



ANAIS DO EVENTO



ISSN 2675-8008 | V.6. N.4 2025


EDITORA
INTEGRAR

ORGANIZAÇÃO

Instituto Multiprofissional de Ensino - IME
CNPJ 36.773.074/0001-08

PARCEIROS

Editora Integrar
Associação Brasileira de Educação a Distância - ABED

COMISSÃO CIENTÍFICA

Aryane de Azevedo Pinheiro
Bruno Miguel Barbosa da Costa
Ednei Charles da Cruz Amador
Eriselma Alves Correia
Fabio Luiz Oliveira de Carvalho
Maria Aurea Soares de Oliveira
Mateus de Andrade da Silva
Thomas Oliveira Silva



A Editora Integrar é a editora vinculada IV Congresso Brasileiro de Estudos Patológicos On-line - CONBESP, atuando na publicação dos anais do respectivo evento. A Editora Integrar tem como objetivo difundir de forma democrática o conhecimento científico, portanto, promovemos a publicação de artigos científicos, anais de congressos, simpósios e encontros de pesquisa, livros e capítulos de livros, em diversas áreas do conhecimento.

Os anais do **IV CONBESP** estão publicados na **Revista Multidisciplinar de Saúde** (ISSN: 2675-8008), correspondente ao volume 6, número 4, do ano de 2025.

APRESENTAÇÃO

O **IV Congresso Brasileiro de Estudos Patológicos On-line - CONBESP**, ocorreu entre os dias **01 a 04 de dezembro de 2025**, considerado como um evento de caráter técnico-científico destinado a acadêmicos, profissionais e curiosos na área da patologia.

Com objetivo central de difundir o conhecimento e estimular o pensamento científico, discutiu-se temas de grandes relevâncias na área do SUS, com o intuito de atingir o maior número de pessoas possíveis. O IV CONBESP também contou com um espaço para apresentação de trabalhos científicos e publicações de resumos nos anais do evento.

PROGRAMAÇÃO

Dia 01 de Dezembro de 2025

Palestras

- 08:30 | **Comissão Organizadora (SOBREC)** | Abertura do Evento
- 09:00 | **Tatiane Marques** | Patologia geral: alterações celulares e teciduais frente às agressões
- 10:00 | **Roberto Carlos Vieira da Silva Junior** | Patologia Digital e Inteligência Artificial
- 11:00 | **Luiz Filipe Santos Costa** | Tuberculose latente versus ativa - Diferenças patológicas e coinfeção HIV
- 12:00 | **Lorena Soares Silva** | Nos bastidores do diagnóstico: entendendo a atuação do médico patologista
- 13:00 | **Patricia Mitsue Saruhashi Shimabukuro** | Patologia das doenças infecciosas emergentes e reemergentes: Desafios contemporâneos e perspectivas futuras
- 14:00 | **Jalison Figueredo do Rêgo** | A esquistossomose no contexto da saúde pública no Brasil
- 15:00 | **Carlos Emanuel Vieira Flores Soares** | Laveduras não convencionais como agentes de controle biológico de microorganismos patogênicos

Dia 02 de Dezembro de 2025

Palestras:

- 09:00 | **Lucas Pereira da Silva Neris** | Interface Farmacêutica e Patológica: Como otimizar a TARV em pessoas vivendo com HIV?
- 10:00 | **Patrícia Forestieri** | Patologia das doenças metabólicas: Diabetes Mellitus e suas complicações teciduais
- 11:00 | **Renata Braga** | Inteligência Artificial na Saúde: aplicações e dilemas éticos
- 12:00 | **Myllenne dos Santos Abreu** | O papel da Microbiota Oral no câncer de boca
- 13:00 | **Aline Garnevi Fávero** | Causas e prevenções da Aterosclerose
- 14:00 | **raimundo gladson correa carvalho** | Manejo integrado de infecções pulmonares por parasitas, fungos e bactérias: Pneumonia associada à ventilação mecânica
- 15:00 | **Isa Maria Ferreira Azevedo** | Perspectivas terapêuticas em oncologia experimental: o potencial das lectinas marinhas.

Dia 03 de Dezembro de 2025

Palestras:

- 09:00 | **Igor José dos Santos Nascimento** | Planejamento de fármacos auxiliado por computador aplicado na busca de inibidores cisteíno proteases contra Doenças Tropicais negligenciadas
- 10:00 | **Ana Laura Seneda** | Marcadores tumorais: Aplicações e limitações diagnósticas em neoplasias patológicas
- 11:00 | **Ana Paula Vargas Garcia** | Microambiente tumoral: Inflamação e remodelamento da matriz na progressão do câncer
- 12:00 | **Leonardo Ferreira Oliveira** | Do Biomarcador à Clínica: O Papel dos Marcadores Séricos nas Neoplasia
- 13:00 | **Sarah Lott Moretto** | Doenças autoimunes sob a perspectiva patológica
- 14:00 | **Daniel Izidoro Ferreira da Silva** | Diagnóstico das leucemias agudas: Visão hematopatológica
- 15:00 | **Jeanderson Pereira Souza** | Integração entre Patologia e Genética Molecular

Dia 04 de Dezembro de 2025

Palestras:

- 09:00 | **Acácia Eduarda de Jesus Nascimento** | Biópsias e Citologias: métodos diagnósticos fundamentais
- 10:00 | **Fabricio Prado Monteiro** | Imunopatologia e endótipos inflamatórios
- 11:00 | **Simone Souza de Freitas** | Patologia Translacional: Integrando Pesquisa e Prática Clínica para Melhoria do Diagnóstico
- 12:00 | **Caroline Brandão Monteiro** | Características e alterações da Doença de Chagas
- 13:00 | **Ana Cristina Oliveira de Almeida Novelli** | Potencial de agravamento clínico por respostas imunes cruzadas nas arboviroses
- 14:00 | **Keila Zaniboni Siqueira Batista** | Imunoterapias antitumorais: De onde viemos e para onde vamos?
- 15:00 | **Comissão Organizadora (SOBREC)** | Encerramento do evento



BIOMARCADORES DE LESÃO CELULAR DO MIOCÁRDIO DE INDIVÍDUOS COM CARDIOPATIA CONGÊNITA: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

GIULIANA GULHOTE BRUNELLI; LENALDO BRANCO ROCHA

Introdução: As anomalias congênitas mais frequentes em todo o mundo são compostas pelas cardiopatias congênitas. Com o avanço das tecnologias médicas e o desenvolvimento de especialidades na área da cardiologia, muitos pacientes que anteriormente não conseguiam sobreviver à infância agora conseguem chegar à idade adulta. No entanto, uma parte significativa desses indivíduos ainda apresenta alto risco de desenvolver doenças secundárias às suas cardiopatias, como, por exemplo, a insuficiência cardíaca e outras patologias associadas. Atualmente, muitos biomarcadores vêm sendo estudados por seu potencial de identificar essas lesões cardíacas antes mesmo que os sintomas clínicos se manifestem, o que pode contribuir para o diagnóstico precoce e, conseqüentemente, aumentar a sobrevida desses pacientes ao longo do tempo.

Objetivo: O objetivo principal desta revisão sistemática foi reunir e analisar estudos científicos já publicados que abordassem a relação entre biomarcadores e cardiopatia congênita, especialmente no contexto do diagnóstico precoce de lesões cardíacas.

Métodos: Foram realizadas buscas por artigos científicos nas bases de dados PUBMED, SciELO e Embase. Os artigos elegíveis foram selecionados e revisados de forma independente por dois revisores, utilizando-se o checklist PRISMA como ferramenta de apoio para a organização metodológica da revisão. **Resultados:** Um total de 189 estudos foram inicialmente identificados e, após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, 20 artigos foram selecionados para compor a revisão. Destes, 14 estudos foram realizados com a população adulta e 6 com a população pediátrica. Biomarcadores como NTproBNP, Sst2 e galectina-3 demonstraram potencial promissor na detecção precoce de insuficiência cardíaca em pacientes com cardiopatia congênita, com destaque demográfico para idosos, mulheres e pacientes com cardiopatias complexas.

Palavras-chave: **BIOMARCADORES; CARDIOPATIA CONGÊNITA; PROGNOSTICO**



A MORFOLOGIA DO NERVO VAGO E SUA RELAÇÃO COM A MICROBIOTA INTESTINAL E DOENÇAS NEUROLÓGICAS

RUDVAN CICOTTI; LUCAS MORAIS PAIXÃO; IAPUNIRA CATARINA SANT'ANNA ARAGÃO; FELIPE MATHEUS SANT'ANNA ARAGÃO; FERNANDA MARTINS DE ALMEIDA; JOSÉ ADERVAL ARAGÃO; DEISE MARIA FURTADO DE MENDONÇA

Introdução: O Nervo Vago (NV) é formado por fibras aferentes e eferentes e integra uma vasta rede de comunicação neural. Responsável pela inervação de estruturas da cabeça, do pescoço, do tórax e do abdome, esse nervo está envolvido em tarefas como a deglutição, gustação, modulação da resposta imune, na regulação da frequência cardíaca e coordenação dos processos digestivos. Por sua complexa interação com o Sistema Nervoso Entérico (SNE), tem sido atribuído ao NV um papel na etiologia e progressão de diversos distúrbios neurológicos. **Objetivo:** O objetivo desse estudo foi identificar a importância da relação anatômica do NV com o SNE e seu potencial envolvimento na etiologia de doenças do sistema nervoso. **Métodos:** Foi realizada uma revisão integrativa na base de dados PubMed, com os seguintes descritores: “*vagus nerve*”, “*enteric nervous system*” e “*neurological diseases*”. **Resultados:** O SNE é constituído pelos plexos submucoso e mioentérico, ambos distribuídos pelas paredes dos órgãos do trato gastrointestinal. O submucoso está envolvido com funções como a regulação da secreção de enzimas e equilíbrio eletrolítico, enquanto o mioentérico controla a motilidade e a contração gastrointestinal. Ambos os plexos estão interligados por conexões sinápticas, garantindo a coordenação precisa do peristaltismo intestinal. O SNE possui cerca de 200 milhões de neurônios e inúmeras células gliais, fazendo com que essa organização seja a maior rede de circuitos neurais no sistema nervoso periférico. O Sistema Nervoso Central se comunica diretamente com o SNE por meio do NV, através de uma conexão bidirecional. Essa conexão é conhecida como “eixo intestino-cérebro”. A microbiota intestinal exerce influência direta no desenvolvimento, motilidade e funções imunológicas do trato gastrointestinal. Alterações morfológicas no NV podem comprometer a comunicação bidirecional entre SNC e SNE, provocando desregulação no trato gastrointestinal, favorecendo a disbiose. A longo prazo, a disbiose aumenta a permeabilidade intestinal, que pode desencadear um processo de neuroinflamação, via transporte axonal retrógrado, associado à etiologia e progressão de diversas doenças do sistema nervoso. **Conclusão:** O NV é fundamental na regulação do eixo intestino-cérebro, mantendo sua homeostase. Alterações morfológicas conduzem a deterioração funcional do nervo, favorecendo a disbiose e neuroinflamação associadas a distúrbios neurológicos.

Palavras-chave: **EIXO INTESTINO-CÉREBRO; NERVOS CRANIANOS; NEURODEGENERAÇÃO**



A INFLUÊNCIA DA RADIAÇÃO IONIZANTE NA LEUCEMIA MIELOIDE CRÔNICA: UMA ANÁLISE INTEGRATIVA DOS EIXOS PATOLÓGICOS E TERAPÊUTICOS

RAYSSA VITÓRIA FERNANDES DE SOUZA; ANNE CAROLINE RODRIGUES DOS SANTOS CAVALCANTE

Introdução: A leucemia mieloide crônica (LMC) é uma neoplasia mieloproliferativa caracterizada pela presença do cromossomo Filadélfia e pela produção anômala da proteína BCR-ABL, uma tirosina quinase constitutivamente ativa. Embora a etiologia seja multifatorial, estudos indicam que a exposição à radiação ionizante é um fator ambiental de risco que se destaca por seu potencial de induzir instabilidade genômica e promover a translocação t(9;22), alterações genéticas que culminam na transformação maligna de células-tronco hematopoiéticas. Entender melhor esta relação é fundamental para a prevenção, diagnóstico precoce e desenvolvimento de estratégias terapêuticas mais eficazes. **Objetivo:** analisar evidências científicas sobre a relação entre exposição à radiação e desenvolvimento da LMC, considerando aspectos clínicos, diagnósticos, terapêuticos e moleculares. **Metodologia:** foi conduzida uma revisão bibliográfica nas bases PubMed, SciELO e Google Acadêmico, utilizando descritores controlados do DeCS/MeSH, sobre LMC. Incluíram-se artigos originais completos e revisões em português ou inglês envolvendo estudos com humanos. Excluíram-se artigos sem resumo disponível, duplicatas, estudos *in vitro* ou com modelos animais. Doze artigos atenderam aos critérios, sendo organizados em cinco categorias temáticas: tratamento, diagnóstico, aspectos clínicos, biologia molecular e políticas públicas. **Resultados:** as evidências sugerem que a radiação ionizante favorece eventos genéticos críticos, como induzir a translocação t(9;22), levando especialmente à formação do BCR-ABL, contribuindo para a patogênese da LMC. No quesito diagnóstico, destacam-se hemograma, citogenética, FISH e RT-PCR como métodos essenciais para detecção e monitoramento. No âmbito terapêutico, os inibidores de tirosina quinase (TKIs) permanecem como primeira linha, com avanços em estratégias de remissão livre de tratamento e identificação de novos biomarcadores prognósticos. Entre os desafios, ressaltam-se barreiras de acesso a terapias de última geração, baixa adesão em alguns contextos e lacunas na equidade do tratamento, como desigualdade no fornecimento de TKIs modernos. **Conclusão:** a exposição à radiação ionizante constitui fator de risco relevante para o desenvolvimento da LMC, mediado por alterações genômicas específicas. A detecção precoce, adesão terapêutica e abordagem multidisciplinar são determinantes para otimizar o prognóstico. A atualização de protocolos, ampliação do acesso a terapias inovadoras e incentivo à pesquisa translacional são medidas estratégicas para aprimorar o manejo integral da doença.

Palavras-chave: **LEUCEMIA MIELOIDE CRÔNICA; CROMOSSOMO FILADÉLFIA; EXPOSIÇÃO À RADIAÇÃO;**



EVOLUÇÃO DA SOROPREVALÊNCIA DE ARBOVIROSES URBANAS DURANTE A PANDEMIA DE COVID-19 EM FORTALEZA, CEARÁ, ENTRE 2020 E 2023

WELISON BATISTA DA SILVA; NATÁLIA DA SILVA OLIVEIRA; CAROLINY SOUSA DA SILVA; MARTO LEAL; SORAYA DE OLIVEIRA SANCHO; CRISTIANE CUNHA FROTA; LIGIA REGINA FRANCO SANSIGOLO KERR.

RESUMO

A pandemia da COVID-19 (2020 a 2023) sobrepôs-se a circulação endêmica de arboviroses, como Dengue (DENV), Zika (ZIKV) e Chikungunya (CHIKV) no Brasil, criando um complexo cenário de saúde pública. O estado do Ceará e sua capital, Fortaleza, foram severamente impactados pela COVID-19, com cerca de 390.650 casos confirmados. Nesse contexto de alta vulnerabilidade, este estudo investigou a soroprevalência de anticorpos IgG anti-CHIKV, anti-DENV e anti-ZIKV e a presença viral por RT-PCR, em uma coorte de mulheres de 15 a 39 anos residentes no bairro Barra do Ceará, em Fortaleza. As coletas de sangue foram realizadas em unidades básicas de saúde entre 2020 e 2023, com posterior separação do soro nos laboratórios de referência. Os resultados revelaram uma alta e crescente soroprevalência para DENV (89,1% na 1ª onda, 90,7% na 2ª e 96,9% na 3ª), ZIKV (46,7% na 1ª, 50,1% na 2ª e 72,5% na 3ª) e CHIKV (37,0% na 1ª, 38,9% na 2ª e 52,6% na 3ª). A detecção viral por RT-qPCR foi negativa em todas as amostras. Tais achados demonstram a circulação concomitante e o padrão endêmico desses arbovírus na população estudada, com destaque para a DENV. Isso reforça a necessidade urgente de estratégias mais eficazes de vigilância e controle para as arboviroses em regiões de alta vulnerabilidade.

Palavras-chave: Arbovírus, Técnicas de Diagnóstico Molecular, RT-qPCR.

1 INTRODUÇÃO

A pandemia de COVID-19, declarada emergência de saúde pública global em 2020, impôs um desafio sem precedentes aos sistemas de saúde, com intensas medidas de controle global, que perduraram até 2023 (OPAS, 2025). No Brasil, o período de 2020-2023 registrou cerca de 38,2 milhões de casos e 708 mil óbitos (BRASIL, 2025). A região Nordeste destacou-se como uma das mais afetadas (BRASIL, 2025), e o estado do Ceará, em particular, apresentou elevada incidência de infecções, com aproximadamente 390.650 casos confirmados apenas em Fortaleza. Todos os 121 bairros que compõem a capital cearense apresentaram casos confirmados da doença (FORTALEZA, 2022).

Concomitantemente à pandemia, a circulação ativa de arboviroses urbanas Dengue (DENV), Zika (ZIKV) e Chikungunya (CHIKV), agravou ainda mais o cenário epidemiológico. A coexistência desses patógenos impôs desafios diagnósticos e de gestão clínica, sobrecarregando o já fragilizado sistema de saúde.

Diante desse contexto, o presente estudo teve como objetivo investigar a soroprevalência e a circulação de DENV, ZIKV e CHIKV em uma coorte de mulheres com

idade entre 15 e 39 anos residentes em uma comunidade de alta vulnerabilidade em Fortaleza, durante o período da pandemia de COVID-19.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo caracteriza-se com um tipo caso-controle observacional, conduzido entre outubro de 2020 e setembro de 2023, com mulheres de 15 a 39 anos, residentes no bairro Barra do Ceará, em Fortaleza. As participantes fazem parte do projeto “Estudo da Pandemia da Covid-19 em uma Coorte de Mulheres de uma Comunidade de Alta Vulnerabilidade em Fortaleza” e assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido. O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) da Universidade Federal do Ceará.

A coleta de sangue foi realizada nas Unidades Básicas de Saúde Dr. Zenirton Pereira da Silva e Casemiro Lima Filho, localizadas no bairro Barra do Ceará. Em seguida, encaminhada ao Laboratório de Micobactérias (Núcleo de Biomedicina/UFC) para posterior separação do soro.

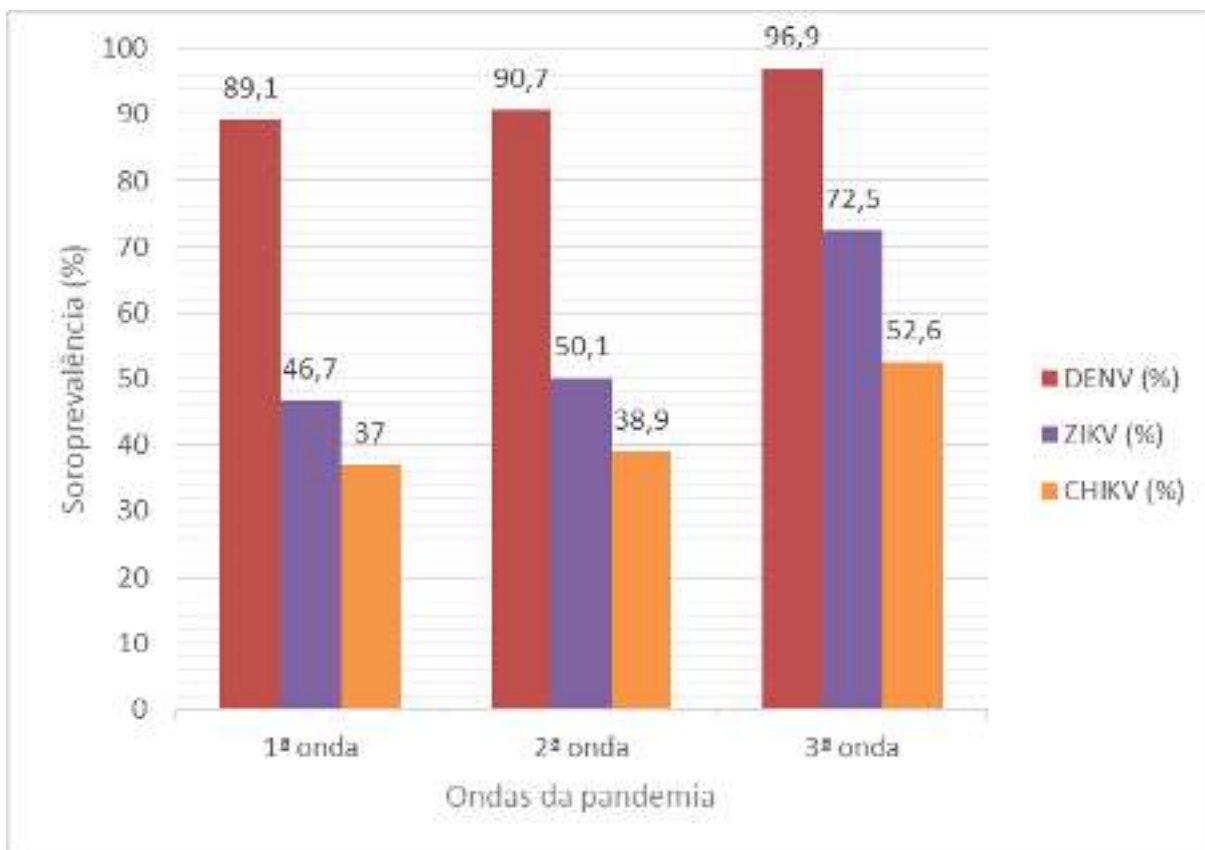
As amostras de soro foram analisadas no Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN). A soroprevalência foi determinada por ELISA para detecção de anticorpos IgG anti-CHIKV, anti-DENV e anti-ZIKV. Para isso, os ensaios foram conduzidos em duplicata. As amostras com os resultados indeterminados foram repetidas, e os que permaneceram inconclusivos após a repetição, foram excluídos do estudo. A detecção viral foi realizada por RT-PCR utilizando o kit ZDC (Zika, Dengue e Chikungunya) Multiplex RT-qPCR, que detecta os três vírus em uma única reação.

