UFSM; 2007.

11. Harvey JW. Veterinary Hematology: A Diagnostic Guide and Color Atlas. St. Louis: Elsevier Saunders; 2012.

12. Drumond MRS. Ocorrência, classificação e fatores de risco de anemia em cães [dissertação]. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa; 2013.

13. D'Avila AER. Parâmetros hematológicos e classificação de anemias em uma população de cães atendidos no LACVET-UFRGS [monografia]. Porto Alegre: UFRGS; 2011.

14. Antunes MS. Pesquisa clínica e etiológica de anemia em cães [dissertação]. Seropédica: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro; 2010.

15. Stockham SL, Scott MA. Fundamentos de Patologia Clínica Veterinária. 2. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2019.

## ÁREA: MICOLOGIA CLÍNICA E MICOTOXICOLOGIA

### P-016

### A resina de sangue de dragão inibe o crescimento *in vitro* de *Malassezia pachydermatis*

Gabrielle Lameado Pereira[1], João Pedro Sandri[1], Reginaldo dos Santos Pedroso[2], Regina Helena Pires[1]

*[1]Laboratório de Microbiologia, Universidade de Franca, Franca, São Paulo, Brasil; [2]Escola Técnica de Saúde, Universidade Federal de Uberlândia.*

**Introdução:** *Malassezia pachydermatis* faz parte da microbiota cutânea normal de cães e gatos saudáveis, mas seu crescimento excessivo é comumente associado à otite externa. O sangue de dragão (*Croton lecheri*) é uma árvore de nativa do Brasil, também conhecida como "sangra-d'água", que produz uma seiva resinosa de coloração avermelhada presente em seu tronco, utilizada na medicina tradicional devido às suas propriedades anti-inflamatória, antioxidante, antibacteriana, antifúngica, analgésica, antidiarreica e cicatrizante. **Objetivo:** Este estudo avaliou a atividade antimicrobiana *in vitro* da resina de sangue de dragão (*Croton lechleri*) frente isolados de *Malassezia pachydermatis*. **Metodologia:** A atividade antifúngica *in vitro* da resina de sangue de dragão (*Croton lechleri*) foi avaliada por meio da determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM), utilizando a metodologia de microdiluição em caldo proposta pelo CLSI, com faixa de CIM que variou entre 7,81 a 4.000 µg/mL. Foram utilizados oito isolados do canal auditivo de caninos de *Malassezia pachydermatis* (aprovação pelo Comitê de Ética em Pesquisa Animal, nº 1949211123, da Universidade de Franca, Franca, SP, Brasil) criopreservados na micoteca do Laboratório de Microbiologia (LAMIC) da Universidade de Franca (UNIFRAN). **Resultados e Discussão:** Um isolado (Mp4) apresentou CIM igual a 31,25 µg/mL, outro (Mp3), CIM de 250 µg/mL, e os outros seis isolados (Mp1, Mp2, Mp5, Mp6, Mp7 e Mp8), CIM igual a 125 µg/mL. Estes resultados fornecem uma base consistente para a continuidade do estudo com outras espécies fúngicas, execução de testes *in vivo*, e elaboração de produtos farmacêuticos para aplicação clínica. **Conclusão:** O sangue de dragão (*Croton lechleri*) apresentou atividade inibitória *in vitro* sobre os isolados de *Malassezia pachydermatis* analisados, apontando para que novos estudos sejam feitos, inclusive clínicos, para possível alternativa terapêutica, substitutiva ou complementar, da otite canina.

**Palavras-chave:** Atividade antifúngica, *Malassezia pachydermatis*, *Croton lechleri*.

### P-019

### Prevalência de fungos isolados em culturas clínicas de um hospital de ensino entre 2023 e 2024

Caio Barbosa Teodoro[1], Stefhany Caroliny Augusto Ferraz[1], Laura Lavorato Soldati[2], Ana Caroline da Silva[2], Patrícia Guedes Garcia[1]

*[1]Faculdade de Farmácia da Universidade Federal de Juiz de Fora; [2]Hospital Universitário da Universidade Federal de Juiz de Fora*

**Introdução:** As infecções fúngicas têm apresentado aumento significativo no ambiente hospitalar. Recentemente, a Organização Mundial da Saúde (OMS) destacou espécies fúngicas prioritárias devido ao impacto crescente das infecções invasivas e da resistência antifúngica, reforçando a necessidade de vigilância epidemiológica laboratorial. **Objetivo:** Avaliar a prevalência das espécies fúngicas isoladas em culturas clínicas processadas em um hospital de ensino de Minas Gerais, nos anos de 2023 e 2024. **Métodos:** Estudo retrospectivo, descritivo e observacional, realizado a partir da análise de registros laboratoriais de culturas para fungos. Avaliaram-se as frequências absoluta e relativa dos isolados. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética

em Pesquisa sob CAAE 90195025.2.0000.5133. **Resultados e Discussão:** Foram identificados 370 isolados fúngicos no período (140 em 2023 e 230 em 2024), representando aumento de 64,3% entre os anos. O gênero *Candida* correspondeu à maioria dos isolados (84,6%). *Candida albicans* foi a espécie mais prevalente, com 140 isolados (37,8%), seguida por *Candida glabrata* (17,3%; n=64), *Candida tropicalis* (17,0%; n=63) e *Candida parapsilosis* (6,8%; n=25). Também foram identificados *Cryptococcus* sp. (2,7%; n=10), *Aspergillus* sp. (2,4%; n=9), *Penicillium* sp. (1,6%; n=6), além de fungos dimórficos, como *Sporothrix* sp. (1,9%; n=7) e *Paracoccidioides* sp. (1,1%; n=4), e oportunistas emergentes, incluindo *Trichosporon* sp., *Geotrichum* sp., *Scedosporium* sp., *Fusarium* sp., *Fonsecaea pedrosoi* e *Purpureocillium lilacinum*. Diversos fungos identificados integram a lista de prioritários da OMS, incluindo espécies dos gêneros *Candida*, *Cryptococcus*, *Aspergillus*, *Fusarium* e *Scedosporium*, evidenciando a relevância epidemiológica dos achados. **Conclusão:** Predominaram as espécies do gênero *Candida*, especialmente *C. albicans*, além de diversidade de fungos oportunistas e emergentes. Os achados reforçam a importância da vigilância laboratorial das infecções fúngicas em hospitais de ensino, contribuindo para o diagnóstico precoce e manejo terapêutico adequado.

**Palavras-chave:** Infecções fúngicas, micologia, vigilância epidemiológica.

## P-038

### Avaliação microbiológica e evolução clínica de úlcera neuropática em paciente com hanseníase

Maria Eduarda Leal dos Santos[1], Helena Dzworniakiewscz de Araújo[1], Luísa Schon[1], Gabriely Diduch Meurer[1], Heloisa Gonçalves Kawiatkowski[1], Valéria Pacheco Cavallin[2], Flávia Alessandra Marques[1], Marcos Ereno Auler[1]

*[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná (UNICENTRO); [2]Uniguairacá Centro Universitário*

**Introdução:** A hanseníase possui grande destaque no cenário clínico, impactando negativamente a saúde das pessoas. Causada pelo *Mycobacterium leprae*, danifica nervos periféricos, podendo afetar a sensibilidade. A alteração dessa função favorece o desenvolvimento de lesões graves, como úlceras neuropáticas. Sua cronicidade pode favorecer alterações microbiológicas, como a formação de biofilmes, tornando o tratamento complexo e, frequentemente, ineficaz pela ausência de protocolos específicos. **Objetivo:** Descrever a correlação clínica e microbiológica de um paciente com úlcera neuropática crônica decorrente de hanseníase. **Métodos:** Estudo de caso realizado no ambulatório de feridas crônicas da Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná, aprovado conforme CAAE: 33589020.5.0000.0106. Realizaram-se 70 coletas, durante 2021-2024, em paciente com úlcera crônica, conforme técnica de Levine modificada (pré e pós limpeza). As amostras foram analisadas via coloração de Gram e cultura em Ágar Sabouraud Dextrose. A avaliação clínica seguiu o conceito TIMERS. **Resultados e Discussão:** Paciente do sexo masculino, 66 anos, com sequelas graves de hanseníase, evoluiu com úlceras bilaterais nos membros inferiores e amputação do membro direito. A úlcera esquerda comprometia os terços médio e inferior da perna. A análise microbiológica revelou que a limpeza reduziu significativamente a carga de CGP, BGP, BGN e polimorfonucleados (raras espécies pós-limpeza). Contudo, leveduras estiveram presentes em 92,2% das amostras (66), indicando persistência fúngica mesmo após desbridamento. A associação estatística entre CGP, BGN e uso de antibióticos orais sugeriu que intervenções sistêmicas podem ser ineficazes, favorecer cepas resistentes e/ou formação de biofilmes, reforçando a importância do desbridamento mecânico. **Conclusão:** Evidencia-se que a limpeza instrumental é indispensável para redução da carga bacteriana e inflamatória, mas insuficiente para erradicar a colonização fúngica. Os achados reiteram que o tratamento não deve ser empírico, mas fundamentado em análises microbiológicas seriadas, a fim de guiar terapias multimodais e evitar o uso indiscriminado de antibióticos sistêmicos.

**Palavras-chave:** Microbiologia clínica, Úlcera neuropática, Hanseníase.

## P-049

### Caracterização do micobioma vaginal em mulheres na menopausa e pós-menopausa: possível subdiagnóstico da candidíase vulvovaginal

Valéria Pacheco Cavallin[1], Luísa Schon[2], Gabriely Diduch Meurer[2], Maria Eduarda Leal dos Santos[2], Heloisa Gonçalves Kawiatkowski[2], Marcos Ereno Auler[2]

*[1]Uniguairacá - Centro Universitário; [2]Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná (UNICENTRO)*

**Introdução:** A candidíase vulvovaginal é uma das infecções ginecológicas mais frequentes em mulheres em idade reprodutiva. Entretanto, durante a menopausa e pós-menopausa, a redução dos níveis de estrogênio promove alterações no ambiente vaginal, incluindo diminuição do glicogênio e modificações da microbiota local. **Objetivo:** Avaliar a prevalência de candidíase vulvovaginal em mulheres na menopausa e pós-menopausa, bem como analisar a presença de sinais e sintomas associados aos casos positivos. **Métodos:** Trata-se de um estudo observacional, transversal e retrospectivo, realizado a partir da análise de amostras cervicovaginais coletadas durante exames preventivos ginecológicos utilizando swab estéril. As amostras foram submetidas à análise microscópica a fresco, coloração de Gram e à cultura microbiológica para identificação dos microrganismos. Foram avaliadas 227 pacientes submetidas ao exame citopatológico ginecológico. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa CAAE nº 69961523.7.0000.0106. **Resultados e Discussão:** Entre as 227 pacientes avaliadas, 22 apresentaram resultado positivo para candidíase vulvovaginal, correspondendo a uma prevalência de 9,7%. Entre os casos positivos, apenas duas pacientes relataram sinais ou sintomas compatíveis com a infecção, enquanto 20 eram assintomáticas, representando 90,9% dos casos identificados. Os achados corroboram a literatura, que demonstra menor frequência de candidíase vulvovaginal após a menopausa em decorrência das alterações hormonais características desse período. Entretanto, a elevada proporção de casos assintomáticos sugere que a infecção pode permanecer clinicamente silenciosa nessa população, dificultando sua identificação exclusivamente por manifestações clínicas. **Conclusão:** A candidíase vulvovaginal apresentou baixa prevalência entre mulheres na menopausa e pós-menopausa avaliadas neste estudo. Apesar disso, observou-se elevada frequência de casos assintomáticos entre as pacientes positivas, evidenciando a importância dos exames ginecológicos preventivos e da investigação laboratorial complementar para a detecção de alterações infecciosas mesmo na ausência de sintomas clínicos.

**Palavras-chave:** candidíase vulvovaginal, menopausa, assintomáticas.

## P-060

### Caracterização Fenotípica e Perfil de Sensibilidade de *Cryptococcus spp* Isolados de Amostras de Liquor no Estado de Mato Grosso entre 2020 a 2025.

Luciana Basili Dias[1], Andreia de Souza Ferri[1], Anna Gisele e Silva Souza Campos[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*

**Introdução:** A criptococose é uma importante infecção oportunista, sendo a meningoencefalite a forma clínica mais grave em pacientes infectados pelo HIV e imunocompetentes. Dois complexos de espécies causam infecção em humanos: *Cryptococcus neoformans* e *Cryptococcus gattii*. O tratamento farmacológico antifúngico *in vivo* limita-se à anfotericina B (AMB), Voriconazol e 5-flucitosina (5-FC), usados isoladamente ou em associação. **Objetivo:** Caracterizar a identificação fenotípica e o perfil de sensibilidade (Concentração Inibitória Mínima - CIM) aos antifúngicos de isolados de *Cryptococcus spp* em liquor no Estado de Mato Grosso.

**Métodos:** Estudo retroprospectivo de amostras de liquor recebidas pelo LACEN-MT, no período de 2020 a 2025, aprovado pelo Comitê de Ética e pesquisa sob o nº CAAE: 65072322.3.0000.5166. A caracterização fenotípica foi realizada pela metodologia de espectrometria de massa – MALDI TOF (LT Microflex Bruker®) e o perfil de sensibilidade pelo sistema automatizado (Vitek®2 - BioMerieux). **Resultados e Discussão:** Nesse período foram encontradas 24 amostras positivas para *Cryptococcus spp*, a maioria, ou seja 75% ocorreram no sexo masculino. A idade variou de 22 à 68 anos. Dos isolados caracterizados, 14 eram *Cryptococcus neoformans*, 10 *Cryptococcus gattii*. A espécie *C. neoformans* mais frequente em 71% dos casos, ocorreu em 100% no sexo masculino, vivendo com HIV. O *Cryptococcus gattii* ocorreu em 60% no sexo feminino, vivendo sem HIV. Todos os isolados demonstraram sensíveis a AMB (CMI ≤ 0,25); o voriconazol CMI ≤ 0,12 (100%) e a 5-fluocitosina foi: ≤1 (22,2%), 2 (66,6%) e 32 (11,1%). **Conclusão:** Os dados encontrados sugerem a importância do diagnóstico laboratorial fenotípico, o monitoramento das espécies nos indivíduos vivendo com HIV ou não, o sexo, a determinação da sensibilidade e a CIM, devido a limitação de tratamento e o surgimento de espécies de *Cryptococcus spp* resistentes aos antifúngicos.

**Palavras-chave:** Meningite, *Cryptococcus* spp, Sensibilidade.

## P-156

## Desenvolvimento de uma estufa micológica portátil de baixo custo para estudos de campo e aplicações laboratoriais

Jean Moreira de Oliveira da Silva[1], Mikaella Lucia Felix Formiga[1], Paulo Murillo Neufeld[1]

[1]*Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ*

**Introdução**
A Micologia permanece como uma das áreas menos exploradas das ciências biológicas aplicadas, apesar da ampla relevância dos fungos nos contextos clínico, veterinário, ambiental e educacional. A dependência de estruturas laboratoriais fixas e de equipamentos de alto custo representa um desafio significativo, principalmente em regiões com recursos limitados ou em situações em que o transporte rápido de amostras biológicas é inviável. Em estudos de campo, essa limitação torna-se ainda mais evidente, uma vez que a ausência de condições adequadas de temperatura e umidade durante o armazenamento e processamento de amostras humanas, veterinárias e ambientais pode comprometer a viabilidade microbiológica e, consequentemente, a confiabilidade dos resultados laboratoriais. Nesse contexto, foi desenvolvida uma estufa micológica portátil, automatizada e de baixo custo, projetada para aplicações em estudos de campo e ambientes laboratoriais com infraestrutura limitada. O equipamento foi projetado para possibilitar o processamento inicial e a incubação de amostras diretamente no local de coleta, reduzindo perdas relacionadas ao transporte e ampliando o acesso a tecnologias de incubação microbiológica. Além de favorecer atividades de pesquisa e diagnóstico em campo, a proposta busca democratizar o uso de sistemas de controle ambiental em laboratórios clínicos, veterinários, ambientais e educacionais.

**Objetivo**
Desenvolver e validar uma estufa micológica portátil, automatizada e de baixo custo operacional, destinada a estudos de campo e aplicações laboratoriais em análises ambientais, clínicas, veterinárias e educacionais, com controle personalizado de temperatura e umidade.

**Métodos**
A estufa micológica portátil foi desenvolvida utilizando uma caixa estrutural de poliestireno expandido (EPS) de alta densidade, escolhida por sua baixa condutividade térmica, leveza e facilidade de transporte. A estrutura externa apresentou dimensões aproximadas de 46 × 36 × 40,5 cm, com volume útil interno de aproximadamente 30 litros e peso variando entre 2 e 2,5 kg. O sistema térmico foi composto por uma fonte de aquecimento baseada em lâmpada incandescente de 40W, com capacidade de suporte de até 60W, acoplada a um controlador digital de temperatura conectado a sensores eletrônicos de monitoramento contínuo. O sistema de controle térmico foi projetado para permitir o ajuste personalizado da temperatura de acordo com a necessidade do ensaio, operando em uma faixa configurável com limite máximo de até 50 °C, permitindo simulação de diferentes condições ambientais e microbiológicas. Para validação das leituras digitais, foi utilizado um termômetro laboratorial de mercúrio como padrão comparativo. O sistema de umidade foi construído utilizando transdutor piezoelétrico de atomização, responsável pela geração de névoa fria em reservatório de água acoplado à estrutura interna do equipamento. A umidade relativa do ar foi monitorada em tempo real por sensores digitais integrados ao sistema automatizado, permitindo programação e manutenção contínua da faixa higrométrica desejada. A água condensada nas paredes internas da estufa foi direcionada por inclinações estruturais e canaletas para retorno ao reservatório principal, formando um sistema de reaproveitamento contínuo da água utilizada na atomização (Figura 1).

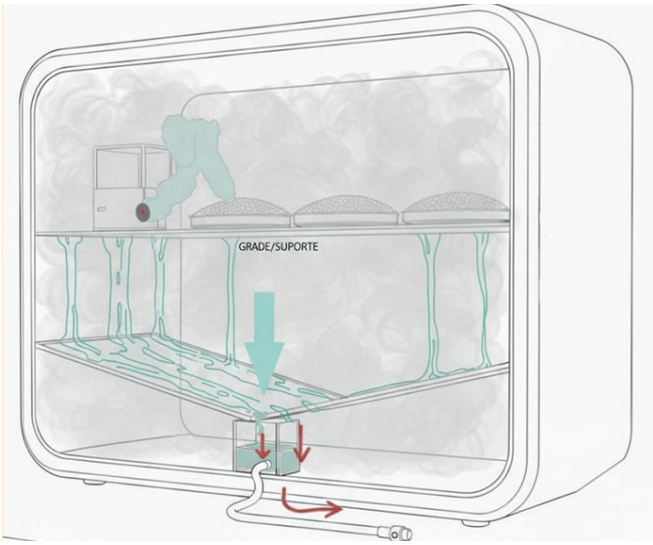



**Figura 1.** Esquematização do fluxo de névoa e sistema de drenagem interna

O monitoramento remoto foi implementado por meio de módulo ESP32 com conectividade Wi-Fi de 2.4 GHz integrado à plataforma Blynk, permitindo acompanhamento remoto da temperatura e umidade via smartphone ou computador, além do armazenamento contínuo dos dados experimentais. O equipamento operou em sistema bivolt automático (127V/220V), possibilitando utilização em diferentes ambientes laboratoriais e de campo. A validação biológica foi realizada utilizando culturas de *Candida albicans* em tubos contendo soro, avaliando-se a formação de tubos germinativos a 35 °C, utilizada como marcador sensível de estabilidade térmica. Adicionalmente, foram realizados ensaios com fungos dimórficos, incluindo os gêneros *Histoplasma*, *Paracoccidioides* e *Sporothrix*, observando-se o comportamento morfológico em diferentes faixas de temperatura, uma vez que apresentam fase filamentosa em aproximadamente 25 °C e fase leveduriforme em torno de 37 °C. As aferições digitais foram comparadas a medições realizadas com termômetro laboratorial de mercúrio. O equipamento permaneceu em funcionamento contínuo durante cinco meses para avaliação da estabilidade operacional, eficiência do controle ambiental, durabilidade dos componentes eletrônicos e manutenção da conectividade IoT. Durante esse período, foram registradas aferições periódicas de temperatura e umidade, comparando-se os valores obtidos com os parâmetros programados no sistema digital.

**Resultados e Discussão**
A estufa manteve temperatura estável em 35 ± 2 °C e umidade relativa em 75 ± 5% durante todo o período experimental, demonstrando estabilidade semelhante à observada em estufas laboratoriais convencionais. A análise biológica evidenciou formação adequada de tubos germinativos em *Candida*

*albicans*, confirmando a manutenção das condições térmicas ideais para o crescimento fúngico. Além disso, os ensaios de dimorfismo térmico demonstraram uma alternância morfológica compatível com a literatura para os fungos avaliados, comprovando a eficiência do equipamento em reproduzir condições ambientais controladas[1,2]. O principal diferencial do equipamento foi a integração simultânea do controle de temperatura e umidade em uma estrutura leve, portátil e de baixo custo. Diferentemente das estufas convencionais, que geralmente apresentam apenas controle térmico, o dispositivo desenvolvido possibilita simular microambientes específicos necessários para estudos microbiológicos, ambientais e clínicos. O sistema de drenagem e reaproveitamento da água condensada aumentou a autonomia operacional durante os testes prolongados, enquanto a conectividade IoT permitiu monitoramento remoto e registro contínuo das variáveis ambientais. Além disso, o baixo peso, entre 2 e 2,5 kg, favorece a utilização em atividades de campo, unidades móveis de atendimento, campanhas ambientais e laboratórios com infraestrutura reduzida. A análise de custo-benefício demonstrou que o uso de materiais acessíveis e componentes eletrônicos modulares possibilita a obtenção de um equipamento tecnicamente eficiente por uma fração do custo de estufas comerciais com controle ativo de umidade, ampliando o acesso à tecnologia para instituições de ensino, laboratórios públicos e pesquisadores independentes.

**Conclusão**

A estufa micológica portátil desenvolvida demonstrou eficiência na manutenção de condições controladas de temperatura e umidade, apresentando desempenho compatível com equipamentos laboratoriais convencionais de alto custo. Os testes microbiológicos validaram a sua aplicabilidade no cultivo, isolamento e estudo do dimorfismo de fungos de interesse clínico, veterinário e ambiental. O dispositivo com sua estrutura leve, portátil e de baixo custo operacional permite a utilização em estudos de campo e em laboratórios com recursos limitados, reduzindo dificuldades relacionadas ao transporte de amostras biológicas e democratizando o acesso a tecnologias de incubação digital em cenários de recursos limitados. Dessa forma, o equipamento abre caminho para a validação de novos protocolos de monitoramento ambiental e triagem diagnóstica, apresentando impacto direto para aplicações em microbiologia clínica, análises ambientais, medicina veterinária, ensino e pesquisa científica.

**Palavras-chave:** Estufa Portátil, Controle Ambiental, Inovação.

**Referências**

1. Neufeld PM. Micologia. In: Barcelos LF, Aquino JL, organizadores. *Tratado de análises clínicas*. 1. ed. Rio de Janeiro: Atheneu; 2018.

2. Procop GW, Church DL, Hall GS, Janda WM, Koneman EW, Schreckenberger PC, et al. *Diagnóstico microbiológico: texto e atlas*. 7. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2018.

3. Sidrim JJC, Rocha MFG. *Micologia médica à luz de autores contemporâneos*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2004.

## ÁREA: PARASITOLOGIA CLÍNICA E IMUNOPARASITOLOGIA

### P-164

### Estudo coproparasitológico de crianças e adolescentes de um município da região tocantina do Maranhão

Maria Beatriz Ramos Rodrigues[1], Kassia Leticia de Vasconcelos Silva[2], Sara Brito Reboucas Araujo[1], Yara Naya Lopes de Andrade[3], Diana Karla Lourenço Bastos[4], Phelipe Austríaco-Teixeira[5], Wellyson da Cunha Araújo Firmo[5]

*[1]Universidade Ceuma; 2Faculdade Pitágoras de Bacabal; [3]Universidade Federal do Maranhão; [4]Universidade Estadual do Tocantins; [5]Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão*

**Introdução:** As enteroparasitoses constituem importante problema de saúde pública, especialmente em regiões com precariedade no saneamento básico e limitações no acesso à água tratada, afetando crianças e adolescentes devido à maior exposição a ambientes contaminados e vulnerabilidades relacionadas às condições de higiene. **Objetivo:** Analisar a ocorrência de enteroparasitos em crianças e adolescentes atendidos em um laboratório público do município de Estreito, Maranhão, no período de janeiro a dezembro de 2024. **Métodos:** Trata-se de um estudo transversal, retrospectivo e quantitativo, realizado por meio da análise de 1.056 laudos de exames parasitológicos de fezes provenientes do laboratório municipal. Foram avaliadas variáveis como sexo, faixa etária, mês de realização do exame, presença de parasitos, espécies identificadas e ocorrência de coinfecções parasitárias. Os dados foram organizados em planilha eletrônica e submetidos à análise estatística descritiva, com cálculo de frequências absolutas e relativas. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Ceuma, sob parecer nº 5.085.992. **Resultados e Discussão:** Observou-se predominância do sexo feminino (59%) e distribuição semelhante entre crianças e adolescentes. A positividade para enteroparasitos foi de 21%, com predominância de protozoários (99%) em relação aos helmintos (1%). Entre os principais parasitos identificados destacaram-se *Endolimax nana* (73%), complexo *Entamoeba histolytica/dispar* (11%), *Entamoeba coli* (10%) e *Giardia lamblia* (6%). As coinfecções ocorreram em 4% dos casos, predominando associações entre protozoários. A elevada frequência de protozoários comensais e patogênicos reforça a persistência de contaminação fecal-oral e vulnerabilidades sanitárias relacionadas às condições inadequadas de higiene, saneamento e acesso à água tratada. **Conclusão:** Os resultados evidenciam a permanência das enteroparasitoses como relevante problema de saúde pública em Estreito, Maranhão, reforçando a necessidade de investimentos em saneamento básico, educação em saúde e vigilância epidemiológica para prevenção e controle dessas infecções.

**Palavras-chave:** Enteroparasitoses, Epidemiologia, Saúde pública.

### P-166

### Análise parasitológica de fezes de adultos e idosos em um laboratório público do interior do estado do Maranhão

Anne Samilly Silva Martins Castro[1], Kassia Leticia de Vasconcelos Silva[2], Sara Brito Reboucas Araujo[1], Diana Karla Lourenço Bastos[3], Yara Naya Lopes de Andrade[4], Phelipe Austríaco-Teixeira[5], Wellyson da Cunha Araújo Firmo[5]

*[1]Universidade Ceuma; [2]Faculdade Pitágoras de Bacabal; [3]Universidade Estadual do Tocantins; [4]Universidade Federal do Maranhão; [5]Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão*

**Introdução:** As parasitoses intestinais permanecem como importantes problemas de saúde pública, especialmente em regiões com limitações de saneamento básico e acesso inadequado a medidas de prevenção.

Adultos e idosos também estão suscetíveis às infecções parasitárias, o que reforça a importância do monitoramento epidemiológico para subsidiar ações de controle e promoção da saúde. **Objetivo:** Este estudo teve como objetivo analisar o perfil parasitológico de adultos e idosos atendidos em um laboratório público no município de Estreito, Maranhão, no período de abril a dezembro de 2024. **Método:** Trata-se de um estudo transversal, retrospectivo e quantitativo, realizado a partir da análise de 2.276 laudos parasitológicos de fezes. Foram avaliadas variáveis como gênero, faixa etária, mês de realização do exame, presença de parasitas, tipo de parasita e associações parasitárias. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Universidade Ceuma, sob parecer nº 5.085.992. **Resultados e Discussão:** Observou-se maior prevalência de exames realizados por indivíduos do sexo feminino (73,81%) e predominância da faixa etária adulta (63,14%). A positividade para parasitos intestinais foi de 20,69%, com predomínio expressivo de protozoários (98,73%). Entre as espécies identificadas, destacou-se *Endolimax nana* (61,29%), seguida por *Entamoeba coli* (13,76%) e *Entamoeba histolytica* (9,03%). As associações parasitárias foram observadas em 83 casos, com predominância de biparasitismo (60,24%) e associações entre protozoários. Esses achados sugerem condições higiênico-sanitárias inadequadas e possível contaminação fecal-oral na população estudada. **Conclusão:** Os resultados evidenciam a persistência das parasitoses intestinais como problema de saúde pública na região estudada, reforçando a necessidade de melhorias nas condições sanitárias, ampliação das ações de educação em saúde e fortalecimento das estratégias de prevenção e controle dessas infecções.

**Palavras-chave:** Enteroparasitoses, Epidemiologia, Saúde Pública.

## ÁREA: QUALIDADE E ACREDITAÇÃO DE LABORATÓRIOS CLÍNICOS

### P-011

### Da conformidade à cultura da qualidade: implantação de um programa de auditoria interna por pares em laboratório clínico hospitalar com pontuação ponderada em oito eixos temáticos

**APRESENTAÇÃO ORAL**

Orlando Carlos da Conceição Neto[1], Carla Ormundo Gonçalves Ximenes Lima[1], Vanessa Passos de Oliveira[1], Camilla Morais de Paiva[1]

[1]*Hospital Central da Aeronáutica, Força Aérea Brasileira*

**Introdução**

A gestão da qualidade em laboratórios clínicos evoluiu de uma atividade puramente fiscalizatória para uma ferramenta estratégica de segurança do paciente e precisão diagnóstica. No atual cenário brasileiro, o marco regulatório foi profundamente atualizado pela Resolução da Diretoria Colegiada (RDC) nº 978/2025 da ANVISA. Esta norma não apenas substituiu legislações anteriores, mas elevou o rigor técnico ao exigir que os Programas de Garantia da Qualidade incluam mecanismos robustos de análise de riscos, monitoramento de indicadores e auditorias internas sistemáticas(1). Paralelamente, a norma internacional ISO 15189:2022 reforça que a competência técnica e a confiabilidade dos resultados dependem de uma verificação planejada, que promova a melhoria contínua do sistema de gestão(2).

Sob tal perspectiva, o Laboratório de Análises Clínicas em estudo ocupa uma posição estratégica singular no sistema de saúde em que está inserido. Além de atender à demanda hospitalar interna, ele atua como uma unidade de apoio, executando de forma centralizada exames de imunologia, hormônios e procedimentos de alta complexidade e alto valor agregado para outras organizações de saúde da Força Aérea Brasileira (FAB). Essa característica de centro processador centralizado impõe uma responsabilidade técnica superior: qualquer desvio analítico em uma plataforma de alta complexidade pode impactar uma rede capilarizada de pacientes e unidades solicitantes(3). O grande desafio para gestores de tais unidades reside em transpor as exigências da RDC 978/2025 para a rotina operacional, sem causar paralisia assistencial ou comprometer o fluxo de suporte às unidades apoiadas.

Nesse contexto, modelos de auditoria convencionais falham ao não considerar a criticidade variável entre setores e são percebidos como eventos exaustivos que interrompem a rotina assistencial ou que se limitam a seguir roteiros genéricos, sem adaptá-los à realidade local. Em ambientes hospitalares, em que pressão por tempo e volume de exames é constante, a auditoria deve atuar como uma ferramenta de diagnóstico organizacional. Diante disso, a Seção de Garantia de Qualidade do laboratório inovou ao propor, durante o ano de 2025, um formato próprio de auditorias setoriais que, embora ancorado em normas internacionais, prioriza áreas de interesse técnico, por meio de uma matriz de criticidade ponderada e execução por pares, visando à melhoria técnica e ao fortalecimento da cultura de qualidade e integração entre os profissionais.

**Objetivo**

Descrever a estruturação, a implementação e os desdobramentos técnicos de um programa de auditoria interna fundamentado em um roteiro de oito eixos e execução por pares. O estudo busca evidenciar como esse modelo foi capaz de elevar a conformidade normativa e, simultaneamente, servir de base para a construção de indicadores de desempenho que garantissem a sustentabilidade da qualidade em um cenário de alta demanda.

**Métodos**

Trata-se de um estudo descritivo que detalha a experiência vivenciada em um laboratório de análises clínicas de um hospital geral de alta complexidade da FAB, abrangendo as seções de Microbiologia, Hematologia, Uroanálise, Parasitologia, Imunologia e Hormônios, Bioquímica e o setor de Coleta. A inovação central da metodologia residiu na criação de um roteiro de inspeção

qualiquantitativo, estruturado em oito eixos estratégicos que contemplam as áreas de maior risco para o erro laboratorial: 1. Gestão Documental e POPs; 2. Rastreabilidade de Amostras e Resultados; 3. Manutenção Preventiva e Corretiva de Equipamentos; 4. Controle da Qualidade (CIQ/CEQ); 5. Biossegurança e Gerenciamento de Resíduos; 6. Registros Operacionais e Evidências de Execução; 7. Identificação e Tratamento de Não Conformidades; e 8. Indicadores Setoriais de Desempenho. Conforme detalhado na **Figura 1**, cada eixo recebeu um peso proporcional (variando de 2 a 4) definido pela Seção de Garantia da Qualidade (SGQ), conforme o impacto direto no laudo liberado. A execução do programa foi planejada para ocorrer em turnos únicos de uma manhã por setor, estratégia vital para não comprometer a rotina de atendimento aos pacientes. O diferencial operativo foi a auditoria por pares: farmacêuticos e técnicos de diferentes setores foram treinados como auditores internos para avaliar unidades distintas das suas. Por exemplo, profissionais da Bioquímica e da Uroanálise auditaram a Hematologia, sob supervisão e assessoria contínua da Seção de Garantia de Qualidade. Esse suporte garantiu a padronização dos critérios e a isenção nas coletas de evidências[4,5]. O sistema de pontuação seguiu a lógica: Conforme (2 pts), Parcialmente Conforme (1 pt), Não Conforme (0 pts) ou Não se Aplica. Como resultado direto das inspeções no Eixo 8, foram consolidados os indicadores de desempenho que compuseram o monitoramento anual.

**Resultados e Discussão**

A aplicação do modelo permitiu que o laboratório absorvesse um aumento expressivo de demanda assistencial no ano seguinte, 2026, atingindo recordes de produtividade, excedendo 4.300 exames assinados por farmacêutico em março. A manutenção dessa vazão sem prejuízo à segurança técnica é atribuída ao amadurecimento dos processos auditados nos Eixos 1 e 6, que garantiram que, mesmo sob carga elevada, os fluxos de trabalho permanecessem padronizados e documentados.

A dinâmica de auditoria por pares revelou-se um potente mecanismo de educação continuada e integração. Ao assumir o papel de auditor, o colaborador desenvolveu uma visão sistêmica sobre a interdependência dos processos pré-analíticos e analíticos. Essa troca de experiências reduziu drasticamente o estigma punitivo das auditorias tradicionais, transformando a verificação em um processo colaborativo de resolução de problemas[6]. Tecnicamente, a **Tabela 1** vincula os eixos da auditoria com os resultados dos indicadores acompanhados, mostrando como a priorização do Eixo 4 (Controle da Qualidade) permitiu a identificação precoce de variações inaceitáveis de proficiência no Programa Nacional de Controle de Qualidade (PNCQ) observadas em março de 2026, especificamente nos setores de Microbiologia e Imunologia. A cultura de registro que foi orientada, corrigida e sedimentada pelo Eixo 7 possibilitou que tais variações fossem tratadas com análise de causa raiz e ações corretivas imediatas, evitando o impacto clínico nos laudos[7].

Na fase pré-analítica, a integração entre as auditorias de rastreabilidade (Eixo 2) e manutenção (Eixo 3) foi crucial. O monitoramento permitiu identificar causas específicas para o índice de recoletas, como falhas pontuais de estabilidade em analitos sensíveis (Vitamina B12) e instabilidades mecânicas no equipamento de Hemoglobina Glicada (Variant II)[8,9]. O tratamento desses dados em reuniões técnicas (Eixo 8) gerou ajustes nos planos de manutenção preventiva de equipamentos e treinamentos de coleta. Além disso, o laboratório iniciou o monitoramento e conseguiu manter o *Turnaround Time* (TAT) da emergência rigorosamente dentro da meta de 90 minutos, mesmo enfrentando instabilidades recorrentes nos sistemas informatizados (AGHUse e CompLab). Essa capacidade de gestão operacional é fruto direto do aprendizado de monitoramento dos gargalos[10], por meio da ferramenta de auditoria que foi implementada.

O modelo de pesos provou que a conformidade deve ser medida pelo impacto técnico real, fornecendo à chefia do laboratório dados para decisões gerenciais assertivas em vez de meras percepções subjetivas.

**Conclusão**

A implementação da RDC 978/2025 exigiu dos laboratórios clínicos uma evolução na inteligência gerencial. O programa desenvolvido pelo laboratório em comento inovou ao converter a exigência normativa em um roteiro técnico personalizado, executado de forma ágil e participativa. A auditoria por pares, sustentada por uma matriz ponderada de oito eixos, não apenas elevou o padrão de conformidade e segurança diagnóstica, mas também foi o alicerce para a construção de indicadores de desempenho robustos. O sucesso dessa experiência demonstra que é possível conciliar o rigor da acreditação com a agilidade da rotina hospitalar, promovendo a integração das equipes e a excelência assistencial, consolidando o método como uma prática de referência para o setor de análises clínicas.

**Palavras-chave:** Auditoria interna, Gestão da qualidade, Indicadores laboratoriais.

**Referências**

1. Brasil. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução da Diretoria Colegiada RDC nº 978, de 10 de junho de 2025. Estabelece requisitos técnico-sanitários para o funcionamento de laboratórios clínicos. Diário Oficial da União; 11 jun 2025.

2. International Organization for Standardization. ISO 15189:2022. Medical laboratories — Requirements for quality and competence. 4th ed. Geneva: ISO; 2022.

3. Plebani M. Errors in laboratory medicine: 40 years later. Clin Chem Lab Med. 2023;61(4):534-541.

4. Sciacovelli L, Panteghini M, Lippi G, Sagnella F. Defining a roadmap for implementing quality indicators in medical laboratories. Clin Chem Lab Med. 2024;62(2):205-214.

5. Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). QMS01: A Quality Management System Model for Laboratory Services. 6th ed. Wayne: CLSI; 2024.

6. Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial (SBPC/ML). Indicadores de qualidade no laboratório clínico. 2ª ed. Rio de Janeiro: SBPC/ML; 2023.

7. Jayamani J, Janardan CC, Appan SV, Kathamuthu K, Ahmed ME. A practical tool for risk management in clinical laboratories. Cureus. 2022 Dec 21;14(12):e32774.

8. Hawkins R. Managing the pre- and post-analytical phases of the total testing process: updated guidelines. Ann Lab Med. 2024;44(3):195-208.

9. Carraro P, Plebani M. Errors in a stat laboratory: types and frequencies 10 years later. Clin Chem. 2007;53(7):1338-42.

10. Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Recomendações da SBPC/ML: gestão da qualidade em laboratórios clínicos. São Paulo: SBPC/ML; 2020.




**Figura 1.** Matriz de auditoria interna ponderada: eixos e pesos

Nota: baixa criticidade, azul, peso 2; média criticidade, laranja, peso 3; alta criticidade, vermelho, peso 4.

**Tabela 1.** Painel consolidado de indicadores (resultados 2026 vs. vínculo com eixos de auditoria)

| Indicador Crítico | Resultado Consolidado (2026) | Vínculo com Eixo de Auditoria | Impacto da Auditoria por Pares |
|---|---|---|---|
| **Produtividade Analítica** | > 4.300 exames/farmacêutico (recorde em março) | **Eixos 6 e 8** | Padronização de registros e metas setoriais permitiram alta vazão com segurança. |
| **TAT Emergência** | 90 min (meta mantida em 100%) | **Eixo 8 (Indicadores)** | Monitoramento contínuo evitou atrasos mesmo com falhas no sistema AGHUse. |
| **Proficiência (PNCQ)** | Identificação e correção de desvios em março | **Eixos 4 e 7** | Auditoria cruzada detectou variações na Microbiologia e Imunologia, gerando planos de ação imediatos. |
| **Índice de Recoletas** | Identificação de causas (HbA1c/Vit B12) | **Eixos 2 e 3** | Rastreabilidade e gestão de manutenção reduziram erros por instabilidade técnica. |
| **Satisfação do Paciente** | Média entre 94% e 98% | **Todos os eixos** | A integração da equipe refletiu diretamente na qualidade do atendimento final. |

## P-059

## Melhoria contínua na prática: ações derivadas de não conformidade no setor de imunoquímica

Maria Eduarda Teodoro[1], Franciele Cristina Valandro Roedel[1], Larissa Cristine Machado Welter[1], Daniel Oliveira Torres[1], Lídia Freire Abdalla Nery[1], Cyra Mesquita de Araujo[1], Bruno Oliveira Barreto[1], Isabela de Oliveira Moura[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

A garantia da qualidade é um pilar essencial para o funcionamento de laboratórios de análises clínicas, estando diretamente relacionada à implementação de um sistema eficaz de gestão da qualidade. Nesse contexto, destaca-se a importância da gestão de não conformidades (NC), que envolve desde a sua identificação até a análise crítica e a definição de ações corretivas e preventivas. Quando conduzidas de maneira sistematizada, essas ocorrências deixam de representar apenas falhas pontuais e passam a ser reconhecidas como importantes oportunidades de aprimoramento dos processos laboratoriais. Além disso, a gestão adequada das NC contribui significativamente para o aumento da confiabilidade dos resultados, a redução de riscos operacionais e o fortalecimento da segurança do paciente, promovendo, assim, a melhoria contínua dos serviços prestados.

**Objetivo**

Relatar a análise de uma não conformidade ocorrida em um laboratório privado, no setor de imunoquímica, destacando as ações corretivas e preventivas implementadas, bem como evidenciar como a gestão estruturada de ocorrências contribui para a melhoria contínua, transformando situações adversas em oportunidades de aprendizado e elevação dos padrões de qualidade.

**Métodos**

Este estudo foi desenvolvido a partir de uma análise descritiva, do tipo estudo de caso retrospectivo, conduzida em um laboratório privado de análises clínicas, no setor de imunoquímica, especificamente nas sorologias automatizadas por eletroquimioluminescência.

A investigação concentrou-se em uma não conformidade registrada no processo analítico, caracterizada como retificação de laudo, ocorrida no mês de março de 2025, com o objetivo de compreender suas causas e propor melhorias.

A não conformidade foi identificada e documentada conforme os procedimentos internos estabelecidos. Em seguida, realizou-se a análise de causa raiz por meio da técnica dos 5 Porquês, ferramenta amplamente utilizada para investigação sistemática de falhas, envolvendo a supervisão do setor e os analistas responsáveis. A partir dessa etapa, foram definidas e implementadas ações corretivas e preventivas, direcionadas à eliminação da causa do problema e à prevenção de sua recorrência.

Como parte da análise dos desdobramentos da não conformidade, foi conduzida uma análise comparativa entre os períodos pré-intervenção (março e abril de 2025) e pós-intervenção (junho e julho de 2025), utilizando como indicador a taxa de repetição analítica (%), calculada pela razão entre o número de repetições e o total de exames realizados no mesmo período, para os analitos avaliados.

Adicionalmente, avaliou-se a eficiência dos testes (%), definida como a proporção de exames liberados sem necessidade de repetição, em relação ao total de testes realizados, considerando a carga analítica completa do processo, incluindo calibrações, controles e repetições.

**Resultados e Discussão**

A partir da análise detalhada de uma não conformidade relacionada à retificação de laudo, no setor de imunoquímica, foi possível evidenciar diversas melhorias no processo. A aplicação da técnica dos 5 Porquês permitiu identificar que a causa raiz do problema estava associada a uma configuração inadequada na interface entre o analisador e o sistema de informação laboratorial (LIS), a qual suprimia a exibição de determinados *flags* gerados pelo equipamento, como resultados acima da linearidade do teste e indicativos de *carry over*. Esses alertas não eram exibidos na tela de interface utilizada pelo analista para a liberação dos resultados, o que limitava a detecção de possíveis inconsistências.

Como ação corretiva, foi implementada a visualização desses *flags* na tela de liberação, associada a uma classificação cromática baseada na criticidade dos eventos: vermelho para situações críticas, como interferências graves, e amarelo para alertas de menor severidade. Essa padronização contribuiu para uma interpretação mais rápida e segura das informações pelo analista.

A intervenção resultou na redução de liberações inadequadas, decorrente da maior visibilidade dos alertas e do aprimoramento do processo de tomada de decisão. Além disso, observou-se aumento na percepção de riscos, por meio da identificação proativa e sistemática de situações anteriormente subnotificadas, como contaminação por *carry over* e possíveis sinais de degradação de reagentes. Esses fatores impactam diretamente a confiabilidade analítica, de modo que as melhorias implementadas contribuíram para o aumento da segurança e da eficiência no processo analítico como um todo, com potencial de aplicação em rotinas laboratoriais similares.

A análise sistemática dos *flags* de *carry over*, implementada como parte das melhorias no sistema de alertas, revelou uma ocorrência significativa deste fenômeno em exames de imunologia, particularmente em sorologias. Esta constatação passou a demandar, com frequência, a repetição dos testes em novas alíquotas, impactando negativamente o tempo de liberação dos resultados e a alocação de recursos laboratoriais.

Diante desse cenário, como ação corretiva, implementou-se um protocolo específico que incluiu a utilização de um tubo exclusivo para amostras de alta prioridade destinadas a testes de imunologia. Esta padronização operacional contribuiu para maior controle do processo e redução de interferências.

Como resultado, observou-se uma redução expressiva na taxa de repetição de testes, de 5,15% (março e abril) para 0,47% no período pós-intervenção (junho e julho), representando uma diminuição aproximada de 90,9% (Figura 1). A ação ainda contribuiu para diminuição no tempo despendido com busca manual de alíquotas para reprocessamento, otimizando o fluxo de trabalho da equipe.

Durante o período avaliado, não foram identificados novos casos de contaminação cruzada entre amostras de bioquímica e imunologia após a implementação das melhorias, reforçando a efetividade da medida adotada. Embora a introdução de um tubo adicional possa sugerir aumento de custos operacionais, a redução significativa nas repetições dos testes resultou em um ganho global significativo. Dessa forma, a melhoria demonstrou não apenas um aumento da eficiência analítica (Figura 2), mas também economia relevante de reagentes e otimização do uso de mão de obra.

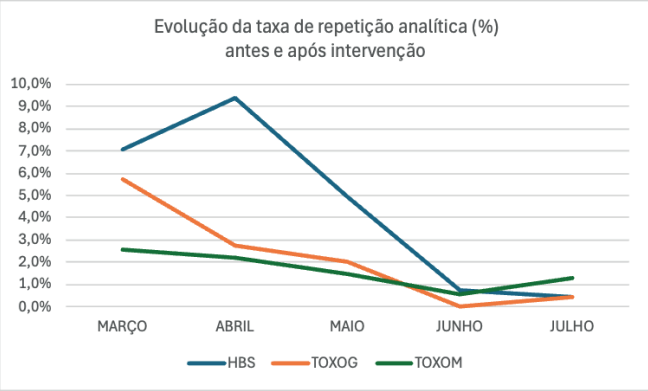



**Figura 1.** Evolução da taxa de repetição analítica (%) para exames de imunologia de alta prioridade, no período de março a julho de 2025, antes e após a implementação de ações corretivas no processo analítico em maio.

Fonte: Sistema de Informação Laboratorial (LIS) do laboratório, dados de março a julho de 2025, elaboração própria.

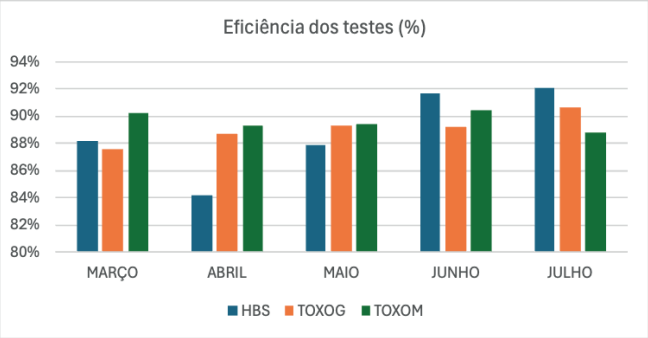



**Figura 2.** Eficiência dos testes (%) considerando o total de exames realizados, incluindo calibrações, controles e repetições.

Fonte: Sistema de Informação Laboratorial (LIS) do laboratório, dados de março a julho de 2025, elaboração própria.

Os resultados obtidos demonstram que a gestão estruturada de não conformidades não apenas possibilitou a resolução de falhas pontuais, mas também promoveu avanços significativos na segurança analítica, na confiabilidade dos resultados e na eficiência operacional do laboratório. As intervenções implementadas mostraram-se efetivas na redução de riscos, na otimização do uso de recursos e no aprimoramento dos fluxos de trabalho. Além disso, contribuíram para o fortalecimento da cultura de qualidade e da prevenção de erros, incentivando uma abordagem mais proativa na identificação e mitigação de potenciais falhas.

**Conclusão**

A análise da não conformidade evidenciou que eventos adversos, quando devidamente investigados e acompanhados de ações corretivas e preventivas bem estruturadas, podem ser convertidos em importantes oportunidades de melhoria contínua dos processos laboratoriais. As intervenções implementadas resultaram em redução expressiva das repetições analíticas, refletindo diretamente na melhoria da eficiência operacional, na otimização dos recursos e no aumento da segurança do processo analítico.

O modelo de intervenção adotado demonstra potencial de replicabilidade em outros setores laboratoriais com interface analítica semelhante.

Dessa forma, reforça-se o papel da gestão da qualidade como ferramenta estratégica fundamental para o aprimoramento do desempenho laboratorial, promovendo maior confiabilidade dos resultados e contribuindo para a segurança dos pacientes e profissionais de saúde.

**Palavras-chave:** Melhoria Contínua, Gestão da Qualidade, Não Conformidade.

**Referências**

Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Programa de acreditação de laboratórios clínicos: PALC 2025. Rio de Janeiro: SBPC/ML; 2025.

Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Gestão da qualidade em medicina laboratorial: recomendações da SBPC/ML. Rio de Janeiro: SBPC/ML; 2025.

Plebani M. Errors in clinical laboratories or errors in laboratory medicine? Clin Chem Lab Med. 2006;44(6):750-759. doi:10.1515/CCLM.2006.123.

Oliveira CA, Mendes ME. Gestão da fase analítica do laboratório: como assegurar a qualidade na prática. Vol. 2. Rio de Janeiro: ControlLab; 2011.

## P-072

## PRO-EX PNCQ em hormônios tireoidianos: análise retrospectiva de 10 anos

Rafaela Martins Alvariz[1], Talise Ellwanger Müller[1], Helena Schirmer[1], Sandrine Comparsi Wagner[1], Liane Nanci Rotta[1], Pedro D´Azevedo[1], Sheila Bünecker Lecke[1]

[1]*Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre*

**Introdução:** Confiabilidade laboratorial deve ser garantida por controles interno e externo da qualidade. PNCQ (SBAC) constitui um dos maiores provedores de materiais controle no Brasil. **Objetivo:** Analisar performance analítica dos resultados do PRO-EX PNCQ em hormônios tireoidianos (HT), 2013-2023. **Métodos:** Analisados 50.091 resultados por variabilidade analítica: conceitos B (±1DP), A (±2DP) e I (fora limites); região país; participante (público/privado) e metodologia analítica, por igualdade proporções e regressão Prais-Winsten, p<0,05. Dados anonimizados, sem identificar participantes (nº 423/2023 ComPesq). **Resultados e Discussão:** TSH e T4L mais frequentes [13.316(26,6%) e 12.903(25,8%) resultados]; 32.280(64,4%) resultados conceito B; 15.138(30,2%) e 14.433(28,8%) resultados do Sul e Sudeste; 32.780(65,4%) resultados interior/metropolitana; 41.539(82,9%) resultados participantes privados; CLIA e ECLIA mais utilizados [33.011(65,9%) e 14.703(29,4%) resultados]. Para TSH, resultados Sul apresentaram menor variabilidade analítica aos Centro-Oeste e Nordeste (conceito B=66,1%vs.<63,0%, p<0,05%); Sudeste significativamente superior ao Nordeste. Resultados interior/metropolitana significativamente melhor performance analítica aos da capital (conceito B=25,5%vs.23,5%; conceito I=10,3%vs.11,7%); como públicos aos privados (conceito B=66,2%vs.64,0%; conceito I=8,1%vs.11,3%). Frequência resultados conceito B maior no ELFA à CLIA, ECLIA e EIA (87,4%vs.<65,0%, p<0,05). Resultados inadequados significativamente mais frequentes por EIA, como por CLIA à ECLIA. Para T4L, Sul e Sudeste maior frequência de resultados conceito B ao Nordeste (>64,8%vs.61,0%, p<0,05). Capitais brasileiras mais resultados inaceitáveis ao interior/metropolitana (10,4%vs.8,8%, p<0,05). Resultados participantes públicos, melhor performance analítica aos privados (conceito B=66,0%vs.63,3%; conceito I=7,0%vs.9,9%, p<0,05). Conceito B mais frequente nos resultados por ELFA à CLIA, ECLIA e EIA (87,2%vs.<66,0, p<0,05); EIA mais resultados inadequados (p<0,05). Descritiva temporal demonstrou redistribuição regional para TSH e T4L; maior participação pública e do interior/metropolitana; aumento resultados conceito A e queda dos I; maior uso de CLIA (p<0,05). **Conclusão:** Apesar da expressiva participação de grandes centros, série histórica indica descentralização laboratorial e melhoria da acurácia diagnóstica para TSH e T4L, reforçando contribuição contínua do PNCQ para qualificar dosagens HT.

**Palavras-chave:** TSH, T4L, PNCQ.

## P-085

### Aplicabilidade do Microsoft Excel® no monitoramento do turnaround time (TAT) em um laboratório hospitalar público em Manaus

Mônica Silva Libório[1], Natalia Aquino[1], Denis Carvalho de Souza[1], Rômulo Liarte Rezende[2]

*[1]Laboratório Arnaldo Oliveira; [2] Instituto Nacional de Desenvolvimento Social e Humano (INDSH).*

**Introdução:** O Turnaround Time (TAT) é um importante indicador da gestão da qualidade em laboratórios clínicos, pois permite monitorar o tempo transcorrido entre as etapas do processo laboratorial até a liberação dos resultados. Em hospitais públicos de urgência e emergência, seu acompanhamento favorece a rastreabilidade operacional, a organização do fluxo assistencial e o suporte à tomada de decisão clínica. Embora sistemas informatizados contribuam para a gestão das rotinas laboratoriais, ferramentas complementares podem ampliar a análise operacional e facilitar o acompanhamento específico de indicadores. Nesse contexto, o Microsoft Excel® pode representar recurso acessível e de baixo custo para apoiar o monitoramento do TAT. **Objetivo:** Avaliar a aplicabilidade do Microsoft Excel® como ferramenta complementar de monitoramento do TAT em laboratório hospitalar público de urgência e emergência. **Métodos:** Estudo descritivo, retrospectivo, quantitativo e observacional, realizado em um laboratório hospitalar público de Manaus-AM. O monitoramento foi implantado por meio de planilha eletrônica desenvolvida no Microsoft Excel®, com fórmulas automatizadas para cálculo dos tempos das etapas laboratoriais. Os dados foram preenchidos diariamente pela equipe técnica durante três meses consecutivos, monitorando-se recepção, triagem, processamento e liberação. A meta institucional foi a liberação em até duas horas. **Resultados e Discussão:** A ferramenta possibilitou maior rastreabilidade das etapas, visualização do fluxo, identificação de gargalos e acompanhamento por dashboard gerencial. As médias mensais foram (Mês 1, 2 e 3): recepção (00:15:10, 00:05:30, 00:05:00); triagem (00:32:16, 00:19:47, 00:20:39); processamento (00:52:30, 00:56:30, 00:57:30); e liberação (01:14:41, 01:13:00, 01:19:00). Houve redução dos tempos nas etapas iniciais e manutenção da liberação dentro da meta. Limitações de preenchimento manual não comprometeram a aplicabilidade. **Conclusão:** O Microsoft Excel® mostrou-se viável, acessível e de baixo custo para o monitoramento complementar do TAT, contribuindo para rastreabilidade, organização do fluxo laboratorial, identificação de oportunidades de melhoria e acompanhamento sistemático de indicadores assistenciais.

**Palavras-chave:** Monitoramento de Processos, Gestão da Qualidade, Softwares.

## P-089

### Série temporal de 10 anos do PRO-EX PNCQ em hormônios femininos

Caroline de Conto Hentges[1], Helena Schirmer[1], Sandrine Comparsi Wagner[1], Liane Nanci Rotta[1], Pedro D´Azevedo[2], Sheila Bünecker Lecke[1]

*[1]UFCSP; [2]SBAC/UFCSPA*

**Introdução:** A confiabilidade laboratorial deve ser garantida pelo uso de controles interno e externo da qualidade. O PNCQ (SBAC) constitui um dos maiores provedores de materiais controle no Brasil. **Objetivo**: Analisar a tendência temporal do desempenho analítico dos resultados do PRO-EX PNCQ em endocrinologia feminina no período de 2013 a 2023. **Métodos:** Analisados 56.519 resultados (BHCG, estradiol, estriol livre, estrona, FSH, LH, progesterona e prolactina) segundo variabilidade analítica: conceitos B (±1DP), A (±2DP) e I (fora dos limites); região do país; localização (capitais/não capitais); participante (público/privado) e metodologia analítica. Aplicou-se teste de igualdade de proporções e regressão de Prais-Winsten (p<0,05). Dados anonimizados, sem identificação dos participantes (nº 423/2023 ComPesq). **Resultados e Discussão:** FSH, BHCG e LH mais frequentes [10.429(18,5%), 10.112(17,9%) e 10.001(17,7%) resultados]; 36.646(64,8%) resultados conceito B; 17.270(30,6%) e 15.508(27,4%) resultados do Sudeste e Sul; 36.256(64,1%) resultados não capitais; 47.054(83,2%) resultados rede privada; CLIA e ECLIA mais utilizados [37.132(65,7%) e 16.898(29,9%) resultados]. BHCG, estriol livre, FSH, LH e progesterona apresentaram redução significativa da variabilidade analítica durante o período avaliado. Globalmente, observou-se melhora da acurácia analítica temporal, com tendência decrescente de resultados I (APC=-3,13%, IC95%=-4,26 a -1,98) e crescente de resultados A (APC=+2,63%, IC95%=1,69 a 3,57). Em relação à variação relativa de resultados com conceito B na série histórica avaliada (APC% e IC95%), observou-se, para BHCG, estradiol, FSH, LH, progesterona e prolactina, tendência significativa de aumento nas regiões Nordeste e na utilização da metodologia CLIA, concomitante à redução nas regiões Sudeste/Sul e na utilização da metodologia EIA. **Conclusão:** Os achados evidenciam tendência de descontinuação da metodologia EIA frente à expansão do uso de CLIA, além de maior participação de regiões fora dos grandes centros no programa, sugerindo descentralização da qualificação analítica e aprimoramento das dosagens de hormônios femininos no país por meio do PRO-EX PNCQ.

**Palavras-chave:** Gonadotrofinas, Hormônios Gonadais, PNCQ.

## P-116

### Melhoria da qualidade pré-analítica por meio de estratégias educativas contínuas e personalizadas

Priscila Azevedo Sant'Ana de Oliveira[1], Fabiane Pereira Custódio[1], Robson Genuino dos Santos Junior[1], Sheila Silva Garcia[1], Jeniffer de Melo Freitas Antunes[1], Luciana Ferreira da Silva[1], Simone Maria Teixeira[1], Erika Martins de Carvalho[1]

*[1]Fiocruz*

**Introdução**

A Unidade de Apoio ao Diagnóstico – UNADIG-RJ da Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz, inaugurada em 2020, foi construída exclusivamente para atender à alta demanda gerada pela pandemia da COVID-19, tanto para diagnóstico quanto para pesquisas relacionadas ao SARS-CoV-2.