Os resultados foram organizados em tabelas e analisados de acordo com os três períodos de coleta que correspondiam aos períodos pandêmicos. A primeira onda iniciou-se em fevereiro de 2020 e seguiu até julho do mesmo ano. A segunda onda, mais extensa, ocorreu de novembro de 2020 a abril de 2021. A terceira, situou-se entre o período de dezembro de 2021 a maio de 2022 (MOURA et al., 2022).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados mostraram uma elevada soroprevalência para DENV, ZIKV e CHIKV, com uma tendência de aumento nas três ondas da pandemia (Figura 1). Para DENV, a soropositividade foi de 89,1% (1ª onda), 90,7% (2ª onda) e 96,9% (3ª onda). ZIKV apresentou taxas de 46,7%, 50,1% e 72,5%, e CHIKV de 37,0%, 38,9% e 52,6%, nas respectivas ondas. A ausência de resultados positivos por RT-qPCR sugere que a circulação viral na população estudada era majoritariamente pregressa, refletida pela alta soroprevalência de IgG.

Figura 1. Prevalência de ZIKV, DENV e CHIKV entre mulheres participantes de uma coorte de uma comunidade de alta vulnerabilidade em Fortaleza.



A alta prevalência de DENV e seu caráter endêmico na região estão alinhados com estudos anteriores, que apontam fatores como urbanização desordenada, disparidades sociais e mudanças climáticas como causas para a disseminação do vetor *Aedes aegypti* (NUNES et al., 2023). A crescente soroprevalência de ZIKV e CHIKV, mesmo em um período focado na COVID-19, reforça a necessidade de vigilância constante para as arboviroses.

4 CONCLUSÃO

O estudo evidencia a circulação simultânea e ascendente de DENV, ZIKV e CHIKV em uma comunidade de alta vulnerabilidade em Fortaleza durante a pandemia de COVID-19. A DENV demonstra um caráter endêmico consolidado, com as maiores taxas de soroprevalência. Esses achados destacam a urgência de ações governamentais preventivas e de vigilância epidemiológica eficazes para o controle dessas arboviroses, especialmente em regiões com vulnerabilidade social e ambiental. A alta taxa de infecções prévias sugere que a população local está cronicamente exposta aos três vírus.

REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Saúde. Painel Coronavírus. 2025. Disponível em: https://infoms.saude.gov.br/extensions/covid-19_html/covid-19_html.html. Acesso em: 7 ago. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente.

Departamento de Doenças Transmissíveis. Plano de contingência nacional para dengue, chikungunya e Zika. Brasília: Ministério da Saúde, 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/guias-e-manuais/2025/plano-de-contingencia-nacional-para-dengue-chikungunya-e-zika.pdf>. Acesso em: 7 ago. 2025.

FORTALEZA, Prefeitura de (org.). Plano Municipal de Contingência para Enfrentamento da Infecção Humana pelo novo Coronavírus SARS-CoV-2 e outras Síndromes Gripais. Fortaleza, 2022. Disponível em: <https://ms.dados.sms.fortaleza.ce.gov.br/PlanodeContigenciaSindromeGripais4mar2022.pdf>. Acesso em: 7 ago. 2025.

MOURA, E. C. et al. Covid-19: evolução temporal e imunização nas três ondas epidemiológicas, Brasil, 2020–2022. **Revista de Saúde Pública**, São Paulo, v. 56, p. 1–11, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.11606/s1518-8787.2022056004907>. Acesso em: 8 ago. 2025

NUNES, Patricia Silva; VIANA, Yasmin Rodrigues; MELO, Izabela Batista; ANJOS, Déborah Carolina Carvalho dos; NÓBREGA, Mariana Magalhães; MARINHO, Tamiris Augusto. Soroprevalência de Zika e dengue no mundo: uma revisão integrativa da literatura. *Brazilian Journal Of Health Review*, [S.l.], v. 6, n. 3, p. 11911-11929, 6 jun. 2023. South Florida Publishing LLC. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.34119/bjhrv6n3-275>. Acesso em: 7 ago. 2025.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE (OPAS). Histórico da emergência internacional de COVID-19. 2020. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/historico-da-emergencia-internacional-covid-19#:~:text=Em%2011%20de%20mar%C3%A7o%20de,%20referente%20%C3%A0%20COVID%2D19>. Acesso em: 7 ago. 2025.



DIFERENÇA MORFOLÓGICA DAS RAÍZES DO PLEXO BRAQUIAL: RELEVÂNCIA PARA LESÕES NEUROLÓGICAS

LUCAS MORAIS PAIXAO; ALEX SILVEIRA FREIRE FILHO; IAPUNIRA CATARINA SANT'ANNA ARAGÃO; FELIPE MATHEUS SANT'ANNA ARAGÃO; RUDVAN CICOTTI; JOSÉ ADERVAL ARAGÃO; DEISE MARIA FURTADO DE MENDONÇA

Introdução: O Plexo Braquial (PB) é uma complexa rede de nervos formada pelas raízes ventrais dos nervos espinais C5, C6, C7, C8 e T1. Suas raízes se espalham na região do pescoço, do ombro, do braço e da mão. O PB é responsável pela condução nervosa dos membros superiores associados ao controle de movimento e sensibilidade. Sua morfologia distinta, incluindo suas variações anatômicas, implica suscetibilidade a diferentes lesões traumáticas. Essas lesões são normalmente causadas por diferentes mecanismos de ação, como tração lateral da cabeça e ombro e tração do braço para cima. **Objetivos:** O objetivo desse estudo foi comparar a morfologia das raízes do PB associadas a predisposição a neuropatias periféricas. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão integrativa na base de dados PubMed, utilizando os seguintes descritores: "brachial plexus", "brachial plexus injuries", "occurrence of nerve root injuries". **Resultados:** As raízes do PB possuem características anatômicas distintas que influenciam na ocorrência de neuropatias periféricas. As raízes C5, C6 e C7 assim que saem do forame intervertebral projetam inserções fibrosas que se fixam aos processos transversos das vértebras, enquanto as raízes C8 e T1 não possuem essa projeção. Essa diferença morfológica está associada a uma maior incidência de lesões provenientes das raízes inferiores. Além da anatomia clássica, variações anatômicas também estão ligadas a lesão no PB. Por exemplo: a variação relacionada aos ramos comunicantes entre os nervos mediano e ulnar. Quando lesionado o nervo mediano, conseqüentemente, músculos inervados pelo nervo ulnar também serão afetados, gerando sintomas clínicos em regiões corporais atípicas. Para avaliação clínica do paciente, avaliação motora, sensitiva e de reflexos tendinosos profundos é realizada para testar a cinética e a força dos músculos do membro superior. O tratamento indicado combina fisioterapia com terapia medicamentosa, juntamente de estimulações elétricas em alguns casos, o que diminui as dores neuropáticas e melhora a funcionalidade do membro e a qualidade de vida do paciente. **Conclusão:** A anatomia do PB possui predisposição para lesões em segmentos espinais, causando neuropatias. Logo, o tratamento combinado é principal ação para melhora do paciente.

Palavras-chave: **NEUROPATIAS PERIFÉRICAS.; TRATAMENTO COMBINADO.; VARIAÇÃO ANATÔMICA.**



AValiação Microbiológica de Alimentos: Riscos e Importância na Prevenção de Infecções

CAÍCO MATEUS PEREIRA ANDRADE

Introdução: A contaminação microbiológica de alimentos representa um fator de risco significativo para a saúde pública, podendo ocasionar surtos de doenças que afetam indivíduos de diferentes faixas etárias. Entre os principais agentes bacterianos envolvidos nesses eventos destacam-se *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Listeria monocytogenes*, cujas infecções podem variar de quadros leves a graves, dependendo do estado imunológico do indivíduo e da dose infectante. A presença desses microrganismos evidencia a importância do monitoramento contínuo e da análise microbiológica adequada, de forma a prevenir ocorrências de intoxicações alimentares e surtos epidemiológicos. **Objetivo:** O presente estudo tem como objetivo avaliar os riscos microbiológicos presentes em alimentos e discutir a relevância da análise laboratorial no controle de infecções, evidenciando estratégias que visam a proteção da saúde pública e a redução de doenças transmitidas por alimentos. **Metodologia:** Realizou-se uma revisão bibliográfica nas bases de dados PubMed, SciELO e Google Scholar, considerando publicações publicadas entre 2015 e 2025. Foram selecionados artigos que abordassem contaminação bacteriana em alimentos, técnicas de detecção microbiológica e estratégias preventivas voltadas à segurança alimentar. A análise contemplou estudos que descrevem métodos laboratoriais, como cultivo seletivo, testes bioquímicos, métodos imunocromatográficos e técnicas moleculares para identificação de microrganismos patogênicos. **Resultados:** Alimentos de origem animal e vegetal podem servir como veículos para bactérias patogênicas quando não são manipulados, armazenados ou processados corretamente. As técnicas laboratoriais permitem a identificação precisa desses agentes e possibilitam a implementação de medidas de controle eficientes. Além disso, a adoção de boas práticas de higiene, o armazenamento em condições adequadas e o monitoramento contínuo contribuem significativamente para a redução da ocorrência de surtos de origem alimentar. **Conclusão:** O monitoramento microbiológico de alimentos é fundamental para a prevenção de infecções bacterianas e para a proteção da saúde pública. A educação em higiene alimentar, combinada com análises laboratoriais rigorosas, constitui uma estratégia eficaz para mitigar os riscos associados à presença de microrganismos patogênicos, garantindo maior segurança no consumo de alimentos.

Palavras-chave: **HIGIENE ALIMENTAR; VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA; MICROBIOLOGIA ALIMENTAR**



STAPHYLOCOCCUS AUREUS E SUA RELAÇÃO COM A DERMATITE ATÓPICA

MARINA DE LIMA SOUZA; VITÓRIA CRISTINA TAVARES MATOS

Introdução: Na dermatite atópica (DA) ocorre uma disbiose na microbiota e uma queda na eficácia da barreira protetora da pele. Isso faz com que bactérias que viviam harmonicamente tenham oportunidade de se multiplicar e colonizar a epiderme, desencadeando uma possível infecção. Esse é o caso do *Staphylococcus aureus* (SA), uma bactéria que comumente se encontra em maior quantidade e com maior expressividade de virulência em pessoas com DA. Dessa forma, é imprescindível que se aumentem os estudos sobre a relação de SA e DA, visando compreender melhor sua dinâmica e como pode-se melhorar o tratamento dos sintomas e a qualidade de vida de pessoas com DA. **Objetivo:** Este trabalho tem como objetivo reunir informações acerca dos mecanismos e comportamento de SA em pessoas com DA, para entender melhor sua atividade e impactos nessa patologia. **Metodologia:** Foi realizada uma pesquisa na base de dados Pubmed utilizando os descritores "*Staphylococcus aureus* AND atopic dermatitis". Os critérios de inclusão foram: ser dos últimos 5 anos, estar em português, inglês ou espanhol, ser gratuito e ter acesso ao texto completo. **Resultados:** Os estudos analisados apontaram forte associação entre o SA e a DA. A presença dessa bactéria na pele mostrou-se maior em áreas lesionadas, correlacionando-se com maior gravidade clínica. Estudos em modelos animais confirmaram que o microrganismo contribui para prurido, inflamação e dano cutâneo. Além disso, análises genéticas e fenotípicas revelaram diversidade entre as cepas, porém os isolados apresentaram algumas convergências fenotípicas, como a adesão e a formação de biofilme. Tratamentos convencionais com antibióticos apresentaram eficácia, mas também riscos de resistência. Estratégias alternativas surgem de forma promissora para reduzir a colonização, modular a resposta inflamatória e melhorar o quadro clínico. **Conclusão:** A relação entre SA e a DA é determinante para a gravidade da doença, pois sua colonização excessiva intensifica inflamação, prurido e lesões cutâneas. Embora antibióticos mostrem eficácia, favorecem a resistência, limitando seu uso. Nesse cenário, compreender os mecanismos de interação do microrganismo com a pele atópica torna-se essencial para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas inovadoras, seguras e eficazes, capazes de reduzir a colonização bacteriana e melhorar a qualidade de vida dos pacientes.

Palavras-chave: **STAPHYLOCOCCUS AUREUS; DERMATITE ATÓPICA; DISBIOSE**



BIOMARCADORES SOROLÓGICOS NA ESCLEROSE LATERAL AMIOTRÓFICA: RELAÇÃO DOS NÍVEIS DE FERRO E FERRITINA COM A PROGRESSÃO E SOBREVIDA

GILVAN PAIXÃO SANTOS JUNIOR; MARCELO FERNANDO REZENDE NETO;
WALLANCE GEOVANE ALEXANDRE LIMA; BEATRIZ SOARES SILVA TELES; RUDVAN
CICOTTI; JOSÉ ADERVAL ARAGÃO; DEISE MARIA FURTADO DE MENDONÇA

Introdução: A Esclerose Lateral Amiotrófica (ELA) é uma doença neurodegenerativa, caracterizada pela morte dos motoneurônios somáticos. Clinicamente, os pacientes apresentam fraqueza muscular progressiva e geralmente evoluem ao óbito entre 2 e 5 anos. A identificação de biomarcadores é importante para o diagnóstico precoce e melhor avaliação prognóstica. Estudos recentes estabeleceram uma correlação dos níveis séricos de ferritina com o prognóstico da doença, apontando o estado do ferro como um biomarcador potencial. **Objetivo:** Avaliar a relação dos níveis séricos de ferro e ferritina à progressão e mortalidade da ELA. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão narrativa na base de dados PubMed, utilizando os seguintes descritores: “Amyotrophic Lateral Sclerosis”, “Biomarkers”, “Iron” and “Ferritin”. **Resultados:** Alguns estudos apontam para alterações nos níveis séricos de ferro em pacientes com ELA, bem como para o aumento de níveis de ferritina, principalmente em pacientes com ELA na forma bulbar. Associação de níveis aumentados de ferritina à menor sobrevida tem sido estabelecida. Alterações nos níveis de transferrina, proteína quimiotática de monócitos 1 (MCP-1) e fator estimulador de colônias de granulócitos-macrófagos (GM-CSF) também têm sido observados. A transferrina é observada em frações séricas reduzidas, MCP-1 e GM-CSF apresentam correlação positiva e negativa, respectivamente, com os sintomas da doença. O perfil proteico que tem sido identificado em pacientes com ELA sugere alterações na homeostase do ferro e presença de processos inflamatórios. O aumento de ferritina e a diminuição de transferrina poderiam ser utilizados como parâmetro de evolução e prognóstico, entretanto, estudos divergentes expõem a falta de consenso. Parâmetros como o estado nutricional do paciente, presença de processos inflamatórios, disfunções renais e hepáticas devem ser levadas em consideração em estudos da homeostase do ferro. Ademais, é importante investigar a relação entre o metabolismo do ferro e eventos como a agregação de proteínas, neuroinflamação, excitotoxicidade e morte celular. **Conclusão:** Níveis elevados de ferritina sérica parecem estar associados à redução da sobrevida de pacientes com ELA, bem como, baixos níveis de transferrina à deterioração clínica. Entretanto, mais estudos são necessários para a compreensão do metabolismo do ferro na ELA, visto que o processo diagnóstico, avaliação prognóstica e terapias-alvo podem progredir com novos dados.

Palavras-chave: **DOENÇAS NEURODEGENERATIVAS; DOENÇA DO NEURÔNIO MOTOR; DIAGNÓSTICO**



PAPILOMAVÍRUS BOVINO COMO MODELO TRANSLACIONAL PARA CARCINOGENESE CERVICAL HUMANA

CRISTIANO PATRÍCIO ROCHA; ANDRESSA REBECA PINHEIRO VIANA; EDUARDO DIAS DE MATOS; MARCELO HENRIQUE RIBEIRO DOS SANTOS; RAFAEL DE ALMEIDA DUARTE VILELA

RESUMO

O papilomavírus bovino (BPV) constitui um agente viral relevante em Medicina Veterinária, responsável por lesões proliferativas em bovinos e associado ao desenvolvimento de neoplasias. Paralelamente, o papilomavírus humano (HPV) é o principal causador do câncer cervical, uma das neoplasias de maior incidência mundial. A correlação entre os mecanismos moleculares de ambos os vírus fundamenta o BPV como modelo translacional para estudos sobre carcinogênese cervical humana. Este estudo teve como objetivo revisar estudos sobre a utilização do BPV como modelo experimental para compreender os mecanismos de transformação celular induzidos pelo HPV. A análise evidenciou que o BPV compartilha similaridades estruturais e funcionais com o HPV, especialmente nas oncoproteínas E5, E6 e E7, capazes de modular vias de sinalização celular, promover instabilidade genômica e inibir a apoptose. Modelos *in vitro* e *in vivo* confirmam que fibroblastos bovinos e equinos infectados por BPV reproduzem alterações análogas às observadas em epitélios cervicais humanos, fortalecendo seu uso em pesquisas translacionais. Conclui-se que o BPV representa um modelo consistente para compreender a oncogênese viral, contribuindo para o desenvolvimento de terapias antivirais e estratégias imunoterapêuticas direcionadas à prevenção e tratamento do câncer cervical humano.

Palavras-chave: Diversidade genotípica; Instabilidade genômica; Oncologia comparativa

1 INTRODUÇÃO

Os papilomavírus são vírus de DNA não envelopados que infectam a pele e as mucosas de diversos animais, incluindo humanos e bovinos. O Papilomavírus Humano (HPV) é reconhecido como o principal agente etiológico do câncer cervical, uma das neoplasias mais prevalentes entre mulheres em todo o mundo. Estima-se que mais de 90% dos casos de carcinoma cervical invasivo sejam atribuídos a infecções persistentes por tipos de HPV de alto risco, como os tipos 16 e 18 (Lei et al., 2020; Arbyn et al., 2018). A infecção por HPV pode ser assintomática ou levar ao desenvolvimento de lesões precursoras, como a neoplasia intraepitelial cervical (NIC), que, se não tratadas, podem evoluir para câncer invasivo (Quinlan et al., 2021).

O Papilomavírus Bovino (BPV) é o agente etiológico da papilomatose bovina e está associado ao desenvolvimento de tumores no trato digestivo superior e na bexiga urinária de bovinos (Campo et al., 1997; Carvajal-Reina et al., 2025). Embora o BPV cause principalmente lesões benignas, como verrugas cutâneas e fibropapilomas, também pode induzir neoplasias malignas, especialmente em animais imunossuprimidos ou expostos a fatores carcinogênicos

ambientais, como a ingestão de samambaia (*Pteridium aquilinum*) (Campo et al., 1997; Carvajal-Reina et al., 2025).

O BPV compartilha com o HPV a capacidade de modular o ciclo celular e inibir a apoptose por meio da expressão de oncoproteínas, como E5, E6 e E7. A proteína E5 do BPV é considerada o principal oncogene, promovendo a transformação celular e a evasão da resposta imune (Venuti et al., 2011). As proteínas E6 e E7 do BPV também desempenham papéis cruciais na transformação celular, interagindo com proteínas supressoras de tumor, como p53 e pRb, respectivamente, e promovendo instabilidade genômica e proliferação celular desregulada (Venuti et al., 2011; De Falco et al., 2021).

Estudos comparativos entre o BPV e o HPV têm contribuído para o entendimento dos mecanismos moleculares envolvidos na carcinogênese viral. Modelos experimentais utilizando BPV têm sido empregados para investigar a função das oncoproteínas virais, a interação com o sistema imunológico e a resposta a terapias antivirais e imunoterapêuticas (De Falco et al., 2021; Munday, 2014). Esses estudos são fundamentais para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas mais eficazes no combate ao câncer cervical humano.

Além disso, o BPV tem sido utilizado como modelo para estudar a oncologia comparativa, uma abordagem que busca identificar semelhanças e diferenças nos processos tumorais entre diferentes espécies, visando aprimorar o entendimento da biologia do câncer e melhorar as estratégias de prevenção e tratamento (Galli et al., 2022; De Freitas et al., 2017).

Neste contexto, a presente revisão sistemática da literatura visa analisar o papel do BPV como modelo translacional para a carcinogênese cervical humana, destacando as semelhanças e diferenças entre os dois vírus, os mecanismos moleculares envolvidos e as implicações para o desenvolvimento de terapias antivirais e imunoterapêuticas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo caracteriza-se como uma revisão narrativa da literatura, de natureza qualitativa e exploratória. A pesquisa bibliográfica foi realizada abrangendo bases de dados indexadas de ampla relevância científica, incluindo PubMed, Scopus, Web of Science, SciELO e ScienceDirect, utilizando-se os descritores “bovine papillomavirus”, “human papillomavirus”, “carcinogenesis”, “oncoproteins” e “translational model”, combinados com operadores booleanos para otimização da busca.

O período de busca compreendeu publicações datadas entre 1997 e 2025. O processo de seleção envolveu triagem inicial dos títulos e resumos, seguida pela leitura integral dos textos elegíveis, com exclusão de duplicatas, artigos de opinião e trabalhos não pertinentes ao escopo do estudo. Foram incluídos estudos que abordassem: a) diversidade genotípica do BPV; b) caracterização das oncoproteínas E5, E6 e E7; c) mecanismos de transformação celular induzidos pelo BPV; d) modelos pré-clínicos *in vitro* e *in vivo* aplicados à oncogênese viral; e) aplicabilidade translacional para o câncer cervical humano.