Com o fim da pandemia, a unidade passou por uma reestruturação estratégica, na qual o laboratório de Diagnóstico Clínico – DCLIN teve seu portfólio ampliado de 01 agravo para mais de 95, distribuídos entre os setores de Hematologia e Coagulação, Bioquímica, Imunologia e Hormônios. Nesse contexto, houve um aumento no fluxo de atendimento às unidades de coleta ambulatoriais e hospitalares e com isso, observou-se uma grande quantidade de não conformidades pré-analíticas provenientes dessas unidades, mesmo após a realização de treinamentos com as equipes antes do início dos atendimentos.

As não conformidades que ocorrem na fase pré-analítica configuram um dos principais entraves para os profissionais da área laboratorial. Embora alguns procedimentos da fase pré-analítica sejam reconhecidos como especialmente críticos, ainda existe uma carência de diretrizes e recomendações internacionalmente consolidadas, bem como de medidas de qualidade em determinados procedimentos, e isto, reforça a necessidade de intervenções educativas direcionadas e estratégias sistemáticas de monitoramento.

**Objetivo**

Reduzir a incidência de não conformidades na fase pré-analítica provenientes das unidades de coleta, por meio da implementação de estratégias educativas contínuas e personalizadas.

**Métodos**

Foi acompanhado o recebimento de amostras provenientes de sete unidades de coleta entre novembro de 2024 a dezembro de 2025. Mesmo após treinamentos prévios, entre novembro e dezembro de 2024, as unidades ainda apresentavam

elevada incidência de não conformidades nas etapas de cadastro no sistema, coleta e transporte de amostras biológicas, totalizando 60 ocorrências.
As não conformidades pré-analíticas identificados durante o recebimento das amostras foram registrados e classificados conforme o grau de gravidade em leve (I), moderado (II) e grave (III), considerando fatores como impacto ao paciente, possibilidade de aproveitamento de amostra remanescente de outros exames do mesmo paciente, necessidade de recoleta, retrabalho gerado e comprometimento do processo laboratorial, com base nos requisitos estabelecidos pela RDC nº 978/2025 e pela ABNT NBR ISO 15189:2024.
As não conformidades foram agrupados nas categorias identificação da amostra, material inadequado, cadastro e transporte. Na identificação da amostra, foram incluídas situações relacionadas ao posicionamento incorreto, ausência, divergência ou duplicidade de etiquetas. As não conformidades classificadas como material inadequado envolveram coletas realizadas em tubos ou recipientes incompatíveis com os exames solicitados. Já as não conformidades de cadastro abrangeram falhas no preenchimento de informações, inconsistências no sistema e duplicidade de registros. Por fim, as não conformidades de transporte incluíram inadequações nas condições de acondicionamento, controle de temperatura, documentação e envio das amostras biológicas. Inicialmente, o DCLIN buscou realizar novos treinamentos com os profissionais das unidades, porém o processo era dificultado pela necessidade de conciliar a agenda das equipes com a disponibilidade do laboratório.
Dessa forma, em janeiro de 2025, o DCLIN passou a adotar ações diferentes, além da notificação por e-mail das não conformidades identificadas a cada recebimento de amostras, a equipe elaborou vídeos tutoriais e guias práticos de cadastro, coleta e transporte de material biológico (DCLIN QualiLab) para serem enviados em conjunto, permitindo que os profissionais das unidades visualizassem de forma mais clara e personalizada como realizar corretamente as etapas do processo em que ocorreram as não conformidades.

**Resultados e Discussão**
Após a implementação das estratégias educativas contínuas e personalizadas, durante o período de janeiro a dezembro de 2025, foram identificados 128 não conformidades pré-analíticas durante o recebimento de amostras, conforme demonstrado no Gráfico 1. Desses, 71 foram classificados como graves, 34 como moderados e 23 como leves, conforme apresentado no Quadro 1.

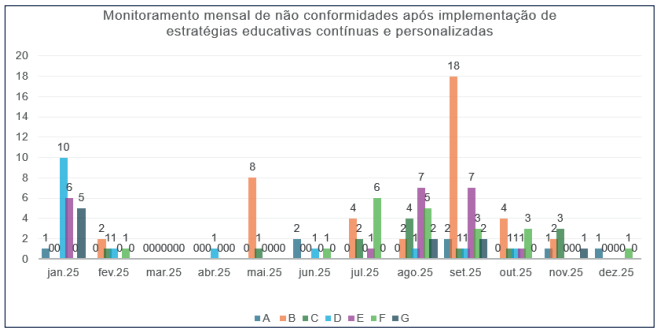



**Gráfico 1.** Monitoramento mensal de não conformidades pré-analíticas após implementação de estratégias educativas contínuas e personalizadas.

Fonte: Elaborado pelo autor.

**Quadro 1.** Quantitativo de não conformidades pré-analíticas classificadas segundo a gravidade, no período de janeiro a dezembro de 2025

| UNIDADES | LEVE | MODERADO | GRAVE | TOTAL |
|---|---|---|---|---|
| A | 1 | 2 | 4 | **7** |
| B | 14 | 14 | 12 | **40** |
| C | 2 | 2 | 9 | **13** |
| D | 2 | 4 | 10 | **16** |
| E | 2 | 10 | 10 | **22** |
| F | 2 | 2 | 16 | **20** |
| G | 0 | 0 | 10 | **10** |
| TOTAL | **23** | **34** | **71** | **128** |

Fonte: Elaborado pelo autor.

Os meses de setembro, janeiro e agosto apresentaram maior número de ocorrências ao longo do período avaliado.
A unidade B apresentou o maior quantitativo de não conformidades, totalizando 40 ocorrências distribuídas entre não conformidades leves, moderados e graves, com destaque para o mês de setembro. Mesmo com baixo fluxo de envio de amostras, a unidade permaneceu com elevada incidência de não conformidades, situação possivelmente relacionada à grande rotatividade de profissionais e à menor adesão às ações educativas e treinamentos realizados.
As unidades E e F também apresentaram número elevado de não conformidades, principalmente classificados como graves, enquanto a unidade D concentrou maior número de ocorrências no mês de janeiro. Já a unidade G, apesar de apresentar menor quantitativo total de não conformidades, registrou apenas ocorrências classificadas como graves.
Por outro lado, as unidades A, C e D demonstraram maior participação nas ações educativas, melhor retorno às sinalizações encaminhadas por e-mail e maior abertura para treinamentos. Destaca-se a unidade C que, mesmo apresentando alto fluxo de envio de amostras, demonstrou melhor controle das ocorrências ao longo do período, evidenciando redução das não conformidades e melhor adesão às orientações realizadas.
Considerando o impacto das não conformidades pré-analíticas na qualidade laboratorial e na segurança do paciente, o acompanhamento contínuo associado à notificação imediata das não conformidades e ao uso de materiais tutoriais acessíveis (DCLIN QualiLab), demonstrou potencial para melhoria.
Como limitações deste estudo, alguns parâmetros devem ser levados em consideração como grande rotatividade de profissionais unidades, profissionais com pouco conhecimento sobre coleta para exames laboratoriais, crescimento da demanda de amostras, ausência de retorno. Além disso, por atuar como laboratório de apoio, o DCLIN possui limitações quanto à padronização e imposição de fluxos operacionais nas unidades atendidas, motivo pelo qual as estratégias educativas contínuas e personalizadas permanecem sendo ofertadas e não obrigatórias as unidades.
Contudo, personalizar o atendimento e manter um acompanhamento assim como a notificação proporcionou um grande diferencial para auxiliar na redução das não conformidades, enquanto os materiais tutoriais foram relevantes devido a acessibilidade e disponibilidade a qualquer momento para os profissionais das unidades de coleta.

**Conclusão**
As estratégias educativas contínuas e personalizadas apresentaram-se positivas e promissoras na redução das não conformidades pré-analíticos. A disponibilização de conteúdos de treinamento de forma acessível, por meio de vídeos e guias tutoriais (DCLIN QualiLab) disponíveis para consulta a qualquer momento, associada à notificação personalizada das não conformidades identificadas, mostrou-se uma ferramenta útil e eficaz quando aplicada em conjunto aos treinamentos das equipes. Os resultados demonstram que o acompanhamento contínuo e direcionado pode contribuir para a melhoria da qualidade laboratorial, redução do número de recoletas, fortalecimento da segurança do paciente, desenvolvimento das equipes e maior padronização dos processos pré-analíticos.

**Palavras-chave:** Fase Pré-analítica, Gestão da Qualidade, Não Conformidades.

**Referências**
Simundic AM, Lippi G. Preanalytical phase–a continuous challenge for laboratory professionals. Biochem Med. 2012;22(2):145-9.

Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução da Diretoria Colegiada – RDC nº 978, de 6 de junho de 2025. Dispõe sobre os requisitos técnico-sanitários para o funcionamento de serviços que executam exames de análises clínicas. Brasília (DF): ANVISA; 2025.

Alcantara JC, et al. Analysis of preanalytical errors in a clinical chemistry laboratory: A 2-year study. Medicine (Baltimore). 2022;101(27):e29853.

Associação Brasileira de Normas Técnicas. ABNT NBR ISO 15189:2024: laboratórios clínicos — requisitos de qualidade e competência. Rio de Janeiro: ABNT; 2024.

## P-151

### Desempenho analítico de testosterona total, testosterona livre e SHBG no PRO-EX PNCQ: retrospectiva de 10 anos

Luís Eduardo Zdanski de Souza[1], Caroline de Conto Hentges[1], Helena Schirmer[1], Sandrine Comparsi Wagner[1], Liane Nanci Rotta[1], Pedro D'Azevedo[2], Sheila Bünecker Lecke[1]

*[1]UFCSPA; [2]UFCSPA / SBAC*

**Introdução:** Gestão da qualidade laboratorial (GQL), com controles interno e externo, assegura validade dos exames. PNCQ (SBAC) constitui um dos maiores provedores brasileiros de materiais controle. **Objetivo:** Analisar desempenho analítico no PRO-EX PNCQ para testosterona (T) total, Tlivre e SHBG, 2013-2023. **Métodos:** 14.522 resultados (Ttotal, Tlivre, A4, DHT, DHEA, SHBG e SDHEA) por desempenho analítico: conceitos B(±1DP), A(±2DP) e I(fora dos limites); região brasileira; capitais/não-capitais; contratos público/privado, metodologia analítica. Igualdade de proporções e regressão Prais-Winsten, p<0,05. Dados anonimizados, sem identificar participantes (ComPesq nº423/2023). **Resultados e Discussão:** 9.762(67,2%) resultados conceito B; 5.025(34,6%) e 3.443(23,7%) do Sudeste e Sul; 8.561(59,0%) de não-capitais; 12.199(84,0%) de contrato privado; 8.729(60,1%) e 4.703(32,4%) de CLIA e ECLIA. 11.135(76,7%) resultados para Ttotal, Tlivre e SHBG [7.455(51,3%), 1.530(10,5%) e 2.150(14,8%)]. Ttotal: Sul e Sudeste maior frequência de resultados conceito B que Nordeste e Norte (>69,0%vs.<61,5%, p<0,05). Contrato público mais resultados inaceitáveis que privado (16,0%vs.12,8%); como EIA e ELFA que CLIA e ECLIA (>34,2%vs.<14,4%) (p<0,05). Tlivre: Sul, melhor desempenho analítico nos resultados que Centro-Oeste e Nordeste (conceitos B=77,1%vs.<63,4% e I=10,8%vs.>20,9%); não-capitais que capitais (conceitos A=15,3%vs.11,6% e I=15,4%vs.22,1%); privado que público (conceitos B=69,3%vs.57,4% e I=16,8%vs.27,7%) (p<0,05). Cálculo para Tlivre desempenho semelhante aos luminescentes, enquanto EIA maior frequência relativa de resultados inadequados (p<0,05). SHBG: Sul, menor variabilidade analítica nos resultados que Centro-Oeste, Nordeste e Norte (conceito B=73,9%vs.<63,6%); e Sudeste superior ao Nordeste e Norte (p<0,05). Resultados por CLIA melhor desempenho analítico que ECLIA (conceitos B=69,1%vs.63,6% e I=8,2%vs.11,9%, p<0,05). Retrospectiva 10 anos: redução relativa de resultados conceito B para Ttotal no Sul, Centro-Oeste, não-capitais, contrato privado e CLIA; e para SHBG, nas capitais e ECLIA. **Conclusão:** Diferenças regionais, institucionais e metodológicas na qualidade analítica de Ttotal, Tlivre e SHBG, com melhor desempenho no Sul e Sudeste, contrato privado e metodologias luminescentes. Achados temporais reforçam necessidade de monitorar e fortalecer continuamente GQL brasileira.

**Palavras-chave:** Testosterona, SHBG, PNCQ.

## P-157

### Desenvolvimento de aplicação web acessível para apoio à verificação analítica intralaboratorial em laboratório clínico

Janaína Deubatei Volanin[1], Willian Cosmo[1]

*[1]Unimed Cooperativa de Trabalho Médico Ponta Grossa*

**Introdução**

A confiabilidade dos resultados laboratoriais não depende apenas da aceitação do controle interno da qualidade, mas também da comprovação do desempenho dos sistemas analíticos em condições reais de uso. A fase analítica requer avaliação sistemática de processos, equipamentos, insumos e critérios, associada à padronização e ao monitoramento contínuo. A garantia da qualidade envolve controle documentado, prevenção de falhas, melhoria contínua e segurança do paciente [1,2].

A verificação de métodos analíticos é fundamental para confirmar que o desempenho informado pelo fabricante ou estabelecido pelo laboratório é reproduzível na rotina. Esse processo gera evidências da adequação do método às condições locais de uso, considerando variáveis ambientais e operacionais. Normas da qualidade em laboratórios clínicos exigem validação e verificação de métodos, monitoramento do desempenho analítico e registro das decisões técnicas e análises críticas [2–5].

Apesar disso, muitos laboratórios ainda realizam esses estudos por meio de planilhas e registros manuais, frequentemente sem padronização. Essa prática pode comprometer a rastreabilidade, a reprodutibilidade e a comparabilidade dos resultados entre métodos e analitos.

A transformação digital tem ampliado o uso de sistemas informatizados para apoiar a tomada de decisão em saúde. No laboratório clínico, ferramentas digitais acessíveis reduzem barreiras operacionais e financeiras, além de favorecerem práticas sustentáveis. Embora sistemas laboratoriais aumentem a eficiência e o suporte diagnóstico, ferramentas específicas para avaliação analítica ainda apresentam custo elevado, limitando sua utilização [6,7].

Nesse contexto, aplicações web voltadas à verificação analítica permitem transformar dados de desempenho em evidências documentadas, interpretáveis e auditáveis, contribuindo para a garantia da qualidade e o monitoramento contínuo dos sistemas analíticos.

**Objetivo**

Desenvolver, com o auxílio de Inteligência Artificial, uma aplicação web para apoio, execução, interpretação e registro de estudos de verificação analítica intralaboratorial, focando em precisão, linearidade, exatidão, recuperação e *carryover*, visando maior padronização dos cálculos, rastreabilidade e suporte à tomada de decisão técnica no laboratório clínico. O sistema se apoia em metas de especificação da qualidade analítica voltadas a referências que abordem o modelo de variação biológica ou o estado da arte como modelo alternativo.

**Métodos**

Conduziu-se um estudo de desenvolvimento de uma ferramenta web aplicada à qualidade laboratorial. O sistema foi construído com o auxílio de ferramentas de Inteligência Artificial, em linguagem Python, com interface web em Streamlit. A ferramenta foi construída partindo de requisitos técnicos definidos em literatura para a condução de estudos de validação e verificação laboratorial. baseou-se na composição de uma base de dados construída em excel com cálculos e metas de especificações da qualidade analítica. [2-5,8-11]. A ferramenta foi estruturada em módulos independentes. O módulo de precisão inclui inserção de dados seriados, cálculo de média, desvio-padrão, coeficiente de variação e indicadores visuais, com três modelos de estudo (2x2x5, 2x10 e 4x5). O módulo de linearidade compara valores esperados e observados por meio de regressão linear, gráfico de dispersão e avaliação de desvios. O módulo de exatidão contempla a análise de bias e erro total. O módulo de recuperação permitiu estimar percentual recuperado após adição de analito com valor conhecido. O módulo de *carryover* foi planejado para avaliar possível contaminação residual entre amostras de alta e baixa concentração. Os critérios de aceitabilidade foram parametrizados permitindo a adaptação conforme analito escolhido e estrutura da hierarquia de adoção das especificações da qualidade adotada pelo laboratório. A interface visual incluiu campos editáveis, cards de resumos automáticos, gráficos, alertas técnicos direcionados, conclusão automática e editável e geração de relatórios em PDF para armazenamento de evidências de verificações e validações. Não foram utilizados dados identificáveis de pacientes, os testes funcionais foram baseados em dados simulados e dados analíticos sem identificação individual. Durante o desenvolvimento, ferramentas de inteligência artificial foram utilizadas como apoio: Codex para geração de códigos em linguagem Python, organização e correção de trechos de código, e Canva IA para apoio visual. A definição dos requisitos laboratoriais, informação técnica, revisão dos cálculos e análise crítica permaneceram sob responsabilidade humana dos autores.

**Resultados e Discussão**

A ferramenta desenvolvida integrou, em uma única aplicação web, etapas anteriormente executadas de forma fragmentada por meio de planilhas eletrônicas e cálculos independentes. Sua estrutura modular permitiu

a realização individual dos estudos de precisão, linearidade, exatidão, recuperação e *carryover*. O desenvolvimento da ferramenta está alinhado às recomendações que preconizam o planejamento, a documentação e a interpretação da avaliação do desempenho analítico com base em objetivos analíticos, métodos estatísticos e critérios de aceitabilidade previamente definidos [2,8].




**Figura 1.** Avaliação da ferramenta frente às especificações estabelecidas.

*Fonte: Elaborado por V. Astraea.*

O módulo de precisão automatiza os cálculos estatísticos, especialmente o coeficiente de variação (CV), gerando indicadores visuais e cartões informativos (*cards*), conforme apresentado na Figura 2. Esses recursos facilitam a avaliação da imprecisão analítica, parâmetro fundamental para o monitoramento do desempenho dos métodos laboratoriais [1,8].

O módulo de exatidão utiliza os cálculos de viés (*bias*) e erro total para avaliar a proximidade dos resultados em relação ao valor de referência, comparando-os às especificações de qualidade previamente definidas. A integração das estimativas de imprecisão e inexatidão permite mensurar o impacto do erro analítico sobre os resultados laboratoriais e seu potencial reflexo na interpretação clínica e no suporte ao diagnóstico [1,8,9].




**Figura 2.** Representação gráfica da avaliação dos resultados comparada ao valor-alvo estabelecido.

*Fonte: Elaborado por V. Astraea.*

O módulo de linearidade verifica a relação entre valores esperados e observados por regressão e dispersão, identificando desvios e perda de desempenho ao longo da faixa analítica. Como resultados críticos ocorrem em concentrações extremas, a linearidade influencia diretamente a conduta clínica e a classificação de criticidade. Os módulos de recuperação e carryover avaliam, respectivamente, o comportamento frente à adição conhecida de analito e a contaminação residual, relevante em sistemas automatizados de alto volume.

Destaca-se como principal contribuição a padronização interpretativa, com organização de resultados em análises visuais e conclusões editáveis, reduzindo retrabalho e permitindo avaliação crítica. Essa abordagem converge ao conceito de qualidade analítica baseada em dados, indicadores e melhoria contínua [1-3].

A aplicação, desenvolvida em Python e Streamlit, apresenta acessibilidade tecnológica, podendo ser executada localmente ou via web, com menor dependência de softwares complexos, favorecendo laboratórios com limitações estruturais.

Como limitações, dependente da qualidade dos dados, definição adequada de critérios, revisão de cálculos e atualização de especificações. A ferramenta não substitui a análise técnica nem o cumprimento de normas. Estudos futuros devem incluir módulos para métodos qualitativos, ampliando sua aplicação em laboratórios clínicos.

**Conclusão**

A aplicação web desenvolvida demonstrou potencial como ferramenta acessível para apoio à verificação analítica intralaboratorial, integrando entrada de dados, cálculos estatísticos, visualização de gráficos, interpretação automática com geração de insights úteis e emissão de relatórios. A proposta contribui para a padronização dos estudos de precisão, linearidade, exatidão, recuperação e carryover, favorecendo rastreabilidade, redução de retrabalho e suporte à decisão técnica. Por sua estrutura modular, representa inovação aplicada à qualidade laboratorial e ainda pode auxiliar laboratórios clínicos na organização de evidências objetivas sobre o desempenho de métodos analíticos, desde que utilizada com revisão crítica profissional e critérios técnicos adequadamente definidos.

**Palavras-chave:** Verificação, Validação, Controle.

**Referências**

1. Berlitz FA. Controle da qualidade no laboratório clínico: alinhando melhoria de processos, confiabilidade e segurança do paciente. J Bras Patol Med Lab. 2010;46(5):353-63.

2. Oliveira CA, Mendes ME, organizadoras. Gestão da fase analítica do laboratório: como assegurar a qualidade na prática. Rio de Janeiro: ControlLab; 2010.

3. Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Norma PALC: Programa de Acreditação de Laboratórios Clínicos. Barueri: SBPC/ML; 2025.

4. International Organization for Standardization. ISO 15189:2022: Medical laboratories: requirements for quality and competence. Geneva: ISO; 2022.

5. Brasil. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução da Diretoria Colegiada RDC nº 978, de 6 de junho de 2025. Dispõe sobre o funcionamento de serviços que executam atividades relacionadas aos exames de análises clínicas. Brasília (DF): Anvisa; 2025.

6. Batko K, Ślęzak A. The use of Big Data Analytics in healthcare. J Big Data. 2022;9:3.

7. Mugnol KCU, Ferraz MB. Sistema de informação como ferramenta de cálculo e gestão de custos em laboratórios de análises clínicas. J Bras Patol Med Lab. 2006;42(2):95-102.

8. Clinical and Laboratory Standards Institute. EP15-A3: User verification of precision and estimation of bias. 3rd ed. Wayne (PA): CLSI; 2014.

9. Westgard JO. Basic method validation: training in analytical quality management for healthcare laboratories. 4th ed. Madison (WI): Westgard QC; 2020.

10. Clinical and Laboratory Standards Institute. EP06: Evaluation of linearity of quantitative measurement procedures. 2nd ed. Wayne (PA): CLSI; 2020.

11. Clinical and Laboratory Standards Institute. EP10-A3: Preliminary evaluation of quantitative clinical laboratory measurement procedures. 3rd ed. Wayne (PA): CLSI; 2014.

12. European Federation of Clinical Chemistry and Laboratory Medicine. EFLM Biological Variation Database: search results for glucose [Internet]. [S.l.]: EFLM; [s.d.] [citado 21 maio 2026]. Disponível em: https://biologicalvariation.eu/

13. Westgard QC. RCPA allowable limits of performance for biochemistry [Internet]. Madison (WI): Westgard QC; [s.d.] [citado 21 maio 2026]. Disponível em: https://westgard.com/clia-and-quality-regulation-requirements/quality-requirements/rcpa-biochemistry.html

14. Westgard QC. Rilibak: German guidelines for quality [Internet]. Madison (WI): Westgard QC; [s.d.] [citado 21 maio 2026]. Disponível em: https://westgard.com/clia-and-quality-regulation-requirements/quality-requirements/rilibak.html

15. Westgard QC. 2024 CLIA requirements [Internet]. Madison (WI): Westgard QC; [s.d.] [citado 21 maio 2026]. Disponível em: https://westgard.com/clia-and-quality-regulation-requirements/quality-requirements/2024-clia-requirements.html

ÁREA: SAÚDE PÚBLICA E VIGILÂNCIA EM SAÚDE E AMBIENTAL

**P-002**

## Vigilância baseada em águas residuais para o monitoramento de bactérias resistentes em efluentes hospitalares do Rio de Janeiro

**Prêmio Matheus Mandu**

Líllian Oliveira Pereira da Silva[1], Jaime Antonio Abrantes[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1]

[1]*Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca, Fundação Oswaldo Cruz*

**Introdução**

Apesar de ser um fenômeno natural, a resistência aos antimicrobianos (AMR) é considerada uma das maiores ameaças à saúde pública mundial do século XXI.[1] Além de impactar a saúde humana, com o aumento da morbimortalidade, o prolongamento de internações e a elevação nos custos dos pacientes, a AMR está diretamente relacionada à saúde animal e ambiental.[1] Dada a crescente preocupação global com a resistência a antimicrobianos, entender a dinâmica e a presença de microrganismos resistentes em efluentes hospitalares é fundamental para o controle de infecções e a segurança ambiental. A descarga de efluentes sem tratamento adequado pode contribuir para a disseminação da resistência antimicrobiana na cadeia de transmissão para a saúde humana, ambiental e animal, onde os hospitais desempenham um papel relevante na geração e disseminação de microrganismos resistentes.[2] Dada a elevada concentração de microrganismos e a persistência dos micropoluentes emergentes, as águas residuais se tornam um ambiente propício à transferência horizontal de genes.[3] Portanto, a ocorrência de microrganismos multirresistentes em estações de tratamento de esgoto se consolida como uma ameaça multifacetada à segurança sanitária e à integridade dos ecossistemas.

**Objetivo**

Avaliar o perfil de resistência de Enterobacterales isolados de efluentes hospitalares situados no Rio de Janeiro.

**Metodologia**

As coletas foram realizadas em seis hospitais públicos situados no município do Rio de Janeiro. Destes, três hospitais possuíam estação de tratamento, totalizando 09 amostras de esgoto, sendo 06 amostras de esgoto bruto e 03 amostras de esgoto tratado. No que tange o perfil dos hospitais, foram incluídos 03 hospitais assistenciais, 02 maternidades e 01 centro emergencial. Ainda que o presente estudo não envolva pesquisa direta com seres humanos e não demande autorização do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP), um termo de consentimento e de confidencialidade foi apresentado aos responsáveis das instituições, autorizando a coleta e a divulgação dos resultados sem a identificação das instituições. As amostras foram semeadas em ágar cromogênico e os microrganismos isolados foram submetidos à coloração de Gram para confirmação das características morfotintoriais, seguida da prova da oxidase para diferenciação de bastonetes Gram negativos. Após a identificação presuntiva em ágar cromogênico e a confirmação do Gram, isolados sugestivos de Bastonetes Gram-negativos foram submetidos a provas bioquímicas convencionais, incluindo Meio Tríplice Açúcar Ferro, Meio Sulfeto Indol Motilidade, Citrato de Simmons, Glicose, Lactose, Sacarose, Lisina, Arginina, Ornitina, Fenilalanina e Ureia. As bactérias identificadas foram submetidas ao teste de susceptibilidade aos antimicrobianos em ágar Mueller-Hinton, a partir de uma suspensão bacteriana em salina 0,9%, na escala 0,5 de MacFarland, conforme o padronizado pelo Instituto de Padrões Clínicos e Laboratoriais. Para cada microrganismo, foram testados os seguintes antimicrobianos: Amoxicilina/Ácido clavulânico, Amicacina, Ceftazidima, Cefepime, Ciprofloxacina, Ceftriaxona, Cefoxitina, Gentamicina, Imipenem, Levofloxacina, Meropenem e Sulfametoxazol/Trimetroprim. As placas foram incubadas em estufa bacteriológica, a 37°C, por 24 horas. O resultado se deu pela medição do diâmetro do halo de inibição de acordo com a padronização do Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (BrCast).[4] Os isolados foram classificados em Sensíveis (S), quando totalmente susceptível aos antimicrobianos testados, resistentes (R), quando não-susceptível a, no mínimo, um antimicrobiano em até duas classes testadas, multirresistentes (MDR), quando não-susceptível a, pelo menos, um antimicrobiano em 3 ou mais categorias testadas, extensivamente resistentes (XDR), não-susceptível a, pelo menos, um antimicrobiano em todas as categorias testadas, exceto duas, ou pan-resistentes (PDR), quando não-suscetível a todas as classes testadas.[5] Para esta classificação, sub-classes dos beta-lactâmicos (ex: penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos) foram consideradas classes propriamente ditas.

**Resultados e Discussão**

Foram isoladas 63 cepas bacterianas resistentes aos antimicrobianos pertencentes a Ordem Enterobacterales, tendo *Klebsiella pneumoniae* (n = 22, 37%), *Escherichia coli* (n = 14, 23%) e *Enterobacter cloacae* (n = 5, 08%) como isolados mais frequentes. No que tange o perfil de resistência aos antimicrobianos, 06 isolados foram totalmente sensíveis (10%), 11 isolados foram considerados resistentes (17%), 17 cepas multirresistentes (MDR; 27%), 10 isolados extensivamente resistentes (XDR; 16%) e 19 isolados não apresentaram suscetibilidade a nenhuma das classes testadas (PDR; 30%), tendo o Hospital 04 com maior prevalência de bactérias PDR (Figura 1).

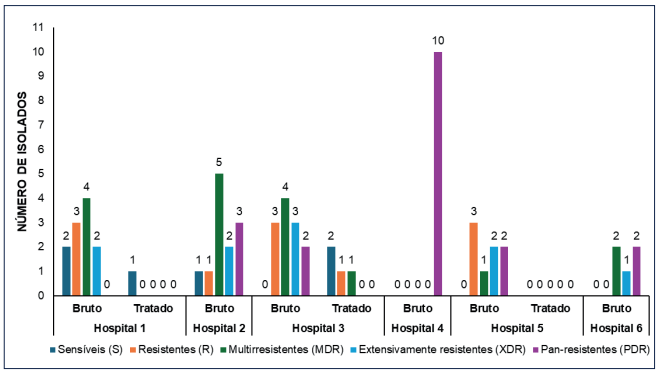



**Figura 1.** Perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos dos isolados de efluentes hospitalares

Fonte: Os Autores (2026).

Os fármacos que apresentaram maior número de isolados resistentes foram amoxicilina associada ao clavulanato de potássio (78%), ciprofloxacino (63%), ceftazidima (60%) e cefoxitina (57%). A prevalência de resistência às cefalosporinas de terceira e quarta geração (CAZ: 60%; CRO: 56%; CPM: 54%) reforça a hipótese de uma ampla circulação de linhagens produtoras de beta-lactamases de espectro estendido (ESBL) nas bacias sanitárias hospitalares do Rio de Janeiro. Outrossim, a resistência aos carbapenêmicos se mantém em estado crítico, com 54% resistentes ao imipenem e 40% ao Meropenem, fármacos de última linha terapêutica no combate de bactérias ESBL (Figura 2).