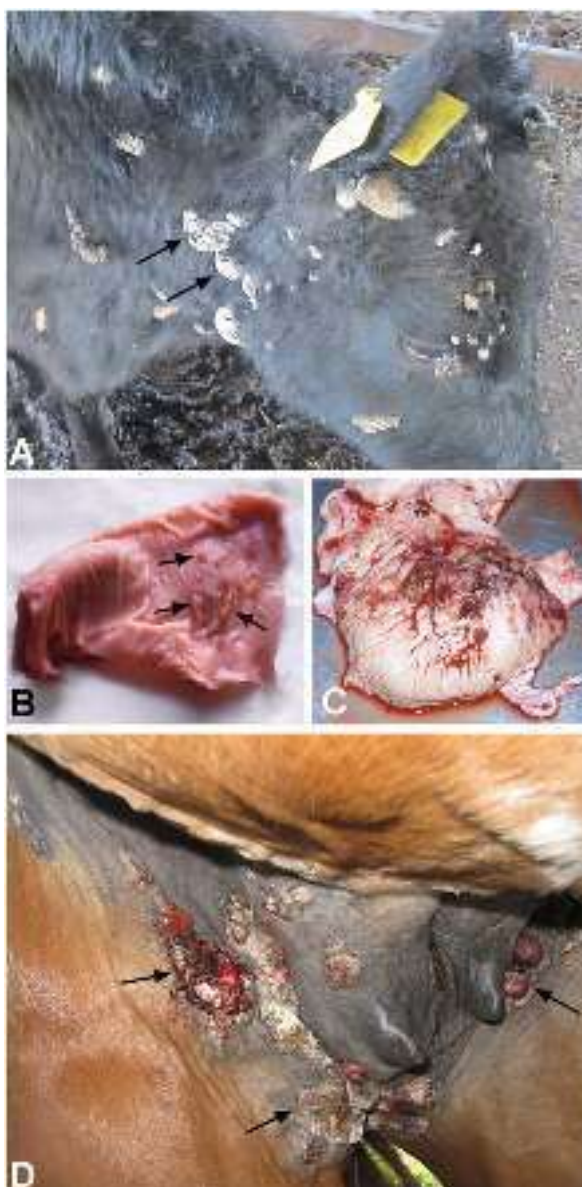
Os dados extraídos permitiram uma análise qualitativa detalhada, que considerou aspectos moleculares, estruturais, funcionais e experimentais do BPV, comparação com o HPV e aplicabilidade translacional. A interpretação dos resultados foi realizada à luz do conceito de Medicina Translacional e Saúde Única, integrando implicações veterinárias e humanas na compreensão da carcinogênese viral.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O papilomavírus bovino (BPV) apresenta ampla diversidade genotípica, com mais de 20 tipos descritos, sendo os tipos BPV-1, BPV-2 e BPV-13 os mais estudados devido à sua associação com lesões proliferativas e transformações malignas em bovinos (Campo et al.,

1997; Carvajal-Reina et al., 2025; Sauthier et al., 2021). A análise estrutural e funcional das oncoproteínas E5, E6 e E7 revelou mecanismos moleculares análogos aos observados nas infecções por HPV em humanos, incluindo a ativação de receptores de crescimento, degradação de proteínas supressoras de tumor e indução de instabilidade genômica (Venuti et al., 2011; De Falco et al., 2021; Müller et al., 2015; Paolini et al., 2016).

Figura 1 – Exemplos de manifestações clínicas de BPV em bovinos e cavalos: a) Papilomatose persistente da pele em vaca; b) Papilomatose difusa do esôfago em vacas; setas indicam os papilomas; c) Múltiplos hemangiossarcomas e carcinoma urotelial da bexiga urinária em vacas; d) Múltiplos sarcoides nodulares na região paragenital e mamária em cavalo.

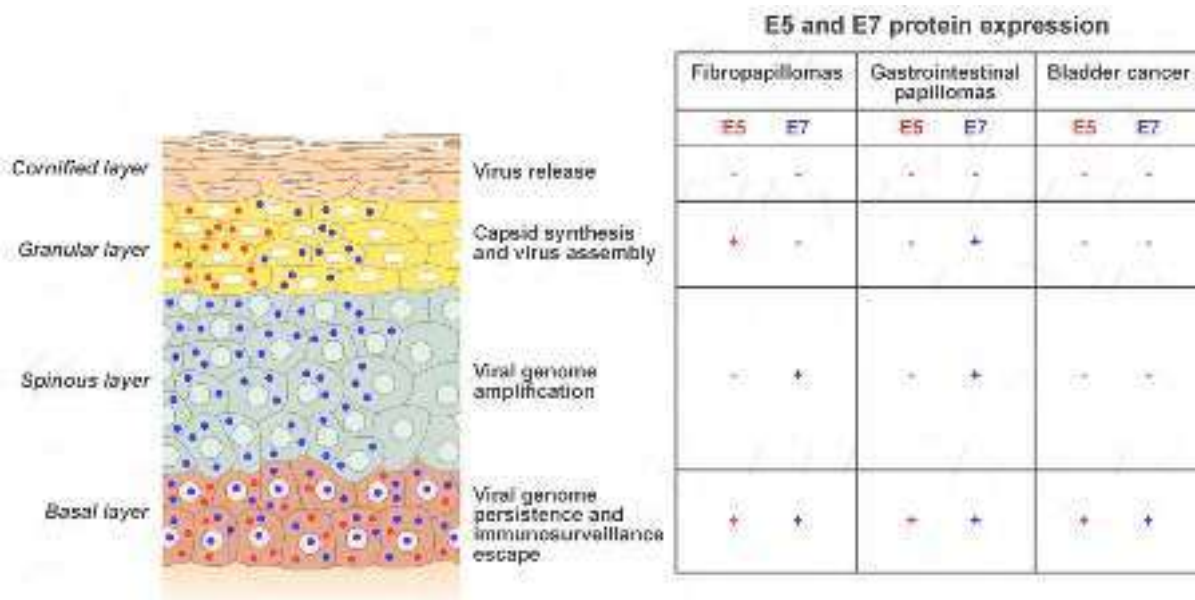


Fonte: Corteggio et al. (2013).

A proteína E5 do BPV atua como principal moduladora de vias de sinalização celular, promovendo proliferação e evasão da resposta imune, enquanto E6 e E7 interagem com p53 e pRb, respectivamente, favorecendo a sobrevivência celular e a progressão desregulada do ciclo celular (Venuti et al., 2011; Santos et al., 2024). Estes eventos resultam em alterações celulares

equivalentes às observadas em epitélios cervicais humanos infectados por HPV de alto risco, evidenciando a aplicabilidade do BPV como modelo experimental (Christensen et al., 2016; Galli et al., 2022).

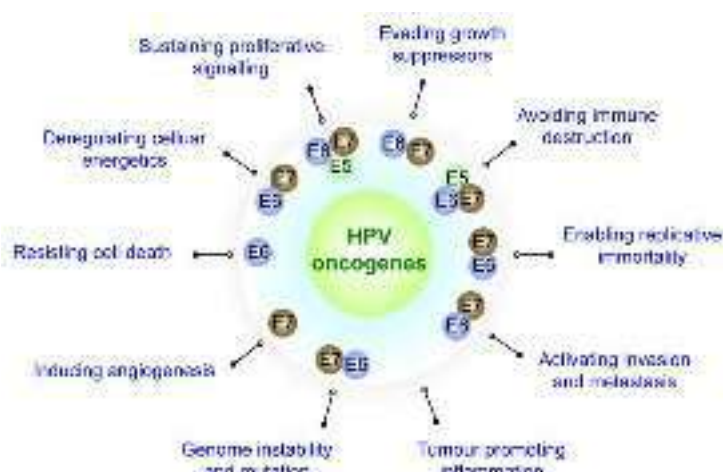
Figura 2 – Distribuição imunohistoquímica de E5 nas camadas basais e de E7 nas camadas basais e espinhosas do epitélio, indicando papéis na transformação celular e no ciclo viral.



Fonte: Corteggio et al. (2013).

Modelos *in vitro* e *in vivo* com fibroblastos bovinos e equinos infectados por BPV demonstram alterações celulares análogas às observadas em infecções por HPV, incluindo ativação de vias proliferativas, resistência à apoptose e desregulação do ciclo celular (De Falco et al., 2024; Munday, 2014; Spurgeon et al., 2020). Estes modelos reforçam o uso do BPV como ferramenta pré-clínica para testes de terapias antivirais e imunoterapêuticas direcionadas à carcinogênese cervical humana.

Figura 3 – Esquema ilustrativo mostrando a atuação de E5 e E7 na promoção da proliferação celular, indução de instabilidade genômica e transformação maligna, refletindo mecanismos compartilhados com a carcinogênese cervical humana.



Fonte: Corteggio et al. (2013).

A caracterização molecular dos tipos de BPV também evidencia variações na virulência e no potencial oncogênico, indicando que a diversidade genotípica influencia diretamente a resposta do hospedeiro e a gravidade das lesões (Campo et al., 1997; Carvajal-Reina et al., 2025). Esta heterogeneidade reforça a importância do controle experimental e da padronização dos modelos, a fim de permitir extrapolação confiável para a carcinogênese humana (De Freitas et al., 2017).

Tabela 1 – Principais tipos de BPV e características oncoproteicas associadas.

Tipo de BPV	Proteínas virais principais	Alterações celulares observadas
BPV-1	E5, E6, E7	Proliferação celular, evasão apoptose, transformação de fibroblastos
BPV-2	E5, E6, E7	Transformação de fibroblastos equinos, ativação de vias de sinalização proliferativa
BPV-4	E5, E6, E7	Desenvolvimento de papilomas orais, alteração do ciclo celular
BPV-5	E5, E6, E7	Formação de fibropapilomas cutâneos, modulação da resposta imune
BPV-6	E6, E7	Lesões cutâneas benignas, interação com proteínas supressoras de tumor
BPV-9	E5, E6, E7	Alterações epiteliais e proliferação celular localizada
BPV-10	E5, E6, E7	Indução de papilomas esofágicos, instabilidade genômica moderada
BPV-13	E6, E7	Alterações de ciclo celular, modulação de p53/pRb, instabilidade genômica
BPV-14	E5, E6	Fibropapilomas em bovinos jovens, resistência à apoptose
BPV-16	E6, E7	Transformação celular avançada, ativação de vias proliferativas, modelagem translacional para HPV

Fonte: Adaptado de Campo et al. (1997); Galli et al. (2022); Carvajal-Reina et al. (2025).

Além das aplicações moleculares, o BPV é relevante para a oncologia comparativa, permitindo a integração entre pesquisa veterinária e biomédica humana. Esta abordagem fortalece o conceito de “One Health”, evidenciando a importância de modelos animais para a

compreensão de processos tumorais humanos e para o desenvolvimento de intervenções terapêuticas inovadoras (Rampías et al., 2014; Rosa, 2009; Venuti et al., 2011).

Embora o BPV ofereça um modelo robusto, limitações como diferenças entre espécies e variações entre tipos virais reforçam a necessidade de padronização metodológica e estudos comparativos adicionais antes da aplicação clínica direta em humanos (De Freitas et al., 2017; Munday, 2014).

Em síntese, o BPV constitui uma plataforma experimental confiável, permitindo explorar os eventos fundamentais da carcinogênese cervical humana, contribuindo para a investigação de terapias antivirais, vacinas e estratégias imunoterapêuticas direcionadas.

4 CONCLUSÃO

O papilomavírus bovino (BPV) apresenta características estruturais e funcionais que o aproximam significativamente do papilomavírus humano (HPV), especialmente nas oncoproteínas E5, E6 e E7, responsáveis pela modulação de vias celulares críticas, indução de instabilidade genômica e evasão da apoptose (Venuti et al., 2011; De Falco et al., 2021; Santos et al., 2024). Essas similaridades permitem que o BPV seja utilizado como modelo translacional para investigar os mecanismos moleculares da carcinogênese cervical humana, fornecendo informações sobre eventos iniciais e avançados da transformação celular (Christensen et al., 2016; Munday, 2014).

A diversidade genotípica do BPV e a variabilidade de resposta entre espécies destacam a necessidade de padronização experimental e de estudos comparativos contínuos, garantindo a confiabilidade dos modelos pré-clínicos e a relevância dos achados para aplicações humanas (Campo et al., 1997; Carvajal-Reina et al., 2025; De Freitas et al., 2017).

O BPV se destaca como ferramenta essencial na oncologia comparativa, permitindo integrar conhecimentos da Medicina Veterinária à pesquisa biomédica humana, alinhando-se ao conceito “One Health” e promovendo uma abordagem interdisciplinar para prevenção, diagnóstico e tratamento do câncer cervical (Rampías et al., 2014; Rosa, 2009; Venuti et al., 2011; Galli et al., 2022).

Além disso, a utilização do BPV como modelo experimental fornece subsídios para o desenvolvimento de vacinas, imunoterapias e estratégias antivirais inovadoras, contribuindo não apenas para a compreensão dos mecanismos oncogênicos, mas também para a formulação de intervenções clínicas mais eficazes (Paolini et al., 2016; Müller et al., 2015).

Portanto, a análise integrada dos estudos reforça o papel do BPV como modelo translacional robusto e confiável, evidenciando sua importância para a pesquisa científica voltada à carcinogênese viral, à inovação terapêutica e ao fortalecimento da interface entre saúde animal e humana.

REFERÊNCIAS

ARALDI, R. P.; et al. *Papillomaviruses: a systematic review*. Genetics and Molecular Biology, v. 40, n. 3, p. 453–463, 2017. DOI: 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0181.

CAMPO, M. S.; et al. *Review: Bovine papillomavirus and cancer*. Veterinary Journal, v. 153, n. 2, p. 105–117, 1997. DOI: 10.1016/S1090-0233(97)80019-6.

CARVAJAL-REINA, D. J.; et al. *Bovine Papillomavirus Genotypic Diversity and a Putative Novel Viral Type in Ecuador*. Veterinary Sciences, v. 12, n. 7, p. 672, 2025.

- CHRISTENSEN, N. D.; et al. *Recent advances in preclinical model systems for papillomavirus research*. *Virus Research*, v. 231, p. 108–118, 2016. DOI: 10.1016/j.virusres.2016.12.004.
- DE FALCO, F.; et al. *Molecular findings and virological assessment of bladder tumors in cattle*. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, v. 36, n. 1, p. 123–130, 2024. DOI: 10.1177/0165217623112345.
- DE FALCO, F.; et al. *Molecular findings and virological assessment of bladder tumors in cattle*. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, v. 36, n. 4, p. 456–464, 2024. DOI: 10.1080/01652176.2024.2387072.
- DE FREITAS, A. C.; et al. *Bovine papillomavirus: what is known and perspectives*. *Translational Research in Veterinary Science*, v. 2, p. 1–11, 2017. DOI: 10.1016/j.trvs.2017.01.003.
- GALLI, V.; et al. *Bovine Papillomavirus Type 1 or 2 virion-infected primary fibroblasts constitute a near-natural equine sarcoid model*. *Viruses*, v. 14, n. 12, p. 2658, 2022.
- MUNDAY, J. S. *Bovine and human papillomaviruses: similarities and differences*. *Veterinary Pathology*, v. 51, n. 3, p. 477–487, 2014. DOI: 10.1177/0300985814537837.
- MÜLLER, M.; et al. *Human papillomavirus E5 oncoprotein: Function and Potential Target for Antiviral Therapeutics*. *Future Virology*, v. 10, n. 1, p. 99–112, 2015. DOI: 10.2217/fvl.14.99.
- PAOLINI, F.; et al. *HPV 16 E5 oncoprotein is expressed in early stage carcinogenesis and can be a target of immunotherapy*. *Oncogene*, v. 35, n. 6, p. 754–764, 2016. DOI: 10.1038/onc.2015.146.
- RAMPÍAS, T.; et al. *Molecular mechanisms of HPV-induced carcinogenesis in cervical cancer*. *Future Microbiology*, v. 9, n. 5, p. 595–607, 2014. DOI: 10.2217/fmb.14.5.
- ROSA, M. I. *Papilomavírus humano e neoplasia cervical*. *Cadernos de Saúde Pública*, v. 25, n. 3, p. 463–471, 2009. DOI: 10.1590/S0102-311X2009000300007.
- SANTOS, L. A. B. de O.; et al. *Comparative structural studies on Bovine papillomavirus E6 oncoproteins: novel insights into viral infection and cell transformation from homology modeling and molecular dynamics simulations*. *Genetics and Molecular Biology*, 2024.
- SAUTHIER, J. T.; et al. *The genetic diversity of “papillomavirome” in bovine teat papillomas*. *Animal Microbiome*, v. 3, p. 1–13, 2021. DOI: 10.1186/s42523-021-00114-3.
- SPURGEON, M. E.; et al. *Mus musculus Papillomavirus 1: a new frontier in animal papillomavirus research*. *Journal of Virology*, v. 94, n. 3, p. e00002–20, 2020. DOI: 10.1128/JVI.00002-20.
- VENUTI, A.; et al. *Papillomavirus E5: the smallest oncoprotein with many functions*. *Molecular Cancer*, v. 10, p. 140, 2011. DOI: 10.1186/1476-4598-10-140.



IMPACTO NUTRICIONAL NA SAÚDE HUMANA DEVIDO A DEFICIÊNCIA DE ALIMENTOS PROTEICOS FONTE DE FERRO

GUSTAVO HIDEKI GOTO CHAGAS; BRUNO NACANO; FRANCO BONETTI; ROSEMEIRE MARTINS RODRIGUES

Introdução: A anemia ferropriva é a forma mais prevalente de anemia no mundo, acometendo principalmente crianças menores de cinco anos, adolescentes do sexo feminino e mulheres em idade fértil. Caracteriza-se pela redução da hemoglobina, comprometendo o transporte de oxigênio e a capacidade funcional do organismo. Sua ocorrência está relacionada à carência nutricional, à baixa biodisponibilidade de ferro na dieta, à presença de inibidores de absorção, como polifenóis e cálcio, além de desigualdades socioeconômicas e do desconhecimento sobre fontes alimentares e medidas preventivas. **Objetivo:** Revisar o impacto do consumo de carnes vermelhas e brancas na biodisponibilidade do ferro e sua relação com a anemia ferropriva, a fim de subsidiar estratégias nutricionais que auxiliem na redução de sua prevalência. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão bibliográfica nas bases PubMed, SciELO e Google Acadêmico, utilizando as palavras-chave ferro heme, anemia ferropriva, carne vermelha e carne branca. Foram identificados 116 artigos, dos quais se selecionaram os publicados entre 2008 e 2025 com relação direta ao tema. **Resultados:** Os estudos demonstraram que as carnes vermelhas apresentam maiores concentrações de ferro heme e mioglobina, enquanto as carnes brancas possuem valores menores. Além do ferro, esses alimentos fornecem vitaminas do complexo B e minerais como zinco. Evidências indicam que o consumo regular de carnes, aves e peixes reduz o risco de anemia ferropriva, devido à maior biodisponibilidade do ferro heme. **Conclusão:** O enfrentamento da anemia ferropriva requer estratégias integradas que envolvam educação nutricional, ampliação do acesso a alimentos ricos em ferro, suplementação, fortificação regionalizada, rastreamento e acompanhamento de grupos vulneráveis, reduzindo sua prevalência e os impactos hematológicos, metabólicos, cognitivos e sociais.

Palavras-chave: **FERRO HEME; ANEMIA FERROPRIVA; CARNE VERMELHA E CARNE BRANCA;**



PAPEL DO LINFONODO SENTINELA NA IDENTIFICAÇÃO E ABORDAGEM DE MICROMETÁSTASES E CÉLULAS TUMORAIS ISOLADAS: UMA REVISÃO NARRATIVA

ADLER OLIVEIRA SILVA JACÓ CARVALHO; ANDRÉ ELIAS REZENDE SANTOS; GIOVANNA DE OLIVEIRA SÁ COSTA; HENRIQUE MONTALVÃO ROUTMAN DA CUNHA; RUDVAN CICOTTI; JOSÉ ADERVAL ARAGÃO; DEISE MARIA FURTADO DE MENDONÇA

Introdução: O linfonodo sentinela (LNS) é o sítio inicial para qual a drenagem linfática de uma região tumoral é realizada, sendo um importante local de análise para o estadiamento de neoplasias. Exames pré-operatórios, como ultrassonografia e ressonância magnética, apresentam altos índices de resultados falso-negativos para avaliação metastática, visto que micrometástases (0,2-2mm) e células tumorais isoladas (CTI's) (<0,2mm) são formações que passam despercebidas em exames de imagem. O estudo do LNS tem demonstrado significativa sensibilidade e especificidade, destacando-se como importante ferramenta para avaliação de estadiamento, prognóstico, na redução nas taxas de novo procedimento cirúrgico e na redução de complicações pós-cirúrgicas. **Objetivo:** Analisar o papel do LNS no diagnóstico e terapêutica de micrometástases e CTI's. **Metodologia:** Realizou-se uma revisão narrativa nas bases de dados PubMed, SCOPUS e Web of Science através dos descritores: "*Sentinel lymph node biopsy*", "*micrometastasis*" e "*diagnosis*". Artigos em português, inglês ou espanhol, disponíveis na íntegra, e publicados nos últimos 5 anos foram selecionados. **Resultados:** A avaliação do LNS pode ser realizada de diversas formas, como por citologia de impressão, imunohistoquímica e espectroscopia de infravermelho. Vários protocolos tem sido avaliados para aquisição de maior acurácia diagnóstica. Com relação ao papel do LNS no diagnóstico e terapêutica, foi possível observar correlação entre o método e desfecho positivo para diversos tipos de metástases. Em carcinoma oral, em estágio inicial, biópsia do LNS demonstrou alto valor preditivo negativo, culminando com redução de linfadenectomias desnecessárias e de morbidade cirúrgica. Nesses casos, apenas 6,9% dos pacientes apresentaram crescimentos neoplásicos no LNS, sendo a terça parte deles micrometástases. Em cânceres de mama microinvasivos, em um estudo foi observado metástase para o LNS em 9,2% dos casos, sendo 6,9% micrometástases ou CTI's, apesar de exame clínico negativo para metástase ganglionar. Em quadros de câncer de colo uterino em estágio inicial, a presença de micrometástases foi associada à baixa taxa de sobrevida, contribuindo significativamente para um prognóstico negativo nesses pacientes. **Conclusão:** A biópsia do LNS é essencial para rastrear micrometástases e CTI's, de forma a orientar decisões diagnósticas e terapêuticas, além de contribuir para redução de condutas desnecessárias e fomentar intervenções que contribuam para um melhor prognóstico.

Palavras-chave: **SISTEMA LINFÁTICO; ESTADIAMENTO DE NEOPLASIAS; BIÓPSIA**



O PAPEL DO MÚSCULO SUPRAESPINHAL NA SÍNDROME DO IMPACTO DO OMBRO: UMA REVISÃO NARRATIVA

HENRIQUE MONTALVÃO ROUTMAN DA CUNHA; ADLER OLIVEIRA SILVA JACÓ CARVALHO; ANDRÉ ELIAS REZENDE SANTOS; GIOVANNA DE OLIVEIRA SÁ COSTA; RUDVAN CICOTTI; DEISE MARIA FURTADO DE MENDONÇA; JOSÉ ADERVAL ARAGÃO

Introdução: A síndrome do impacto é uma das principais causas de dor na região do ombro e está associada à compressão dos tecidos moles no espaço subacromial. Além de processos degenerativos, estimulados por sobrecarga ou trauma nos tecidos do ombro, várias condições têm sido sugeridas como possíveis fatores de risco da síndrome do impacto, tais como a morfologia do acrômio, alterações biomecânicas da articulação e presença de osteófitos. Entretanto, lesões do manguito rotador parecem representar uma das principais condições relacionadas ao processo etiopatogênico da síndrome. Dentre os músculos do manguito rotador, o tendão do supraespinhal é o mais acometido em lesões associadas à estrutura. **Objetivo:** Esse estudo teve por objetivo analisar a relação entre as lesões associadas ao músculo supraespinhal e a síndrome do impacto no ombro. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão narrativa na base de dados PubMed, utilizando os seguintes descritores: “*shoulder impingement syndrome*”, “*rotator cuff*” and “*supraspinatus*”. **Resultados:** Foi observado que a presença de ruptura ou tendinopatia do tendão do músculo supraespinhal, com consequente espessamento, possui correlação significativa com o desenvolvimento de síndrome do impacto do ombro. Essa correlação continua a ser verdadeira, mesmo na presença de espaço subacromial maior. Entretanto, a presença de alterações degenerativas em diferentes componentes do ombro, alterações na morfologia acromial (acrômio do tipo III), ossificação acromial e redução no espaço subacromial, possuem correlação positiva com o desenvolvimento da síndrome, apenas na presença de patologias do tendão do supraespinhal, mas não de forma isolada. A ruptura do tendão do supraespinhal, em diferentes graus, é mais frequente, quando comparada à rupturas dos outros músculos do manguito rotador. Isso se deve a uma fragilidade do músculo, caracterizada pela menor vascularização na região próxima a inserção do tendão, na tuberosidade maior do úmero. **Conclusão:** Patologias do tendão do supraespinhal estão intimamente relacionadas à ocorrência da síndrome do impacto do ombro. Na presença de tendinopatia ou ruptura, é necessária a investigação cuidadosa da presença de fatores, que associados a patologias do supraespinhal, podem contribuir para a predisposição e, consequente, desenvolvimento da síndrome.

Palavras-chave: **DOENÇAS INFLAMATÓRIAS; MANGUITO ROTADOR; ESPAÇO SUBACROMIAL**



INCIDÊNCIA DE CÂNCER DE RETOSSIGMÓIDE: COMPARAÇÃO ENTRE DADOS NACIONAIS E DO MUNICÍPIO DE TRÊS RIOS (2013-2024)

MARYANA FERNANDES AZEVEDO ALVES; JENNIFER DE SOUZA SELJENES; YASMIM TOLEDO DUTRA; LAILA FIETO RIBEIRO; ANNE CAROLINE RODRIGUES DOS SANTOS CAVALCANTE; JOSÉ MARIA JUNIOR

Introdução: Excluindo os melanomas, os cânceres de cólon e reto configuram-se como o terceiro tipo de neoplasia maligna mais incidente no Brasil, representando um relevante problema de saúde devido à elevada morbimortalidade associada. Apesar da disponibilidade de estimativas, são escassos os estudos que avaliam a incidência desses tumores em recortes municipais, o que pode revelar particularidades epidemiológicas e subsidiar estratégia de prevenção, rastreamento e tratamento. **Objetivo:** Avaliar a incidência do câncer de retossigmoide em Três Rios (RJ) e compará-la com dados nacionais. **Método:** Trata de um estudo descritivo baseado em dados secundários do Sistema de Informações de Câncer (SISCAN), disponibilizados pelo Departamento de Informática do SUS (DATASUS), abrangendo período de 2013 a 2024. **Resultados:** No Brasil, registraram-se 17.002 casos de câncer retossigmoide no período, com elevação a partir de 2018. A incidência nacional passou de 0,18 por 100.000 hab. em 2015 para 1,30 em 2023, representando aumento de 622%. No estado do Rio de Janeiro, a taxa evoluiu de 0,12 em 2015 para 1,19 em 2023. Em Três Rios, foi documentado apenas um caso, em 2020. Observou-se discreto predomínio do sexo feminino no pico de 2023, apesar dos resultados similares nos outros anos: Registraram-se 51,5% de casos femininos contra 48,5% masculinos no Brasil. No Rio de Janeiro, verificou-se padrão semelhante, com 57,6% de casos em mulheres e 42,4% em homens. O único caso registrado em Três Rios ocorreu em paciente do sexo feminino. A análise etária nacional no período de 2013 a 2024 revelou maior incidência nas faixas de 60-69 anos e 50-59 anos (4.226 casos totais, com pico de 681 casos em 2023), seguidas pelas faixas de 70-79 anos (3.508 casos) e 41-49 anos (1.950 casos). As idades mais jovens (0-19 anos e 20-29 anos) apresentaram consistentemente as menores incidências ao longo de todo o período, com totais de 40 e 177 casos respectivamente, mantendo taxas inferiores a 0,02 por 100.000 habitantes. Em Três Rios, o caso notificado ocorreu em idosa de 70-79 anos. Após o pico de 2023, observou-se declínio em 2024, com redução de 33% no Brasil e 16% no Rio de Janeiro

Palavras-chave: **INCIDÊNCIA; RETOSSIGMOIDE; SISTEMA ÚNICO DE SAÚDE**



IMPACTO NUTRICIONAL NA SAÚDE HUMANA DEVIDO A DEFICIÊNCIA DE ALIMENTOS PROTEICOS DE ORIGEM ANIMAL

BRUNO NACANO; FRANCO BONETTI; GUSTAVO HIDEKI GOTO CHAGAS;
ROSEMEIRE MARTINS RODRIGUES

RESUMO

A anemia por deficiência de ferro é a que mais ocorre no mundo, afetando principalmente crianças menores de cinco anos, adolescentes do sexo feminino e mulheres em idade fértil. Ela tem como característica a redução da hemoglobina, comprometendo assim o transporte de oxigênio e afetando a capacidade de funcionamento do organismo. Sua ocorrência está relacionada à deficiência nutricional, à baixa biodisponibilidade de ferro na dieta, à presença de inibidores na absorção, como polifenóis e cálcio, além de desigualdades socioeconômicas e do desconhecimento sobre alimentos ricos em ferro e medidas preventivas. O artigo teve como objetivo revisar o impacto do consumo de carnes de origem animal na biodisponibilidade do ferro e sua relação com a anemia com a finalidade de subsidiar estratégias nutricionais que auxiliam na redução de sua prevalência. Foi realizada uma revisão bibliográfica nas bases PubMed, SciELO e Google Acadêmico, utilizando as palavras-chave ferro heme, anemia ferropriva, carne vermelha e carne branca. Foram identificados 116 artigos, dos quais foram selecionados os publicados entre 2008 e 2025 com relação direta ao tema. Os estudos demonstraram que as carnes vermelhas apresentaram maiores concentrações de ferro e mioglobina, enquanto as carnes brancas possuem valores menores. Além do ferro, esses alimentos fornecem vitaminas do complexo B e minerais como zinco. Evidências indicam que o consumo regular de carnes, aves e peixes reduz o risco de anemia por deficiência de ferro, devido à maior biodisponibilidade do ferro. O enfrentamento da anemia por deficiência de ferro requer estratégias que envolvam educação nutricional, acesso a alimentos ricos em ferro, e acompanhamento de grupos vulneráveis, reduzindo sua prevalência.

Palavras-chave: Ferro heme; Anemia ferropriva; Carne vermelha e carne branca

1 INTRODUÇÃO

Entre as anemias carenciais, a com maior incidência é a anemia causada pela deficiência de ferro. Diversos fatores contribuem para o seu surgimento, como a ingestão deficiente de alimentos ricos em ferro, o consumo excessivo de substâncias que dificultam sua absorção, e no caso das mulheres as perdas sanguíneas durante o período menstrual e o número elevado de gestações. Essa condição é observada em diferentes partes do mundo e acomete principalmente, crianças menores de cinco anos, adolescentes do sexo feminino e mulheres em idade fértil (Sociedade de Pediatria de São Paulo, 2014).

A absorção de ferro no organismo pode variar de acordo com diferentes fatores. O consumo de carnes em conjunto com ácidos orgânicos, como o cítrico, málico, láctico, tartárico, e principalmente o ácido ascórbico (vitamina C), a carne contribui por meio das proteínas

musculares que durante a digestão liberam peptídeos e cisteína, originando compostos que são facilmente absorvidos pelo intestino. O ácido ascórbico por sua vez atua convertendo o ferro férrico (Fe^{3+}) em ferroso (Fe^{2+}), forma mais solúvel e melhor aproveitada pelo organismo, além de evitar sua oxidação no ambiente alcalino intestinal. A suplementação em alguns casos é indicada para absorção e aumentar os estoques corporais de ferro, especialmente em mulheres em idade fértil. Por outro lado, existem substâncias que dificultam esse processo, como os polifenóis, fitatos, fosfatos e oxalatos. Os polifenóis presentes em vegetais, chá e café, formam compostos insolúveis com o ferro, reduzindo sua biodisponibilidade. Já os fitatos, encontrados em cereais integrais, dificultam a absorção do ferro não-heme pela formação de complexos estáveis. O cálcio e os fosfatos, abundantes em leite e ovos, também interferem na assimilação do mineral, o que justifica a baixa disponibilidade de ferro nesses alimentos (Cardoso e Penteado, 1994).

Compreender a influência do consumo de carnes na prevenção e no tratamento da anemia por deficiência de ferro é fundamental para o desenvolvimento de estratégias nutricionais eficazes. Este Trabalho de Conclusão de Curso tem como propósito revisar o impacto dessas fontes alimentares na biodisponibilidade do ferro e sua relação com a anemia buscando contribuir para a formulação de orientações nutricionais que auxiliem na redução da prevalência dessa deficiência.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para esse fim, foi realizada uma revisão bibliográfica através da busca de artigos científicos utilizando as palavras chave ferro heme, anemia ferropriva, carne vermelha e carne branca nas bases de dados, pubmed, Scielo, Google acadêmico, sendo encontrados 116 artigos. Algumas publicações foram excluídas pelo fato de não atenderem às expectativas do tema e conteúdo e que não trouxeram nenhum dos descritores utilizados como ferramentas de pesquisa. Como critério de exclusão, foram utilizados artigos dos últimos 17 anos e/ou de 2008 a 2025 e aqueles que melhor tinham relação com o tema do artigo de pesquisa. Após a utilização dos critérios de exclusão restaram 13 artigos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com Keeton e Dikeman (2017), as carnes são classificadas considerando o teor de mioglobina ou ferro, o perfil lipídico, a composição de ácidos graxos e o colesterol. A carne moída de cordeiro e a de peru apresentam teores semelhantes de ferro, a de cordeiro possui aproximadamente 50% mais gordura total. Em relação ao bife e ao peru moídos, ambos apresentam quantidades parecidas de gordura saturada, embora o peru contenha cerca de 30% mais colesterol. Já o lombo de porco e o peito de frango apresentam níveis semelhantes de ferro, gordura total e gordura saturada, sendo que a carne suína se destaca por possuir menor teor de colesterol.

Segundo Keeton e Dikeman (2017), citando Carolyn McAnlis, RDN (Reinagel, 2013), são classificadas como carnes vermelhas: de boi, porco, cordeiro, cabra e cavalo, e incluem também a carne de avestruz. Elas são caracterizadas pela cor avermelhada que possuem antes de serem cozidas, e se distinguem das carnes brancas como frango e peixe. A carne de avestruz é classificada como vermelha devido à sua alta concentração de mioglobina, proteína responsável pela troca de oxigênio e dióxido de carbono entre as células musculares e a corrente sanguínea. Músculos mais utilizados tendem a apresentar coloração mais escura em razão da maior concentração dessa proteína, enquanto músculos menos exigidos são mais claros. Assim, o peito de frango ou de peru doméstico é mais claro do que a carne das pernas, pois essas exigem maior quantidade de mioglobina para desempenhar suas funções. Em contrapartida, aves que utilizam intensamente os músculos do peito para o voo, como patos selvagens e gansos, apresentam carne mais escura nessa região.

Os autores destacam ainda que a carne escura contém, em média, 2,64 vezes mais gordura saturada do que as carnes de aves e de peixes, considerando a mesma quantidade de proteína. Apesar disso, ela também é mais rica em vitaminas do complexo B e em minerais como zinco e ferro, sendo este último mais facilmente absorvido pelo organismo em comparação ao ferro presente em alimentos de origem vegetal (Keeton, 2017).

De acordo com esses mesmos autores, a categoria de carnes abrange todos os tipos de carne bovina e suína, como bacon, carne bovina, frios, presunto, hambúrguer, cachorro-quente, fígado, linguiça de porco, bife e carnes presentes em pratos preparados, como pizza, chili, lasanha e ensopados. Já o grupo das carnes de frango, peru, peixe, frios de aves, misturas à base de frango, atum enlatado, além de linguiças e cachorros-quentes com baixo teor de gordura produzidos a partir de aves.

As carnes processadas englobam bacon, linguiças (tanto de carne boi, porco quanto de aves), frios, presunto e cachorros-quentes convencionais ou com baixo teor de gordura. Há sobreposição entre os grupos, pois alguns produtos, como bacon, presunto e linguiça, podem ser classificados tanto como carne vermelha quanto como carne processada. No entanto, essas categorias não foram analisadas simultaneamente nos mesmos modelos, evitando duplicidade nas análises (Keeton, 2017).

Segundo Grotto (2008), o metabolismo do ferro presente nas carnes é fundamental para a homeostase celular, o transporte de oxigênio, a síntese de DNA e o metabolismo energético. O ferro atua como cofator de diversas enzimas da cadeia respiratória mitocondrial e também está envolvido na fixação do nitrogênio. Além disso, participa da síntese de hemoglobina (Hb) nos eritroblastos, de mioglobina nos músculos e de citocromos no fígado. Em adultos, a quantidade total de ferro corporal varia entre 4 e 5 g, sendo aproximadamente 2,5 g na forma de hemoglobina.

A deficiência de ferro pode desencadear diversos distúrbios no organismo, sendo a anemia a principal delas. Por outro lado, o acúmulo excessivo desse mineral é prejudicial aos tecidos, pois promove a formação de espécies reativas de oxigênio que danificam proteínas, lipídios e o DNA celular. Conforme a autora, o ferro utilizado pelo organismo provém tanto da alimentação quanto da reciclagem de hemácias envelhecidas. Uma dieta equilibrada fornece de 13 a 18 mg de ferro por dia, dos quais apenas 1 a 2 mg são absorvidos, podendo estar presentes na forma inorgânica ou heme (Grotto, 2008).

A absorção do ferro ocorre no intestino delgado, especialmente no duodeno, cuja mucosa apresenta vilosidades que aumentam a área de absorção. Esse processo é influenciado pela acidez do meio e pela presença de agentes solubilizantes, como alguns açúcares. A quantidade de ferro absorvida depende da demanda fisiológica do organismo. Em situações como gestação, puberdade ou hemólise, essa necessidade é maior, resultando em maior atividade das proteínas transportadoras, como a proteína transportadora de metal divalente (DMT-1) e a ferroportina (FPT) (Grotto, 2008).

A Proteína Transportadora de Heme 1 (HCP1) está presente principalmente no fígado e nos rins, e sua regulação ocorre de acordo com os níveis intracelulares de ferro. Quando há deficiência, a HCP1 migra do citoplasma para a membrana plasmática das células duodenais, facilitando a absorção. Quando há excesso de ferro, essa proteína é redistribuída da borda em escova para o interior da célula. A hipóxia também estimula a síntese da HCP1, favorecendo a captação de heme em situações de maior demanda metabólica (Grotto, 2008).

De acordo com Pipoyan et al. (2023), a Pesquisa Demográfica e de Saúde da Armênia (ADHS) realizada entre 2015 e 2016 mostrou uma redução significativa nas taxas de anemia em comparação aos dados de 2000, passando de 25% para 13% entre as mulheres e de 37% para 16% entre as crianças.

Dados do Observatório Global de Saúde da Organização Mundial da Saúde (OMS) indicam que 17,3% das mulheres em idade reprodutiva, entre 18 e 49 anos, são afetadas pela

anemia. O Programa Mundial de Alimentos (PMA) também aponta que famílias que vivem em situação de insegurança alimentar tendem a apresentar dietas com menor valor nutricional, tanto em quantidade quanto em qualidade, incluindo o baixo consumo de alimentos ricos em ferro, especialmente carnes e peixes. Na Geórgia, a prevalência de anemia também é considerada elevada, afetando cerca de 36% das crianças, das quais 74% apresentam anemia por deficiência de ferro. E 21% das gestantes também são afetadas, sendo 57% dos casos atribuídos à deficiência de ferro. Na Turquia, a deficiência de ferro representa aproximadamente 90% dos casos de anemia, sendo especialmente comum entre as mulheres (Pipoyan et al., 2023).

Laticínios e ovos possuem menor quantidade de ferro, porém esse mineral é mais bem absorvido do que a forma inorgânica. As carnes e as leguminosas destacam-se como importantes fontes alimentares de ferro. Ao avaliar a ingestão desse nutriente, é essencial diferenciar o ferro proveniente de tecidos animais do ferro não-heme. Embora algumas dietas apresentem teores adequados do mineral, a baixa ingestão de alimentos ricos em ferro, entre outros fatores, contribui significativamente para a ocorrência de anemia em grande parte dos países em desenvolvimento (Geissler & Singh, 2011; Kaur, 2016).

A ocorrência de anemia apresentou relação inversa com o consumo de frango e peixe seco, sugerindo que a ingestão desses alimentos pode ajudar a reduzir o risco da doença. O que mostrou que pessoas que consomem com frequência peixes, aves e vísceras, como fígado, rim e coração. A ingestão adequada dessas fontes de proteína animal contribui para atender às necessidades de ferro. Além disso, carnes, aves e peixes possuem componentes que favorecem a absorção do mineral, efeito que pode ser potencializado pelo consumo simultâneo de alimentos ricos em vitamina C (Lane et al., 2016; Lopez et al., 2016).

Com base em nossas pesquisas, observou-se o consumo de diversas carnes provenientes de mamíferos, como bovinos, suínos, ovinos e caprinos, além de carnes de aves (frango, peru), peixes e caranguejos, que foram frequentemente mencionados como importantes fontes de proteína. Esse padrão alimentar provavelmente se relaciona à ampla disponibilidade, facilidade de acesso e consumo habitual nas diferentes comunidades estudadas.

4 CONCLUSÃO

A anemia por deficiência de ferro permanece como a anemia mais prevalente no mundo e um grave problema de saúde pública. Seu aumento está associado à ingestão insuficiente de ferro, baixa biodisponibilidade dietética, mudanças nos padrões alimentares e desigualdades socioeconômicas. Mulheres em idade reprodutiva, especialmente na pré-menopausa, e populações de baixa renda são os grupos mais atingidos. O pouco conhecimento sobre causas, prevenção e fontes alimentares de ferro aumenta os casos, e a fortificação de alimentos não foi o suficiente para reduzir a doença. Os índices hematimétricos (VCM, HCM, CHCM e RDW) podem ajudar no diagnóstico precoce, e entender como a hepcidina tem associação entre inflamação crônica e anemia. As consequências das anemias incluem problemas cardiovasculares, mal desenvolvimento infantil, redução no porte físico e baixa oxigenação dos tecidos. Desta forma é necessário o enfrentamento da anemia por deficiência de ferro com educação nutricional, acesso a alimentos ricos em ferro, acompanhamento em grupos de risco, com ações conjuntas para reduzir sua prevalência e seus impactos na saúde global.

REFERÊNCIAS

AMARANTE, M. K. et al. Anemia ferropriva: uma visão atualizada. **Biosaúde**, 2016.

BARBOSA, S. O. et al. Anemias. Ciência, Universidade Estadual do Norte Fluminense, 2017.

CARDOSO, M. A.; PENTEADO, M. V. C. **Intervenções nutricionais na anemia ferropriva**. Cadernos de Saúde Pública, 1994. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/csp/>. Acesso em: 18 jun. 2025.

GEISSLER, C., SINGH, M. Ferro, Carne e Saúde. **Pubmed**. 2011. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3257743/>. Acesso em: 19 jun 25.

GROTTO, H. Z. W. Metabolismo do ferro: uma revisão sobre os principais mecanismos envolvidos em sua homeostase. **Revista Brasileira de Hematologia e Hemoterapia**, 2008. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbhh/>. Acesso em: 18 jun. 2025.

KAUR, S. **Iron deficiency anemia (IDA): a review**. International Journal of Science and Research, v. 5, p. 1999-2003, 2016.

KEETON, J. T.; DIKEMAN, M. E. Carnes “vermelhas” e “brancas” — termos que geram confusão. **Animal Frontiers**, v. 7, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.2527/af.2017.0440>. Acesso em: 18 jun. 2025.

LANE, D. J. R.; JANSSON, P. J.; RICHARDSON, D. R. Bonnie and Clyde: Vitamin C and iron are partners in crime for iron deficiency anemia and its potential role in the elderly. *Aging (Albany NY)*, v. 8, n. 5, p. 1150-1152, 2016.

LAVRIŠA, Ž. et al. Ingestão de ferro na dieta e biomarcadores do estado de ferro na população eslovena: resultados do estudo SI.Menu/Nutrihealth. **Nutrients**, 2022. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36501175/>. Acesso em: 19 jun. 2025.

LOPEZ, A. et al. Iron deficiency anaemia. **The Lancet**, v. 387, n. 10021, p. 907-916, 2016. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)60865-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(15)60865-0). Acesso em: 18 jun. 2025.

NAOUM, P. C. Anemias: classificação e diagnóstico diferencial. UNESP – **Academia de Ciência e Tecnologia de São José do Rio Preto**. Acesso em: 18 jun 2025.