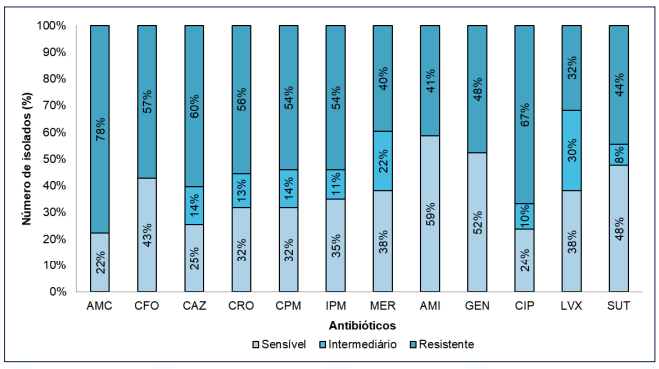



**Figura 2.** Percentual de isolados resistentes aos antimicrobianos testados.

Fonte: Os Autores (2026).

Nota-se que os índices de isolados resistentes são altos para quase todas as classes testadas, sugerindo a presença de plasmídeos de multirresistência.[6] Esses plasmídeos desempenham um papel fundamental na disseminação da resistência aos antimicrobianos no ambiente, podendo impactar diretamente na saúde pública.[7] Deve-se destacar que os tratamentos convencionais não são capazes de remover todos os microrganismos patogênicos que mais influenciam nas infecções hospitalares no Brasil.[8] Além disso, diversos pontos das ETE apresentam condições favoráveis para que ocorra a transferência horizontal de genes de resistência aos antimicrobianos.[8,9] Sendo assim, a persistência de cepas resistentes no esgoto tratado do Hospital 3 evidencia a demanda de uma vigilância ativa de efluentes hospitalares, tendo em vista o potencial destes efluentes como reservatórios de resíduos de antimicrobianos e de bactérias multirresistentes.[9,10] Ao realizar o monitoramento dos efluentes hospitalares, esta pesquisa permite o mapeamento de patógenos multirresistentes antes que surtos clínicos sejam detectados nas enfermarias.[11,12] Do ponto de vista clínico, essa antecipação é fundamental para subsidiar as Comissões de Controle de Infecção Hospitalar (CCIH), seja na revisão de protocolos ou na otimização do *stewardship* de antimicrobianos, promovendo o uso racional destes fármacos, o cuidado e segurança do paciente.[13-15]

**Conclusão**

O despejo desses efluentes em corpos d`água, solo ou nas redes coletoras de esgotos pode propagar esses contaminantes para o meio ambiente e para a comunidade, uma vez que os sistemas convencionais de tratamento de esgoto, não são projetados para remover ou inativar eficientemente esses contaminantes. Sendo assim, reconhecer a interconexão entre a saúde humana, animal e ambiental torna o controle dos efluentes hospitalares uma peça-chave para mitigar a resistência aos antimicrobianos. Outrossim, a implementação de sistemas de tratamento de efluentes hospitalares representa um pilar fundamental para a preservação ambiental e a manutenção da saúde pública.

**Palavras-chave:** Resistência antimicrobiana, Monitoramento ambiental, Saúde coletiva.

**Referências**

1. Silva LOP, Estevam LB, Nogueira JM. Disseminação da resistência aos antimicrobianos no contexto de saúde única: uma breve revisão. RBAC [Internet]. 2024;56(1):5-11.

2. Silva LOP, Abrantes JA, Nogueira JMR. O uso indiscriminado de antimicrobianos durante a pandemia da COVID-19 como possível fator influenciador da resistência bacteriana em efluentes hospitalares no Brasil. Contribuecias Las Cienc Soc. 2024;17(3):e4360.

3. Chandja WBE, Onanga R, Nguema PPM, Lendamba RW, Mouanga-Ndzime Y, Mavoungou JF, et al. Emergence of Antibiotic Residues and Antibiotic-Resistant Bacteria in Hospital Wastewater: A Potential Route of Spread to African Streams and Rivers, a Review. Water. 2024;16(22):3179.

4. Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (BrCAST). Método de disco-difusão para teste de sensibilidade aos antimicrobianos BrCAST-EUCAST [Internet]. 2024 [citado 2026 abr 6]. Disponível em: https://brcast.org.br/wp-content/uploads/2022/09/Metodo-disco-difusao-BrCAST-15-04-2024.pdf

5. Magiorakos, A. P., Srinivasan, A., Carey, R. B., Carmeli, Y., Falagas, M. E., Giske, C. G., ... & Monnet, D. L. (2012). Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. *Clinical microbiology and infection*, *18*(3), 268-281.

6. Sekizuka T, Tanaka R, Hashino M, Yatsu K, Kuroda M. Comprehensive genome and plasmidome analysis of antimicrobial resistant bacteria in wastewater treatment plant effluent of Tokyo. Antibiotics. 2022;11(10):1283.

7. Mutuku C, Kutasy B, Urban P, Melegh S, Herczeg R, Gazdag Z, et al. Plasmid sequence dataset of multidrug-resistant Enterobacterales isolated from hospital effluents and wastewater treatment plant. Data Brief. 2022;45:108736.

8. Maina M, Tosas-Auguet O, McKnight J, Zosi M, Kimande J, Kagia N, et al. Evaluating the foundations that help avert antimicrobial resistance: performance of essential water sanitation and hygiene functions in hospitals and requirements for action in Kenya. PLoS One. 2019;14(10):e0222922.

9. Lorenzo P, Alonso-Sáez L, Aristi I, García-Baquero G, Larrañaga A, Sabater S, et al. Antibiotic resistance in urban and hospital wastewaters and their impact on a receiving freshwater ecosystem. Chemosphere. 2018;206:70-82.

10. Qiao M, Ying GG, Singer AC, Zhu YG. Review of antibiotic resistance in China and its environment. Environ Int. 2018;110:160-172.

11. Zagui GS, Andrade LN, Moreira NC, Silva TV, Machado GP, Costa DAR, et al. Tertiary hospital sewage as reservoir of bacteria expressing MDR phenotype in Brazil. Braz J Biol. 2021;82:e234471.

12. Marques PRC, Dolabella SS, Jain S, Barbosa AAT. Contribuições da epidemiologia baseada em águas residuais para vigilância em saúde pública. Rev Multidiscip Saude. 2022:1-13.

13. Hassard F, Bajón-Fernández Y, Castro-Gutierrez V. Wastewater-based epidemiology for surveillance of infectious diseases in healthcare settings. Curr Opin Infect Dis. 2023;36(4):288-295.

14. Hassoun-Kheir N, de Kraker ME, Bertrand X, Van Hoorde K, Graham DW, Hocquet D. How to establish a hospital wastewater surveillance program for antimicrobial resistance: current experience and future knowledge gaps. CMI Commun. 2025;2(3):105087.

15. Ramalho KM. Os desafios enfrentados na implantação e implementação de stewardship no ambiente hospitalar. Rev DCS. 2026;23(86):e4090.

## P-010

## Análise microbiológica e perfil de resistência antimicrobiana de *Rioraja agassizii* no litoral do Paraná – Brasil, sob a perspectiva de uma só saúde.

Joseli Maria da Rocha Nogueira[1], Renata Garcia Costa[1], Rose Mary Pimentel Bezerra[1], Regiane Vicente Trigueiro[1], Izabela Martins Vicente[1], Eloísa Pinheiro Giareta[2], Renata Daldin Leite[2], Leonardo de Paula Rios[2], Natascha Wosnick[2], Rachel Ann Hauser Davis[3]

*[1]LabMicro - DCB - ENSP - FIOCRUZ – RJ; [2]Associação MarBrasil – PR; [3]LAPSA - IOC - FIOCRUZ - RJ*

**Introdução:** O gênero *Rioraja* compreende raias demersais distribuídas no Atlântico Sul Ocidental, com destaque para *Rioraja agassizii*, presente no litoral sul e sudeste do Brasil. Esses organismos mantêm estreita interação com o ambiente bentônico, influenciando sua microbiota e os tornando potenciais bioindicadores ambientais. **Objetivo:** Caracterizar a microbiota bacteriana cultivável e seu perfil de resistência aos antimicrobianos em exemplares de *R.agassizii* capturados no litoral do Paraná. **Métodos:** Foram analisados 12 espécimens, com coleta de amostras na cavidade oral, cloaca, superfície dorsolateral, cérebro, gônadas, rins e fígado, utilizando swabs estéreis acondicionados em meio Cary-Blair (aprovação CEUA/UFPR N-1668-23075069300/2024-11). As amostras foram submetidas à cultura bacteriana em meios seletivos e indicadores, seguidas de identificação por provas bioquímicas. A suscetibilidade antimicrobiana foi avaliada segundo CLSI e BrCAST. **Resultados e Discussão:** Todos os espécimes apresentaram bastonetes Gram-negativos não fermentadores, incluindo potenciais patógenos oportunistas. Espécies do gênero *Aeromonas* foram identificadas em sete espécimes, principalmente na cloaca, sugerindo associação com microbiota intestinal. O gênero *Klebsiella* foi detectado em oito animais, incluindo *K.pneumoniae*, *K.oxytoca* e *K.aerogenes*. *Citrobacter freundii* foi identificado em duas raias e *Shewanella putrefaciens* em uma. A análise indicou *Klebsiella* como o gênero mais resistente aos antimicrobianos. Em um mesmo espécimem, *K.pneumoniae* apresentou resistência a cinco antimicrobianos (ampicilina, tetraciclina, cefoxitina, cefepime, imipenem) e perfil intermediário à ciprofloxacina, enquanto *K.aerogenes* foi resistente a quatro (ampicilina, cefoxitina, ceftriaxona, imipenem) e intermediário para ceftazidima e cefepime. Em outra raia, *K.aerogenes* apresentou resistência a seis antimicrobianos (ampicilina, cefoxitina, cefepime, ácido nalidíxico, imipenem e sulfametoxazol + trimetoprima) e perfil intermediário a ceftriaxona, ciprofloxacina e gentamicina, evidenciando multirresistência (MDR). **Conclusão:** *R.agassizii* apresenta potencial como bioindicador microbiológico ambiental. A presença

de bactérias multirresistentes com relevância clínica, indica risco potencial à saúde de consumidores, especialmente quando há manipulação/consumo inadequado, reforçando a importância da vigilância sanitária em ambientes costeiros sob a perspectiva da Saúde Única.

**Palavras-chave:** Análise Microbiológica, Perfil de resistência, Uma só Saúde.

## P-013

### Detecção de *Klebsiella pneumoniae* extensivamente resistente em efluente hospitalar no Rio de Janeiro: um estudo de caso

Líllian Oliveira Pereira da Silva[1], Daniele Caetano dos Santos[2], Marcos Antonio Formiga[3], Mikaella Lucia Felix Formiga[1], Jaime Antonio Abrantes[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1]

*[1]Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca, Fundação Oswaldo Cruz; [2]Hospital de Aeronáutica dos Afonsos, Força Aérea Brasileira; [3]Hospital Universitário Pedro Ernesto, Universidade Estadual do Rio de Janeiro*

**Introdução:** A resistência antimicrobiana (AMR) é reconhecida como uma das principais ameaças à saúde pública mundial. No que tange o conceito de Uma Só Saúde, os efluentes hospitalares servem como reservatório de microrganismos e genes resistentes, favorecendo a disseminação hídrica da AMR, o que configura uma ameaça à segurança sanitária e à integridade dos ecossistemas. **Objetivo:** Relatar a detecção de *Klebsiella pneumoniae* extensivamente resistente em efluente hospitalar no município do Rio de Janeiro. **Metodologia:** A amostra de efluente bruto de um hospital público do Rio de Janeiro foi semeada em ágar cromogênico. Para identificação bacteriana foram realizadas provas bioquímicas tradicionais e em automação. A identificação de *Klebsiella pneumoniae* foi confirmada com base no perfil bioquímico. O perfil de suscetibilidade foi determinado primariamente pelo método de difusão em disco. Em seguida, o antibiograma foi ampliado e confirmado em automação no VITEK e no BD Phoenix. Foram testados 21 antibióticos pertencentes a diferentes classes terapêuticas, incluindo Amoxicilina/Ácido Clavulânico, Ampicilina/Sulbactam, Piperaciclina/Tazobactam, Aztreonam, Cefoxitina, Cefalexina, Cefuroxima, Ceftazidima, Ceftazidima/Avibactam, Ceftriaxona, Cefepime, Ceftolozane/Tazobactam, Imipenem, Meropenem, Ertapenem, Amicacina, Gentamicina, Ciprofloxacino, Levofloxacino, Sulfazotrim e Temociclina. A interpretação foi realizada de acordo com os pontos de corte vigentes no BrCAST. **Resultados e Discussão**: A análise microbiológica do efluente possibilitou o isolamento de uma cepa de *Klebsiella pneumoniae* caracterizada como totalmente resistente a 100% dos antimicrobianos testados. Esse perfil configura um fenótipo de resistência de elevada relevância clínica e ambiental, reforçando a importância do monitoramento ambiental como ferramenta complementar na vigilância da resistência antimicrobiana nos hospitais. **Conclusão:** Embora se trate de um estudo de caso, o achado demonstra a relevância da inclusão de matrizes ambientais nas estratégias de vigilância e gestão em saúde como forma de mitigar a dispersão de bactérias multirresistentes no ambiente e seu possível retorno ao contexto clínico.

**Palavras-chave:** Resistencia antimicrobiana; Saúde única; Vigilância baseada em águas residuais.

## P-024

### Identificação e resistência aos antimicrobianos de bactérias Gram-negativas presente na água e pescado provenientes da Ilha do Governador – RJ

Izabela Martins Vicente[1], Gabriella Cristina Lopes Calazans[1], Renata Garcia Costa[1], Rose Mary Pimentel Bezerra[1], Regiane Vicente Trigueiro[1], Jaime Antonio Abrantes[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1]

*[1]LabMicro - DCB - ENSP - FIOCRUZ*

**Introdução:** Na Baía de Guanabara, especialmente na Ilha do Governador (RJ), a urbanização desordenada têm aumentado o aporte de efluentes e resíduos, comprometendo a qualidade ambiental. Esse cenário favorece a presença de bactérias potencialmente patogênicas e resistentes, com implicações para a saúde humana, animal e ambiental (abordagem de uma só saúde). **Objetivo:** Avaliar a qualidade microbiológica da água e de pescados, com ênfase na caracterização laboratorial e no perfil de resistência antimicrobiana das bactérias isoladas. **Materiais e Métodos:** Amostras de água e *swabs* de pescados comercializados (dispensa da CEUA - não se enquadra na lei 11.794) foram coletadas em diferentes pontos da Ilha do Governador. Realizou-se isolamento em meios seletivos e diferenciais, seguido de identificação por testes bioquímicos clássicos. A suscetibilidade antimicrobiana foi determinada conforme diretrizes CLSI e BrCAST. **Resultados e Discussão:** Foram identificadas 59 espécies da ordem Enterobacterales, incluindo *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae* (indicadoras de contaminação fecal) e *Edwardsiella tarda* (associada a patologia em peixes). Perfis de resistência semelhantes entre isolados ambientais sugerem possível disseminação de determinantes genéticos. Em pescados, 24% das amostras apresentaram multirresistência (≥3 antimicrobianos), com destaque para *E. tarda*. Observou-se predominância de resistência a beta-lactâmicos em ambas as matrizes, indicando pressão seletiva possivelmente associada ao uso indiscriminado de antimicrobianos e à descarga de esgoto não tratado. Esses achados evidenciam o papel do ambiente aquático como reservatório e veículo de disseminação de resistência. **Conclusão:** A detecção de bactérias semelhantes na água e no pescado, com elevada resistência a beta-lactâmicos, reforça a relevância da vigilância microbiológica integrada. Os resultados destacam a necessidade de monitoramento contínuo sob a perspectiva da saúde única, visando mitigar riscos sanitários e conter a disseminação da resistência antimicrobiana.

**Palavras-chave:** Saúde única, Resistência Microbiana a Medicamentos, Enterobactérias.

## P-026

### Uso de geotecnologias aplicadas à vigilância laboratorial do sarampo e arboviroses no estado do Amapá

Diuliana dos Santos Mendes[1], Julia Pantoja Marques[1], Márlisson Octávio da Silva Rêgo[1]

*[1]Diretoria Executiva de Vigilância Laboratorial - DEVL/SVS/LACEN*

**Introdução:** A vigilância laboratorial desempenha papel fundamental no monitoramento e controle de doenças infecciosas de relevância em saúde pública, como o sarampo e as arboviroses. Nesse contexto, as geotecnologias têm se destacado como importantes ferramentas para análise espacial e integração de dados laboratoriais e epidemiológicos. **Objetivo:** Descrever a aplicação de ferramentas geoespaciais no monitoramento laboratorial do sarampo e arboviroses no estado do Amapá. **Métodos:** Foram utilizados dados secundários provenientes de sistemas laboratoriais e de vigilância epidemiológica, incluindo resultados diagnósticos e informações de circulação viral, associados à análise espacial por meio de Sistemas de Informação Geográfica (SIG) e construção de mapas temáticos. **Resultados e Discussão:** No monitoramento do sarampo, as ferramentas geoespaciais permitiram identificar áreas com maior ocorrência de casos confirmados laboratorialmente durante a epidemia no ano de 2022, baixa cobertura vacinal e circulação de genótipos virais, auxiliando na detecção de cadeias de transmissão e possíveis casos importados. Em relação às arboviroses no ano de 2024, como Dengue, Chikungunya e Zika, a integração entre dados laboratoriais e análise espacial possibilitou identificar áreas de maior incidência e correlacionar a distribuição dos casos com fatores ambientais favoráveis à proliferação do vetor. A utilização dessas ferramentas contribuiu para otimizar as ações da vigilância laboratorial, fortalecer o monitoramento

da circulação viral e subsidiar estratégias de prevenção e controle. **Conclusão:** Os resultados evidenciam que a associação entre análises clínicas, diagnóstico laboratorial e geotecnologias fortalece a vigilância em saúde, permitindo respostas mais rápidas e eficazes diante de surtos e epidemias, especialmente em regiões amazônicas e de fronteira.

**Palavras-chave:** Vigilância laboratorial, Geotecnologias, Arboviroses.

## P-027

### Perfil epidemiológico das internações por sepse em Pernambuco e a importância do diagnóstico laboratorial precoce entre 2019 a 2023.

Armando Ferreira da Silva[1]

[1]*Faculdade Integrada CETE-FIC*

**Introdução:** A sepse é uma condição clínica grave associada à disfunção orgânica e elevada morbimortalidade, representando um dos principais desafios na prática hospitalar. O diagnóstico precoce é essencial para redução de óbitos, sendo fortemente dependente de exames laboratoriais, como hemograma, proteína C reativa e hemoculturas. **Objetivo:** Analisar a tendência temporal e o perfil das internações por sepse em Pernambuco entre 2019 a 2023, destacando a relevância do diagnóstico laboratorial precoce. **Métodos:** Estudo epidemiológico, descritivo, retrospectivo, de abordagem quantitativa, realizado com os dados secundários de domínio público do Sistema de Informações Hospitalares do SUS (SIH/SUS), disponíveis no DATASUS. Foram analisadas as internações por sepse em Pernambuco no período de 2019 a 2023, considerando variáveis como ano de ocorrência, faixa etária e sexo. Os dados foram analisados por estatística descritiva, com cálculo de frequência absoluta e variação percentual. Por se tratar de dados públicos, o estudo dispensa aprovação por Comitê de Ética. **Resultados e discussão:** Foram registradas 20.436 internações por sepse no período analisado, distribuídas da seguinte forma: 2019 (4.112), 2020 (3.768), 2021 (4.089), 2022 (4.214) e 2023 (4.253). Observou-se queda de 8,4% em 2020, seguida de aumento progressivo, totalizando crescimento de 3,4% entre 2019 a 2023. Houve maior prevalência em indivíduos com idade superior a 60 anos (cerca de 58%) e discreto predomínio no sexo masculino (52%). Os achados reforçam a relevância da sepse no contexto hospitalar e evidenciam a necessidade de diagnóstico precoce. Nesse cenário, exames laboratoriais são fundamentais para identificação da resposta inflamatória e monitoramento clínico. **Conclusão:** A sepse permanece como importante problema de saúde pública em Pernambuco, com tendência de crescimento após o período pandêmico. O diagnóstico laboratorial precoce é determinante para o manejo clínico adequado e redução da mortalidade. Como limitação, destaca-se a possibilidade de subnotificação dos dados.

**Palavras-chave:** Sepse, Diagnóstico Laboratorial, Epidemiologia.

## P-032

### Mapeamento microbiológico e avaliação de padrões de suscetibilidade antimicrobiana das praias da Ilha do Governador/RJ

Renata Garcia Costa[1], Gabriella Cristina Lopes Calazans[1], Izabela Martins Vicente[1], Rose Mary Pimentel Bezerra[1], Regiane Trigueiro Vicente[1], Jaime Antonio Abrantes[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1]

[1]*Laboratório de Microbiologia/LabMicro/DCB/ENSP/FIOCRUZ*

**Introdução:** A Ilha do Governador, localizada na zona norte do Rio de janeiro, possui praias amplamente utilizadas para lazer, banho, pesca e práticas esportivas. Entretanto, a influência da poluição urbana e do lançamento de esgoto na Baía de Guanabara reforça a necessidade de estudos de balneabilidade e monitoramento microbiológico, importantes para avaliar riscos à saúde pública e orientar ações de controle ambiental. **Objetivo:** Neste contexto, o objetivo deste estudo foi realizar um mapeamento microbiológico e reconhecer os padrões de suscetibilidade à antimicrobianos de relevância clínica e veterinária, nas praias que circulam este bairro. **Metodologia:** Foram coletadas amostras de água em pontos estratégicos das praias do Galeão, São Bento, Bica, Ribeira, Engenhoca, Pitangueiras, Barão de Capanema e Guanabara. Foram realizadas etapas de isolamento e identificação bacteriana com protocolos pré-estabelecidos no LabMicro e avaliação da suscetibilidade antimicrobiana pelo BrCast/CLSI. **Resultados e Discussão**: Entre os isolados, foram mais frequentes *Klebsiella pneumoniae* e *Escherichia coli,* importantes bioindicadores de contaminação fecal. Evidenciou-se que *K. oxytoca*, *K. aerogenes*, *K. ozanae*, *Serratia liquefaciens*, *Citrobacter freundii, Pantoea agglomerans,* e *Enterobacter cloacae*, microrganismos associados a diversas patogenias humanas e animais, foram isolados equitativamente entre as praias avaliadas. As Praias da Bandeira e São Bento apresentaram uma maior diversidade microbiana, possivelmente pelo acúmulo de lixo e detritos trazidos pela maré da Baía de Guanabara. Quanto a resistência antimicrobiana, 69% dos isolados mostram-se resistentes a pelo menos uma das drogas testadas, detectando-se até 12 perfis distintos, com maior frequência para Gentamicina. A circulação de cepas resistentes a Ceftriaxona/CRO e Ciprofloxacina/CIP foram observadas em todas as praias analisadas, representando um alerta para Saúde Pública por serem drogas de primeira linha utilizadas no tratamento de uma diversidade de infecções. **Conclusão:** Tais resultados reforçam a necessidade de programas de monitoramento e adoção de políticas voltadas à conservação ambiental e segurança sanitária da população.

**Palavras-chave:** Análise Microbiológica, Suscetibilidade Antimicrobiana, Praias da Ilha do Governador.

## P-033

### Busca Ativa Laboratorial (BAL) para sarampo no estado do Amapá como estratégia de diagnóstico diferencial para manutenção da eliminação

Díuliana dos Santos Mendes[1], Julia Pantoja Marques[1], Márlisson Octávio da Silva Rêgo[1]

[1]*Diretoria Executiva de Vigilância Laboratorial - DEVL/SVS/LACEN*

**Introdução:** O sarampo é uma doença viral altamente transmissível cuja vigilância laboratorial é essencial para prevenção de surtos e manutenção do status de eliminação. Na região amazônica, a sobreposição clínica entre sarampo e arboviroses, como dengue, zika e chikungunya, dificulta o diagnóstico diferencial, podendo levar à subnotificação de casos. Nesse contexto, a busca ativa laboratorial surge como estratégia para ampliar a sensibilidade da vigilância epidemiológica. **Objetivo:** Descrever a aplicação da Busca Ativa Laboratorial – BAL para sarampo no estado do Amapá, a partir da triagem de amostras não reagentes para arboviroses. **Métodos:** Estudo transversal, conduzido a partir da análise de dados secundários provenientes do Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL) referentes ao ano de 2025. **Resultados e Discussão:** No ano de 2025, 427 amostras apresentaram resultados não reagentes para dengue, Zika e Chikungunya, 14 amostras foram selecionadas para investigação de sarampo, com base em critérios clínicos compatíveis, especialmente presença de febre e exantema. Todas as amostras testadas para sarampo apresentaram resultado não reagente, não sendo identificados casos confirmados no período analisado. Apesar disso, a estratégia demonstrou relevância ao possibilitar a triagem qualificada de casos suspeitos que poderiam ser subdiagnosticados devido à similaridade clínica com arboviroses. **Conclusão:** Conclui-se que a busca ativa laboratorial constitui uma importante ferramenta para o fortalecimento da vigilância do sarampo, permitindo maior sensibilidade na detecção de casos suspeitos e contribuindo para ações oportunas de controle, especialmente em cenários com alta circulação de arboviroses.

**Palavras-chave:** Sarampo, Vigilância laboratorial, Amapá.

## P-034

### Ocorrência de rotavírus A em crianças atendidas no Hospital da Criança e do Adolescente (HCA/AP) em cenário pós-vacinal

Julia Pantoja Marques[1], Díuliana dos Santos Mendes[1], Márlisson Octávio da Silva Rêgo[1]

[1]*Diretoria Executiva de Vigilância Laboratorial - DEVL/SVS/LACEN*

**Introdução:** A gastroenterite aguda por rotavírus A (RVA) permanece como uma causa significativa de morbidade pediátrica na região norte, apesar da ampla cobertura da vacina oral de rotavírus Humano (VORH). No Amapá, as particularidades sazonais e de saneamento influenciam a circulação viral, tornando indispensável a vigilância laboratorial contínua realizada pelo Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN-AP). **Objetivo:** Avaliar a frequência de detecção de RVA em amostras fecais de crianças atendidas no HCA e no Pronto Atendimento Infantil (PAI), processadas pelo LACEN-AP em cenário pós-vacinal. **Metodologia:** Estudo retrospectivo e descritivo realizado a partir de dados secundários do Sistema de Gerenciamento de Ambiente Laboratorial (GAL) referentes a amostras fecais de pacientes pediátricos atendidos no HCA/PAI. As análises foram executadas no setor de virologia do LACEN-AP no ano de 2025. **Resultados e Discussão:** Foram analisadas 91 amostras, das quais 28,6% (26/91) foram detectáveis para RVA, a maior prevalência ocorreu na faixa etária de 1 a 11 meses, os genótipos identificados foram G3P8 e NTP[8]. A taxa de positividade observada indica a circulação ativa do vírus na população amapaense. Esses achados estão em consonância com o cenário global, que evidencia a persistência da circulação viral mesmo em contextos com ampla cobertura vacinal, possivelmente associada à diversidade genotípica. A detecção em período pós-vacinal reforça a importância do monitoramento contínuo, especialmente diante da emergência de novos genótipos, como o G3P8, e dos desafios relacionados à efetividade da imunização em regiões tropicais marcadas por vulnerabilidades sanitárias e condições precárias de saneamento básico. **Conclusão:** A ocorrência de RVA ressalta a necessidade de diagnóstico laboratorial rápido e vigilância genômica contínua no Amapá para subsidiar políticas públicas de saúde e monitorar a eficácia vacinal na Amazônia.

**Palavras-chave:** Rotavírus, Vigilância laboratorial, Amapá.

## P-035

### Implementação do IGRA para triagem de tuberculose latente em PVHA no estado do Amapá: um estudo descritivo de base laboratorial (2025)

Julia Pantoja Marques[1], Díuliana dos Santos Mendes[1], Márlisson Octávio da Silva Rêgo[1]

[1]*Diretoria Executiva de Vigilância Laboratorial - DEVL/SVS/LACEN*

**Introdução:** A região norte apresenta desafios logísticos e epidemiológicos para o controle da tuberculose (TB). Em pessoas vivendo com HIV (PVHA), a identificação da infecção latente por tuberculose (ILTB) é estratégica para reduzir a morbimortalidade. O teste IGRA, incorporado ao SUS por sua maior acurácia, requer monitoramento contínuo em estados como o Amapá. **Objetivos:** Analisar a implementação e o desempenho do teste IGRA como ferramenta de triagem para ILTB em pacientes com HIV, a partir da rotina diagnóstica do Laboratório Central de Saúde Pública do Amapá. **Métodos:** Estudo descritivo, retrospectivo, com dados secundários do Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL) do LACEN/AP do ano de 2025. **Resultados e Discussão:** Em 2025, foram processados 1658 testes IGRA para PVHA no estado. Os dados revelaram uma prevalência de ILTB de 16% (270/1.658), evidenciando uma carga significativa de infecção latente nesta população. Observou-se uma taxa de resultados indeterminados de 3% (44/1.658), valor este associado às limitações imunológicas inerentes ao grupo estudado. A distribuição geográfica das solicitações indicou uma concentração de demandas oriundas de Macapá e Santana, sugerindo a necessidade de expansão do acesso ao teste para o interior do estado. **Conclusão:** A implementação do IGRA no LACEN/AP consolidou-se como um avanço central na linha de cuidado das PVHA no Amapá em 2025. A tecnologia permitiu uma triagem mais precisa da ILTB, subsidiando a tomada de decisão clínica para o início do tratamento preventivo. Os resultados apontam que, além da disponibilidade do teste, é preciso fortalecer a rede de atenção básica para garantir que todos os pacientes reagentes iniciem precocemente a quimioprofilaxia, cumprindo as metas de eliminação da TB no Brasil.