PIPOYAN, D. et al. Avaliação da ingestão de ferro heme e não heme e suas fontes alimentares entre adultos na Armênia. **Nutrients**, 2023.

REINAGEL, M. Color confusion: identifying red meat and white meat. **Food & Nutrition Magazine**, jan./fev. 2013. Disponível em: <https://foodandnutrition.org/january-february-2013/color-confusion-identifying-red-meat-white-meat/>. Acesso em: 18 jun. 2025.

SOCIEDADE DE PEDIATRIA DE SÃO PAULO. Anemia ferropriva. São Paulo: SPSP, 2014.

SUN, H. et al. A redução da ingestão de ferro é acompanhada pelo aumento da anemia ferropriva e das taxas de mortalidade relacionadas na população dos EUA. **Journal of Nutritional Biochemistry**, 2021.



VARIAÇÕES ANATÔMICAS NA SÍNDROME DO TÚNEL DO CARPO: IMPLICAÇÕES CLÍNICAS PARA O DIAGNÓSTICO E TRATAMENTO

LUIZ JOSÉ DE LACERDA MARANHÃO; GABRIEL ANUNCIÇÃO MONTEIRO; MARCELO FERNANDO REZENDE NETO; RYAN KELVIN LIMA PASSOS; RUDVAN CICOTTI; DEISE MARIA FURTADO DE MENDONÇA; JOSÉ ADERVAL ARAGÃO

Introdução: A Síndrome do Túnel do Carpo (STC) é uma neuropatia compressiva do Nervo Mediano (NM), decorrente da redução de seu espaço anatômico local. É caracterizada por dor, parestesia e fraqueza funcional, impactando diretamente na atividade ocupacional e qualidade de vida dos pacientes. **Objetivo:** Compreender as variações anatômicas relacionadas a STC e suas implicações clínicas no diagnóstico e tratamento. **Métodos:** Foi realizada uma revisão integrativa na base de dados PubMed, com os seguintes descritores: “*Carpal Tunnel Syndrome*”, “*Anatomical Variations*”, “*Treatment*” e “*Symptoms and Diagnosis*”. **Resultados:** Entre os principais fatores anatômicos relacionados à STC tem-se, Nervo Mediano Bífido (NMB) e a presença da Artéria Mediana Persistente (AMP). A AMP normalmente regride no período embrionário, mas, em casos raros, mantém-se na fase adulta com seu diâmetro aumentado. Logo, a NMB proporciona o aumento do volume do nervo dentro do túnel, enquanto a AMP comprimi o nervo diretamente. Músculos anômalos como, Músculos Lumbricais e Músculo Transverso do Carpo também estão relacionados a STC. Estes músculos quando atrofiados apresentam interferência no fluxo vascular e condução nervosa, contribuindo também na redução do espaço no Túnel do Carpo. O diagnóstico da doença é realizado por meio de exames físicos (Manobra de Phalen e Sinal de Tinel) e de imagens com o uso de Eletroneuromiografia e Ultrassonografia. Em casos mais complexos, exame complementar com o uso de Ressonância Magnética ou Angiotomografia são utilizados para realizar a avaliação anatômica detalhada das estruturas envolvidas. Tratamentos farmacológicos são apenas sintomáticos, enquanto, tratamentos conservadores com seções de fisioterapias são eficazes apenas nos estágios iniciais, e, condicionados a inexistência variações anatômicas. Intervenções cirúrgicas são recomendadas como tratamento definitivo, uma vez que, corrigem diretamente as causas mecânicas da STC, eliminando a compressão do NM, e, evitando danos permanente ao seu tecido nervoso. **Conclusão:** Variações anatômicas como NMB e AMP, juntamente de músculos anômalos, são fatores determinantes para a fisiopatologia da STC. Essas diferenças estruturais afetam diretamente no diagnóstico clínico e na elaboração de tratamento, como também no planejamento da abordagem cirúrgica, esta última, fundamental para minimizar os riscos de lesão.

Palavras-chave: **ARTÉRIA MEDIANA PERSISTENTE; NERVO MEDIANO; NEUROPATIA**



ETIOPATOGENIA E DIAGNÓSTICO DA ESCLEROSE LATERAL AMIOTRÓFICA: UMA REVISÃO DAS EVIDÊNCIAS CIENTÍFICAS

CLARISSE DO NASCIMENTO; JAKELINE DO NASCIMENTO; LUCAS OTÁVIO PEREIRA
SILVA; ANA KARINE ROCHA DE MELO LEITE

Introdução: Esclerose Lateral Amiotrófica (ELA) é uma desordem neurodegenerativa devastadora, com diagnóstico desafiador. **Objetivo:** Examinar as evidências científicas disponíveis sobre a etiopatogenia e diagnóstico da ELA. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa de literatura, com questão norteadora “Quais as evidências científicas sobre a etiopatogenia e diagnóstico da ELA?”. Foram utilizados: PubMed, Medline e, palavras-chaves: “Esclerose Lateral Amiotrófica”, “Etiopatogenia” e “Diagnóstico”. Como critérios de inclusão: artigos completos em português e inglês publicados nos últimos 5 anos e, de exclusão: artigos repetidos. **Resultados:** ELA é uma doença de neurônios motores da medula espinhal, tronco cerebral e córtex motor, podendo levar a déficits cognitivos e demência. Sua etiopatogenia é multifatorial, envolvendo ambiente e genética, cujos mecanismos patogênicos são: estresse oxidativo, excitotoxicidade, disfunção mitocondrial, inflamação, resposta imune, agregação protéica e alteração no citoesqueleto. O primeiro, associado à mutação no gene SOD1, induz uma lesão mitocondrial, culminando com apoptose neuronal. A excitotoxicidade, causada pelo excesso de ativação dos receptores do tipo NMDA pelo glutamato, eleva os níveis intracelulares de cálcio e induz ativação enzimática, degradação protéica, peroxidação lipídica e morte. Já a disfunção mitocondrial acarreta na redução na produção de energia e morte celular. Na inflamação e imunidade há uma infiltração de macrófagos e linfócitos; ativação de microfilia e MHC-I e II e anticorpos antineuronal, anticanal de cálcio e antiGM1 que elevam o nível de cálcio intracelular e a citotoxicidade. A presença de agregados protéicos intracelulares, TDP-43 e FUS, bloqueiam o transporte de moléculas essenciais, danifica o transporte axonal e promove o acúmulo de proteínas tóxicas. Quanto ao diagnóstico, normalmente é tardio, devido à heterogeneidade fenotípica, ausência de biomarcadores diagnósticos confiáveis e práticos e, a necessidade de conhecimento especializado para execução de testes. Nesse contexto, os critérios de Awaji são utilizados para facilitar a detecção de ELA precocemente. A ultrassonografia muscular, quantificação de espécies de p-tau sérico, eletromiografia e neuroimagem são técnicas potencialmente utilizadas para o diagnóstico. **Considerações finais:** A ELA é uma doença impactante, cuja etiopatogênese envolve diversos fatores ambientais e genéticos, alterando o metabolismo, culminando com a morte neuronal. O diagnóstico precoce é complexo e deve ser melhor explorado.

Palavras-chave: **NEURODEGENERAÇÃO; MECANISMO PATOGÊNICO; DETECÇÃO**



ASPECTOS HISTOPATOLÓGICOS DA INFECÇÃO POR SARS-COV-2: O QUE REVELAM AS EVIDÊNCIAS CIENTÍFICAS?

RAFAEL DUARTE BEZERRA; MARIA RITA MEDEIROS DE FIGUEIRÊDO; JOAO VICTOR VASQUES MOREIRA; ANA KARINE ROCHA DE MELO LEITE

Introdução: O estudo histopatológico contribui para elucidar a fisiopatogênese da COVID-19, possibilitando diagnósticos mais precisos, tratamentos mais adequados e melhor determinação do prognóstico. **Objetivo:** Examinar as evidências científicas disponíveis sobre os principais achados histopatológicos induzidos pelo SARS-CoV-2. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa de literatura, com questão norteadora “Quais as evidências científicas sobre os achados histopatológicos induzidos pelo SARS-CoV-2?”. Foram utilizados: PubMed, Medline e Lilacs e, palavras-chaves: “Achados histopatológicos” e “COVID-19”. Como critérios de inclusão: artigos completos em português e inglês publicados nos últimos 5 anos e, de exclusão: artigos repetidos. **Resultados:** Dados mostram que o SARS-CoV-2 tem organotropismo não somente pelo trato respiratório, mas em outros órgãos: coração, cérebro, rins, intestino, fígado, dentre outros. Nesse contexto, há uma interação complexa de invasão viral, disfunção imunológica e danos teciduais. Nesse cenário, estudos revelaram alterações pulmonares: parênquima pulmonar consolidado, congestionado e sem ar; edema alveolar e dano alveolar difuso com fibrina fluida e restos de macrófagos e de células alveolares. Extravasamento sanguíneo do espaço aéreo e micro trombos também estavam presentes. No SNC, verificou-se: edema, congestão, inflamação, necrose, trombos e micro hemorragia. Já no tecido cardíaco, cardioesclerose difusa, derrame pericárdico, miocardite e isquemia do miocárdio foram freqüentes. Quanto às alterações renais, verificou-se: necrose tubular aguda, dilatação do lúmen tubular, achatamento do epitélio tubular e trombos em capilares glomerulares e, ocasionalmente, nos vasos renais. Alterações hepáticas: esteatose, localizada predominantemente nas áreas pericentrais; infiltrado linfocítico leve a moderado na área portal; necrose lítica focal, trombos e inflamação também foram visualizados. No baço: congestão, hemorragia e depleção linfóide na polpa branca foram evidenciadas. Já no intestino, verificou-se: necrose e alterações microangiopáticas com trombos, endotelite e células endoteliais apoptóticas. Dessa forma, as alterações histopatológicas evidenciadas pelo SARS-CoV-2 estão intimamente relacionadas ao efeito direto do vírus no tecido e a resposta imunológica do indivíduo. **Considerações finais:** O SARS-CoV-2 induz alterações morfofuncionais em órgãos, muitas vezes vitais, que compromete o bem estar e a vida do paciente. Nesse contexto, a caracterização histopatológica é crucial na orientação do prognóstico e no aperfeiçoamento do manejo clínico diante da COVID-19.

Palavras-chave: **SÍNDROME RESPIRATÓRIA; VÍRUS; HISTOLOGIA**



ACHADOS MACROSCÓPICOS INDUZIDOS PELA COVID-19: O QUE AS NECROPSIAS REVELAM?: UMA BREVE REVISÃO DE LITERATURA

VINICIUS RODRIGUES DINIZ; MARIA CATARINA SANDY GUEDES; CAIO VIEIRA CAJAZEIRAS; ANA KARINE ROCHA DE MELO LEITE

Introdução: A análise de necropsia de casos fatais de COVID-19 é uma ferramenta importante para compreender a fisiopatologia do SARS-CoV-2 e auxiliar no monitoramento do paciente e nas estratégias terapêuticas. **Objetivo:** Examinar as evidências científicas disponíveis sobre os principais achados macroscópicos em necropsias de pacientes que evoluíram a óbito por COVID-19. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa de literatura, com questão norteadora “Qual a evidência científica sobre os achados macroscópicos de autópsia induzidos pela COVID-19?”. Foram utilizados: PubMed, Medline e Lilacs e, palavras-chaves: “Achados patológicos”, “COVID-19” e “Autópsia”. Como critérios de inclusão: artigos completos em português e inglês publicados em 2025 e, de exclusão: artigos repetidos. **Resultados:** Dados mostram que as características macroscópicas da COVID-19 são observadas principalmente na cavidade torácica, com os achados: consolidação pulmonar, edema pulmonar, pleurisia ou pericardite. Associado a isso, o parênquima pulmonar encontra-se edematoso e firme, o que consiste com os achados clínicos comuns da síndrome. Ainda, estudos revelaram a presença de muco nas vias aéreas e pulmões pesados e edematosos, com textura relativamente firme em achado post-mortem. Nesse contexto, estudos evidenciaram que a lesão pulmonar extensa foi à principal causa de morte na maioria dos indivíduos, com redução da capacidade ventilatória, infiltração inflamatória, edema e dano alveolar difuso. Um estudo mostrou que além do comprometimento respiratório, foram encontrados: necrose tubular aguda, hepatite, miocardite e encefalite viral devido provavelmente aos tromboembolismos. Nesse contexto, relata-se que a COVID-19 afeta principalmente o sistema respiratório e renal, com trombos disseminados em múltiplos órgãos. Dados revelaram também que a endotelite pulmonar extensa e o envolvimento de múltiplos órgãos são características freqüentes na autópsia em mortes fatais associadas à COVID-19. Ainda, eventos tromboembólicos e isquêmicos e superinfecções bacterianas também ocorrem com freqüência na infecção por SARS-CoV-2, independentemente do desfecho. Dessa forma, esse vírus pode induzir uma resposta imunológica exacerbada, com liberação de citocinas pró-inflamatórias e quimiocinas que levam a inflamação generalizada e dano tecidual. **Considerações finais:** Conclui-se que a COVID-19 induz alterações macroscópicas principalmente a nível pulmonar, porém pode acometer outros órgãos vitais, levando a complicações sistêmicas que comprometem a vida do paciente.

Palavras-chave: **SÍNDROME RESPIRATÓRIA; VÍRUS; AUTÓPSIA**



O PAPEL DO LABORATÓRIO CLÍNICO NA ANÁLISE DOS ASPECTOS MORFOLÓGICOS E LABORATORIAIS DA LEUCEMIA AGUDA

ADA ROHEN DUARTE; DANIELLE DE CASTRO ALVES; LETÍCIA CÉLIA RIBEIRO;
REGILENE ROCHA DE PAIVA BRAGA FERNANDES; JESSICA DOS SANTOS ARAUJO;
JULIANA DE JESUS MOREIRA ALCANTARA

Introdução: O laboratório clínico desempenha o papel essencial no diagnóstico e acompanhamento das leucemias agudas, fornecendo informações morfológicas, citológicas e bioquímicas fundamentais para a caracterização detalhada da doença. A análise minuciosa possibilita identificar alterações que indiquem o bloqueio da maturação celular, o que é comum nesses quadros. A estreita relação entre os achados morfológicos e os testes laboratoriais possibilita diferenciar leucemias mieloides e linfoides, o que contribui para uma conduta terapêutica mais precisa e, conseqüentemente, eficiente no manejo clínico do paciente. **Objetivo:** Analisar a importância do laboratório clínico na avaliação morfológica e laboratorial das leucemias agudas, ressaltando como os exames hematológicos e complementares são essenciais para ajudar no diagnóstico, classificação e no acompanhamento da doença. **Metodologia:** Foi feita uma revisão descritiva utilizando artigos científicos e livros da área de hematologia clínica. Foram considerados estudos que descrevem as características morfológicas observadas no esfregaço sanguíneo e no mielograma, além de pesquisas que abordam o uso de exames complementares, como citometria de fluxo, imunofenotipagem e análises moleculares. Publicações entre 2019 e 2024. **Resultado:** Os estudos mostram que o laboratório clínico desempenha um papel fundamental no diagnóstico e no acompanhamento das leucemias agudas. Ao analisar o sangue e a medula óssea, é possível identificar células imaturas e suas mudanças estruturais. Exames complementares, como citometria de fluxo, imunofenotipagem e testes moleculares, ajudam a confirmar qual é o tipo e o subtipo da doença. A combinação de métodos torna o diagnóstico mais preciso, orienta a escolha do tratamento e permite acompanhar a resposta do paciente à terapia e sua evolução. Isso reforça a importância do trabalho conjunto entre os profissionais da área laboratorial e clínica. **Conclusão:** O laboratório clínico é fundamental para identificar precocemente a leucemia aguda e distinguir seus diferentes tipos. Ao observar as células no microscópio e fazer testes específicos, os profissionais conseguem ter uma visão ampla do estado do sangue do paciente. Quando o biomédico, o médico e outros profissionais da saúde trabalham juntos, o diagnóstico fica mais preciso e o acompanhamento do tratamento é melhor, o que pode melhorar as chances de recuperação e a resposta ao tratamento.

Palavras-chave: **LEUCEMIA AGUDA; HEMATOLOGIA; EXAMES HEMATOLÓGICOS**



VOZES QUE CICATRIZAM: VIVÊNCIAS DE MULHERES APÓS A MASTECTOMIA

KAYKY QUEIROZ FERNANDES; JOSÉ WANDSON SOUSA DA COSTA; PEDRO ARTHUR DE OLIVEIRA ANGELIM; PEDRO HENRIQUE DA SILVA SANTOS; CARLOS CAIO DA SILVA LIMA; ANA KARINE ROCHA DE MELO LEITE.

RESUMO

O câncer de mama, principal neoplasia que acomete mulheres no Brasil, configura-se como uma condição que transcende o domínio biomédico e afeta dimensões identitárias, emocionais e sociais. A mastectomia, embora terapêutica essencial, marca o corpo e a subjetividade, implicando rupturas simbólicas e desafiando as mulheres a reconstruírem sua autoimagem, sua feminilidade e seus vínculos. Nesse contexto, compreender o adoecimento requer um olhar ampliado sobre o cuidado, capaz de captar os sentidos e significados atribuídos pela própria mulher à sua trajetória. Inserido no projeto “Vozes que Cicatrizam”, este estudo qualitativo, de caráter exploratório-descritivo e inspiração fenomenológica, teve como objetivo compreender as vivências de mulheres mastectomizadas acompanhadas por uma instituição filantrópica do Sertão Central do Ceará, reconhecendo repercussões físicas, emocionais e sociais do processo e os elementos de humanização que emergem da experiência. Foram analisadas oito entrevistas semiestruturadas, conduzidas em ambiente privativo, com gravação, transcrição literal e aprovação ética (CEP/UECE). O corpus foi submetido à Análise de Conteúdo de Bardin. Emergiram quatro núcleos: (1) fragilidades no percurso diagnóstico-terapêutico, com demora em exames e devolutivas pouco claras; (2) toxicidades e repercussões psicossociais, evidenciando fadiga, alopecia e isolamento durante o tratamento; (3) reconstruções de autoimagem e identidade feminina, entre o luto corporal e a aceitação do novo corpo; e (4) acolhimento comunitário e espiritualidade, como fatores de proteção, pertencimento e sentido. As narrativas apontam que o itinerário do câncer de mama é atravessado por determinantes estruturais, como desigualdades de acesso e descontinuidade da rede assistencial, e por determinantes subjetivos, como fé, autoestima, apoio e escuta. Conclui-se que práticas centradas na pessoa, sustentadas por comunicação clínica efetiva, devolutiva estruturada, navegação de pacientes e integração entre oncologia e comunidade, têm efeito terapêutico mensurável, promovendo adesão, dignidade e qualidade de vida. O projeto reafirma o papel do cuidado humanizado e da escuta como instrumentos de reconstrução simbólica e emancipação feminina no enfrentamento do câncer de mama.

Palavras-chave: Câncer de mama; Humanização da assistência; Apoio psicossocial.

1 INTRODUÇÃO

O câncer de mama é a principal neoplasia que acomete mulheres no Brasil e uma das maiores causas de mortalidade feminina. As estimativas nacionais para o triênio 2023–2025 apontam cerca de 73 mil novos casos anuais, evidenciando o desafio epidemiológico e assistencial dessa patologia (INCA, 2022). Mais do que um problema clínico, o câncer de mama

mobiliza dimensões sociais, culturais e afetivas que exigem respostas interdisciplinares e integradas. Em territórios de interior, onde o acesso à rede de diagnóstico e tratamento é fragmentado, o impacto do adoecimento tende a ser agravado por desigualdades regionais e por um suporte psicossocial ainda insuficiente.

A mastectomia, embora indispensável em muitos casos, ultrapassa o âmbito cirúrgico e toca dimensões profundas da identidade feminina. O corpo que adoece passa a carregar marcas que narram perdas, resistências e reconstruções. Cada cicatriz representa, simbolicamente, uma ruptura entre o corpo biológico e o corpo vivido, onde autoestima, sexualidade e feminilidade se entrelaçam num processo de reelaboração subjetiva. Essa experiência de mutilação e de renascimento desafia a prática médica a reconhecer que o tratamento não termina com a sutura da pele, mas se prolonga na reconfiguração simbólica do sujeito e no sentido que ele atribui ao próprio corpo.

Compreender essas vivências implica adotar um olhar fenomenológico, capaz de captar o sentido do adoecimento a partir da perspectiva da própria mulher. A fenomenologia, como base epistemológica das ciências humanas em saúde, permite compreender a doença não apenas como evento biológico, mas como experiência vivida, uma travessia entre corpo, mente e mundo (Minayo, 2010). Nesse contexto, a comunicação clínica assume papel terapêutico: escutar, acolher e oferecer informação clara são atos que curam, pois restituem à paciente a posição de sujeito ativo de seu cuidado. Como afirmam Epstein e Street (2007), a comunicação centrada na pessoa é parte essencial do processo de tratamento, ao promover vínculos, reduzir ansiedade e fortalecer a autonomia no enfrentamento do câncer.

É nessa direção que emergem experiências locais de cuidado ampliado, como o Instituto Luz e Vida (ILV), situado no Sertão Central do Ceará, que articula escuta, espiritualidade e educação em saúde como práticas de reconstrução e pertencimento. Esse espaço simboliza uma forma de cuidado que devolve sentido e voz às mulheres, transformando a vulnerabilidade em potência comunitária. Assim, o presente estudo, integrante do projeto “Vozes que Cicatrizam”, busca compreender as vivências de mulheres mastectomizadas assistidas pelo ILV, identificando repercussões físicas, emocionais e sociais desse processo, com base na fenomenologia e na análise de conteúdo proposta por Bardin (2011), que reconhece na narrativa e na linguagem instrumentos legítimos de expressão e de conhecimento.