**Palavras-chave:** Tuberculose latente, PVHA, Vigilância laboratorial.

## P-043

### Distribuição epidemiológica dos casos notificados de hanseníase no município de Governador Valadares-MG

Saulo Venicio Bittencourt Filho[1], Michel Rodrigues Moreira[1]

[1]*Universidade Federal de Juiz de Fora - Campus Governador Valadares*

**Introdução:** A hanseníase é uma doença tropical negligenciada causada pelo *Mycobacterium leprae*. Pode ser transmitida através de gotículas provenientes do nariz e boca de indivíduos contaminados, após contato próximo e prolongado. **Objetivo:** Analisar a distribuição epidemiológica dos casos de hanseníase no município de Governador Valadares (GV) e comparar com dados estaduais e nacionais. **Métodos:** A partir de dados obtidos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação foi realizado um estudo transversal, retrospectivo, considerando o período de janeiro/2001 a dezembro/2022. Foram avaliados aspectos como faixa etária, raça, sexo, escolaridade, casos em gestantes, procedência, evolução dos pacientes, a classificação operacional, a forma clínica, o grau de incapacidade física e a ocorrência de lesões cutâneas, além do resultado da baciloscopia. As comparações estatísticas foram realizadas por meio do programa Bioestat 5.3. **Resultados e Discussão:** No total, foram notificados 919.251 casos no Brasil (BR), 45.289 em Minas Gerais (MG) e 3.796 em GV, afetando 0,45%, 0,22% e 1,48% da população, respectivamente. Indivíduos em idade produtiva, com baixo nível de escolaridade e da raça parda foram os mais afetados. No BR e em MG a doença é mais prevalente no sexo masculino, os indivíduos infectados apresentaram 5 ou mais lesões, que podem ser justificadas pelo predomínio da forma dimorfa / multibacilar, enquanto em GV o sexo feminino foi mais afetado, com indivíduos apresentando apenas uma lesão, o que pode ser justificado pelo predomínio da forma tuberculoide / paucibacilar. A maioria dos casos evoluiu para cura e não resultou em incapacidade física, nas três esferas, com taxa significativamente mais elevada de abandono do tratamento e menor número óbitos em GV. **Conclusão:** Os resultados encontrados evidenciam o caráter endêmico da doença no município e salientam a importância do monitoramento dos casos no mapeamento da doença e no estabelecimento de políticas públicas para seu controle.

**Palavras-chave:** Hanseníase, Mycobacterium leprae, Sistema de informação a Saúde; Doenças negligenciadas.

## P-045

### Perfil epidemiológico e desempenho dos testes moleculares para hepatites B e C no estado do Amapá

Márlisson Octávio da Silva Rego[1], Díuliana dos Santos Mendes[1], Julia Pantoja Marques[1], Marcia do Socorro Cavalcanti[1], Margarida Maria Machado de Souza[1]

[1]*Diretoria Executiva de Vigilância Laboratorial - DEVL/SVS/LACEN/AP*

**Introdução:** As hepatites B e C são importantes problemas de saúde pública, com elevada morbimortalidade. Na região Norte, fatores socioeconômicos e

limitações de acesso à saúde aumentam a vulnerabilidade. Testes moleculares permitem a confirmação diagnóstica e a avaliação da carga viral, sendo essenciais para o monitoramento terapêutico. **Objetivo:** Caracterizar o perfil epidemiológico e o desempenho dos testes moleculares para hepatites B e C no estado do Amapá. **Metodologia:** Estudo retrospectivo, descritivo e quantitativo, com dados secundários do Gerenciador de Ambiente Laboratorial – GAL/LACEN-AP, incluindo testes moleculares para detecção e quantificação do DNA do HBV e RNA do HCV realizados entre 2024 e 2025. Foram analisadas variáveis como sexo, faixa etária e resultados laboratoriais por estatística descritiva. **Resultados e Discussão:** No período de 2024 a 2025, foram analisadas 464 amostras para PCR de HBV, sendo 57,32% (266/464) do sexo masculino e 42,68% (198/464) do sexo feminino, com idades entre 20 e 86 anos. Para HCV, foram analisadas 222 amostras, com 46,84% (104/222) do sexo masculino e 53,16% (118/222) do sexo feminino, com idades entre 15 e 86 anos. Em relação aos resultados, para HBV, 44,2% (205/464) foram não detectáveis, 15,5% (72/464) abaixo do limite de detecção e 40,3% (187/464) detectáveis. Para HCV, 73,4% (163/222) foram não detectáveis, 0,9% (2/222) abaixo do limite de detecção e 25,7% (57/222) detectáveis. Os resultados evidenciam a importância dos testes moleculares na identificação de casos ativos de hepatites B e C, com a carga viral como marcador de infectividade e progressão. A maior prevalência em algumas faixas etárias pode estar associada a fatores comportamentais e exposições de risco. **Conclusão:** A detecção de cargas virais elevadas reforça a necessidade de acompanhamento clínico e início precoce da terapia antiviral. Dados do LACEN contribuem para o fortalecimento da vigilância epidemiológica no Amapá.

**Palavras-chave:** Hepatites Virais, Vigilância laboratorial, Amapá.

## P-046

## Diagnóstico molecular da tuberculose na rede estadual do Amapá: análise de dados laboratoriais

Márlisson Octávio da Silva Rego[1], Díuliana dos Santos Mendes[1], Julia Pantoja Marques[1], Vanuza Vilhena da Silva[1], Margarida Maria Machado de Souza[1]

[1]*Diretoria Executiva de Vigilância Laboratorial - DEVL/SVS/LACEN*

**Introdução:** A tuberculose (TB), permanece como importante problema de saúde pública, especialmente em países em desenvolvimento. O diagnóstico precoce é essencial para interromper a transmissão e iniciar o tratamento. Nesse contexto, testes moleculares como o TRM-TB (Xpert® MTB/RIF Ultra) permitem a detecção rápida do bacilo e da resistência à rifampicina. No Brasil, sua implementação na rede pública ampliou o acesso ao diagnóstico, com destaque para o papel dos LACEN, especialmente na região Norte. **Objetivo:** Avaliar os resultados de testes moleculares para tuberculose no Amapá, com foco na detecção de *Mycobacterium tuberculosis* e resistência à rifampicina. **Metodologia:** Estudo retrospectivo, descritivo e quantitativo, com dados secundários de testes moleculares (TRM-TB) realizados na rede estadual do Amapá no período de 2025. Foram analisadas amostras clínicas, principalmente escarro, quanto à detecção de *Mycobacterium tuberculosis* e resistência à rifampicina, por estatística descritiva. **Resultados e Discussão:** Foram analisadas 2050 amostras no período de 2025. 16,6% (340/2050) apresentaram resultado detectável para *Mycobacterium tuberculosis,* desses 2% (7/340) apresentaram resistência à rifampicina. Quanto ao sexo, 20% (68/340) são do sexo feminino e 80% (272/340) do sexo masculino, a faixa etária predominante foi 25-39 anos com 40,9% (139/340), o escarro foi o tipo de amostra mais frequentemente analisado. Os resultados evidenciam a importância dos testes moleculares no diagnóstico rápido da tuberculose, permitindo a detecção precoce e da resistência à rifampicina. A proporção de casos positivos reflete o perfil epidemiológico da região Norte, influenciado por fatores socioeconômicos e limitações de acesso à saúde. **Conclusão:** A detecção de resistência à rifampicina reforça o TRM-TB como ferramenta essencial na identificação de tuberculose resistente. Dados do LACEN/AP contribuem para a vigilância epidemiológica e o planejamento de ações de controle no estado.

**Palavras-chave:** Tuberculose, Diagnóstico molecular, Amapá.

## P-056

## Estratificação de risco infeccioso gestacional baseada em TORCHS em gestantes acompanhadas na Atenção Primária de Saúde (APS) de Fortaleza-CE

Maria Gabriela Araújo Mendes[1], Juliete Tavares[1], Juliana Costa Albuquerque[1], Joel Xavier Gomes[1], Maxwel Sampaio Pereira[1], Márcia Pinheiro Sales[1]

[1]*PRIMILAB-ISGH*

**Introdução:** As infecções do complexo TORCH representam importantes causas de infecções congênitas e complicações gestacionais, incluindo prematuridade, malformações fetais e perdas gestacionais. Muitas dessas infecções são assintomáticas em mulheres em idade fértil, mas podem ser transmitidas verticalmente ao feto, ocasionando repercussões graves no desenvolvimento neonatal e infantil. **Objetivo:** Avaliar a importância do rastreamento e da prevenção das infecções do complexo TORCH em gestantes, considerando seus impactos maternos, fetais e neonatais. **Métodos**: Estudo observacional, analítico e transversal realizado a partir de dados secundários de gestantes atendidas em 2025 no laboratório PRIMILAB, na cidade Fortaleza. Foram excluídas gestantes com pré-natal iniciado em outros serviços ou com registros incompletos e inconsistentes. **Resultados e Discussão**: Em 2025, foram registrados 108 casos reagentes para HIV identificados no período, sendo aproximadamente 26,85% (n=29) ocorreram em gestante, evidenciando a expressiva representatividade do rastreamento pré-natal na detecção da infecção. Em relação ao VDRL, observou-se 1917 casos reagentes, destes, cerca de 73% (n=1400) concentraram-se em mulheres entre 20 e 35 anos, faixa etária correspondente ao período reprodutivo de maior atividade gestacional. Os resultados referentes à toxoplasmose IgM evidenciaram elevada predominância de gestantes entre os casos reagentes. Dos 196 resultados analisados, 189 correspondiam às gestantes, representando aproximadamente 97,92% dos casos IgM reagente. Quanto à hepatite C, foram identificados 62 casos reagentes para Anti-HCV, sendo 3 em gestantes, representando aproximadamente 4,8% do total. Apesar da menor frequência, a presença de casos em gestantes demonstra a importância da triagem sorológica no pré-natal. Os resultados reforçam a importância do diagnóstico precoce durante a gestação, considerando o potencial de transmissão vertical e a necessidade de intervenção terapêutica oportuna. **Conclusão:** A elevada prevalência de infecções durante o período gestacional em 2025 reforça a necessidade do diagnóstico precoce, rastreamento laboratorial e ações de educação em saúde voltadas principalmente às mulheres em idade reprodutiva.

**Palavras-chave:** Gestantes, Transmissão Vertical, Vigilância laboratorial, TORCH.

**Trabalho submetido e aprovado pelo CEP-ISGH:** 96904826.8.0000.5684

**Referências**

MARQUES, B. L. *et al.* Orientações às gestantes no pré-natal: a importância do cuidado compartilhado na atenção primária em saúde. **Escola Anna Nery**, [*s. l.*], v. 25, n. 1, 2020. Disponível em: https://doi.org/10.1590/2177-9465-ean-2020-0098.

ZHANG, L. *et al.* The epidemiology and disease burden of congenital TORCH infections among hospitalized children in China: A national cross-sectional study. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, [*s. l.*], v. 16, n. 10, p. e0010861, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010861.

ZHANG, Yuan et al. Analysis of TORCH screening and prenatal risk assessment for childbearing-age women in different regions of China. **Journal of Health, Population and Nutrition**, v. 44, n. 1, p. 331, 2025.

JAAN, A.; RAJNIK, M. **TORCH Complex**. In: STATPEARLS. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing, 2025. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560528/. Acesso em: 13 fev. 2026.

CEARÁ. Secretaria da Saúde do Estado do Ceará. **Nota Técnica nº 01/2024: Estratificação de risco gestacional para a organização da assistência à**

**saúde das gestantes**. Fortaleza: SESA, 2024. Disponível em: https://www.saude.ce.gov.br/wp-content/uploads/sites/9/2018/06/estratificacao-de-Risco-Gestacional.pdf. Acesso em: 13 fev. 2026.

GONÇALVES, C. V. *et al.* Prevalence of infections with potential for vertical transmission in pregnant women seen ata University Hospital in southern Brazil. **Medicina (Ribeirão Preto)**, [*s. l.*], v. 49, n. 6, p. 526–532, 2016. Disponível em: https://doi.org/10.11606/issn.2176-7262.v49i6p526-532.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Boletim epidemiológico da sífilis – número especial**. Brasília: Ministério da Saúde, 14 out. 2024. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/especiais/2024/boletim-epidemiologico-de-sifilis-numero-especial-out-2024.pdf. Acesso em: 13 fev. 2026.

BARCELOS, M. R. B. *et al.* AVALIAÇÃO DO SEGUIMENTO DA SÍFILIS CONGÊNITA 2016-2019 EM VITÓRIA-ES. **Journal Of Human Growth And Development**, [*s. l.*], v. 32, n. 1, p. 165–175, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.36311/jhgd.v32.12513.

ASAFO-AGYEI, K. O.; SAMANT, H. **Gravidez e Hepatite Viral**. In: *StatPearls [Internet]*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing, Jan. 2025. [Atualizado em 22 jan. 2025]. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK556026/. Acesso em: 13 fev. 2026.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Protocolo clínico e diretrizes terapêuticas para prevenção da transmissão vertical de HIV, sífilis e hepatites virais**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2022. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/protocolo_clinico_hiv_sifilis_hepatites.pdf. Acesso em: 13 fev. 2026.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. *Eliminação da transmissão vertical do HIV no Brasil*. Disponível em: https://www.paho.org/pt/eliminacao-da-transmissao-vertical-do-hiv-no-brasil. Acesso em: 13 fev. 2026.

## P-057

### Um desafio epidemiológico persistente: a hanseníase no interior do Paraná

Heloisa Gonçalves Kawiatkowski[1], Marcos Ereno Auler[1], Maria Eduarda Leal dos Santos[1], Luísa Schon[1], Gabriely Diduch Meurer[1], Valéria Pacheco Cavallin[2]

*[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste; [2]Uniguairacá Centro Universitário*

**Introdução:** A hanseníase é uma patologia infectocontagiosa crônica, causada pelo *Mycobacterium leprae*, que compromete predominantemente a pele e os nervos periféricos. No Brasil, a doença permanece como um importante desafio de saúde pública devido ao seu caráter endêmico. **Objetivo:** Analisar a prevalência de casos positivos para hanseníase na 5ª Regional de Saúde do Paraná entre os anos de 2022 e 2025. **Métodos:** Realizou-se um levantamento de pacientes triados em Unidades Básicas de Saúde e encaminhados ao Laboratório Escola de Análises Clínicas da Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná para exame baciloscópico. Utilizou-se a coloração de Ziehl-Gabbet modificada e a escala de leitura de Ridley & Jopling. Os indivíduos foram categorizados em: casos novos, casos-controle (monitoramento terapêutico) e comunicantes (contatos domiciliares). O projeto possui aprovação ética sob CAAE: 70272923.3.0000.0106. **Resultados e Discussão:** No período analisado, foram realizados 355 exames, dos quais 81 (22,8%) apresentaram positividade. Destes, 26% (n=21) correspondiam a casos novos e 74% (n=60) a casos controle. Entre os casos novos, 33,3% (n=7) eram comunicantes; quanto ao gênero, observou-se uma distribuição equilibrada (11 homens e 10 mulheres). No grupo controle, houve prevalência do gênero masculino (39 homens e 21 mulheres), sendo que 48,3% (n=29) relataram contato prévio com portadores. A alta positividade no grupo controle reforça a necessidade de acompanhamento laboratorial rigoroso. **Conclusão:** A persistência de casos positivos e a identificação de transmissão ativa entre comunicantes reiteram a hanseníase como um problema crítico na região. Evidencia-se a necessidade de estratégias mais robustas de vigilância epidemiológica para o controle da disseminação bacteriana.

**Palavras-chave:** Hanseníase, Vigilância epidemiológica, *Mycobacterium leprae*.

## P-094

### Impacto econômico das internações por septicemia no SUS: análise comparativa entre Nordeste e Sudeste (2015–2025)

Natalia Silva Dibai Dal-Bello[1], Maria Eduarda Guimarães Santos[1]

*[1]UNIFASE - PETROPÓLIS*

**Introdução:** As septicemias estão entre as principais causas de morbimortalidade no SUS e geram elevado impacto financeiro devido às internações prolongadas e ao uso de terapia intensiva. A eficiência do diagnóstico microbiológico é estratégica, pois a demora na identificação do microrganismo e na realização do teste de sensibilidade aos antimicrobianos pode atrasar o tratamento adequado, favorecer a resistência bacteriana e aumentar custos hospitalares. **Objetivo:** Analisar o impacto econômico e o tempo de permanência hospitalar por septicemia no SUS entre 2015 e 2025 nas regiões Nordeste e Sudeste, relacionando os gastos públicos à eficiência diagnóstica laboratorial. **Métodos:** Estudo epidemiológico retrospectivo, descritivo e quantitativo, realizado com dados do SIH/SUS obtidos no TABNET/DATASUS entre 2015 e 2025. Foram analisadas internações por septicemia (CID-10: A40 e A41) nas regiões Nordeste e Sudeste, considerando valor total de Autorizações de Internação Hospitalar, valor médio por internação e média de permanência hospitalar. **Resultados e Discussão:** O Sudeste concentrou maior gasto total em 2015, registrando R$ 216.574.516,20 em comparação a R$ 81.176.732,41 no Nordeste. Em 2021, sob pressão pandêmica, a permanência média atingiu 14,5 dias no Sudeste e 11,2 no Nordeste, com custos por internação de R$ 2.388,91 e R$ 1.441,96, respectivamente. Em 2025, dados parciais apontam custos médios de R$ 4.707,76 (Sudeste) e R$ 4.391,25 (Nordeste), para permanências de 11,8 e 10,6 dias. Os achados sinalizam que maior eficiência diagnóstica no Sudeste pode estar associada à redução do tempo de internação e dos custos hospitalares, enquanto limitações estruturais no Nordeste podem aumentar custos hospitalares. **Conclusão:** Os registros sugerem possível relação entre o impacto econômico das septicemias no SUS, o tempo de internação e a eficiência diagnóstica microbiológica, indicando que investimentos em automação laboratorial podem contribuir para otimização de recursos e melhoria da assistência em saúde pública.

**Palavras-chave:** Septicemia, Custos Hospitalares, Diagnóstico Microbiológico.

## P-114

### Monitoramento da *Poliomielite* e Vigilância das *Paralisias Flácidas Agudas (PFA)* no Brasil: análise dos principais indicadores de qualidade da vigilância epidemiológica

Syme Thaís Silva Sousa[1], Marielly Reis Resende[1], Bruno Silva Milagres[1], Karen Machado Gomes[1]

*[1]CGLAB/SVSA/MS*

**Introdução:** A *Poliomielite* permanece como emergência de saúde pública de importância internacional. A persistência da circulação do *Poliovírus selvagem (WPV)* no Afeganistão e Paquistão, o aumento de casos associados ao *Poliovírus derivado vacinal (PVDV)* e a detecção recente de *Poliovírus derivado vacinal circulante tipo 3 (cPVDV3)* em águas residuais na Guiana Francesa, reforçam o risco de reintrodução da doença, tornando imprescindível a vigilância epidemiológica das *Paralisias flácidas agudas (PFA)*. **Objetivo:** Descrever o cenário epidemiológico e os principais indicadores de qualidade da vigilância das *PFA/poliomielite* no Brasil em 2025. **Material e Métodos:** Estudo descritivo retrospectivo, com dados secundários do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (Sinan) e do Painel Epidemiológico das *Paralisias Flácidas Agudas* do Ministério da Saúde. Foram analisados os casos

de *PFA* notificados até a Semana Epidemiológica 37 de 2025. Avaliaram-se variáveis sociodemográficas, evolução clínica e indicadores de vigilância. **Resultados:** Em 2025, foram notificados 210 casos de PFA, dos quais 195 (95%) foram descartados para poliomielite e 15 (5%) permaneceram em investigação. Não houve confirmação de poliomielite no período analisado. Entre os casos descartados, 60 (30%) evoluíram para cura com sequelas, 95 (49%) para cura sem sequelas e 2 (1%) para óbito. Observou-se a maior concentração de casos nas faixas etárias de 1 a 4 anos e 10 a 14 anos, e apenas dois estados atingiram a meta de taxa de notificação de PFA ≥1 caso/100 mil habitantes menores de 15 anos. Persistiram fragilidades nos indicadores operacionais, especialmente revisita e encerramento oportuno dos casos. **Conclusão:** Os resultados evidenciam fragilidades nos indicadores de vigilância das *PFA*, reforçando a necessidade de fortalecimento contínuo da vigilância epidemiológica, ampliação das coberturas vacinais, qualificação das ações de investigação e encerramento oportuno dos casos.

**Palavras-chave:** Poliovírus, Paralisias Flácidas Agudas, Vigilância Epidemiológica.

## P-141

### Micobiota de esgotos hospitalares do Rio de Janeiro: potenciais riscos à saúde pública sob a perspectiva *One Health*

Mikaella Lucia Felix Formiga[1], Líllian Oliveira Pereira da Silva[1], Paulo Murillo Neufeld[2], Jaime Antonio Abrantes[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1]

*[1]Departamento de Ciências Biológicas (DCB), ENSP/FIOCRUZ, Rio de Janeiro/RJ; [2]Laboratório de Micologia Médica e Forense, Farmácia - UFRJ, Rio de Janeiro/RJ*

**Introdução:** O monitoramento da micobiota em efluentes hospitalares é relevante devido aos potenciais impactos desses microrganismos sobre a saúde humana, animal e ambiental. Na perspectiva *One Health*, a circulação de fungos entre ambientes hospitalares, corpos hídricos e comunidades pode favorecer a disseminação de espécies oportunistas e potencialmente patogênicas, podendo contribuir para contaminação ambiental e desequilíbrios ecológicos. **Objetivo:** Identificar a microbiota fúngica presente em amostras de esgoto bruto e tratado de hospitais localizados no Rio de Janeiro. **Metodologia:** Amostras superficiais de efluentes hospitalares foram submetidas à diluição seriada e cultivadas em ágar Sabouraud Dextrose(SDA). Após incubação por 14 dias, as colônias foram identificadas por características macroscópicas e microscópicas. Fungos filamentosos foram avaliados por microcultivo, enquanto leveduras foram analisadas em SDA, CHROMagar *Candida*®, teste de formação de clamidósporos e, quando necessário, pelo sistema BD Phoenix™. **Resultados e discussão:** Observou-se maior diversidade fúngica nas amostras de esgoto bruto. Entre os fungos identificados destacaram-se espécies do gênero *Candida (C.albicans*, *C.guilliermondii*, *C.parapsilosis*, *C.utilis*, *C.tropicalis)*, além de fungos ilamentosos hialinos septados, como *Aspergillus fumigatus, A.niger*, *Penicillium* sp., *Geotrichum* sp., *Cutaneotrichosporon mucoides,* e fungos demáceos, como *Cladosporium* sp. Embora *Chlorella* corresponda a uma alga verde unicelular, observou-se seu crescimento exclusivamente nas amostras de esgoto tratado. Em uma das unidades hospitalares não foi possível realizar a análise micológica e, em outra, não houve crescimento fúngico, possivelmente devido à presença de cloramina detectada na amostra. Os achados corroboram a literatura quanto à presença de fungos oportunistas em efluentes hospitalares e sugerem possível ineficiência parcial dos processos de tratamento empregados. **Conclusão:** Os achados evidenciam a presença de fungos potencialmente patogênicos em efluentes hospitalares, reforçando a necessidade de monitoramento microbiológico contínuo e aprimoramento dos processos de tratamento, em consonância com a abordagem *One Health*.

**Palavras-chave:** esgoto, fungos, one health.

## ÁREA: TOXICOLOGIA CLÍNICA

## P-031

### Baixa confirmação laboratorial nas intoxicações por agrotóxicos em trabalhadores rurais da Bahia: análise epidemiológica entre 2025 e 2026

Gabriel Nunes Dourado Costa[1], Adailton Gomes Ferreira Júnior[2], Karla Dourado Santos[3]

*[1]UNIFAN – Centro Universitário Nobre de Feira de Santana; [2]Secretaria Municipal de Saúde de Barro Alto; [3]Secretaria de Assistência Social de João Dourado*

**Introdução:** As intoxicações por agrotóxicos permanecem importante problema de saúde pública e saúde ocupacional, especialmente entre trabalhadores rurais expostos rotineiramente a agentes químicos potencialmente tóxicos. Nessa população, o diagnóstico oportuno e preciso é fundamental para o manejo clínico, vigilância epidemiológica e implementação de medidas preventivas. A confirmação laboratorial representa ferramenta estratégica para qualificação diagnóstica e monitoramento de agravos relacionados à exposição ocupacional. **Objetivo:** Analisar o perfil das notificações de intoxicação por agrotóxicos de uso agrícola na Bahia, no período de janeiro de 2025 a maio de 2026, com ênfase nos critérios de confirmação diagnóstica registrados em sistema oficial de informação em saúde. **Métodos:** Estudo descritivo, retrospectivo, com dados secundários de domínio público obtidos no DATASUS/TABNET. Foram incluídas notificações de intoxicação exógena por agrotóxicos de uso agrícola registradas na Bahia no período analisado. As variáveis estudadas compreenderam número total de casos e critério de confirmação, categorizado em clínico, clínico-epidemiológico, clínico-laboratorial e ignorado/não informado. Os dados foram analisados por estatística descritiva simples. Por utilizar dados secundários de domínio público, sem identificação dos indivíduos, o estudo dispensou apreciação por Comitê de Ética em Pesquisa, conforme a Resolução CNS nº 510/2016. **Resultados e Discussão:** Foram identificadas 108 notificações. Destas, 60 (55,6%) foram confirmadas por critério clínico, 32 (29,6%) por critério clínico-epidemiológico, 2 (1,9%) por critério clínico-laboratorial e 14 (13,0%) permaneceram ignoradas ou não informadas. Observou-se predominância de confirmações baseadas em avaliação clínica e expressiva baixa participação de métodos laboratoriais. Esse cenário pode refletir barreiras de acesso a exames específicos, limitações estruturais da rede diagnóstica, subregistro de informações laboratoriais ou necessidade de decisões terapêuticas imediatas em situações agudas. A baixa confirmação laboratorial evidencia fragilidades estruturais no diagnóstico toxicológico ocupacional e pode contribuir para subnotificação e imprecisão epidemiológica. Além disso, a limitada utilização de suporte laboratorial pode comprometer a precisão diagnóstica, o acompanhamento clínico e a robustez dos sistemas de vigilância em saúde. **Conclusão:** As intoxicações por agrotóxicos na Bahia apresentaram predominância de confirmação clínica e baixa utilização de suporte laboratorial. Os achados reforçam a necessidade de ampliar a capacidade diagnóstica toxicológica, qualificar registros epidemiológicos e fortalecer ações de proteção à saúde dos trabalhadores rurais expostos.

**Palavras-chave:** Intoxicação por agrotóxicos, Toxicologia clínica, Diagnóstico laboratorial.

## P-168

### Validação de método analítico para determinação de metanol em sangue total por cromatografia gasosa para produção de amostra controle

Barbara Costa dos Santos Lima[1], Cassia da Cunha Pereira[1], Felipe Pacifici Guimarães[1], Maria Aparecida dos Reis[1]

*[1]Programa Nacional de Controle de Qualidade – PNCQ*

**Introdução**

O metanol ($CH_3OH$) é um álcool simples amplamente utilizado como solvente, combustível e matéria-prima na produção de formaldeído, tintas e outros produtos químicos. Apesar de sua ampla aplicação industrial, a ingestão acidental ou deliberada representa importante problema de saúde pública devido à elevada toxicidade de seus metabólitos.

A intoxicação por metanol está frequentemente associada ao consumo de bebidas alcoólicas adulteradas, exposições ocupacionais e tentativas de suicídio. A rápida absorção gastrointestinal e a possibilidade de evolução para acidose metabólica, insuficiência respiratória e morte tornam essencial a disponibilidade de métodos laboratoriais quantitativos confiáveis para auxiliar no diagnóstico clínico e na condução terapêutica.

Em 2025, o Brasil registrou um importante surto de intoxicação por metanol relacionado ao consumo de bebidas alcoólicas adulteradas comercializadas irregularmente. Segundo dados divulgados pelo Ministério da Saúde, foram confirmados dezenas de casos e múltiplos óbitos associados à intoxicação, com maior ocorrência nos estados de São Paulo, Paraná e Pernambuco [1,2].

Nesse contexto, métodos cromatográficos vêm sendo amplamente utilizados para análise de álcoois voláteis em matrizes biológicas, destacando-se a cromatografia gasosa com detector por ionização em chama (GC-FID) [3].

Além da validação analítica, o uso de Controle Interno e a participação em Ensaios de Proficiências, como o Programa Nacional de Controle de Qualidade - PNCQ, contribui para o monitoramento contínuo do desempenho analítico e para maior confiabilidade dos resultados laboratoriais.

Diante da necessidade de métodos rápidos e precisos para apoio ao diagnóstico toxicológico em emergências sanitária, este estudo teve como objetivo validar um método para determinação quantitativa de metanol em sangue por GC-FID e discutir sua aplicabilidade durante os casos de intoxicação por metanol ocorrido em 2025.

**Objetivo**

Validar um método *in-house* de análise quantitativa para determinação do analito metanol em amostras de sangue, por cromatografia gasosa com detector por ionização em chama (GC-FID), com injeção por headspace considerando linearidade, precisão, exatidão, limite de detecção (LD) e limite de quantificação (LQ) para produção de controle interno, além de discutir sua aplicabilidade no contexto dos casos de intoxicação por metanol ocorrido no Brasil em 2025.

**Métodos**

As análises laboratoriais foram realizadas no Laboratório de Toxicologia do Programa Nacional de Controle de Qualidade - PNCQ, utilizando cromatografia gasosa com detector por ionização em chama (GC-FID). Para elaboração da curva analítica e avaliação dos parâmetros de validação foram utilizados padrões analíticos de metanol, grau cromatográfico, soluções calibradoras e amostras controle de sangue humano.

A validação do método foi conduzida conforme as recomendações da RDC nº 166/2017 da Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) [4] e da orientação DOQ-CGCRE-008 do Instituto Nacional de Metrologia, Qualidade e Tecnologia (INMETRO) [5].

A linearidade foi avaliada em cinco níveis de concentração: 50, 125, 250, 500 e 1200 mg/L. A adequação estatística do modelo linear foi verificada por análise de resíduos, homocedasticidade e teste de Grubbs.

O limite de detecção foi definido como a menor concentração detectável do analito, enquanto o limite de quantificação correspondeu à menor concentração quantificável com precisão e exatidão aceitáveis.

A precisão foi avaliada em termos de repetibilidade e precisão intermediária utilizando amostras controle nas concentrações de 250 mg/L e 900 mg/L. A exatidão foi determinada por ensaios de recuperação analítica.