O projeto “Vozes que Cicatrizam” tem como objetivo compreender as vivências subjetivas de mulheres que realizaram mastectomia em decorrência do câncer de mama, acompanhadas por uma instituição filantrópica de apoio no município de Quixeramobim, Ceará. Busca-se identificar os impactos físicos, emocionais, sociais e simbólicos desse processo, valorizando as narrativas das participantes como fonte legítima de conhecimento sobre o adoecimento. A partir de uma abordagem fenomenológica e da análise de conteúdo proposta por Bardin (2011), o estudo pretende contribuir para o fortalecimento de práticas de cuidado mais humanizadas e centradas na pessoa, além de subsidiar intervenções formativas e comunitárias que articulem clínica, escuta e reconstrução simbólica do corpo feminino.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de estudo qualitativo, exploratório-descritivo, orientado por uma perspectiva fenomenológica para apreender sentidos e significados atribuídos por mulheres à experiência da mastectomia. Essa abordagem privilegia o vivido e o contexto, permitindo compreender a doença para além do evento biológico (Minayo, 2010). A análise dos dados seguirá a Análise de Conteúdo, por seu caráter sistemático e flexível na construção de categorias interpretativas a partir de narrativas em saúde (Bardin, 2011). O rigor metodológico será assegurado pelos critérios da investigação naturalística, com ênfase em credibilidade, dependabilidade,

confirmabilidade e transferibilidade, combinados à triangulação de pesquisadores, trilha de auditoria e atenção a casos desviantes (Lincoln; Guba, 1985).

O estudo será conduzido no Instituto Luz e Vida à Pessoa com Câncer (ILV), organização filantrópica de Quixeramobim (Sertão Central do Ceará), parceira da UECE, que oferta acolhimento, educação em saúde e apoio psicossocial. Integra o projeto “Vozes que Cicatrizam” e abrange o período de agosto de 2025 a junho de 2026; este manuscrito apresenta dados preliminares.

Participantes e critérios. Inclusão: mulheres ≥ 18 anos, submetidas à mastectomia total ou parcial com vínculo atual ou recente com o ILV. Exclusão: impossibilidade de consentir, déficit cognitivo que inviabilize a entrevista, instabilidade clínica/psíquica no dia da coleta ou recusa à gravação de áudio, em conformidade com as normas brasileiras (CNS 466/2012; 510/2016).

Amostragem. Empregar-se-á amostragem intencional (criterial) com máxima variação (tempo desde a cirurgia, reconstrução, situação ocupacional, escolaridade e terapias adjuvantes). O tamanho amostral será definido por saturação teórico-empírica, guiada pelo princípio de *information power*, privilegiando a suficiência de informação para responder aos objetivos (Malterud et al., 2016).

Recrutamento e coleta. Recrutamento por indicação da equipe do instituto Luz Vida e convite presencial ou telefônico. Coleta por entrevistas semiestruturadas individuais ($\approx 40-60$ minutos), em sala reservada, gravadas mediante TCLE, complementadas por questionário sociodemográfico/clínico e diário de campo. O roteiro aborda: decisão pela mastectomia; trajetória diagnóstica (tempos de imagem, biópsia, laudo e início terapêutico; compreensão do laudo); efeitos físicos e psicossociais; redes de apoio; experiências de humanização (escuta, comunicação, acolhimento); barreiras e facilitadores do cuidado.

Gestão e proteção de dados. Transcrição literal, pseudonimização e remoção de identificadores. Áudios e transcrições serão armazenados em diretório criptografado e de acesso restrito, em conformidade com a Lei Geral de Proteção de Dados (Lei 13.709/2018).

Análise. A Análise de Conteúdo seguirá três movimentos: pré-análise (imersão e leituras sucessivas), exploração (codificação aberta e categorização temática) e tratamento/interpretação em diálogo com o referencial e o contexto local (Bardin, 2011). Para transparência e qualidade no relato, serão adotados os itens do COREQ para estudos qualitativos com entrevistas (Tong; Sainsbury; Craig, 2007).

Rigor. Triangulação de pesquisadores (dupla codificação em subamostra e consensos), manutenção de trilha de auditoria (versões de códigos/temas e memos analíticos) e análise de casos desviantes. Havendo cinco ou mais entrevistas, será realizada devolutiva coletiva junto às participantes e ao ILV para validação pragmática.

Ética. Aprovado pelo CEP/UECE (CAAE 88206125.4.0000.5534). TCLE obtido antes da coleta, com retaguarda psicológica ofertada pelo instituto Luz e Vida quando necessário, conforme a Res. CNS 466/2012 e 510/2016.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram entrevistadas oito mulheres mastectomizadas acompanhadas por uma instituição filantrópica do Sertão Central do Ceará. A análise de conteúdo (Bardin) identificou quatro eixos articulados: (i) tempos diagnósticos e comunicação clínica; (ii) toxicidades e repercussões psicossociais; (iii) autoimagem, identidade e relações; (iv) acolhimento comunitário e navegação do cuidado. A seguir, apresentamos sínteses enxutas com recortes de falas (Entrevistada 1–8) e pontes teóricas para a Patologia Humana.



Figura 1. Encontro no Instituto Luz e Vida (ILV), em Quixeramobim-CE, reunindo mulheres assistidas e equipe do projeto “Vozes que Cicatrizam”, fortalecendo vínculos e acolhimento.

a) Linha diagnóstica/patológica: tempos, acesso e consentimento

Relatos convergiram para descontinuidades entre suspeita clínica, exames de imagem, biópsia e devolutiva do laudo, com negativa ou adiamento de exames, procedimentos antes da confirmação histopatológica e consentimento frágil para a extensão cirúrgica. Isso alonga o intervalo diagnóstico e posterga a decisão terapêutica, ponto já descrito pela Organização Mundial da Saúde ao recomendar comunicação oportuna dos resultados e encaminhamento célere após confirmação (OMS, 2017).

Falas(recortes):

“Diziam que era ansiedade, quando cheguei em Fortaleza já tinha perdido o mamilo.”

(Entrevistada 1)

“Fizeram o dreno antes da biópsia, depois disseram que já estava avançado.” (Entrevistada 7)

“Fui ao centro cirúrgico sem entender que seria mastectomia total.” (Entrevistada 8)

Implicações (Patologia Humana): pactuar prazos-alvo para biópsia e laudo; padronizar devolutiva estruturada (diagnóstico, estadiamento quando disponível e próximos passos); instituir navegação de pacientes para reduzir barreiras e tempo até o tratamento (Freeman; Paskett, 2011).

b) Toxicidades e repercussões psicossociais.

Quimioterapia e radioterapia foram vividas como as fases mais desgastantes, com fadiga, náuseas, dor e toxicidade cutânea; a alopecia apareceu como marcador público de doença e

gatilho de estigma. Depoimentos indicaram ansiedade e depressão, além de isolamento nas semanas consideradas “ruins” dos ciclos.

Falas(recortes):

“A radioterapia queimou minha pele, doía até pra vestir roupa.” (Entrevistada 3) “Na quimio eu tinha uma semana boa e duas muito ruins.” (Entrevistada 6)

“A queda do cabelo me doeu mais do que perder a mama.” (Entrevistada 2)

Leitura teórica: a comunicação empática e o apoio psicossocial contínuo são essenciais durante o tratamento, reduzindo ansiedade e promovendo adesão (Epstein; Street, 2007).

c) Autoimagem, identidade e vínculos.

Houve heterogeneidade entre luto corporal e ressignificação. Para algumas, predominou o evitamento do espelho e da intimidade; para outras, a centralidade do “estar viva” trouxe aceitação progressiva. A literatura aponta que a imagem corporal após o câncer de mama envolve fatores intrapessoais e relacionais; instrumentos como a *Body Image Scale* e estudos sobre sexualidade sustentam a relevância clínica do tema (Hopwood et al., 2001; Fobair et al., 2006).

Falas(recortes):

“Passei um ano sem me olhar no espelho, minha vaidade acabou.” (Entrevistada 7). “Tremi e chorei quando vi, hoje agradeço a Deus por estar viva.” (Entrevistada 1).

“Não deixava meu marido me ver, mesmo ele dizendo que não ligava.” (Entrevistada 6).

Implicações: trilhas complementares — reconstrução mamária quando desejada; aconselhamento sobre imagem corporal e sexualidade; grupos terapêuticos para validar o luto corporal e favorecer reintegração social.

d) Acolhimento comunitário, espiritualidade e adesão

O acolhimento oferecido pela instituição foi citado como ponto de virada, combinando escuta, orientação clara e apoio material. Em contrapartida, respostas ríspidas foram lembradas como microviolências que ampliam o sofrimento. A espiritualidade surgiu como recurso transversal de enfrentamento e sentido, coerente com evidências de associação com bem-estar mental e qualidade de vida em oncologia (Koenig, 2012; Panzini et al., 2011).

Falas(recortes):

“Depois da cirurgia, não queria sair de casa. No Instituto, aprendi a conversar de novo.” (Entrevistada 2)

“Lá encontrei gente que me entende, sem olhar com pena.” (Entrevistada 8) Síntese para a Patologia Humana:

Os quatro eixos convergem para a comunicação como mediadora entre o resultado anatomopatológico e a experiência vivida: ela ordena tempos diagnósticos, dá sentido à toxicidade, modula a autoimagem e sustenta redes. Para serviços interioranos, recomenda-se fluxos pactuados para imagem, biópsia e laudo com devolutiva estruturada; navegação de pacientes; seguimento híbrido sincronizado aos ciclos; suporte psicossocial e espiritual longitudinal. Em suma, diagnosticar também é educar: o laudo torna-se instrumento de vínculo, esclarecimento e decisão compartilhada (OMS, 2017; Freeman; Paskett, 2011; Epstein; Street, 2007).

4 CONCLUSÃO

As narrativas das oito mulheres mostraram que o itinerário do câncer de mama, do primeiro sintoma ao pós-mastectomia, é atravessado por tempos diagnósticos irregulares, toxicidades clínicas com forte impacto psicossocial, reconfigurações da autoimagem e da relacionalidade e, de forma decisiva, pelo acolhimento comunitário. À luz da teoria, esses

achados reforçam que a comunicação clínica centrada na pessoa cumpre funções terapêuticas, como o vínculo, o manejo emocional, a redução da incerteza e o estímulo ao autocuidado, devendo estruturar a devolutiva anatomopatológica como um ato educativo e não apenas informativo (Epstein; Street, 2007). Instrumentos consolidados, como o protocolo SPIKES, oferecem roteiros práticos para comunicar o laudo, discutir condutas e alinhar expectativas de tratamento com linguagem acessível e empática.

Em territórios interioranos, reduzir o tempo até biópsia, laudo e início terapêutico é um imperativo de qualidade e equidade. A Organização Mundial da Saúde (OMS, 2017) recomenda políticas de diagnóstico precoce com foco na remoção de barreiras e na comunicação rápida dos resultados, enquanto a Navegação de Pacientes (Freeman; Paskett, 2011) complementa essa diretriz ao coordenar fluxos, mitigar barreiras logísticas e encurtar o caminho entre suspeita, confirmação e tratamento. Esses referenciais sustentam as recomendações deste estudo para a implementação de prazos-alvo, devolutiva estruturada e navegação ativa na linha do cuidado da mama.

Os dados também reforçam a necessidade de integrar o cuidado psicossocial ao plano terapêutico. A escuta qualificada e a triagem de sofrimento devem compor rotinas de acompanhamento para que ansiedade, depressão e estigma sejam tratados com a mesma sistematicidade que dor, náusea e fadiga. A espiritualidade, frequentemente mencionada pelas participantes, mostrou-se fator de enfrentamento e bem-estar, em consonância com evidências de sua associação positiva à qualidade de vida (Koenig, 2012; Panzini et al., 2011).

Quanto à autoimagem, à sexualidade e às relações, as falas revelam trajetórias plurais, do luto corporal à resignificação. A literatura confirma que instrumentos como a *Body Image Scale* e estudos sobre sexualidade pós-câncer (Hopwood et al., 2001; Fobair et al., 2006) fundamentam a importância de trilhas complementares, como reconstrução mamária quando elegível e desejada, aconselhamento em imagem corporal e grupos terapêuticos, compondo a reabilitação oncológica e a reintegração social.

Por fim, transformar recomendações em rotina requer métricas de implementação que permitam monitorar a efetividade das ações propostas. Indicadores como tempo até biópsia, devolutiva do laudo e resposta psicossocial podem avaliar se as mudanças realmente alcançam o ponto de cuidado e reduzem o sofrimento.

No campo da Patologia Humana, diagnosticar também é cuidar. Quando o laudo é devolvido com escuta, clareza e pactuação de próximos passos, apoiado por navegação, rastreamento de sofrimento e atenção à espiritualidade e ao corpo vivido, a precisão técnica do exame tecidual se converte em esperança operacionalizável, com menos atraso, maior adesão e melhor qualidade de vida.

REFERÊNCIAS

BARDIN, L. **Análise de conteúdo**. Lisboa: Edições 70, 2011.

BRASIL. **Lei nº 13.709, de 14 de agosto de 2018**. Lei Geral de Proteção de Dados Pessoais (LGPD). Brasília, 2018. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2015-2018/2018/lei/113709.htm. Acesso em: 4 out. 2025.

BRASIL. Conselho Nacional de Saúde. **Resolução nº 466, de 12 de dezembro de 2012**. Diretrizes e normas para pesquisas envolvendo seres humanos. Brasília, 2012. Disponível em: <https://www.gov.br/conselho-nacional-de-saude/pt-br/atos-normativos/resolucoes/2012/resolucao-no-466.pdf/view>. Acesso em: 4 out. 2025.

BRASIL. Conselho Nacional de Saúde. **Resolução nº 510, de 7 de abril de 2016**. Normas

aplicáveis a pesquisas em Ciências Humanas e Sociais. Brasília, 2016. Disponível em: <https://www.gov.br/conselho-nacional-de-saude/pt-br/atos-normativos/resolucoes/2016/resolucao-no-510.pdf/view>. Acesso em: 4 out. 2025.

EPSTEIN, R. M.; STREET, R. L. Patient-Centered Communication in Cancer Care: Promoting Healing and Reducing Suffering. Bethesda: National Cancer Institute, 2007.
FOBAIR, P. et al. Body image and sexual problems in young women with breast cancer. **Psycho-Oncology**, v. 15, n. 7, p. 579–594, 2006.

FREEMAN, H. P.; PASKETT, E. D. Patient navigation and its role in cancer care. **CA: A Cancer Journal for Clinicians**, v. 61, n. 4, p. 237–249, 2011.

HOPWOOD, P. et al. A body image scale for use with cancer patients. **European Journal of Cancer**, v. 37, n. 2, p. 189–197, 2001.

INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER JOSÉ ALENCAR GOMES DA SILVA (INCA). **Estimativa 2023: incidência de câncer no Brasil**. Rio de Janeiro: INCA, 2022. Disponível em: <https://www.inca.gov.br>. Acesso em: 4 out. 2025.

KOENIG, H. G. Religion, spirituality, and health: the research and clinical implications. **ISRN Psychiatry**, 2012. <https://doi.org/10.5402/2012/278730>.

LINCOLN, Y. S.; GUBA, E. G. *Naturalistic inquiry*. Beverly Hills: SAGE, 1985.
MALTERUD, K.; SIERSMA, V. D.; GUASSORA, A. D. Sample size in qualitative interview studies: guided by information power. **Qualitative Health Research**, v. 26, n. 13, p. 1753–1760, 2016.

MINAYO, M. C. de S. **O desafio do conhecimento: pesquisa qualitativa em saúde**. 12. ed. São Paulo: Hucitec, 2010.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE (OMS). *Guide to cancer early diagnosis*. Genebra: WHO, 2017. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/guide-to-cancer-early-diagnosis>. Acesso em: 4 out. 2025.

PANZINI, R. G. et al. Brazilian validation of the WHOQOL-SRPB. *Revista de Saúde Pública*, v. 45, n. 1, p. 153–165, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0034-89102011000100018>.
TONG, A.; SAINSBURY, P.; CRAIG, J. Consolidated criteria for reporting qualitative research (COREQ): a 32-item checklist for interviews and focus groups. **International Journal for Quality in Health Care**, v. 19, n. 6, p. 349–357, 2007.



CARDITE NA FEBRE REUMÁTICA: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

MONIQUE MILHORANÇA MARCIANO; LUANA MARIQUITO DO AMARAL E SILVA;
ISADORA BOTIGELLI CAPUCI

Introdução: A Febre Reumática (FR) é uma doença inflamatória sistêmica causada por infecção estreptocócica mal tratada, afetando especialmente crianças e jovens em condições socioeconômicas desfavoráveis. Sua principal complicação é a cardite, que pode levar a sequelas valvares permanentes. **Objetivo:** Compreender a prevalência da cardiopatia reumática crônica (CRC) entre os sexos, por meio da análise de dados clínicos e epidemiológicos. **Material e Métodos:** Trata-se de uma revisão sistemática da literatura. Esse estudo foi conduzido de acordo com as recomendações do PRISMA. Foram selecionados estudos publicados entre 2012 e 2022, nas bases PubMed, BVS e EMBASE. A seleção seguiu o modelo PICO, considerando pacientes com cardite reumática, homens e mulheres, comparação entre os sexos e a prevalência da condição. Três revisores independentes realizaram a triagem e a extração dos dados. **Resultados:** Foram incluídos quatro estudos nacionais. Três deles apontaram maior prevalência de cardite em pacientes do sexo feminino. Um estudo apresentou predominância masculina em apenas um dos anos analisados. Os estudos utilizaram diferentes delineamentos metodológicos, incluindo estudos transversais, retrospectivos e seccionais. A predominância da cardite em mulheres ainda carece de explicações científicas conclusivas. A literatura é escassa e os achados são limitados por falta de dados atualizados. Observou-se maior prevalência nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, associada a condições socioeconômicas precárias e menor acesso à saúde. Tais fatores destacam a necessidade de políticas públicas de prevenção e diagnóstico precoce. **Conclusão:** A CRC afeta predominantemente mulheres, embora não haja consenso sobre os fatores envolvidos. Reforça-se a urgência de mais pesquisas e de ações preventivas voltadas às populações mais vulneráveis.

Palavras-chave: **FEBRE REUMÁTICA; CARDITE; PREVALÊNCIA**



PREVALÊNCIA DA MENINGITE NAS REGIÕES BRASILEIRAS: ESTUDO ECOLÓGICO DE 2010-2024

JOSÉ ABÍLIO PEREIRA DE VASCONCELOS; RONILDO JORGE DE PAULA JÚNIOR;
ISADORA SIGARINI DE MORAES

Introdução : A meningite é desencadeada por um processo inflamatório das camadas de tecido que envolvem o cérebro, denominadas meninges, e é causada por diversos fatores como infecções virais, fúngicas e bacterianas, destacando-se *Streptococcus pneumoniae*. Pode apresentar várias manifestações clínicas, como mialgia, vômitos, febre, taquicardia, hipotensão e petéquias. No Brasil, entre 2010 e 2024, registrou mais de 233 mil casos dessa doença. **Objetivo**: Analisar a prevalência da meningite bacteriana nas regiões brasileiras no período de 2010 a 2024. **Metodologia**: Estudo ecológico, retrospectivo e qualitativo, realizado mediante coleta de dados no SISAN (Sistema de Informação de Agravos e Notificação), vinculado ao DATASUS, referente à prevalência da meningite bacteriana, utilizando as variáveis: regiões, etiologia, sexo, raça/cor, faixa etária, escolaridade e zona residencial. Resultados: As regiões brasileiras somam 231.375 casos. A maior prevalência foi no Sudeste com 124.394, seguido da região Sul com 47.117. A menor taxa está no Norte com 10.215. Dos casos, 136.405 foram do sexo masculino, 94.934 do feminino e 36 não identificados. A faixa etária mais acometida foi de 20 a 39 anos com 44.907 casos, predominando no Sudeste com 21.143, seguido do Sul com 8.848. A menor faixa foi de 65 a 69 anos, com 4.505 notificações, sendo 127 no Norte. Autodeclararam-se brancas 105.283 pessoas, pardas 70.993 e pretas 9.535. A etiologia mais frequente foi *Haemophilus influenzae* com 103.549 casos, e estreptovírus com 1.805. Quanto à escolaridade, o grupo mais acometido foi do quinto ao oitavo ano do Ensino Fundamental com 15.112 e da primeira à quarta série incompletos com 12.490. A zona urbana apresentou 90.981 notificações, a periurbana 501, destacando-se o Sudeste com 238 confirmados. **Conclusão**: A meningite bacteriana apresentou maior prevalência na região Sudeste, predominando na faixa etária de 20 a 39 anos e no sexo masculino. A etiologia mais frequente foi *Haemophilus influenzae*, com maior incidência em áreas urbanas. Os dados reforçam a importância do monitoramento epidemiológico e das estratégias de prevenção e controle, especialmente nas regiões mais afetadas

Palavras-chave: **MENINGITE; EPIDEMIOLOGIA; REGIÕES BRASILEIRAS**



TRANSTORNO DE PERSONALIDADE BORDERLINE E RELAÇÃO COM FATORES PATOLÓGICOS EM JOVENS

NICOLY CARDOSO XAVIER DE OLIVEIRA; CLAYTON P S DE LIMA

Introdução: O Transtorno de Personalidade Borderline (TPB) é uma condição psiquiátrica marcada por instabilidade emocional, impulsividade e dificuldades nos relacionamentos interpessoais. Em jovens, essa condição pode ser desafiadora devido ao desenvolvimento cerebral e emocional ainda em curso. Este relato examina uma jovem de 19 anos com TPB, que apresenta instabilidade emocional, automutilação, abuso de nicotina e bulimia nervosa. **Objetivo:** Explorar a relação patológica cerebral em jovens com TPB e discutir a eficácia da Terapia Dialética Comportamental (TDC) e medicação. **Relato de Caso/Experiência:** A jovem apresentou um quadro clínico complexo, diagnosticada com TPB. Seus sintomas incluíam instabilidade emocional, automutilação, abuso de nicotina e bulimia nervosa. Episódios frequentes de raiva, depressão e comportamentos autodestrutivos impactavam sua vida e relacionamentos. Estudos indicam que indivíduos com TPB apresentam alterações em áreas do cérebro responsáveis pelo controle emocional e comportamental, como a amígdala (mais hiperativa), o hipocampo (hiperexcitado) e o córtex pré-frontal (disfuncional). A paciente foi tratada com TDC e medicação. A TDC, desenvolvida por Marsha Linehan, ajuda pacientes a desenvolverem habilidades para lidar com emoções intensas. A paciente participou de sessões focadas em mindfulness, tolerância à angústia, regulação emocional e eficácia interpessoal. Além disso, recebeu medicação para depressão, ansiedade, abuso de nicotina e bulimia nervosa. O apoio familiar foi crucial para o progresso dela. Este caso evidencia a complexidade do TPB e a importância de intervenções terapêuticas abrangentes. A TDC demonstrou ser eficaz para ajudar a paciente a desenvolver habilidades essenciais para a regulação emocional. As alterações cerebrais observadas, como a hiperatividade da amígdala e disfunção do hipocampo e córtex pré-frontal, explicam a intensidade dos sintomas. A combinação da TDC com medicação mostrou-se crucial para um tratamento holístico e eficaz, destacando a necessidade de um suporte robusto. **Conclusão:** O TPB em jovens requer um diagnóstico precoce e um tratamento abrangente que inclua terapia, medicação e suporte social. Com o tratamento adequado, é possível melhorar a qualidade de vida e promover um desenvolvimento emocional mais saudável.