**Resultados e Discussão**

O método apresentou comportamento linear adequado na faixa de 50 a 1200 mg/L, permitindo a quantificação do metanol em concentrações compatíveis com quadros de intoxicação aguda. Não foram observados valores discrepantes pelo teste de Grubbs, e os resíduos apresentaram distribuição homogênea ao longo da curva analítica, indicando adequada aplicação do modelo de regressão linear.

Os limites de detecção e quantificação obtidos foram de 7,15 mg/L e 23,61 mg/L, respectivamente, demonstrando sensibilidade satisfatória para aplicação em análises toxicológicas. Os valores encontrados foram compatíveis com aqueles descritos na literatura para determinação de álcoois voláteis em sangue por GC-FID [6].

A precisão do método foi avaliada utilizando controle interno *in house* em diferentes níveis de concentração. A repetibilidade foi determinada por meio de 10 replicatas independentes e a precisão intermediária foi avaliada em dois dias distintos, totalizando 20 determinações independentes.

Os valores de repetibilidade variaram entre 0,94% e 1,65%, permanecendo abaixo do limite de 15% recomendado pelos guias de validação analítica. A precisão intermediária apresentou coeficientes de variação de 1,36%, e 2,25%, demonstrando adequada reprodutibilidade entre diferentes dias de análise.

A recuperação analítica variou entre 84,96% e 103,93%, valores considerados satisfatórios para métodos quantitativos aplicados à toxicologia clínica e forense. A tendência analítica variou entre -15,04% e 3,93%, indicando discreta subestimação em alguns níveis de controle, porém dentro de limites aceitáveis para matrizes biológicas complexas.

A estimativa da incerteza de medição também demonstrou adequação do método para aplicação laboratorial. A incerteza expandida utilizou um fator de abrangência (k), determinado a partir do número de graus de liberdade efetivos (V_{eff}), calculado conforme a equação de Welch-Satterthwaite. O fator de abrangência foi obtido pela distribuição t de Student, considerando intervalo de confiança de aproximadamente 95%, permitindo adequada estimativa da incerteza expandida associada às medições analíticas.

Os resultados demonstraram que o método apresenta desempenho analítico satisfatório para aplicação em toxicologia clínica e forense, reunindo características adequadas de linearidade, precisão, sensibilidade e confiabilidade para determinação de metanol em sangue humano por GC-FID.

Além da validação inicial, a manutenção da qualidade analítica durante a rotina laboratorial é fundamental para assegurar a confiabilidade dos resultados. Nesse contexto, a participação em programas de avaliação externa da qualidade, como o Programa Nacional de Controle de Qualidade - PNCQ, contribui para o acompanhamento contínuo do desempenho analítico do laboratório, permitindo maior padronização, rastreabilidade e segurança dos resultados obtidos, especialmente em emergências toxicológicas.

**Conclusão**

O método validado para determinação de metanol em sangue por GC-FID apresentou desempenho analítico satisfatório, demonstrando adequada linearidade, sensibilidade, precisão e recuperação, em conformidade com os critérios recomendados pelas diretrizes de validação analítica.

A relevância dessa metodologia tornou-se evidente durante os casos de intoxicação por metanol ocorrido no Brasil em 2025, no qual análises laboratoriais rápidas e confiáveis foram essenciais para auxiliar no diagnóstico clínico e na confirmação dos casos suspeitos.

Os resultados deste estudo também reforçam a importância da participação em programas de controle de qualidade, como o Programa Nacional de Controle de Qualidade - PNCQ, para monitoramento contínuo do desempenho analítico e garantia da confiabilidade dos resultados laboratoriais em toxicologia clínica e forense.

**Palavras-chave:** Toxicologia, Metanol, Intoxicação.

**Referências**

1. Agência Brasil. Brasil registra casos e mortes por intoxicação por metanol. 2025.

2. Gazeta do Povo. Falsificação de bebidas e intoxicação por metanol no Brasil. 2025.

3. Oliveira SCWSEF, Zucoloto AD, Oliveira CDR, Hernandez EMM, Fruchtengarten LVG, Yonamine M. Determinação de etanol e metanol em sangue por headspace/GC-FID nos casos atendidos pelo Centro de Controle de Intoxicações de São Paulo. Braz J Forensic Sci Med Law Bioethics. 2016;6(1):61-71.

4. Brasil. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. RDC nº 166, de 24 de julho de 2017. Dispõe sobre validação de métodos analíticos. Brasília: ANVISA; 2017.

5. Instituto Nacional de Metrologia, Qualidade e Tecnologia. DOQ-CGCRE-008: orientação sobre validação de métodos analíticos. Brasília: INMETRO; 2020.

6. Peters FT, Drummer OH, Musshoff F. Validation of new methods. Forensic Sci Int. 2007;165(2-3):216-24.

ÁREA: VIROLOGIA CLÍNICA

## P-152

# Alterações nos sítios antigênicos A–B do vírus Influenza A(H3N2) em circulação no Brasil durante a epidemia de 2025 e comparação com cepas vacinais

Ivan Guanabara Ramos[1], Paola Cristina Resende[2], Priscila Gonçalves[2], Anna Beatriz Deodato[2], Elisa Cavalcante Pereira[2], Larissa Macedo[2], Thauane Silva[2], Fernando Motta[2], Marilda Mendonça Siqueira[2]

*[1]Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ); [2]Instituto Oswaldo Cruz (IOC)*

**Introdução**

O vírus *Influenza* A representa desafios para a saúde pública global devido ao seu impacto expressivo na morbimortalidade por infecções respiratórias agudas [1]. Dentre os vírus de circulação sazonal, o subtipo A(H3N2) apresenta taxas aceleradas de evolução molecular por drift antigênico (*antigenic drift*), acumulando mutações pontuais que moldam o panorama epidemiológico ao longo do tempo [2, 3]. Essas mutações ocorrem predominantemente na cabeça globular da subunidade HA1 da glicoproteína hemaglutinina (HA), uma estrutura dividida classicamente em cinco sítios antigênicos imunodominantes, denominados de A a E [4]. Substituições localizadas nos sítios A e B alteram de forma crítica a conformação dos epítopos reconhecidos pelos anticorpos neutralizantes induzidos por infecção prévia ou vacinação [5, 6]. Como consequência dessa constante plasticidade genética, a Organização Mundial da Saúde (OMS) revisa periodicamente a composição das vacinas sazonais, emitindo recomendações específicas para os hemisférios Sul e Norte [7, 8]. Quando ocorre uma divergência entre as cepas vacinais distribuídas e as variantes virais em circulação sustentada na população, estabelece-se o cenário de incompatibilidade vacinal (*vaccine mismatch*). Este fenômeno pode refletir no aumento de casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) e na elevação das taxas de hospitalização [9, 10]. Dessa forma, o monitoramento molecular integrado e contínuo constitui um elemento central para antecipar o escape imunológico e fornecer subsídios científicos para as formulações vacinais subsequentes [8, 13].

**Objetivo**

Este estudo teve como objetivo caracterizar o perfil mutacional e avaliar as alterações de aminoácidos nos sítios antigênicos A–E da hemaglutinina de vírus *Influenza* A(H3N2) circulantes nas diferentes regiões geográficas do Brasil, no período compreendido entre janeiro de 2025 e janeiro de 2026, realizando uma análise comparativa direta com as cepas vacinais recomendadas pela OMS.

**Métodos**

Foi conduzido um estudo retrospectivo descritivo utilizando bioinformática aplicada à vigilância genômica molecular. Sequências completas do gene da hemaglutinina (HA) de vírus *Influenza* A(H3N2) amostrados no Brasil (n=1.620) foram recuperadas do banco de dados EpiFlu da iniciativa GISAID, compreendendo o período de coleta de 01/01/2025 a 30/01/2026, sob o identificador de conjunto de dados EPI_SET_260410zo [13]. Os dados de monitoramento epidemiológico e as frequências de SRAG foram correlacionados com os Boletins InfoGripe da Fundação Oswaldo Cruz emitidos para os anos de 2025 e 2026 [9, 10]. A triagem inicial de qualidade, a identificação de mutações e a classificação de subclados foram processadas utilizando o software Nextclade com base nos parâmetros filogenéticos do Nextstrain [14]. O alinhamento múltiplo das sequências de nucleotídeos foi executado no software MAFFT [15]. A tradução das sequências e a análise detalhada das substituições aminoacídicas fixadas nos sítios antigênicos foram conduzidas utilizando o ambiente MEGA 11, adotando o sistema de numeração estrutural histórica da HA do H3 como referência para o mapeamento posicional [16]. As frequências semanais relativas de circulação dos subclados virais foram calculadas e estratificadas pelas cinco macrorregiões brasileiras.

**Resultados e Discussão**

A análise das 1.620 sequências revelou uma dinâmica complexa de substituição de linhagens no Brasil, com assimetria temporal e geográfica. Identificou-se seis subclados cocirculantes: J.2, J.2.2, J.2.3, J.2.4, J.2.5 e o emergente subclado K. No primeiro semestre de 2025, os dados genômicos evidenciaram transição do subclado J.2 para o J.2.3 (SE12 a SE23). A partir do segundo semestre de 2025, entre a SE44/2025 e a SE04/2026, ocorreu a disseminação do subclado K, cujo primeiríssimo registro no Brasil ocorreu em Belém, Pará, com as detecções subsequentes estabelecidas no território nacional [11, 12]. Na virada epidemiológica para 2026, os gráficos evidenciaram dispersão contínua do subclado K, manifestando detecção marcante na região Norte. Devido à escala amostral local, a variante demonstrou dominância proporcional em relação às outras linhagens circulantes naquela macrorregião, coincidindo com o incremento de casos notificados fora do período sazonal tradicional, conforme a Figura 1 [10, 11, 12].




**Figura 1.** Frequência semanal absoluta dos subclados genômicos de *Influenza* A(H3N2) estratificada pelas macrorregiões brasileiras entre janeiro de 2025 e janeiro de 2026.

**Fonte:** Dados de sequenciamento genômico processados via plataforma Nextclade obtidos da iniciativa GISAID (EPI_SET_260410zo) integrados ao monitoramento epidemiológico de SRAG (InfoGripe/Fiocruz, 2025-2026).

Do ponto de vista molecular, o mapeamento mutacional revelou que as pressões seletivas anticorpo-dependentes concentraram-se majoritariamente nos sítios antigênicos A e B da hemaglutinina. O subclado K foi definido geneticamente pela fixação de três substituições no sítio antigênico A (T135K, S144N e N145S) e três substituições no sítio antigênico B (N158D, I160K e Q173R). O confronto dessas assinaturas com as diretrizes vacinais revelou um grave *vaccine mismatch*: as mutações S144N, N158D, I160K e Q173R encontram-se ausentes na cepa vacinal recomendada pela OMS para o Hemisfério Sul no ano de 2026 (A/Singapore/GP20238/2024), evidenciando uma perda potencial de reconhecimento imunológico por anticorpos neutralizantes na população vacinada, conforme modelado na Figura 2 [6, 7]. Por outro lado, a formulação vacinal recomendada para a temporada do Hemisfério Norte de 2026/2027, baseada na cepa de referência A/Darwin/1454/2025, já contempla essas substituições específicas em seu arranjo molecular, demonstrando o alinhamento evolutivo tardio da cepa do norte com as variantes que causavam o pico atípico no Norte do Brasil. Embora as ferramentas computacionais forneçam evidências robustas de drift antigênico [5, 14, 16], ressalta-se que os dados genotípicos puros possuem limitações preditivas, tornando mandatória a complementação por ensaios de inibição da hemaglutinação e microneutralização para a devida validação fenotípica do impacto biológico real na neutralização viral.

| Antigenic Site | Mutation | J.2.3 | J.2 | K | J.2.2 | J.2.5 | J.2.4 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Site A | 124N | 0.2 | 0.3 | 2.1 | 100 | 0 | 0 |
| Site A | 135A | 0.7 | 19.3 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site A | 135K | 0 | 3.7 | 99.3 | 0 | 0 | 100 |
| Site A | 144N | 0.2 | 4.3 | 99.3 | 0 | 0 | 0 |
| Site A | 145S | 74.4 | 69.6 | 99.3 | 45.5 | 0 | 100 |
| Site B | 158D | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 |
| Site B | 158K | 99.5 | 4.3 | 0 | 0 | 100 | 0 |
| Site B | 160K | 0.1 | 12.8 | 100 | 0 | 0 | 0 |
| Site B | 186D | 99.8 | 98 | 100 | 100 | 100 | 100 |
| Site B | 189R | 99.7 | 42 | 100 | 9.1 | 0 | 100 |
| Site B | 198P | 2.7 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site B | 199L | 0 | 9.9 | 0 | 9.1 | 0 | 0 |
| Site C | 54N | 8.2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site C | 63D | 6.4 | 29.8 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site C | 65K | 0 | 0 | 0.7 | 100 | 0 | 0 |
| Site D | 207E | 0 | 2.8 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 207R | 0.4 | 6 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 214T | 0 | 0 | 0 | 45.5 | 0 | 0 |
| Site D | 223I | 0 | 12.5 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 233H | 3.4 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 260M | 0.3 | 0 | 0 | 0 | 0 | 66.7 |

| Antigenic Site | Mutation | J.2.3 | J.2 | K | J.2.2 | J.2.5 | J.2.4 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Site D | 272T | 0 | 0.6 | 0 | 45.5 | 0 | 0 |
| Site D | 288V | 0.2 | 0 | 11.8 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 300V | 0.3 | 8.8 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 309I | 24.7 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 323L | 0.1 | 0 | 4.2 | 45.5 | 0 | 0 |
| Site D | 328A | 0 | 0 | 97.2 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 347M | 0.6 | 46.9 | 0 | 81.8 | 0 | 0 |
| Site D | 358F | 0 | 3.1 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 378N | 99.5 | 4.8 | 100 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 402I | 1 | 0 | 0 | 0 | 12.5 | 0 |
| Site D | 406I | 2.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 427E | 0.2 | 2.6 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 508R | 0 | 0.9 | 0 | 45.5 | 0 | 0 |
| Site D | 529T | 2.4 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site D | 541R | 0.9 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site E | 85N | 0 | 6 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site E | 92K | 0.3 | 1.1 | 0 | 45.5 | 0 | 0 |
| Site E | 94Y | 3.6 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site E | 96I | 0 | 11.4 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Site E | 104N | 0.2 | 19.3 | 0 | 0 | 87.5 | 0 |
| Site E | 105H | 0 | 0 | 6.9 | 0 | 0 | 0 |

**Figura 2.** Mapa de calor mutacional evidenciando a frequência de substituições aminoacídicas nos sítios antigênicos A e B da hemaglutinina do subclado k em comparação com as cepas vacinais recomendadas pela OMS.

**Fonte:** Dados gerados pelo autor utilizando os softwares MAFFT e MEGA 11 com base em sequências genômicas públicas (GISAID, 2026).

**Conclusão**

A rápida dispersão e a fixação de mutações nos epítopos imunodominantes A e B pelo subclado K caracterizam um cenário de drift antigênico robusto no cenário epidemiológico brasileiro, culminando em uma incompatibilidade vacinal com a formulação distribuída no Hemisfério Sul em 2026. O monitoramento contínuo dessas dinâmicas e assimetrias regionais reforça que a vigilância genômica em tempo real constitui uma ferramenta preditiva fundamental para a saúde pública. Contudo, para subsidiar decisões estratégicas de imunização, os dados moleculares devem atuar de forma integrada à caracterização fenotípica tradicional, garantindo a acurácia na seleção de cepas vacinais subsequentes e otimizando a proteção imunológica populacional.

**Palavras-chave:** Influenza A(H3N2), Drift antigênico, Vigilância genômica.

**Referências**

1. IULIANO, A. D. et al. Estimates of global seasonal influenza-associated respiratory mortality: a modelling study. The Lancet, v. 391, n. 10127, p. 1285–1300, 2018.

2. KRAMMER, F. et al. Influenza. Nature Reviews Disease Primers, v. 4, n. 1, p. 3, 2018.

3. KILBOURNE, E. D. Influenza Pandemics of the 20th Century. Emerging Infectious Diseases, v. 12, n. 1, p. 9–14, 2006.

4. WILEY, D. C.; WILSON, I. A.; SKEHEL, J. J. Structural identification of the antibody-binding sites of Hong Kong influenza haemagglutinin and their involvement in antigenic variation. Nature, v. 289, p. 373-378, 1981.

5. KOEL, B. F. et al. Substitutions Near the Receptor Binding Site Determine Major Antigenic Change During Influenza Virus Evolution. Science, v. 342, n. 6161, p. 976–979, 2013.

6. WU, N. C. et al. Major antigenic site B of human influenza H3N2 viruses has an evolving local fitness landscape. Nature Communications, v. 11, n. 1, p. 1233, 2020.

7. WORLD HEALTH ORGANIZATION. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2026 southern hemisphere influenza season. Genebra: WHO, 2025.

8. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Informe Técnico Operacional da Campanha Nacional de Vacinação contra a Influenza 2023. Brasília: Ministério da Saúde, 2023.

9. FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. Boletim InfoGripe: Monitoramento de casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG). Semana Epidemiológica 01, 2025. Rio de Janeiro: Fiocruz, 2025.

10. FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. Resumo do Boletim InfoGripe — Semana Epidemiológica (SE) 03 2026. Rio de Janeiro: Fiocruz, 2026.

11. PORTELLA, T. P. et al. Highly Atypical 2025 Influenza A Season in Brazil. Influenza and Other Respiratory Viruses, v. 20, n. 4, e70262, 2026.

12. RESENDE, P. et al. Molecular and antigenic landscape of Influenza viruses circulating in Brazil during the 2025 season. Research Square (Preprint), 2026. DOI: 10.21203/rs.3.rs-8437177/v1.

13. ELBE, S.; BUCKLAND - MERRETT, G. Data, disease and diplomacy: GISAID ' s innovative contribution to global health. Global Challenges, v. 1, n. 1, p. 33 – 46, 2017. GISAID EPI_SET_260410zo.

14. AKSAMENTOV, I. et al. Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. Journal of Open Source Software, v. 6, n. 67, p. 3773, 2021.

15. KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. Molecular Biology and Evolution, v. 30, n. 4, p. 772–780, 2013.

16. TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Molecular Biology and Evolution, v. 38, n. 7, p. 3022–3027, 2021.

# Premiação

# Prêmio Prof. Dr. Mateus Mandu

## ÁREA: SAÚDE PÚBLICA E VIGILÂNCIA EM SAÚDE E AMBIENTAL

### P-002

### Vigilância baseada em águas residuais para o monitoramento de bactérias resistentes em efluentes hospitalares do Rio de Janeiro

Líllian Oliveira Pereira da Silva[1], Jaime Antonio Abrantes[1], Joseli Maria da Rocha Nogueira[1]

[1]*Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca, Fundação Oswaldo Cruz*

**Introdução**

Apesar de ser um fenômeno natural, a resistência aos antimicrobianos (AMR) é considerada uma das maiores ameaças à saúde pública mundial do século XXI.[1] Além de impactar a saúde humana, com o aumento da morbimortalidade, o prolongamento de internações e a elevação nos custos dos pacientes, a AMR está diretamente relacionada à saúde animal e ambiental.[1] Dada a crescente preocupação global com a resistência a antimicrobianos, entender a dinâmica e a presença de microrganismos resistentes em efluentes hospitalares é fundamental para o controle de infecções e a segurança ambiental. A descarga de efluentes sem tratamento adequado pode contribuir para a disseminação da resistência antimicrobiana na cadeia de transmissão para a saúde humana, ambiental e animal, onde os hospitais desempenham um papel relevante na geração e disseminação de microrganismos resistentes.[2] Dada a elevada concentração de microrganismos e a persistência dos micropoluentes emergentes, as águas residuais se tornam um ambiente propício à transferência horizontal de genes.[3] Portanto, a ocorrência de microrganismos multirresistentes em estações de tratamento de esgoto se consolida como uma ameaça multifacetada à segurança sanitária e à integridade dos ecossistemas.

**Objetivo**

Avaliar o perfil de resistência de Enterobacterales isolados de efluentes hospitalares situados no Rio de Janeiro.

**Metodologia**

As coletas foram realizadas em seis hospitais públicos situados no município do Rio de Janeiro. Destes, três hospitais possuíam estação de tratamento, totalizando 09 amostras de esgoto, sendo 06 amostras de esgoto bruto e 03 amostras de esgoto tratado. No que tange o perfil dos hospitais, foram incluídos 03 hospitais assistenciais, 02 maternidades e 01 centro emergencial. Ainda que o presente estudo não envolva pesquisa direta com seres humanos e não demande autorização do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP), um termo de consentimento e de confidencialidade foi apresentado aos responsáveis das instituições, autorizando a coleta e a divulgação dos resultados sem a identificação das instituições. As amostras foram semeadas em ágar cromogênico e os microrganismos isolados foram submetidos à coloração de Gram para confirmação das características morfotintoriais, seguida da prova da oxidase para diferenciação de bastonetes Gram negativos. Após a identificação presuntiva em ágar cromogênico e a confirmação do Gram, isolados sugestivos de Bastonetes Gram-negativos foram submetidos a provas bioquímicas convencionais, incluindo Meio Tríplice Açúcar Ferro, Meio Sulfeto Indol Motilidade, Citrato de Simmons, Glicose, Lactose, Sacarose, Lisina, Arginina, Ornitina, Fenilalanina e Ureia. As bactérias identificadas foram submetidas ao teste de susceptibilidade aos antimicrobianos em ágar Mueller-Hinton, a partir de uma suspensão bacteriana em salina 0,9%, na escala 0,5 de MacFarland, conforme o padronizado pelo Instituto de Padrões Clínicos e Laboratoriais. Para cada microrganismo, foram testados os seguintes antimicrobianos: Amoxicilina/Ácido clavulânico, Amicacina, Ceftazidima, Cefepime, Ciprofloxacina, Ceftriaxona, Cefoxitina, Gentamicina, Imipenem, Levofloxacina, Meropenem e Sulfametoxazol/Trimetroprim. As placas foram incubadas em estufa bacteriológica, a 37°C, por 24 horas. O resultado se deu pela medição do diâmetro do halo de inibição de acordo com a padronização do Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (BrCast).[4] Os isolados foram classificados em Sensíveis (S), quando totalmente susceptível aos antimicrobianos testados, resistentes (R), quando não-susceptível a, no mínimo, um antimicrobiano em até duas classes testadas, multirresistentes (MDR), quando não-susceptível a, pelo menos, um antimicrobiano em 3 ou mais categorias testadas, extensivamente resistentes (XDR), não-susceptível a, pelo menos, um antimicrobiano em todas as categorias testadas, exceto duas, ou pan-resistentes (PDR), quando não-suscetível a todas as classes testadas.[5] Para esta classificação, sub-classes dos beta-lactâmicos (ex: penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos) foram consideradas classes propriamente ditas.

**Resultados e Discussão**

Foram isoladas 63 cepas bacterianas resistentes aos antimicrobianos pertencentes a Ordem Enterobacterales, tendo *Klebsiella pneumoniae* (n = 22, 37%), *Escherichia coli* (n = 14, 23%) e *Enterobacter cloacae* (n = 5, 08%) como isolados mais frequentes. No que tange o perfil de resistência aos antimicrobianos, 06 isolados foram totalmente sensíveis (10%), 11 isolados foram considerados resistentes (17%), 17 cepas multirresistentes (MDR; 27%), 10 isolados extensivamente resistentes (XDR; 16%) e 19 isolados não apresentaram suscetibilidade a nenhuma das classes testadas (PDR; 30%), tendo o Hospital 04 com maior prevalência de bactérias PDR (Figura 1).

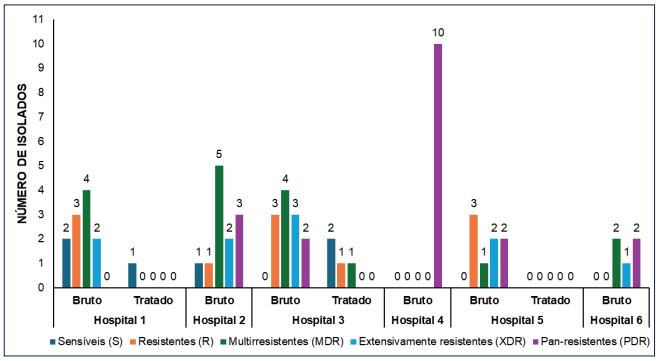



**Figura 1.** Perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos dos isolados de efluentes hospitalares

Fonte: Os Autores (2026).

Os fármacos que apresentaram maior número de isolados resistentes foram amoxicilina associada ao clavulanato de potássio (78%), ciprofloxacino (63%), ceftazidima (60%) e cefoxitina (57%). A prevalência de resistência às cefalosporinas de terceira e quarta geração (CAZ: 60%; CRO: 56%; CPM: 54%) reforça a hipótese de uma ampla circulação de linhagens produtoras de beta-lactamases de espectro estendido (ESBL) nas bacias sanitárias hospitalares do Rio de Janeiro. Outrossim, a resistência aos carbapenêmicos se mantém em estado crítico, com 54% resistentes ao imipenem e 40% ao Meropenem, fármacos de última linha terapêutica no combate de bactérias ESBL (Figura 2).

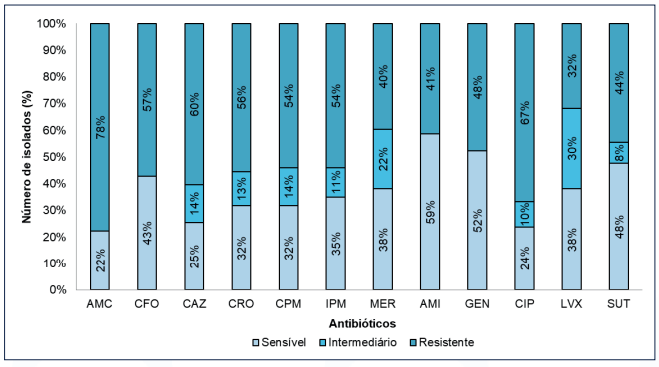



**Figura 2.** Percentual de isolados resistentes aos antimicrobianos testados.

Fonte: Os Autores (2026).

Nota-se que os índices de isolados resistentes são altos para quase todas as classes testadas, sugerindo a presença de plasmídeos de multirresistência.[6] Esses plasmídeos desempenham um papel fundamental na disseminação da resistência aos antimicrobianos no ambiente, podendo impactar diretamente na saúde pública.[7] Deve-se destacar que os tratamentos convencionais não são capazes de remover todos os microrganismos patogênicos que mais influenciam nas infecções hospitalares no Brasil.[8] Além disso, diversos pontos das ETE apresentam condições favoráveis para que ocorra a transferência horizontal de genes de resistência aos antimicrobianos.[8,9] Sendo assim, a persistência de cepas resistentes no esgoto tratado do Hospital 3 evidencia a demanda de uma vigilância ativa de efluentes hospitalares, tendo em vista o potencial destes efluentes como reservatórios de resíduos de antimicrobianos e de bactérias multirresistentes.[9,10] Ao realizar o monitoramento dos efluentes hospitalares, esta pesquisa permite o mapeamento de patógenos multirresistentes antes que surtos clínicos sejam detectados nas enfermarias.[11,12] Do ponto de vista clínico, essa antecipação é fundamental para subsidiar as Comissões de Controle de Infecção Hospitalar (CCIH), seja na revisão de protocolos ou na otimização do *stewardship* de antimicrobianos, promovendo o uso racional destes fármacos, o cuidado e segurança do paciente.[13-15]

**Conclusão**

O despejo desses efluentes em corpos d`água, solo ou nas redes coletoras de esgotos pode propagar esses contaminantes para o meio ambiente e para a comunidade, uma vez que os sistemas convencionais de tratamento de esgoto, não são projetados para remover ou inativar eficientemente esses contaminantes. Sendo assim, reconhecer a interconexão entre a saúde humana, animal e ambiental torna o controle dos efluentes hospitalares uma peça-chave para mitigar a resistência aos antimicrobianos. Outrossim, a implementação de sistemas de tratamento de efluentes hospitalares representa um pilar fundamental para a preservação ambiental e a manutenção da saúde pública.

**Palavras-chave:** Resistência antimicrobiana, Monitoramento ambiental, Saúde coletiva.

**Referências**

1. Silva LOP, Estevam LB, Nogueira JM. Disseminação da resistência aos antimicrobianos no contexto de saúde única: uma breve revisão. RBAC [Internet]. 2024;56(1):5-11.

2. Silva LOP, Abrantes JA, Nogueira JMR. O uso indiscriminado de antimicrobianos durante a pandemia da COVID-19 como possível fator influenciador da resistência bacteriana em efluentes hospitalares no Brasil. Contribuecias Las Cienc Soc. 2024;17(3):e4360.

3. Chandja WBE, Onanga R, Nguema PPM, Lendamba RW, Mouanga-Ndzime Y, Mavoungou JF, et al. Emergence of Antibiotic Residues and Antibiotic-Resistant Bacteria in Hospital Wastewater: A Potential Route of Spread to African Streams and Rivers, a Review. Water. 2024;16(22):3179.

4. Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (BrCAST). Método de disco-difusão para teste de sensibilidade aos antimicrobianos BrCAST-EUCAST [Internet]. 2024 [citado 2026 abr 6]. Disponível em: https://brcast.org.br/wp-content/uploads/2022/09/Metodo-disco-difusao-BrCAST-15-04-2024.pdf

5. Magiorakos, A. P., Srinivasan, A., Carey, R. B., Carmeli, Y., Falagas, M. E., Giske, C. G., ... & Monnet, D. L. (2012). Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. *Clinical microbiology and infection*, *18*(3), 268-281.

6. Sekizuka T, Tanaka R, Hashino M, Yatsu K, Kuroda M. Comprehensive genome and plasmidome analysis of antimicrobial resistant bacteria in wastewater treatment plant effluent of Tokyo. Antibiotics. 2022;11(10):1283.

7. Mutuku C, Kutasy B, Urban P, Melegh S, Herczeg R, Gazdag Z, et al. Plasmid sequence dataset of multidrug-resistant Enterobacterales isolated from hospital effluents and wastewater treatment plant. Data Brief. 2022;45:108736.

8. Maina M, Tosas-Auguet O, McKnight J, Zosi M, Kimande J, Kagia N, et al. Evaluating the foundations that help avert antimicrobial resistance: performance of essential water sanitation and hygiene functions in hospitals and requirements for action in Kenya. PLoS One. 2019;14(10):e0222922.

9. Lorenzo P, Alonso-Sáez L, Aristi I, García-Baquero G, Larrañaga A, Sabater S, et al. Antibiotic resistance in urban and hospital wastewaters and their impact on a receiving freshwater ecosystem. Chemosphere. 2018;206:70-82.

10. Qiao M, Ying GG, Singer AC, Zhu YG. Review of antibiotic resistance in China and its environment. Environ Int. 2018;110:160-172.

11. Zagui GS, Andrade LN, Moreira NC, Silva TV, Machado GP, Costa DAR, et al. Tertiary hospital sewage as reservoir of bacteria expressing MDR phenotype in Brazil. Braz J Biol. 2021;82:e234471.

12. Marques PRC, Dolabella SS, Jain S, Barbosa AAT. Contribuições da epidemiologia baseada em águas residuais para vigilância em saúde pública. Rev Multidiscip Saude. 2022:1-13.

13. Hassard F, Bajón-Fernández Y, Castro-Gutierrez V. Wastewater-based epidemiology for surveillance of infectious diseases in healthcare settings. Curr Opin Infect Dis. 2023;36(4):288-295.

14. Hassoun-Kheir N, de Kraker ME, Bertrand X, Van Hoorde K, Graham DW, Hocquet D. How to establish a hospital wastewater surveillance program for antimicrobial resistance: current experience and future knowledge gaps. CMI Commun. 2025;2(3):105087.

15. Ramalho KM. Os desafios enfrentados na implantação e implementação de stewardship no ambiente hospitalar. Rev DCS. 2026;23(86):e4090.

# Prêmio SBAC

## ÁREA: IMUNOLOGIA CLÍNICA

### P-082

## Associação entre hipergamaglobulinemia policlonal e positividade do FAN/HEp-2: um estudo caso-controle pareado

Juan Manuel Diniz Vargas Arancibia[1], Nathália Cristinah Lima Evangelista[1], Camila Yamamoto Rodrigues[1], Leonardo Oliveira Milhomem[1], Maria Luiza dos Santos Rodrigues Vaz[1], Guilherme Matos de Lima[1], Marcelo Braga Brandão Melo[1], Alessandra Lopes Barbosa[1], Lidia Freire Abdalla Nery[1], Rafael Henriques Jácomo[1]

[1]*Sabin Diagnóstico e Saúde*

**Introdução**

A eletroforese de proteínas séricas (EPROT) é uma metodologia consolidada na rotina laboratorial para avaliação do perfil proteico sérico, permitindo a análise das frações albumina, alfa-1, alfa-2, beta-1, beta-2 e gama[1]. Além de sua aplicação na investigação de gamopatias monoclonais, a EPROT pode evidenciar alterações associadas a outros processos patológicos[1,2]. A fração gama tem relevância clínica por concentrar grande parte das imunoglobulinas circulantes e por refletir alterações da resposta imunológica humoral[2]. O aumento difuso dessa região, na ausência de pico ou componente monoclonal, caracteriza a hipergamaglobulinemia policlonal (HP), alteração observada em contextos como doenças inflamatórias, hepáticas, infecciosas e autoimunes[3-5]. O FAN/HEp-2 é utilizado na investigação de autoanticorpos associados a doenças autoimunes sistêmicas, e sua interpretação envolve a reatividade, o título e o padrão de fluorescência observado[6,7]. De forma isolada, a reatividade do FAN/HEp-2 não define diagnóstico de doença autoimune, entretanto, títulos elevados e determinados padrões podem apresentar maior relevância clínica quando interpretados em conjunto com dados clínicos e laboratoriais[8,9].

Considerando que a HP e a reatividade do FAN/HEp-2 podem refletir a ativação da imunidade humoral, investigar essa associação pode favorecer uma interpretação laboratorial mais integrada. A identificação de perfis laboratoriais associados também pode subsidiar estratégias futuras de uso racional de exames, alinhadas ao conceito de gestão do uso de testes laboratoriais (*laboratory stewardship*).

**Objetivo**

Avaliar a associação entre hipergamaglobulinemia policlonal, definida por fração gama > 2,0 g/dL na EPROT, e reatividade do FAN/HEp-2 de resultados laboratoriais simultâneos. Como objetivos secundários, avaliar a frequência de títulos elevados de FAN/HEp-2 (≥ 1:320) e descrever os principais padrões de fluorescência nos casos com hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente.

**Métodos**

Foi realizado um estudo observacional retrospectivo, com desenho caso-controle pareado, utilizando resultados laboratoriais de EPROT e FAN/HEp-2 obtidos entre janeiro e dezembro de 2025 em um laboratório de análises clínicas. Os dados foram extraídos de um banco laboratorial interno mediante autorização institucional do Núcleo de Apoio à Pesquisa, em projeto previamente registrado e aprovado pela instituição. A base foi fornecida anonimizada e irreversível, com análise e apresentação dos resultados exclusivamente agregadas. Estudo dispensado de registro CEP/CONEP conforme Resolução CNS nº 510/2016, art. 1º, §único, inciso V. Foram identificados 36.932 resultados simultâneos de EPROT e FAN/HEp-2. Após a exclusão de 564 registros com pico monoclonal, componente monoclonal ou descrição compatível com gamopatia monoclonal na EPROT, permaneceram 36.368 resultados elegíveis. Entre eles, 289 apresentavam fração gama > 2,0 g/dL. Fluxograma representado na figura 1.

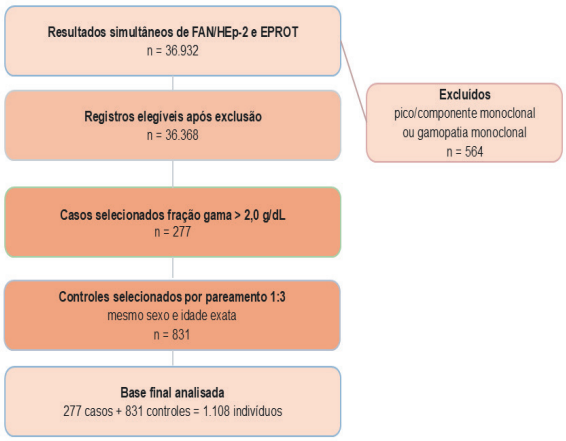



**Figura 1.** Fluxograma da seleção de dados.

**Fonte:** elaborada pelos autores.

Os casos foram definidos como indivíduos com hipergamaglobulinemia policlonal, considerando fração gama > 2,0 g/dL. Como não há consenso universal para esse ponto de corte, o valor foi escolhido por representar elevação laboratorial expressiva e por estar acima de valores de referência descritos na literatura[3,4,10]. A classificação como policlonal foi estabelecida pela ausência de pico monoclonal, componente monoclonal ou descrição compatível com gamopatia monoclonal na EPROT.

Os controles foram definidos como resultados com fração gama ≤ 2,0 g/dL. Após curadoria da base e aplicação de critério de elegibilidade, foram incluídos 277 casos. Para cada caso, foram selecionados três controles, pareados individualmente por sexo e idade exata, sem reposição, totalizando 831 controles e 1.108 indivíduos na base final analisada[11]. Análises realizadas em Python.

A reatividade do FAN/HEp-2 foi categorizada como reagente ou não reagente. Para avaliação de títulos elevados, foi considerada a presença de FAN/HEp-2 em título ≥ 1:320. A associação entre hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente, assim como entre hipergamaglobulinemia e títulos ≥ 1:320, foi avaliada por regressão logística condicional pareada, considerando cada conjunto caso-controles como estrato. Os resultados foram expressos como odds ratio pareado, intervalo de confiança de 95% e valor de p. Como análise complementar, foi construída uma curva ROC do título máximo do FAN/HEp-2 para discriminação entre casos e controles.

**Resultados e Discussão**

A amostra final incluiu 277 indivíduos com hipergamaglobulinemia policlonal e 831 controles pareados por sexo e idade exata, totalizando 1.108 indivíduos. A frequência de FAN/HEp-2 reagente foi maior nos indivíduos com fração gama > 2,0 g/dL. Entre os casos, 58,5% apresentaram FAN/HEp-2 reagente, enquanto nos controles essa frequência foi de 16,1%. Na regressão logística condicional pareada, a hipergamaglobulinemia esteve associada de forma significativa à reatividade do FAN/HEp-2, com OR pareado de 8,15, IC95% 5,76–11,54 e $p < 0,001$.

A análise dos títulos indicou associação de maior magnitude. FAN/HEp-2 em título ≥ 1:320 foi observado em 47,3% dos casos e em 7,0% dos controles. A regressão logística condicional pareada indicou associação significativa entre hipergamaglobulinemia e títulos elevados de FAN/HEp-2, com OR pareado de 14,34, IC95% 9,17–22,41 e $p < 0,001$. Esses achados sugerem que a hipergamaglobulinemia policlonal não está apenas associada à reatividade geral do FAN/HEp-2, mas também a resultados com maiores titulações de reatividade.

A curva ROC do título máximo do FAN/HEp-2 para discriminar indivíduos com fração gama > 2,0 g/dL de controles com fração gama ≤ 2,0 g/dL apresentou AUC de 0,74, indicando capacidade discriminatória moderada. O ponto de corte de 1:320 apresentou especificidade de 89,4% no conjunto analisado. Essa análise deve ser interpretada como complementar, uma vez que a análise principal foi baseada no modelo pareado.

Entre os indivíduos com hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente, os padrões mais frequentes foram Nuclear Pontilhado Fino/AC-4 (30,2%) e Nuclear Homogêneo/AC-1 (20,4%). A predominância desses padrões sugere que a associação entre hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 não se restringe a um único perfil de fluorescência, podendo refletir diferentes perfis de ativação do sistema imunológico.

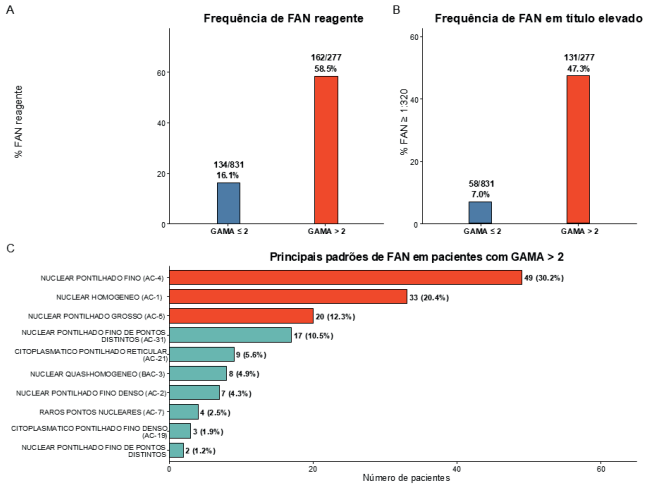



**Figura 2.** Associação entre hipergamaglobulinemia policlonal e reatividade do FAN/HEp-2. A) FAN/HEp-2 reagente. B) FAN/HEp-2 ≥ 1:320. C) Principais padrões de fluorescência em indivíduos com fração gama > 2,0 g/dL.

**Fonte:** elaborada pelos autores.

A correlação fisiológica dessa associação decorre do fato de que a hipergamaglobulinemia policlonal reflete ativação ampla de linfócitos B e plasmócitos, enquanto a reatividade do FAN/HEp-2 indica presença de autoanticorpos contra antígenos celulares. Assim, ambos os achados podem representar manifestações laboratoriais de ativação imunológica sustentada. Na rotina laboratorial, os resultados sugerem que a EPROT pode fornecer informação relevante para a interpretação integrada de indivíduos com maior frequência de FAN/HEp-2 reagente, especialmente em títulos elevados. No entanto, a aplicação prática como alerta laboratorial de EPROT com FAN/HEp-2 exige validação adicional, incluindo avaliação de sensibilidade, especificidade e impacto clínico. Uma limitação importante é que a amostra foi composta por resultados que já possuíam solicitação simultânea de ambos os exames, o que pode representar uma população previamente selecionada por suspeita clínica e limitar a generalização dos achados.

## Conclusão

A hipergamaglobulinemia policlonal (fração gama > 2,0 g/dL) na EPROT esteve significativamente associada à reatividade do FAN/HEp-2 e à presença de títulos elevados, especialmente ≥ 1:320. Os padrões mais frequentes entre hipergamaglobulinemia e FAN/HEp-2 reagente foram AC-4 e AC-1. Esses achados reforçam a importância da interpretação integrada entre EPROT e FAN/HEp-2 na rotina laboratorial e sugerem que a hipergamaglobulinemia pode atuar como marcador laboratorial auxiliar de ativação imune humoral. Estudos prospectivos, com dados clínicos complementares e avaliação de desempenho diagnóstico, são necessários para validar a aplicabilidade desses achados em protocolos reflexos ou estratégias de *laboratory stewardship*.

## Referências

1. Keren DF, Bocsi G, Billman BL, et al. Laboratory Detection and Initial Diagnosis of Monoclonal Gammopathies. Arch Pathol Lab Med. 2022;146(5):575-590. doi:10.5858/arpa.2020-0794-CP

2. Solanki AS, Sharma N, Thadani D. Pattern of Serum Protein Electrophoresis: Advances in Laboratory Medicine. J Med Evid. 2025;6(1):45. doi:10.4103/JME.JME_103_23

3. Baillou C, Jacomet F, Dejoie T, et al. Polyclonal hypergammaglobulinaemia: towards definition of a threshold. Postgrad Med J. 2023;99(1170):296-301. doi:10.1136/postgradmedj-2021-140591

4. Beuvon C, Martin M, Baillou C, Roblot P, Puyade M. Etiologies of Polyclonal Hypergammaglobulinemia: A scoping review. Eur J Intern Med. 2021;90:119-121. doi:10.1016/j.ejim.2021.05.023

5. Zhao EJ, Cheng CV, Mattman A, Chen LYC. Polyclonal hypergammaglobulinaemia: assessment, clinical interpretation, and management. Lancet Haematol. 2021;8(5):e365-e375. doi:10.1016/S2352-3026(21)00056-9

6. Bonroy C, Vercammen M, Fierz W, et al. Detection of antinuclear antibodies: recommendations from EFLM, EASI and ICAP. Clin Chem Lab Med. 2023;61(7):1167-1198. doi:10.1515/cclm-2023-0209

7. Agmon-Levin N, Damoiseaux J, Kallenberg C, et al. International recommendations for the assessment of autoantibodies to cellular antigens referred to as anti-nuclear antibodies. Ann Rheum Dis. 2014;73(1):17-23. doi:10.1136/annrheumdis-2013-203863

8. Chan EKL, Damoiseaux J, Carballo OG, et al. Report of the First International Consensus on Standardized Nomenclature of Antinuclear Antibody HEp-2 Cell Patterns 2014–2015. Front Immunol. 2015;6:412. doi:10.3389/fimmu.2015.00412

9. Cruvinel W de M, Andrade LEC, Dellavance A, et al. VI Brazilian consensus guidelines for detection of anti-cell autoantibodies on HEp-2 cells. Adv Rheumatol. 2022;62(1):34. doi:10.1186/s42358-022-00266-z

10. Masuda Y, Morita K, Kurokawa M. Positive Anti-nuclear Antibody in Patients with Polyclonal Hypergammaglobulinemia Suggests the Presence of Multiple Distinct Comorbidities. Intern Med. 2024;63(24):3291-3297. doi:10.2169/internalmedicine.3594-24

11. Iwagami M, Shinozaki T. Introduction to Matching in Case-Control and Cohort Studies. Ann Clin Epidemiol. 2022;4(2):33-40. doi:10.37737/ace.22005

**Palavras-chave:** Hipergamaglobulinemia policlonal, FAN/HEp-2, Eletroforese de proteínas séricas.

# Prêmio PNCQ

## ÁREA: CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO

### P-107

### Sigma LAB: uma nova identidade para o controle de qualidade laboratorial baseada em inteligência artificial e gestão estratégica aplicada ao PNCQ

Ticiana Mont Alverne Parente[1], Ruan Sousa Medeiros[1], Jonathan Fernandes da Costa[1], Benedito Pereira Andrade Junior[1], Antonio Mont Alverne Lopes Parente[1], Diego Ramon Alves[1], Monalisa Fontenele de Carvalho Silva[1], Ana Larisse dos Santos Gomes Benicio[1], Camilla Valeska Vasconcelos Costa[1], Camila Boto Farias[1]

*[1]LACLISO.*

**Introdução**

O controle de qualidade laboratorial constitui um dos pilares centrais para a garantia da confiabilidade analítica, da segurança do paciente e do suporte qualificado à tomada de decisão clínica. Nesse contexto, o Controle Externo da Qualidade (CEQ) assume papel estratégico ao possibilitar a avaliação sistemática do desempenho dos laboratórios por meio da comparação interlaboratorial de resultados. Entre as iniciativas nacionais voltadas a esse propósito, destaca-se o Programa Nacional de Controle de Qualidade (PNCQ), amplamente reconhecido como referência no monitoramento da qualidade analítica e na identificação contínua de oportunidades de melhoria nos laboratórios clínicos brasileiros. Apesar de sua relevância, a interpretação dos relatórios emitidos pelo PNCQ ainda apresenta desafios operacionais significativos. O elevado volume de dados, a multiplicidade de analitos avaliados simultaneamente e a necessidade de monitoramento histórico contínuo tornam o processo analítico complexo e, muitas vezes, dependente de avaliações manuais. Em diversos laboratórios, essa rotina exige a utilização de planilhas paralelas, análises fragmentadas e grande esforço operacional das equipes técnicas, o que pode comprometer a agilidade na identificação de tendências, recorrências de resultados insatisfatórios e rastreabilidade das ações corretivas implementadas. Paralelamente, a transformação digital e o avanço da inteligência artificial vêm promovendo mudanças expressivas nos processos em saúde, ampliando a capacidade de integração de dados, automação de atividades e geração de análises estratégicas mais robustas. No âmbito do controle de qualidade laboratorial, essas tecnologias despontam como importantes aliadas no fortalecimento dos Sistemas de Gestão da Qualidade (SGQ), contribuindo para maior eficiência operacional, rastreabilidade, segurança da informação e suporte à melhoria contínua. Foi nesse cenário de inovação e busca pela excelência que o Laboratório de Análises Clínicas desenvolveu o Sigma LAB, uma plataforma baseada em inteligência artificial voltada à extração automatizada, organização inteligente e análise estratégica dos resultados do PNCQ. A solução representa um avanço significativo na gestão do CEQ, permitindo transformar dados complexos em informações acessíveis, rastreáveis e orientadas à tomada de decisão, fortalecendo a cultura da qualidade e promovendo maior assertividade nos processos laboratoriais

**Objetivo**

Descrever a implantação do Sigma LAB como ferramenta baseada em inteligência artificial para automatização da análise dos dados do PNCQ, avaliando sua contribuição para otimização dos processos relacionados ao controle externo da qualidade laboratorial.

**Métodos**

Trata-se de um estudo descritivo, do tipo relato de inovação tecnológica aplicada à gestão do controle de qualidade laboratorial, desenvolvido no Laboratório de Análises Clínicas. A plataforma Sigma LAB foi desenvolvida em ambiente web integrada a banco de dados estruturado para armazenamento e processamento das informações do PNCQ. O sistema utiliza inteligência artificial treinada para extração automatizada dos dados presentes nos relatórios em formato PDF disponibilizados pelo programa. Após a extração, as informações são categorizadas automaticamente e armazenadas em banco de dados estruturado, permitindo análises dinâmicas por meio de dashboards interativos e ferramentas de Business Intelligence. Entre as funcionalidades implementadas encontram-se: monitoramento da nota global do laboratório; classificação dos analitos em conceitos bom, aceitável e inaceitável; análise por segmento; avaliação temporal histórica; identificação de recorrência de eventos; análise de tendências; investigação estruturada de causa raiz; elaboração automática de planos de ação utilizando metodologia 5W2H; e avaliação automatizada da eficácia das ações corretivas. As análises históricas realizadas compreenderam dados do período entre 2024 e 2026.

**Resultados e Discussão**

Antes da implantação do Sigma LAB, o processo de avaliação dos resultados do PNCQ envolvia análise mensal de aproximadamente 20 a 25 relatórios contendo entre 130 e 150 analitos. A interpretação dos dados era realizada manualmente, com utilização de planilhas auxiliares para cálculo de erros sistemáticos e avaliação de indicadores como DRM%. Esse processo demandava aproximadamente dois dias para conclusão completa das análises de cada ciclo, além de apresentar limitações relacionadas à rastreabilidade, integração e consolidação histórica das informações.

As análises temporais também apresentavam limitações importantes devido à dificuldade de organização histórica dos dados, restringindo a identificação de padrões, recorrências e tendências analíticas. As avaliações críticas dos resultados classificados como inaceitáveis eram realizadas por meio de formulários físicos durante reuniões periódicas de Controle Interno da Qualidade (CQI) e Controle Externo da Qualidade (CEQ), dificultando o acesso rápido às informações, a recuperação documental e o acompanhamento longitudinal das ações corretivas implementadas. Após a implantação do Sigma LAB, observou-se redução expressiva no tempo operacional necessário para análise dos resultados. O tempo anteriormente estimado em dois dias foi reduzido para aproximadamente vinte minutos, representando diminuição superior a 90% no tempo empregado no processo analítico. Os dados passaram a ser apresentados em dashboards intuitivos e integrados, contendo informações em tempo real relacionadas aos conceitos classificados como "bom", "aceitável" e "inaceitável", permitindo visualização global do desempenho institucional e análise individualizada por setores laboratoriais. Uma das funcionalidades de maior impacto foi a implementação da análise temporal automatizada, possibilitando acompanhamento longitudinal do desempenho institucional e dos analitos individualmente ao longo dos ciclos do PNCQ. Essa abordagem permitiu identificação precoce de tendências analíticas e recorrências de eventos críticos, fortalecendo ações preventivas e estratégias de melhoria contínua.

A plataforma também promoveu automatização do fluxo de melhoria contínua. Resultados classificados como inaceitáveis passaram a gerar automaticamente processos estruturados de investigação, incluindo análise histórica do analito, gráficos de tendência e formulários para investigação de causa raiz. Após essa etapa, o sistema elabora automaticamente planos de ação fundamentados na metodologia 5W2H, favorecendo padronização das condutas e rastreabilidade das intervenções.

Outra inovação observada foi a implementação da avaliação automatizada da eficácia das ações corretivas. O sistema acompanha o desempenho subsequente do analito avaliado e classifica automaticamente a efetividade das intervenções implementadas, mantendo histórico digital organizado e facilmente acessível. A rastreabilidade digital demonstrou desempenho superior ao método anteriormente baseado em documentos físicos, reduzindo riscos de perdas documentais, ampliando a segurança das informações e facilitando auditorias internas e processos de acreditação laboratorial. Além dos ganhos operacionais, observou-se maior envolvimento da equipe multiprofissional no processo de análise crítica do desempenho laboratorial. A visualização dinâmica das informações contribuiu para estimular participação ativa dos colaboradores, fortalecimento da cultura organizacional baseada em melhoria contínua e maior alinhamento às práticas contemporâneas de gestão da qualidade laboratorial. Os resultados encontrados demonstram que a utilização de inteligência artificial aplicada ao controle externo da qualidade ultrapassa a simples automatização de processos, permitindo integração entre análise técnica, gestão estratégica e tomada de decisão baseada em evidências, contribuindo para maior eficiência operacional, rastreabilidade

e fortalecimento da cultura da qualidade nos serviços laboratoriais. Nesse sentido, os resultados obtidos evidenciam que a implantação do Sigma LAB promoveu impactos relevantes tanto na dimensão operacional quanto na gestão estratégica da qualidade laboratorial. A significativa redução do tempo necessário para análise dos resultados do PNCQ demonstrou aumento expressivo da eficiência dos processos, permitindo maior agilidade na identificação de não conformidades e na implementação de ações corretivas. Paralelamente, a automatização das análises temporais e da rastreabilidade documental favoreceu maior confiabilidade na gestão das informações, ampliando a capacidade institucional de monitoramento contínuo do desempenho analítico.

Observou-se ainda que a utilização de dashboards integrados e análises automatizadas contribuiu para fortalecimento da cultura organizacional voltada à melhoria contínua, estimulando maior participação das equipes multiprofissionais nos processos de avaliação crítica da qualidade. A centralização dos dados em ambiente digital estruturado também possibilitou maior integração entre os setores laboratoriais, conforme apontado pela implantação do sistema integrado.

**Conclusão**

A implantação do Sigma LAB demonstrou potencial para transformar a gestão do controle externo da qualidade laboratorial por meio da integração entre inteligência artificial, análise temporal e ferramentas estruturadas de melhoria contínua. A redução significativa do tempo operacional, o aumento da rastreabilidade, a automatização das análises críticas e o fortalecimento do envolvimento da equipe evidenciam benefícios relevantes para o Sistema de Gestão da Qualidade. A ferramenta mostrou-se uma estratégia inovadora capaz de ampliar a eficiência analítica e contribuir para novos horizontes no monitoramento da qualidade laboratorial.

**Palavras-chave:** Inteligência Artificial, Gestão da Qualidade Laboratorial, Controle Externo da Qualidade.

**Referências**

1. Sociedade Brasileira de Patologia Clínica/Medicina Laboratorial. Gestão da fase analítica do laboratório: recomendações da SBPC/ML. Barueri: Manole; 2015.

2. Programa Nacional de Controle de Qualidade. Manual do participante. Rio de Janeiro: SBAC; edição vigente.

3. Westgard JO. Basic quality management systems: essentials for quality management in the medical laboratory. 2. ed. Madison: Westgard QC; 2022.

4. World Health Organization. Laboratory quality management system handbook. Geneva: WHO; 2023.

5. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Assistência laboratorial: segurança do paciente em serviços de saúde. Brasília: ANVISA; 2021.

6. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução da Diretoria Colegiada – RDC nº 786, de 5 de maio de 2023. Dispõe sobre os requisitos técnico-sanitários para o funcionamento de laboratórios clínicos, de laboratórios de anatomia patológica e de outros serviços que executam as atividades relacionadas aos exames de análises clínicas. Brasília: ANVISA; 2023.

7. International Organization for Standardization. ISO 15189:2022 — Medical laboratories — Requirements for quality and competence. Geneva: ISO; 2022.

8. Clinical and Laboratory Standards Institute. Using proficiency testing and alternative assessment to improve medical laboratory quality. 3. ed. Wayne: CLSI; 2020.