Palavras-chave: **TRANSTORNO DE PERSONALIDADE BORDERLINE (TPB); TERAPIA DIALÉTICA COMPORTAMENTAL; INSTABILIDADE EMOCIONAL**



ANALISE DO PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DOS PACIENTES COM SÍFILIS NO MUNICÍPIO DE PETROLINA- PE, ESTUDO ECOLÓGICO DE 2010 A 2024

JOSÉ ABÍLIO PEREIRA DE VASCONCELOS

Introdução: A sífilis é uma Infecção Sexualmente Transmissível (IST) curável e exclusiva do ser humano, causada pela bactéria *Treponema pallidum*. Pode apresentar várias manifestações clínicas e diferentes estágios (sífilis primária, secundária, latente e terciária), sendo muitas vezes assintomática nos estágios iniciais da doença. Além disso, pode evoluir para o aparecimento de feridas no local de entrada da bactéria, febre, mal-estar, dor de cabeça e ínguas pelo corpo. **Objetivo:** Analisar o perfil epidemiológico da Sífilis adquirida no município de Petrolina-PE, no período de 2010 a 2024. **Metodologia:** Trata-se de um estudo ecológico, retrospectivo e qualitativo, realizado mediante coleta de dados no SISAN (Sistema de Informação de Agravos e Notificação), vinculado ao , referente a prevalência da Sífilis Adquirida no município de Petrolina PE, no período em estudo, utilizando as seguintes variáveis: "ano de notificação", "escolaridade" , "sexo", "raça/cor", "faixa etária". **Resultados:** O município em comento registrou 1.186 notificações de 2010 a 2024. A maior prevalência foi no ano de 2021 com 226 diagnósticos, seguido do ano de 2023 com 208 casos. Em contrapartida, a menor taxa de infecção, foi registrada em 2014 com apenas 01 caso. Dos 1.186 diagnósticos registrados no período de estudo, 807 foram do sexo masculino e 379 do sexo feminino. A faixa etária mais acometida foi de 20 a 39 anos com 794 casos, seguida de 40 a 59 anos com 215 casos. Sendo que 1.060 se autodeclararam pardos e 52 brancos. O grau de escolaridade mais acometidos foram o Ensino Médio completo com 424 notificações e a 5 a 8 série do Ensino Fundamental com 160 casos. **Conclusão:** O presente estudo evidenciou que a Sífilis adquirida ainda representa um importante desafio de saúde pública no município de Petrolina- PE, especialmente entre indivíduos do sexo masculino, com maior incidência na faixa etária de 20 a 39 anos. A maior concentração de casos em pessoas autodeclaradas pardas e com níveis variados de escolaridade reforça a necessidade de políticas públicas mais inclusivas e direcionadas as populações vulneráveis.

Palavras-chave: **TREPONEMA PALLIDUM.; SAÚ PÚBLICA; INFECTOLOGIA**



RELAÇÃO ENTRE DISBIOSE INTESTINAL E O DESENVOLVIMENTO DE PATOLOGIAS CRÔNICAS

LUISA FREDERICO MAKITA

Introdução: O intestino humano abriga uma complexa e dinâmica comunidade de microrganismos, chamada microbiota. A microbiota intestinal é essencial na manutenção da homeostase e na promoção da saúde, pois atua em diversas funções fisiológicas, incluindo a digestão de nutrientes, a modulação do sistema imunológico e a proteção contra patógenos. As alterações no equilíbrio dessa comunidade são conhecidas como disbiose e podem ser ocasionadas por fatores como o uso indiscriminado de antibióticos, dietas inadequadas, estresse, infecções e hábitos de vida inadequados. A disbiose pode comprometer a integridade da barreira intestinal e promover respostas inflamatórias sistêmicas, contribuindo para o desenvolvimento de patologias crônicas como diabetes, doenças autoimunes e doenças cardiovasculares. **Objetivo:** Analisar os impactos da disbiose intestinal no desenvolvimento de patologias crônicas, destacando as principais evidências científicas que sustentam essa relação. **Metodologia:** Revisão narrativa da literatura baseada em artigos científicos publicados entre 2021 e 2025, selecionados nas bases de dados PubMed, Scielo e ScienceDirect. **Resultados:** A composição da microbiota intestinal influencia diretamente o metabolismo da glicose e a resposta à insulina, desta forma a disbiose pode desregular esses processos, contribuindo para o descontrole glicêmico ocasionando o diabetes. Modificações na composição da microbiota intestinal podem resultar em alterações em suas vias metabólicas e facilitar a translocação de bactérias, seus fragmentos e produtos na corrente sanguínea, aumentando o ambiente pró-inflamatório, produzindo perturbações metabólicas que podem desencadear distúrbios cardiovasculares como aterosclerose, hipertensão, insuficiência cardíaca. A disbiose também pode favorecer o surgimento de doenças autoimunes por meio de diferentes processos: a modificação da microbiota pode levar à ruptura da barreira intestinal, facilitando a entrada de toxinas ou antígenos na circulação sanguínea e desencadeando respostas imunológicas inadequadas. **Conclusão:** A disbiose intestinal exerce papel significativo no desenvolvimento de múltiplas patologias, pois interfere diretamente nas funções metabólicas, imunológicas e inflamatórias do organismo. Assim, compreender os mecanismos pelos quais o desequilíbrio da microbiota intestinal contribui para essas doenças é essencial para o avanço de estratégias terapêuticas e preventivas que visem a restauração e a manutenção da saúde intestinal, portanto manter uma microbiota intestinal saudável e diversificada é fundamental para o equilíbrio da saúde humana.

Palavras-chave: **DISBIOSE; DOENÇAS CRÔNICAS; MICROBIOTA INTESTINAL**



A INFLUÊNCIA DA MICROBIOTA INTESTINAL NA FISIOPATOLOGIA DE TRANSTORNOS NEUROLÓGICOS EM CRIANÇAS E ADOLESCENTES

MARIA EMILIA BATISTA ROQUE; GEOVANNA SOBRINHO DE ALMEIDA; BRUNO REIS MOREIRA NACANO

RESUMO

A microbiota intestinal tem papel fundamental no desenvolvimento neurológico e atua por meio do eixo intestino-cérebro que cria uma comunicação entre o sistema gastrointestinal e o sistema nervoso por sinais neurais, metabólicos, hormonais e imunológicos. Durante a infância e adolescência, fases de intensa atividade cerebral, alterações na composição microbiana — conhecidas como disbiose — podem contribuir para a fisiopatologia de diversos transtornos neurológicos. Este trabalho revisou a literatura recente (2020-2025) usando as bases Scielo e PubMed, com 10 artigos selecionados após critérios de exclusão. Os achados mostram padrões que condizem com disbiose, como redução de *Bifidobacterium* e aumento de *Clostridium* e *Bacteroides* em crianças com TEA, alterações metabólicas associadas a sintomas comportamentais e influência da microbiota precoce no risco de TDAH. Em epilepsia, foi visto que dietas cetogênicas podem modular a flora intestinal, mostrando um impacto na resposta terapêutica. Mesmo que os resultados sejam promissores, ainda há limitações metodológicas. Conclui-se que entender a ligação entre a microbiota e o neurodesenvolvimento pode não só esclarecer mecanismos fisiopatológicos, como auxiliar na identificação de biomarcadores laboratoriais e na criação de estratégias diagnósticas e terapêuticas aplicáveis em análises clínicas.

Palavras-chave: Análises Clínicas; Eixo intestino-cérebro; Microbioma; Disbiose.

1 INTRODUÇÃO

A microbiota intestinal, composta por trilhões de microrganismos que colonizam o trato gastrointestinal, tem um papel crucial na manutenção da homeostase imunológica, metabólica e neurológica. Na verdade, o conceito de eixo intestino-cérebro tem sido reconhecido nas últimas décadas e descreve a comunicação bidirecional entre o sistema nervoso central e o ambiente intestinal através de vias neurais, endócrinas, imunes e metabólicas. Durante a infância e adolescência, a relação intestino-cérebro é ganha destaque, pois devido a intensa

plasticidade cerebral, alterações ambientais ou microbianas podem afetar diretamente o neurodesenvolvimento. (DARGENIO et al., 2024; RONAN et al., 2024).

Além disso, estudos recentes indicam que a disbiose, caracterizada por desequilíbrio na composição da microbiota, desempenha papel relevante em transtornos neurológicos pediátricos, incluindo TEA, TDAH, epilepsia e distúrbios de humor. Metabólitos microbianos, como ácidos graxos de cadeia curta, modulam processos inflamatórios, a barreira hematoencefálica e a síntese de neurotransmissores, influenciando o comportamento cognitivo e emocional. Além disso, crianças com esses transtornos apresentam frequentemente sintomas gastrointestinais e padrões alimentares diferentes, reforçando a hipótese de uma relação direta entre microbiota intestinal e saúde neurológica (GANDHI et al., 2024; MAGAGNIN et al., 2025).

Diante da crescente prevalência desses transtornos, compreender os mecanismos que envolvem o eixo microbiota-intestino-cérebro é essencial. A literatura sugere que a microbiota pode ser um alvo para intervenções nutricionais, probióticas e farmacológicas, com potencial impacto na saúde mental e cognitiva de crianças e adolescentes (DARGENIO et al., 2024; RONAN et al., 2024).

Assim, o objetivo geral deste trabalho é realizar uma revisão bibliográfica à luz das evidências científicas mais recentes, sobre a influência da microbiota intestinal na fisiopatologia de transtornos neurológicos em crianças e adolescentes, enfatizando perspectivas laboratoriais que sejam aplicáveis em análises clínicas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizada uma pesquisa nas bases de dados Scielo e PubMed, utilizando usando os descritores: Análises Clínicas; Eixo intestino-cérebro; Microbioma; Disbiose; Neurodesenvolvimento; Transtorno do espectro autista (TEA). Foram incluídos artigos publicados entre 2020 e 2025, em português e inglês, e excluídos trabalhos fora desse período ou sem relevância para o trabalho.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Autor (ano)	Título Original/ [Tradução Livre]	Objetivo	Metodologia	Conclusão/ Resultado
Iglesias-Vázquez L, Van Ginkel Riba G, Arija V, Canals J 2020	Composition of gut microbiota in children with autism spectrum disorder: a systematic review and meta-analysis [Composição da microbiota intestinal em crianças com TEA: revisão sistemática e meta-análise]	Revisar evidências sobre a composição da microbiota em crianças com TEA	Revisão sistemática e meta-análise	Identificou padrão consistente de disbiose: redução de Bifidobacterium e aumento de Clostridium e Bacteroides
Cassidy-Bushrow AE, Sitarik AR, Johnson CC, Johnson-Hooper TM, Kassem Z, Levin AM, et al., 2022	Early-life gut microbiota and attention deficit hyperactivity disorder in preadolescents [Microbiota intestinal precoce e TDAH em pré-adolescentes]	Investigar associação entre microbiota precoce e TDAH	Estudo longitudinal com 314 crianças, análise do RNA 16S	Associação entre composição bacteriana precoce e desenvolvimento de TDAH aos 10 anos

Bundgaard -Nielsen C, Lauritsen MB, Knudsen JK, Rold LS, Larsen MH, Hindersson P, et al, 2023	Children and adolescents with ADHD and ASD share distinct microbiota compositions [Crianças e adolescentes com TDAH e TEA compartilham composições de microbiota]	Analisar microbiota em crianças com TDAH e TEA	Sequenciamento 16S rRNA, análise de diversidade alfa/beta, proteínas inflamatórias	Disbiose semelhante em TDAH e TEA; aumento de LBP e interleucinas inflamatórias
Gong X, Cai Q, Liu X, An D, Zhou D, Luo R et al, 2021	Gut flora and metabolism are altered in epilepsy and partially restored after ketogenic diets [Flora intestinal e metabolismo alterados na epilepsia e parcialmente restaurados após dieta cetogênica]	Investigar alterações na microbiota em epilepsia e efeito da dieta cetogênica	Estudo observacional, análise de microbiota e metabólômica	Microbiota alterada em epilepsia, parcialmente restaurada após dieta cetogênica
He X, Zhang Y, 2024	Changes in gut flora in patients with epilepsy [Alterações na flora intestinal em pacientes com epilepsia]	Meta- análise das alterações microbianas em epilepsia	Revisão sistemática e meta-análise	Alterações significativas na microbiota intestinal, possivelmente influenciando a fisiopatologia
Han D, Zhang Y, Liu W, Wan R, Hu J, Pan F, et al, 2025	Disruption of gut microbiome and metabolome in treatment-naïve children with ADHD [Disrupção da microbiota e metaboloma em crianças]	Investigar microbiota e metaboloma em crianças com TDAH não tratadas	Estudo transversal, análise de fezes e urina, espectrometria de massas	Perfis metabólicos específicos em TDAH; microbiota pode influenciar sintomas
Gandhi DN, Pande DN, Harikrishna A, Advilkar A, Basavan I, Ansari R, 2024	Beyond the Brain: ADHD and the Gut- Brain Axis [Além do cérebro: TDAH e eixo intestino- cérebro]	Explorar interação microbiota- cérebro no TDAH	Revisão de estudos	Microbiota influencia atividade cerebral; possível alvo terapêutico
Han D, Zhang Y, Liu W, Wan R, Hu J, Pan F, et al, 2025	Disruption of gut microbiome and metabolome in treatment-naïve children with ADHD [Disrupção da microbiota e metaboloma em crianças]	Investigar microbiota e metaboloma em crianças com TDAH não tratadas	Estudo transversal, análise de fezes e urina, espectrometria de massas	Perfis metabólicos específicos em TDAH; microbiota pode influenciar sintomas
Gandhi DN, Pande DN, Harikrishna A, Advilkar A, Basavan I, Ansari R, 2024	Beyond the Brain: ADHD and the Gut- Brain Axis [Além do cérebro: TDAH e eixo intestino- cérebro]	Explorar interação microbiota- cérebro no TDAH	Revisão de estudos	Microbiota influencia atividade cerebral; possível alvo terapêutico

Dargenio, L. M.; Rocha, A.; Lima, P.; Ferreira, V.; Souza, R.; Alves, F.; et al. 2024	Altered Gut Microbiota and Autism Spectrum Disorders: A Systematic Review [Microbiota intestinal alterada e TEA: revisão sistemática]	Analisar correlação entre disbiose intestinal e TEA	Revisão de estudos publicados 2008-2024	Alterações microbianas podem influenciar o desenvolvimento do TEA; intervenções terapêuticas são relevantes
Ronan, P.; Lima, C.; Souza, F.; Alves, R.; Martins, L.; Oliveira, D.; et al., 2024	Gut microbiome relevance in pediatric pathologies [Microbioma e sua relevância em patologias pediátricas]	Investigar papel do microbioma em patologias pediátricas, incluindo transtornos neurológicos	Revisão sistemática da literatura	Equilíbrio da microbiota é crucial para desenvolvimento saudável do sistema nervoso
Magagnin, T.; Silva, J.; Oliveira, R.; Santos, L.; Pereira, M.; Costa, F.; et al.	Nutritional status and autism spectrum disorder in children and adolescents [Estado nutricional em crianças e adolescentes com TEA]	Avaliar aspectos alimentares e nutricionais em crianças com TEA	Estudo observacional	Intervenções nutricionais podem melhorar comportamentos e aspectos cognitivos

Os trabalhos analisados indicam que a microbiota intestinal tem influência importante no desenvolvimento de transtornos neurológicos, mas os resultados ainda limitados. No TEA, por exemplo, padrões de disbiose são consistentes. Mas, não está claro se as alterações bacterianas são causa, consequência ou apenas um fator de agravamento da condição. Perfis bacterianos feitos com amostras fecais podem no futuro atuar como biomarcadores laboratoriais para diagnóstico e monitoramento clínico.

No TDAH, alguns autores descrevem perfis bacterianos específicos, mas as variações entre amostras e métodos de análise dificultam a comparação direta dos achados. Essa dificuldade metodológica mostra que, antes de pensar em aplicações clínicas, é necessário construir bases mais sólidas de conhecimento como a integração de análises de microbioma e metabolômica (fezes, urina e plasma) pode ser útil nas análises clínicas, mas precisa de validação em outros estudos maiores.

A situação é um pouco diferente na epilepsia. As dietas cetogênicas, já reconhecidas pelo efeito clínico, parecem também atuar sobre a microbiota, favorecendo o equilíbrio bacteriano. Isso aproxima a pesquisa de aplicações práticas, pois a monitorização laboratorial da microbiota e de metabólitos pode auxiliar no acompanhamento clínico.

De modo geral, os resultados apontam para um caminho promissor, posicionando a microbiota como possível alvo de estratégias diagnósticas e terapêuticas. Ferramentas laboratoriais, como sequenciamento de 16S rRNA, metabolômica e análise de marcadores inflamatórios, mostram-se relevantes, embora as limitações atuais — como amostras pequenas, heterogeneidade metodológica e ausência de protocolos padronizados — ainda impeçam a aplicação clínica plena.

Assim, mais do que comprovar relações causais, a literatura revisada abre espaço para novas perguntas: como a dieta e o estilo de vida interagem com a microbiota em fases críticas do neurodesenvolvimento? Seria possível prever o risco de um transtorno a partir do perfil bacteriano precoce? E, sobretudo, quais intervenções são realmente seguras e eficazes em crianças e adolescentes?

4 CONCLUSÃO

A revisão dos estudos demonstra que a microbiota intestinal exerce influência significativa sobre a fisiopatologia de transtornos neurológicos em crianças e adolescentes, especialmente no TEA, TDAH e epilepsia. A disbiose está frequentemente presente e associada a inflamação neural e alterações comportamentais.

Embora os resultados sejam promissores, ainda enfrentam limitações metodológicas. Do ponto de vista laboratorial, perfis microbianos, metabólitos e marcadores inflamatórios podem futuramente atuar como biomarcadores auxiliares no diagnóstico e monitoramento clínico desses transtornos, aproximando a pesquisa da prática das análises clínicas. Por isso, se torna essencial o aumento dos estudos mais longos e experimentais para consolidar a microbiota como alvo terapêutico viável, contribuindo para avanços na prevenção e no tratamento dos transtornos neurológicos pediátricos.

REFERÊNCIAS

- BUNDGAARD-NIELSEN, C.; LAURITSEN, M. B.; KNUDSEN, J. K.; ROLD, L. S.; LARSEN, M. H.; HINDERSSON, P. *et al.* Children and adolescents with attention deficit hyperactivity disorder and autism spectrum disorder share distinct microbiota compositions. **Gut Microbes**, v. 15, n. 1, p. 2211923, 2023.
- CASSIDY-BUSHROW, A. E.; SITARIK, A. R.; JOHNSON, C. C.; JOHNSON-HOOPER, T. M.; KASSEM, Z.; LEVIN, A. M. *et al.* Early-life gut microbiota and attention deficit hyperactivity disorder in preadolescents. **Pediatric Research**, v. 93, n. 7, p. 2051-2060, 2023.
- DARGENIO, L. M.; ROCHA, A.; LIMA, P.; FERREIRA, V.; SOUZA, R.; ALVES, F. *et al.* Altered gut microbiota and autism spectrum disorders: a systematic review. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, v. 7, n. 1, p. 1631-1647, 2024. DOI: 10.5935/2316-932X.20240026. Acesso em: 22 ago. 2025.
- GANDHI, D. N.; PANDE, D. N.; HARIKRISHNA, A.; ADVILKAR, A.; BASAVAN, I.; ANSARI, R. Beyond the brain: attention deficit/hyperactivity disorder and the gut-brain axis. **Cureus**, v. 16, n. 12, p. e76291, 2024.
- GONG, X.; CAI, Q.; LIU, X.; NA, D.; ZHOU, D.; LUO, R. *et al.* Gut flora and metabolism are altered in epilepsy and partially restored after ketogenic diets. **Microbial Pathogenesis**, v. 155, p. 104899, 2021.
- HAN, D.; ZHANG, Y.; LIU, W.; WAN, R.; HU, J.; PAN, F. *et al.* Disruption of gut microbiome and metabolome in treatment-naïve children with attention deficit hyperactivity disorder. **BMC Microbiology**, v. 25, n. 1, p. 381, 2025.
- HE, X.; ZHANG, Y. Changes in gut flora in patients with epilepsy: a systematic review and meta-analysis. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, p. 1480022, 2024. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1480022.
- IGLESIAS-VÁZQUEZ, L.; VAN GINKEL RIBA, G.; ARIJA, V.; CANALS, J. Composition of gut microbiota in children with autism spectrum disorder: a systematic review and meta-

analysis. **Nutrients**, v. 12, n. 3, p. 792, 2020.

MAGAGNIN, T.; SILVA, J.; OLIVEIRA, R.; SANTOS, L.; PEREIRA, M.; COSTA, F. *et al.* Nutritional status and autism spectrum disorder in children and adolescents. **Revista Multidisciplinar do Nordeste Mineiro**, v. 8, n. 1, p. 1-26, 2025.

RONAN, P.; LIMA, C.; SOUZA, F.; ALVES, R.; MARTINS, L.; OLIVEIRA, D. *et al.* Gut microbiome relevance in pediatric pathologies. **Journal of Pediatrics and Child Health**, v. 31, n. 2, p. 123-130, 2024.