**Anexo**




**Figura 1.** Dashboard de desempenho do laboratório no PNQC entre 2024 e 2026
**Fonte:** Plataforma Sigma LAB (2026).

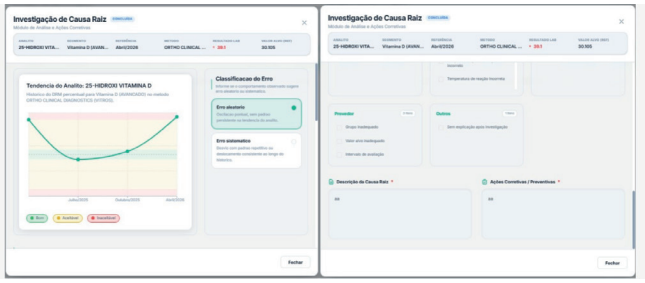



**Figura 2.** Interface do módulo de análise de causa raiz laboratorial
**Fonte:** Plataforma Sigma LAB (2026).

# ÍNDICE REMISSIVO DE AUTORES

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Aarestrup, Beatriz Juliao Vieira | P-125 | 22 |
| Abrantes, Jaime Antonio | P-128 | 60 |
| | P-002 | 86 |
| | P-013, P-024 | 88 |
| | P-32 | 89 |
| | P-141 | 93 |
| | P-002 | 98 |
| Abreu, Jaqueline Tavares de | P-134 | 31 |
| Abreu, Josefa Aldeide de | P-134 | 31 |
| Abreu, Thayzalane Gomes de | P-134 | 31 |
| Aguiar, Jair Adriano Kopke de | P-125 | 22 |
| Albuquerque, Juliana Costa | P-055 | 43 |
| | P-030 | 67 |
| | P-046 | 91 |
| Alessandra Lopes Barbosa | P-082 | 68 |
| Almeida, Kelly Costa de | P-129 | 22 |
| Almeida, Maria Rafaella Scaff de | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| Almeida, Silvana | P-160 | 41 |
| Alvariz, Rafaela Martins | P-072 | 81 |
| Alves, Camila Coelho | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| Alves, Diego Ramon | P-107 | 29 |
| | P-064 | 55 |
| | P-107 | 102 |
| Alves, Fernanda Aparecida Oliveira | P-017 | 13 |
| Alves, Patrícia Ferreira | P-079 | 49 |
| Ambrosio, Yohana Santos Massabani | P-105 | 60 |
| Andrade Junior, Benedito Pereira | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Andrade, Ailene Araujo | P-079 | 49 |
| Andrade, Miguel Sousa | P-100 | 50 |
| Andrade, Sabrina Fontana de | P-036 | 19 |
| Andrade, Yara Naya Lopes de | P-164 | 77 |
| | P-166 | 77 |
| Anghebem, Mauren Isfer | P-044 | 48 |
| Antunes, Jeniffer de Melo Freitas | P-116 | 82 |
| Aquino, Natalia | P-085 | 82 |
| Arancibia, Juan Manuel Diniz Vargas | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Araujo e Silva, Denilson de | P-052 | 67 |
| Araujo, Cyra Mesquita de | P-081, P-088 | 14 |
| | P-109, P-159 | 15 |
| | P-136 | 23 |
| | P-163 | 24 |
| | P-051 | 38 |
| | P-069, P-070 | 39 |
| | P-112 | 41 |
| | P-054 | 43 |
| | P-079 | 49 |
| | P-058 | 53 |
| | P-077 | 58 |
| | P-105 | 60 |
| | P-158 | 65 |
| | P-052 | 67 |
| | P-068 | 68 |
| | P-059 | 80 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Araújo, Helena Dzworniakiewscz de | P-038 | 75 |
| Araújo, Isabella Cristina | P-158 | 65 |
| Araújo, Mayane Rocha de | P-003 | 45 |
| Araujo, Sara Brito Reboucas | P-164 | 77 |
| | P-166 | 77 |
| Aschoff, Carlos Alberto de Moura | P-066 | 38 |
| Auler, Marcos Ereno | P-039 | 13 |
| | P-038 | 75 |
| | P-049 | 75 |
| | P-057 | 92 |
| Austríaco-Teixeira, Phelipe | P-164, P-166 | 77 |
| Azevedo, Kíssylla Emilly Santos | P-042 | 14 |
| Barbosa, Alessandra Lopes | P-082 | 100 |
| Barbosa, Gabriela Burguez | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Barboza, Amanda de Aragão Ferreira | P-149 | 64 |
| | P-153 | 64 |
| Barenco, Thaynara Nascimento | P-129 | 22 |
| Barra, Gustavo Barcelos | P-165 | 17 |
| Barreto, Bruno Oliveira | P-163 | 24 |
| | P-081, P-088 | 14 |
| | P-159 | 15 |
| | P-136 | 23 |
| | P-051 | 38 |
| | P-069, P-070 | 39 |
| | P-054 | 43 |
| | P-058 | 53 |
| | P-077 | 58 |
| | P-105 | 60 |
| | P-158 | 65 |
| | P-052 | 67 |
| | P-068 | 68 |
| | P-059 | 80 |
| Bassi, Paula Boeira | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Bastianelli, Luís Fernando Pareto | P-095 | 39 |
| Bastos, Diana Karla Lourenço | P-164, P-166 | 77 |
| Batista, Flávia Mendonça Lima | P-083 | 63 |
| Bayerl, Emanuelle Andrade | P-095 | 39 |
| Benicio, Ana Larisse dos Santos Gomes | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Benício, Rosenelle Araújo | P-165 | 17 |
| Bezerra, Rose Mary Pimentel | P-037 | 70 |
| | P-010 | 87 |
| | P-024 | 88 |
| | P-32 | 89 |
| Bittencourt Filho, Saulo Venicio | P-045 | 90 |
| Boaventura, Anna Carolina | P-158 | 65 |
| Borges, Caique Lira | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Bortolini, João Víctor | P-093 | 29 |
| Braga, Renata Costa | P-159 | 15 |
| Brandão, Híbera Lopes Campos | P-081 | 14 |
| Brandão, Klarissa Bezerra de Souza | P-020 | 65 |
| | P-021, P-022 | 66 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Bueno, Mirella Garcia Saraiva | P-105 | 60 |
| Caixeta, Marcus Vinicius Fernandes | P-109 | 15 |
| | P-112 | 41 |
| Caixeta, Maria Cecília | P-106 | 52 |
| Calazans, Gabriella Cristina Lopes | P-024 | 88 |
| | P-032 | 89 |
| Calixto, Stephane Lima | P-125 | 22 |
| Camillato, Vittorio Almir Costa | P-050 | 16 |
| | P-086 | 36 |
| | P-087 | 50 |
| Campos, Anna Gisele e Silva Souza | P-060 | 75 |
| Cardoso, Caroline Damascena | P-050 | 16 |
| Carvalho, Erika Martins de | P-116 | 82 |
| | P-096 | 25 |
| Carvalho, José Antônio Mainardi de | P-036 | 19 |
| Carvalho, Marco Túlio Menezes | P-142 | 24 |
| Cassemiro, Lara Ferreira | P-017 | 13 |
| Castro, Anne Samilly Silva Martins | P-166 | 77 |
| Cavalcante, Thiago Lourenço | P-167 | 32 |
| Cavalcanti, Marcia do Socorro | P-045 | 90 |
| Cavallin, Valéria Pacheco | P-039 | 13 |
| | P-038, P-049 | 75 |
| | P-057 | 92 |
| Chagas, Claudianne Vieira | P-158 | 65 |
| Ciapina, Luciane Prioli | P-127 | 16 |
| Coelho, Alicy Ferreira | P-095 | 39 |
| Coelho, Elisa Santos Pinheiro | P-087 | 50 |
| Coelho, Renato Romanhol | P-167 | 32 |
| Conationi, Bianca Bazote | P-048 | 21 |
| | P-044 | 48 |
| Conceição Neto, Orlando Carlos da | P-161 | 15 |
| | P-011 | 78 |
| Correa, Rafael | P-106 | 52 |
| Cosmo, Willian | P-157 | 84 |
| Costa, Ana Carla Azevedo Neves | P-074 | 62 |
| Costa, Ana Claudia Diniz | P-067 | 56 |
| Costa, Camilla Valeska Vasconcelos | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Costa, Gabriel Nunes Dourado | P-031 | 93 |
| Costa, Jonathan Fernandes da | P-107 | 29 |
| Costa, Jonathan Fernandes da | P-107 | 102 |
| Costa, Patricia Godoy Garcia | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Costa, Renata Garcia | P-037 | 70 |
| | P-010 | 87 |
| | P-024 | 88 |
| | P-032 | 89 |
| Costa, Yanara Alves | P-106 | 52 |
| Coutinho, Marcello Augusto de Castro | P-063 | 44 |
| | P-104 | 58 |
| Coutinho, Mauricio de Moraes | P-167 | 32 |
| Cunha, Stéfanne dos Santos | P-129 | 22 |
| Custódio, Fabiane Pereira | P-116 | 82 |
| D'Almeida, Marciana M. | P-093 | 29 |
| D'Azevedo, Pedro | P-151 | 84 |
| | P-072 | 81 |
| | P-089 | 82 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Dal-Bello, Natalia Silva Dibai | P-094 | 92 |
| Damázio, Schayra Minine | P-095 | 39 |
| Dantas, Lara Rodrigues Gonçalves | P-051 | 38 |
| Davis, Rachel Ann Hauser | P-010 | 87 |
| | P-037 | 70 |
| del Passo, Karla Maria | P-160 | 41 |
| Deodato, Anna Beatriz | P-152 | 95 |
| Dias, Alan Carvalho | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| | P-104 | 58 |
| Dias, Aline Belmok de Araujo | P-092 | 34 |
| Dias, Fatima Ribeiro | P-001 | 65 |
| Dias, Luciana Basili | P-060 | 75 |
| Dourado, Ana Larysse Lacerda | P-083 | 63 |
| Duarte, Gabrielly Pereira | P-048 | 21 |
| | P-044 | 48 |
| Dutra, Juliana Katalink Said | P-063 | 44 |
| Dutra, Luana Werner | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Eleutério, Renata Mirian Nunes | P-124 | 37 |
| Emiliano, Pedro Henrique Wanderley | P-149, P-153 | 64 |
| Erazo, Fabián Andres Hurtado | P-106 | 52 |
| | P-092 | 34 |
| | P-100 | 50 |
| Escalante, Igor Bordallo Werhauser | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Esswein, Natara Maciel | P-093 | 29 |
| Evangelista, Nathália Cristinah Lima | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Faggian, Diego | P-025 | 66 |
| Farias, Alinne Samara Félix de | P-149 | 64 |
| Farias, Camila Boto | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Fernandes, Charles Pereira | P-125 | 22 |
| Fernandes, Thiago Tonha | P-109 | 15 |
| Fernandez, Vinícius Masiero | P-093 | 29 |
| Ferraz, Stefhany Caroliny Augusto | P-017 | 13 |
| | P-019 | 74 |
| Ferreira Júnior, Adailton Gomes | P-031 | 93 |
| Ferreira, Arthur Corrêa Resende | P-015 | 47 |
| Ferreira, Hosana Marques | P-153 | 64 |
| Ferri, Andreia de Souza | P-060 | 75 |
| Fiegenbau, Marilu | P-160 | 41 |
| Figueira, Luciana Carvalho | P-136 | 23 |
| | P-163 | 24 |
| Firmo, Wellyson da Cunha Araújo | P-164, P-166 | 77 |
| Formiga, Marcos Antonio | P-013 | 88 |
| Formiga, Mikaella Lucia Felix | P-156 | 76 |
| | P-013 | 88 |
| | P-141 | 93 |
| Foroni, Heloísa Garcia Rocha | P-063 | 44 |
| França, Patricia Cavalcante Araujo | P-077 | 58 |
| | P-088 | 14 |
| Frota, Elen Camila Queiroz Galvão da | P-074 | 62 |
| Gaburo, Paula de Andrade | P-095 | 39 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Gadelha, Fernanda Pinto | P-020 | 65 |
| | P-021, P-022 | 66 |
| Gallo, Marcella Bitiler | P-050 | 16 |
| | P-086 | 36 |
| | P-087 | 50 |
| Gama, Lorena de Melo | P-165 | 17 |
| Garcia, Patrícia Guedes | P-017 | 13 |
| | P-019 | 74 |
| Garcia, Sheila Silva | P-116 | 82 |
| Genro, Júlia Pasqualini | P-160 | 41 |
| Geraldo, Julia Medeiros | P-048 | 21 |
| Giareta, Eloísa Pinheiro | P-037 | 70 |
| | P-010 | 87 |
| Gomes, Joel Xavier | P-055 | 43 |
| | P-030 | 67 |
| | P-046 | 91 |
| Gomes, Karen Machado | P-115 | 60 |
| | P-114 | 92 |
| Gomes, Maurício Carvalho | P-023 | 26 |
| Gomes, Rodrigo Saar | P-001 | 65 |
| Gomes, Sarah Santos | P-086 | 36 |
| Gonçalves, Alice Araujo | P-079 | 49 |
| Gonçalves, Luciene Cardoso | P-023 | 26 |
| Gonçalves, Priscila | P-152 | 95 |
| Gonçalves, Rayssa Ferreira | P-129 | 22 |
| Graça, Gisely Ribeiro | P-129 | 22 |
| Gracindo, Lígia Adjuto Menezes Brandão | P-063 | 44 |
| Greco, Sandro José | P-050 | 16 |
| Greffin, Djeniffer | P-067 | 56 |
| Guimarães, Felipe Pacifici | P-168 | 93 |
| Hentges, Caroline de Conto | P-089 | 82 |
| | P-151 | 84 |
| Holler, Manuel | P-093 | 29 |
| Hormann, Carolina Girardi | P-048 | 21 |
| Ignácio, Ana Cláudia de Paula Rosa | P-128 | 60 |
| Imfeld, Ana Raquel Capeletti | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Izaias, Drielly Rodrigues Moura | P-063 | 44 |
| Jacomo, Rafael | P-073 | 27 |
| | P-062 | 53 |
| | P-065 | 55 |
| | P-074 | 62 |
| Jácomo, Rafael Henriques | P-100 | 50 |
| | P-165 | 17 |
| | P-92 | 34 |
| | P-106 | 52 |
| | P-104 | 58 |
| | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Janini, Luiz Mário Ramos | P-066 | 38 |
| Junqueira, Maria de Lourdes | P-017 | 13 |
| Kaefer, Michelle | P-036 | 19 |
| Kappel, Henrique Borges | P-109 | 15 |
| | P-112 | 41 |
| | P-079 | 49 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Kawiatkowski, Heloisa Gonçalves | P-039 | 13 |
| | P-038, P-049 | 75 |
| | P-057 | 92 |
| Lamas, Amanda Minafra Reys | P-165 | 17 |
| Lecke, Sheila Bünecker | P-072 | 81 |
| | P-089 | 82 |
| | P-151 | 84 |
| Leite, Renata Daldin | P-037 | 70 |
| | P-010 | 87 |
| Libório, Mônica Silva | P-085 | 82 |
| Lima, Barbara Costa dos Santos | P-168 | 93 |
| Lima, Carla Ormundo Gonçalves Ximenes | P-161 | 15 |
| | P-011 | 78 |
| Lima, Cesar Medeiros de | P-161 | 15 |
| Lima, Guilherme Matos de | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Lima, Jacqueline Pereira | P-079 | 49 |
| Lima, Lais Abreu | P-129 | 22 |
| Lima, Lívia Ribeiro Vieira | P-159 | 15 |
| Lima, Raimunda Florencio de | P-079 | 49 |
| Lins, Armanda do Carmo Ponce de Leão | P-124 | 37 |
| Lopes, Alessandra Teixeira Quadros | P-104 | 58 |
| | P-074 | 62 |
| Lopes, Maria Clara Torres | P-129 | 22 |
| Lopes, Rhanna Celestina | P-106 | 52 |
| Lourenço, Halyk Stefany da Silva | P-064 | 55 |
| Macedo, Gabriella Pires da Silva | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Macedo, Larissa | P-152 | 95 |
| Macedo, Priscila Vascon | P-066 | 38 |
| Machado, Daniela de Freitas | P-063 | 44 |
| Madeira, Klesia Pirola | P-050 | 16 |
| | P-086 | 36 |
| | P-087 | 50 |
| Magalhães, Ana Carollyna Lucena | P-079 | 49 |
| Magalhães, Hillary Costa | P-100 | 50 |
| Marchi, Cássia da Silva | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| Marinho, Vanessa Kelly Alves da Silva | P-020 | 65 |
| | P-021, P-022 | 66 |
| Marques, Flávia Alessandra | P-038 | 75 |
| Marques, Julia Pantoja | P-026 | 88 |
| | P-033 | 89 |
| | P-034, P-035, P-045 | 90 |
| | P-046 | 91 |
| Marques, Maria Vitória Queiroz | P-077 | 58 |
| Martim, Amabilly Cristina | P-137 | 37 |
| Martinello, Bianca Rodrigues | P-160 | 41 |
| Martinello, Flávia | P-048 | 21 |
| | P-044 | 48 |
| Martins, Barbara de Lacerda Valença | P-051 | 38 |
| | P-054 | 43 |
| | P-052 | 67 |
| Martins, Graciella Ribeiro | P-062 | 53 |
| | P-104 | 58 |
| | P-074 | 62 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Masiero, Mauro Miguel | P-093 | 29 |
| Matumoto, João Francisco Velasquez | P-137 | 37 |
| Medeiros, Ruan Sousa | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Mello, Lauren Santos de | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Melo, Marcelo Braga Brandão | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Mendes, Diuliana dos Santos | P-026 | 88 |
| | P-033 | 89 |
| | P-034, P-035, P-045 | 90 |
| | P-046 | 91 |
| Mendes, Josiane Cristina dos Reis | P-069, P-070 | 39 |
| | P-068 | 68 |
| Mendes, Maria Gabriela Araújo | P-055 | 43 |
| | P-030 | 67 |
| | P-046 | 91 |
| Mendes, Mirian July Nogueira de Souza | P-063 | 44 |
| | P-074 | 62 |
| Mendonça, Edson Beyker de | P-167 | 32 |
| Menegusse, Raquel Bragança | P-125 | 22 |
| Menezes, Maria Elizabeth | P-044 | 48 |
| Mesquita, Pedro Góes | P-165 | 17 |
| Meurer, Gabriely Diduch | P-039 | 13 |
| | P-038, P-049 | 75 |
| | P-057 | 92 |
| Milagres, Bruno Silva | P-115 | 60 |
| | P-114 | 92 |
| Milhomem, Leonardo Oliveira | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Miranda, Maicon Marvila | P-095 | 39 |
| | P-076 | 49 |
| Monteiro, Andreia Oliveira | P-074 | 62 |
| Moraes, Rodrigo Ornellas Luz de | P-167 | 32 |
| Morais, Ana Paula Lelis | P-125 | 22 |
| Morais, Rosana Pereira | P-001 | 65 |
| Moreira, Michel Rodrigues | P-041 | 13 |
| | P-042 | 14 |
| | P-040 | 36 |
| | P-045 | 90 |
| Motta, Cristiane da Silva Leal da | P-128 | 60 |
| Motta, Fernando | P-152 | 95 |
| Moura Brazil, Michelle | P-055 | 43 |
| Moura, Isabela de Oliveira | P-081, P-088 | 14 |
| | P-159 | 15 |
| | P-136 | 23 |
| | P-163 | 24 |
| | P-051 | 38 |
| | P-069, P-070 | 39 |
| | P-054 | 43 |
| | P-058 | 53 |
| | P-077 | 58 |
| | P-105 | 60 |
| | P-158 | 65 |
| | P-052 | 67 |
| | P-068 | 68 |
| | P-059 | 80 |
| Müller, Talise Ellwanger | P-072 | 81 |
| Nascimento, Wemerson Silva do | P-109 | 15 |
| | P-112 | 41 |
| Nazareth, Lucas Nathan | P-065 | 55 |
| Negreiros, Fernanda Morais de | P-064 | 55 |
| Nery, Lidia Freire Abdalla | P-109 | 15 |
| | P-136 | 23 |
| | P-163 | 24 |
| | P-073 | 27 |
| | P-112 | 41 |
| | P-079 | 49 |
| | P-100 | 50 |
| | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| | P-088 | 14 |
| | P-159 | 15 |
| | P-051 | 38 |
| | P-069, P-070 | 39 |
| | P-054 | 43 |
| | P-106 | 52 |
| | P-058, P-062 | 53 |
| | P-065 | 55 |
| | P-077, P-104 | 58 |
| | P-105 | 60 |
| | P-074 | 62 |
| | P-158 | 65 |
| | P-052 | 67 |
| | P-068 | 68 |
| | P-059 | 80 |
| | P-165 | 17 |
| | P-92 | 34 |
| Neufeld, Paulo Murillo | P-156 | 76 |
| | P-141 | 93 |
| Nishimura, Patricia Yoshie | P-066 | 38 |
| Nóbrega, Luciano Gonçalves da | P-134 | 31 |
| Nogueira, Joseli Maria da Rocha | P-002 | 86 |
| | P-010 | 87 |
| | P-013, P-024 | 88 |
| | P-32 | 89 |
| | P-141 | 93 |
| | P-002 | 98 |
| | P-037 | 70 |
| Normandes, João Lucas Soares | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| Novaes, Fernanda Rocha | P-063 | 44 |
| Nunes, Kevllyn da Gama | P-050 | 16 |
| | P-086 | 36 |
| | P-087 | 50 |
| Nunes, Maria Graciela Iecher Faria | P-137 | 37 |
| Nunes, Raíssa dos Santos | P-160 | 41 |
| Oliveira e Britto, Luiza Rodrigues de | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Oliveira, Elaine Cristina de | P-060 | 75 |
| Oliveira, Flavia Harumi Matsuoka Morais de | P-066 | 38 |
| Oliveira, Helena Nascimento | P-142 | 24 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Oliveira, Jonas Rodolfo Santana | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Oliveira, Laura Eduarda de | P-036 | 19 |
| Oliveira, Marco | P-92 | 34 |
| | P-100 | 50 |
| Oliveira, Nayara Santos de | P-124 | 37 |
| Oliveira, Nicoly Glitzenhirn de | P-048 | 21 |
| Oliveira, Priscila Azevedo Sant'Ana de | P-096 | 25 |
| | P-116 | 82 |
| Oliveira, Vanessa Passos de | P-011 | 78 |
| Omena, Caroline Mitihe Hosoya | P-066 | 38 |
| Paiva, Camilla Morais de | P-011 | 78 |
| Paniz, Clóvis | P-036 | 19 |
| Parente, Ticiana Mont Alverne | P-064 | 55 |
| | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Parente, Antonio Mont Alverne Lopes | P-107 | 29 |
| | P-064 | 55 |
| | P-107 | 102 |
| Pasqualoto, Luisa Buhse | P-036 | 19 |
| Paula, Heberth de | P-050 | 16 |
| Pedroso, Reginaldo dos Santos | P-016 | 74 |
| Pena, Régis Murilo | P-023 | 26 |
| Pepato, Marco Andrey | P-060 | 75 |
| Pereira, Cassia da Cunha | P-168 | 93 |
| Pereira, Elisa Cavalcante | P-152 | 95 |
| Pereira, Gabrielle Lameado | P-016 | 74 |
| Pereira, Maxwel Sampaio | P-055 | 43 |
| | P-046 | 91 |
| | P-030 | 67 |
| Pereira, Sandra Regina Leite | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| Pessoa, Nara Diniz Soares | P-165 | 17 |
| Pilati, Bruno Milhomem | P-092 | 34 |
| | P-100 | 50 |
| | P-106 | 52 |
| Pinheiro, Anderson Angel Vieira | P-134 | 31 |
| Pinheiro, Aruanã Joaquim Matheus Costa Rodrigues | P-083 | 63 |
| Pinheiro, Tainá de Paula | P-158 | 65 |
| Pinto Neto, Álvaro da Rocha | P-079 | 49 |
| Pinto, Caroline de Cássia Oliveira | P-159 | 15 |
| Pinto, Vanessa Belarmino | P-088 | 14 |
| Pires, Regina Helena | P-016 | 74 |
| Pomponet, Thais Morais | P-081 | 14 |
| Ramos, Ivan Guanabara | P-152 | 95 |
| Rego, Márlisson Octávio da Silva | P-045, P-034, P-035 | 90 |
| | P-046 | 91 |
| | P-026 | 88 |
| | P-033 | 89 |
| Reis, Jessica Cardoso | P-093 | 29 |
| Reis, Maria Aparecida dos | P-168 | 93 |
| Reis, Matheus Henrique de Souza | P-158 | 65 |
| Resende, Marielly Reis | P-114 | 92 |
| Resende, Paola Cristina | P-152 | 95 |
| Rezende, Rômulo Liarte | P-085 | 82 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Rheinheimer, Camila | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Ribas, Bruna Alessandra Marconcine | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Ribeiro, Daniel dos Santos | P-055 | 43 |
| Ribeiro, Giani Barbosa | P-023 | 26 |
| Ribeiro, Matheus José | P-063 | 44 |
| Ribeiro, Michael Santos | P-083 | 63 |
| Rios, Leonardo de Paula | P-037 | 70 |
| | P-010 | 87 |
| Rodovalho, Vinícius de Rezende | P-127 | 16 |
| Rodrigues, Camila Yamamoto | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Rodrigues, Jessica Maria Rocha | P-054 | 43 |
| Rodrigues, Maria Beatriz Ramos | P-164 | 77 |
| Rodrigues, Robson Carvalho de Abreu | P-128 | 60 |
| Rodrigues, Shirley do Nascimento | P-064 | 55 |
| Roedel, Franciele Cristina Valandro | P-058 | 53 |
| | P-059 | 80 |
| Rohenkohl, Pedro | P-093 | 29 |
| Romana, Sylvio Jose Colonna | P-054 | 43 |
| | P-051 | 38 |
| | P-052 | 67 |
| Rosa, Tawana Correa Rodrigues Amorim | P-063 | 44 |
| | P-062 | 53 |
| | P-074 | 62 |
| Rotta, Liane Nanci | P-072 | 81 |
| | P-089 | 82 |
| | P-151 | 84 |
| Rozo, Ethiane | P-106 | 52 |
| Sá, Leandro Figueira Reis de | P-161 | 15 |
| Sagas, Isabelle Martins | P-048 | 21 |
| Sales, Márcia Pinheiro | P-055 | 43 |
| | P-046 | 91 |
| | P-030 | 67 |
| Sandri, João Pedro | P-016 | 74 |
| Sangy, Brunna Tonini | P-129 | 22 |
| Santos Junior, Robson Genuino dos | P-116 | 82 |
| Santos, Ailson Firmino dos | P-112 | 41 |
| Santos, Anderson Coqueiro dos | P-165 | 17 |
| Santos, Cícera dos | P-149, P-153 | 64 |
| Santos, Daniele Caetano dos | P-128 | 60 |
| | P-013 | 88 |
| Santos, Elizeu Pereira dos | P-083 | 63 |
| Santos, Gabriel Meira dos | P-044 | 48 |
| Santos, Julia Francisco dos | P-127 | 16 |
| Santos, Karla Dourado | P-031 | 93 |
| Santos, Luiz Carlos Senna Carvalho dos | P-081 | 14 |
| Santos, Maria Eduarda Guimarães | P-094 | 92 |
| Santos, Maria Eduarda Leal dos | P-039 | 13 |
| | P-038, P-049 | 75 |
| | P-057 | 92 |
| Santos, Ruane Marques Martins | P-161 | 15 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Santos, Thalita Grazielly | P-142 | 24 |
| Sartori, Pillar Pace Menezes | P-074 | 62 |
| Savi, Maria Júlia da Silva | P-048 | 21 |
| | P-044 | 48 |
| Schirmer, Helena | P-072 | 81 |
| | P-089 | 82 |
| | P-151 | 84 |
| Schon, Luísa | P-039 | 13 |
| | P-038, P-049 | 75 |
| | P-057 | 92 |
| Sgardioli, Ilária Cristina | P-165 | 17 |
| Silva, Aline Emily Felix da | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| Silva, Aline Raquel Ferreira | P-083 | 63 |
| Silva, Ana Caroline da | P-019 | 74 |
| Silva, Andréa Alfieri Gomes da | P-066 | 38 |
| Silva, Armando Ferreira da | P-027 | 89 |
| Silva, Biancà | P-093 | 29 |
| Silva, Daliana Caldas Pessoa da | P-020 | 65 |
| | P-021 | 66 |
| | P-022 | 66 |
| Silva, Elaine Flaviane Noronha da | P-163 | 24 |
| Silva, Felipe Lopes | P-018 | 19 |
| Silva, Gilberto Marcelo Sperandio da | P-167 | 32 |
| Silva, Jean Moreira de Oliveira da | P-156 | 76 |
| Silva, Kassia Leticia de Vasconcelos | P-164, P-166 | 77 |
| Silva, Líllian Oliveira Pereira da | P-128 | 60 |
| | P-002 | 86 |
| | P-013 | 88 |
| | P-141 | 93 |
| | P-002 | 98 |
| Silva, Lucas Pereira | P-092 | 34 |
| | P-100 | 50 |
| Silva, Luciana Ferreira da | P-116 | 82 |
| Silva, Marly Vidal | P-065 | 55 |
| | P-067 | 56 |
| Silva, Monalisa Fontenele de Carvalho | P-107 | 29 |
| | P-107 | 102 |
| Silva, Rikelly Rhuana Nunes da | P-149, P-153 | 64 |
| Silva, Sorele Facundo da | P-124 | 37 |
| Silva, Thauane | P-152 | 95 |
| Silva, Vanuza Vilhena da | P-046 | 91 |
| Silva, Vitor Santos da | P-167 | 32 |
| Silveira, Denis Baffi | P-018 | 19 |
| Silveira, Murilo Barros | P-001 | 65 |
| Siqueira, Marilda Mendonça | P-152 | 95 |
| Siqueira, Thayane Quenup | P-129 | 22 |
| Soares, Francisco Joélito Pereira Roque | P-134 | 31 |
| Sobral, Nayara de Oliveira Borba | P-077 | 58 |
| | P-088 | 14 |
| Soldati, Laura Lavorato | P-017 | 13 |
| | P-019 | 74 |
| Sousa, Cláudia Ferreira de | P-92 | 34 |
| Sousa, Maria Eduarda Farias de | P-064 | 55 |
| Sousa, Marielly Reis Resende | P-115 | 60 |
| Sousa, Syme Thaís Silva | P-115 | 60 |
| | P-114 | 92 |
| Souza, Denis Carvalho de | P-085 | 82 |
| Souza, Izaura Cristina dos Santos | P-159 | 15 |
| Souza, Luís Eduardo Zdanski de | P-151 | 84 |
| Souza, Margarida Maria Machado de | P-045 | 90 |
| | P-046 | 91 |
| Staggemeier, Andressa | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Tardem, Kauan Valente | P-129 | 22 |
| Tavares, Juliete | P-055 | 43 |
| | P-030 | 67 |
| | P-046 | 91 |
| Tavares, Paloma | P-048 | 21 |
| Teixeira, Simone Maria | P-116 | 82 |
| Teodoro, Caio Barbosa | P-017 | 13 |
| | P-019 | 74 |
| Teodoro, Maria Eduarda | P-058 | 53 |
| | P-059 | 80 |
| Tioda, Ighor Seiji Okumura | P-036 | 19 |
| Torres, Daniel Oliveira | P-088 | 14 |
| | P-159 | 15 |
| | P-136 | 23 |
| | P-163 | 24 |
| | P-051 | 38 |
| | P-069, P-070 | 39 |
| | P-054 | 43 |
| | P-058 | 53 |
| | P-105 | 60 |
| | P-158 | 65 |
| | P-052 | 67 |
| | P-068 | 68 |
| | P-059 | 80 |
| Toscano, Eliana Cristina de Brito | P-125 | 22 |
| Trani, Caroliny Rezende | P-041 | 13 |
| Valente, Saulo Luis Neiva Costa | P-109 | 15 |
| Vasconcelos, Klaucia Rodrigues | P-060 | 75 |
| Vaz, Maria Luiza dos Santos Rodrigues | P-082 | 68 |
| | P-082 | 100 |
| Velasco, Lara Franciele Ribeiro | P-092 | 34 |
| | P-106 | 52 |
| | P-100 | 50 |
| Velasquez, Leonardo Garcia | P-137 | 37 |
| Velasquez, Patrícia Gurgel | P-137 | 37 |
| Venturini Filho, Eclair | P-050 | 16 |
| Vera Cruz, Ana Audrey Botelho Corrêa Silva | P-124 | 37 |
| Viana, Adriana de Oliveira Silva | P-051 | 38 |
| | P-054 | 43 |
| | P-052 | 67 |
| Vicente, Izabela Martins | P-037 | 70 |
| | P-010 | 87 |
| | P-024 | 88 |
| | P-32 | 89 |

| Autor/Author | Resumo/Abstract | página/page |
|---|---|---|
| Vicente, Regiane Trigueiro | P-037 | 70 |
| | P-32 | 89 |
| | P-010 | 87 |
| | P-024 | 88 |
| Vieira, Adriana Rodrigues | P-136 | 23 |
| Vieira, Andressa Folha | P-92 | 34 |
| Vieira, Anelisa Fernandes | P-073 | 27 |
| | P-015 | 47 |
| Vieira, Melissa Silveira | P-075 | 70 |
| | P-084 | 71 |
| | P-090 | 73 |
| Villis, Samantha Borges | P-083 | 63 |
| Vinente, Caio Breno Gomes | P-159 | 15 |
| Vizzoni, Alexandre Gomes | P-167 | 32 |
| Volanin, Janaína Deubatei | P-157 | 84 |
| Wagner, Sandrine Comparsi | P-072 | 81 |
| | P-089 | 82 |
| | P-151 | 84 |
| Welter, Larissa Cristine Machado | P-058 | 53 |
| | P-059 | 80 |
| Werneck, Melina Ávila | P-040 | 36 |
| Wosnick, Natascha | P-010 | 87 |
| | P-037 | 70 |
| Ximenes, Gisele da Costa | P-128 | 60 |