A SAÚDE ÍNTIMA DA MULHER E OS DESAFIOS ATUAIS DA VAGINOSE BACTERIANA

BRUNO NACANO; DAMIANA COSTA DOS SANTOS; MARIA LUIZA DE MOURA AMARO

RESUMO

A vaginose bacteriana (ou VB) é uma das disbioses mais prevalentes da microbiota vaginal e um dos principais motivos de diversas queixas ginecológicas. Seu desenvolvimento decorre a partir da disbiose vaginal, o que torna favorável o crescimento de uma microbiota mista, resultante da substituição dos lactobacilos nativos existentes que protegem o corpo contra infecções, dando lugar às bactérias anaeróbicas para que possam se revelar. É uma condição ginecológica muito comum presente principalmente em mulheres em idade reprodutiva. Além disso, pode se manifestar de duas formas: na forma sintomática, em que se observa o aumento de corrimento vaginal, um odor característico de "peixe", irritação vulvar e dor genital e também pode se expressar em pacientes assintomáticas. A presença de *Gardnerella* spp. e a formação de biofilmes desempenha papel central na patogênese, favorecendo sua recorrência e resistência terapêutica, já que um biofilme bacteriano se caracteriza como uma comunidade estruturada de bactérias concentradas em uma matriz extracelular autoproduzida que contribui para sua característica aderente a uma superfície inerte ou tecido biológico. Este artigo tem como objetivo trazer à tona uma revisão bibliográfica baseada em sites como PubMed, Scielo, LILACS, Web of Science entre outros, com enfoque nos mecanismos patogênicos, epidemiologia, inovações diagnósticas e terapêuticas, incluindo novas estratégias como endolisinas recombinantes, disruptores de biofilmes, probióticos e o tratamento do casal. Ademais, destacamos ainda a importância da personalização terapêutica por meio de testes moleculares e genômicos. Resultados indicam que, apesar de grandes avanços recentes de tratamentos terem o poder de ampliar as possibilidades de manejo, ainda podemos perceber que existem lacunas científicas persistentes que demandam novos estudos clínicos multicêntricos para protocolos consistentes.

Palavras-chave: *Gardnerella vaginalis*; Biofilmes; Tratamento

1 INTRODUÇÃO

A saúde íntima da mulher representa um componente essencial da saúde global, influenciando fertilidade, qualidade de vida e bem-estar sexual (Machado; Cerca, 2022). O trato genital feminino possui seu próprio microbioma, representando 9% da quantidade total de bactérias presentes no corpo da mulher (Guerreiro; Costa, 2025).

Um microbioma vaginal saudável é dominado por *Lactobacillus* spp. não patogênicos, que produzem ácido láctico, peróxido de hidrogênio e bacteriocinas,

proporcionando um ambiente ácido e dificultando o crescimento de outras bactérias (Hugerth et al., 2024).

A vaginose bacteriana (VB) é caracterizada pela substituição dos lactobacilos predominantes por bactérias anaeróbias, como *Gardnerella* spp., principal agente associado (Machado, Cerca, 2022). Sua prevalência varia entre 20 e 40% em mulheres em idade reprodutiva (Swidsinski et al., 2021).

Um microbioma vaginal disbiótico é considerado “não saudável”, pois estudos anteriores o associaram a resultados reprodutivos ruins, como infertilidade prolongada inexplicada, parto prematuro, infecções sexualmente transmissíveis (IST) e até mesmo cânceres ginecológicos (Hugerth et al., 2024).

A elevada taxa de recidiva, frequentemente superior a 50% em até 12 meses após o tratamento, reflete a complexidade da patogênese, na qual o biofilme bacteriano exerce papel central (Chmelarova et al., 2023).

Portanto, o objetivo geral deste estudo acadêmico é demonstrar de que forma os biofilmes são os principais responsáveis por essa condição ser considerada um desafio clínico persistente, abordando algumas formas de tratamento e sua ação. Destacamos também como propósito mostrar a importância da saúde íntima da mulher, contextualizado com a patogênese da *Gardnerella*, epidemiologia e achados em laboratório, como as "clue cells".

2 MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de uma revisão bibliográfica de literatura entre janeiro de 2020 e setembro de 2025. Sites como PubMed, Scielo, LILACS, Web of Science, BMC, ScienceDirect e os descritores: “vaginose bacteriana”, “*Gardnerella*”, “biofilme”, “probióticos” e “endolisinas” foram utilizados. Selecionaram-se artigos em inglês, português e espanhol, priorizando revisões sistemáticas, ensaios clínicos randomizados e estudos de inovação terapêutica.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 EPIDEMIOLOGIA

No Brasil, estudos epidemiológicos recentes indicam que a prevalência de *Gardnerella vaginalis* em amostras citológicas chega a 32%, sendo mais frequente entre mulheres com vida sexual ativa, múltiplos parceiros e uso irregular de preservativo. A idade reprodutiva (15 a 44 anos) é o grupo mais acometido, embora a infecção possa ocorrer em qualquer faixa etária. (Cartaxo et al., 2025; Macedo et al., 2025).

Globalmente, estima-se que uma em cada três mulheres em idade fértil seja afetada, evidenciando o impacto clínico (Machado; Cerca, 2022).

Sua prevalência tende a ser maior em regiões de baixa renda, variando de 15% a 60% conforme as condições socioeconômicas e o acesso a serviços de saúde (Garcia et al., 2025).

Fatores como uso de duchas vaginais, tabagismo, uso de anticoncepcionais hormonais e redução dos níveis de estrogênio também estão associados ao aumento da incidência (Guerreiro; Costa, 2025).

Estudos longitudinais mostram que até 50% das mulheres diagnosticadas voltam a apresentar sintomas dentro de 12 meses, mesmo após tratamento adequado (Chmelarova et al., 2023; Machado; Cerca, 2022).

Do ponto de vista global, a VB também está relacionada a maior risco de infecções sexualmente transmissíveis (ISTs), como HIV, clamídia e tricomoníase, além de complicações obstétricas como parto prematuro, aborto espontâneo e infertilidade. Esses achados reforçam a importância da vigilância epidemiológica e da implementação de estratégias preventivas que

envolvam educação sexual, diagnóstico precoce e tratamento adequado. (Hardy et al., 2017; Hugerth et al., 2024).

3.2 PATOGÊNESE

A *Gardnerella* spp. possui diferentes subgrupos genômicos, com variados fatores de virulência, como hemolisinas e sialidasas (Chmelarova et al., 2023).

O biofilme formado na mucosa vaginal promove persistência da infecção e resistência antimicrobiana, dificultando a eficácia terapêutica. A presença de bactérias anaeróbias associadas potencializa a complexidade do biofilme (Swidsinski et al., 2021).

Essa bactéria é capaz de aderir às células epiteliais, levando à formação das chamadas “clue cells”, e, por conseguinte, sua replicação leva à formação de finos biofilmes que induzem citotoxicidade das células que podem promover a fixação de outros tipos de espécies patogênicas, aumentando sua resistência (Cartaxo et al., 2025).

3.3 DIAGNÓSTICO LABORATORIAL

Levinson et al. (2023) destacam que células indicadoras (“clue cells”) são as células epiteliais vaginais cobertas por bactérias e são um importante achado laboratorial observado em um exame microscópico de corrimento vaginal.

3.4 ABORDAGENS TERAPÊUTICAS E ALGUMAS INOVAÇÕES

Tabela 1 – Abordagens terapêuticas e inovações no tratamento da vaginose bacteriana

Abordagem terapêutica/ inovação	Descrição / mecanismo de ação	Referências
Tratamento convencional	Uso de metronidazol e clindamicina. Apesar da eficácia, as taxas de recidiva permanecem elevadas.	(Swidsinski et al., 2021)
Endolisinas recombinantes	Exemplo: PM-477. Enzimas que atuam seletivamente contra <i>Gardnerella</i> spp. em biofilmes, promovendo sua destruição	(Chmelarova et al., 2023)
Disruptores de biofilmes	Substâncias como o cloreto de dequalínio, capazes de romper a estrutura dos biofilmes bacterianos.	(Machado; Cerca, 2022)
Terapia de casal	Tratamento administrado também ao parceiro sexual, reduzindo a ocorrência de recidivas.	(Borsari et al., 2025)
Probióticos vaginais e orais	Uso de cepas benéficas como adjuvantes para restauração da microbiota vaginal saudável.	(BioCodex Microbiota Institute, 2025).

Fonte: Elaborada pelas autoras com base em Swidsinski et al. (2021); Chmelarova et al. (2023); Machado e Cerca (2022); Borsari et al. (2025); Biocodex Microbiota Institute (2025).

A recorrência da VB representa um desafio clínico persistente, com forte relação à formação de biofilmes e resistência antimicrobiana (Machado; Cerca, 2022).

O desenvolvimento de endolisinas recombinantes apresenta-se como alternativa promissora, ainda em fase experimental (Chmelarova et al., 2023).

A inclusão do parceiro no tratamento reforça o caráter sexualmente transmissível da doença e configura um novo paradigma terapêutico (Borsari et al., 2025).

A padronização de probióticos e ensaios clínicos robustos ainda são necessários para consolidar essas práticas (Biocodex Microbiota Institute, 2025).

4 CONCLUSÃO

A VB é um importante problema de saúde íntima feminina, associado a *Gardnerella* spp. e biofilmes resistentes. Os avanços recentes, incluindo endolisinas, disruptores de biofilmes, probióticos e a abordagem terapêutica de casal, apontam para novos caminhos no manejo clínico. Entretanto, a alta taxa de recorrência exige mais estudos multicêntricos para protocolos terapêuticos eficazes.

A recorrência da VB continua sendo um desafio, especialmente devido à resiliência dos biofilmes e à resistência aos antibióticos. A personalização terapêutica com base em testes moleculares é uma perspectiva promissora. O uso de endolisinas e disruptores de biofilmes representa um avanço significativo. No entanto, há lacunas em ensaios clínicos de longo prazo e na padronização do uso de probióticos. A inclusão do parceiro no tratamento marca uma mudança de paradigma importante no manejo da VB.

REFERÊNCIAS

ALEXANDRE CARTAXO, Lalesca; SOUSA BORGES ARAÚJO, Lia Maria; DE CARVALHO CAMPELO, Juliana; LIMA DA SILVA, Maria Natalice; NUNES ELEUTÉRIO, Renata Mirian. Prevalência da *Gardnerella vaginalis* em citologia ginecológica no Brasil: uma revisão sistemática. *Saúde em Redes*, [S. l.], v. 11, n. 1, p. 4644, 2025.

Disponível em: <https://revista.redeunida.org.br/index.php/rede-unida/article/view/4644>.

Acesso em: 17 set. 2025. DOI: <https://doi.org/10.18310/2446-4813.2025v11n1.4644>.

BIOCODEX MICROBIOTA INSTITUTE. Endolisinas recombinantes contra vaginose bacteriana. 2025. Disponível em:

<https://www.biocodexmicrobiotainstitute.com/pt/pro/endolisinas-recombinantes-contravaginose-bacteriana>. Acesso em: 10 set. 2025.

BORSARI, A. et al. Treatment of bacterial vaginosis including male partners: a randomized controlled trial. *New England Journal of Medicine*, v. 392, n. 9, p. 789–798, 2025.

CHMELAROVA, K. et al. Recombinant endolysins as a new strategy against *Gardnerella vaginalis* biofilms. *Microorganismos*, v. 11, n. 9, p. 2186, 2023.

GARCIA, Patrícia Guedes et al. Perfil microbiológico da vaginose bacteriana: uma revisão narrativa da literatura. In: *Avanços e desafios na medicina tropical: epidemiologia e tratamentos*. [S. l.]: Editora Científica, 2025. Cap. 3, p. 34–51. Disponível em:

<https://www.editoracientifica.com.br/books/chapter/perfil-microbiologico-da-vaginose-bacteriana-uma-revisao-narrativa-da-literatura>. Acesso em: 31 ago. 2025. DOI:

<https://doi.org/10.37885/250519355>.

GUERREIRO, A. F.; COSTA, C. L. Relação das infecções bacterianas do trato genital e infertilidade feminina: uma revisão da literatura. *Revista Brasileira de Revisão de Saúde*, [S. l.], v. 2, 2025. e 78451. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BJHR/article/view/78451>. Acesso em: 1 set. 2025. DOI: <https://doi.org/10.34119/bjhrv8n2-113>.

HARDY, L. et al. Bacterial biofilms in the vagina. *Research in Microbiology*, [S. l.], v. 168, n. 9–10, p. 865–874, nov./dez. 2017. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28232119>. Acesso em: 31 ago. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2017.02.001>.

HUGERTH, Luísa W. et al. Definindo a dinâmica da comunidade vaginal: transições diárias do microbioma, o papel da menstruação, bacteriófagos e genes bacterianos. *Microbiome*, [S. l.], v. 12, n. 1, p. 1–18, 19 ago. 2024. Disponível em: <https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-024-01870-5>. Acesso em: 16 set. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-024-01870-5>.

LEVINSON, Warren et al. *Microbiologia médica e imunologia: um manual clínico para doenças infecciosas*. 15. ed. Porto Alegre: AMGH, 2023.

MACEDO, Ryan Rafael Barros de et al. Diagnóstico da vaginose bacteriana: uma revisão da literatura recente. *Brazilian Journal of One Health*, [S. l.], v. 2, n. 3, p. 185–193, 2025. Disponível em: <https://brjohealth.com/index.php/ojs/article/view/188>. Acesso em: 29 ago. 2025. DOI: <https://doi.org/10.70164/bjoh.v2i3.188>.

MACHADO, A.; CERCA, N. Influence of biofilm formation by *Gardnerella vaginalis* and other anaerobes on bacterial vaginosis. *Journal of Infectious Diseases*, v. 225, n. 3, p. 456–465, 2022.

SWIDSINSKI, A. et al. Presence of a polymicrobial endometrial biofilm in patients with bacterial vaginosis. *PLoS One*, v. 16, n. 4, 2021. e025123.



LEUCEMIA/LINFOMA DE CÉLULAS T DO ADULTO ASSOCIADA AO HTLV-1: UMA REVISÃO DA ONCOGÊNESE AO TRATAMENTO

SOFIA EVELLYN PIRES ALVES DE BRITO; FRANCISCA WILLYANE KAROLINE CORREIA MACEDO; ANA KARINE ROCHA DE MELO LEITE

Introdução: A Leucemia-Linfoma de Células T do Adulto (ATLL), associada ao vírus linfotrópico da célula humana (HTLV-1), é uma neoplasia T refratária muito agressiva em sua fase aguda, representando uma grave e complexa patologia. Sua patogênese está intimamente relacionada à ação de proteínas virais, como a Tax, que induzem instabilidade genética, resistência à apoptose e transformação maligna de células T, resultando em altas taxas de recidiva, baixa sobrevida e prognóstico geralmente reservado. **Objetivo:** Revisar os aspectos fisiopatológicos, clínicos e terapêuticos da Leucemia/Linfoma de Células T do Adulto (ATLL) associada ao HTLV-1. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa de literatura, com questão norteadora "Quais são os mecanismos fisiopatológicos, critérios diagnósticos e abordagens terapêuticas disponíveis para a Leucemia-Linfoma de Células T do Adulto associada ao HTLV-1?". Foram utilizados: Lilacs, PubMed, e palavras-chaves: Linfoma de células T e HTLV. Como critérios de inclusão: artigos completos e, de exclusão: artigos repetidos. **Resultados:** A leucemia Linfoma de Células T do Adulto é uma neoplasia maligna das células T associada a infecção pelo HTLV-1. A proteína Tax, expressa pelo HTLV-1, exerce um papel fundamental no processo de oncogênese, ativando vias de sinalização celular que promovem a sobrevivência e proliferação das células T infectadas. Além disso, a Tax inibe mecanismos de reparo do DNA e apoptose, facilitando a acumulação de mutações genéticas. O diagnóstico de ATLL baseia-se na combinação de critérios clínicos, laboratoriais e histopatológicos. Clinicamente, os pacientes podem apresentar linfadenopatia generalizada, hepatomegalia, lesões cutâneas e hipercalcemia. O prognóstico ainda é reservado em variantes agressivas e indolentes, com taxas de sobrevivência de meses a poucos anos. O tratamento baseado em quimioterapia, antirretroviral e transplante alogênico de células-tronco está atualmente melhorando as taxas de sobrevivência, mas com resultados limitados. **Conclusão:** Conclui-se que A ATLL associada ao HTLV-1 apresenta mecanismos fisiopatológicos complexos mediados pela proteína Tax, resultando em um prognóstico reservado apesar das abordagens terapêuticas disponíveis. Novos estudos são fundamentais para o desenvolvimento de tratamentos mais eficazes e melhoria da sobrevida dos pacientes.

Palavras-chave: **NEOPLASIA; LINFÓCITOS T; PROTEÍNA TAX**



IMPACTOS PULMONARES DO USO CRÔNICO DE NARGUILÉ: UMA REVISÃO INTEGRATIVA

VICTOR HUGO TAKAYAMA MARQUES; LEONARDO VILELA MIYASAKI; JOSÉ LUIZ MONDINI DA SILVEIRA BARROS; FABIO AUGUSTO TESSAROLLO DE AZEVEDO; RENATA CALCIOLARI ROSSI

Introdução: O narguilé, tradicionalmente feito com tabaco cru umedecido, ganhou nova forma e atratividade com a introdução do maassel, tabaco aromatizado que o tornou mais popular entre jovens e mulheres. Sua ampla aceitação social está associada à falsa ideia de que é menos prejudicial que o cigarro. No entanto, pesquisas mostram que sua fumaça contém substâncias tóxicas como nicotina, alcatrão e monóxido de carbono em níveis semelhantes ou superiores aos do cigarro, aumentando o risco de doenças respiratórias, câncer de pulmão e distúrbios em cabeça e pescoço. Estudos de caso-controlado também apontam associação entre uso prolongado e aumento de casos de câncer bucal, esofágico e pulmonar, além de impactos negativos na saúde mental, como ansiedade, depressão e dependência. **Objetivo:** Compreender a relação entre o uso crônico do narguilé e o surgimento de doenças pulmonares, analisando padrões de uso, fatores de risco e alterações funcionais respiratórias. **Metodologia:** Revisão integrativa baseada em estudos disponíveis nas bases PubMed, EMBASE, SCOPUS e Cochrane Library, utilizando os descritores Hookah, waterpipe smoking, lung disease e narguilé. Foram incluídos artigos publicados até 2024, nos idiomas português, inglês e francês. Dois revisores independentes selecionaram os estudos com base na estratégia PICO. Foram considerados elegíveis os que abordassem efeitos do narguilé sobre doenças pulmonares, independentemente da condição. Uma tabela padronizada foi usada para extrair dados relevantes, como amostra, intervenção e desfechos. **Resultados:** Cinco estudos da região do Oriente Médio e norte da África foram incluídos. Os resultados apontaram redução da capacidade funcional pulmonar, presença de sintomas respiratórios crônicos, alterações espirométricas e baixa percepção dos riscos entre usuários. Destacaram-se prevalência de DPOC, impacto negativo na tolerância ao exercício e comprometimento da função ventilatória, mesmo em usuários jovens. **Conclusão:** O uso do narguilé está fortemente associado ao comprometimento da saúde pulmonar, especialmente com o surgimento de doenças respiratórias crônicas como DPOC, alterações espirométricas e sintomas como tosse e dispneia. A crença de que o narguilé é alternativa menos prejudicial ao cigarro contribuiu para sua popularização, sobretudo entre jovens. Os achados reforçam a necessidade de campanhas educativas, políticas regulatórias e ações de conscientização para desmistificar essa percepção e promover a saúde respiratória.

Palavras-chave: **WATERPIPE; HOOKAH; LUNG DISEASE**



O USO DO DNA TUMORAL CIRCULANTE (ctDNA) NA BIÓPSIA LÍQUIDA PARA O DIAGNÓSTICO DO CÂNCER

ISABELE SILVA TAVARES RESUMO

O câncer é uma das principais causas de morte no mundo, sendo seu diagnóstico precoce um grande desafio. Sintomas silenciosos ou inespecíficos podem ser confundidos com outras doenças e, embora existam exames de rastreamento, muitos têm limitações. Com o avanço da tecnologia, as descobertas de células tumorais através de métodos diagnósticos menos invasivos como a biópsia líquida, foram criando espaço na medicina diagnóstica. O DNA tumoral circulante (ctDNA) é um fragmento do DNA livre circulante (cfDNA) que é encontrado em células tumorais. O ctDNA é mais específico para detectar mutações em tumores através de uma amostra de sangue do paciente, possibilitando o monitoramento em tempo real do tumor. O resumo tem como objetivo evidenciar a relevância do ctDNA na biópsia líquida como ferramenta para diagnósticos, monitoramento e manejo do câncer. Trata-se de um resumo da literatura por meio dos descritores “DNA tumoral circulante” “Biópsia líquida” e “Câncer” nas bases de dados da Scientific Electronic Library Online (SciELO) e PubMed. Como critérios de inclusão, foram selecionados artigos publicados entre os anos de 2015 e 2025, e que tinham como foco o ctDNA e sua aplicação na biópsia líquida e no manejo do câncer. A detecção e quantificação do ctDNA apresenta alta correlação com a carga tumoral, tendo como resposta clínica a redução nos níveis de ctDNA e seu aumento relacionado a resultados negativos, como em sua detecção após o tratamento curativo. O DNA tumoral circulante é um método inovador de investigação através da biópsia líquida, uma técnica menos invasiva, que traz conforto e tranquilidade ao paciente. Apesar de suas limitações, o ctDNA pode ser útil para diagnóstico, prognóstico e estratégias terapêuticas no câncer, o que contribui para monitorar a progressão da doença.

Palavras-chave: Diagnóstico precoce; Marcador Tumoral; Monitoramento do Câncer

1 INTRODUÇÃO

O câncer é considerado uma das doenças com o maior índice de mortalidade no mundo, ficando atrás apenas das doenças cardiovasculares e, segundo a Organização Pan-Americana de Saúde (OPAS) e a Organização Mundial da Saúde (OMS), um terço de todos os casos de câncer poderiam ser prevenidos se fossem evitados alguns fatores de risco, incluindo tabagismo, consumo de álcool, falta de atividade física e dieta desequilibrada.

As mutações que levam a replicação e a reprodução descontrolada das células podem ser causadas por fatores genéticos ou epigenéticos, culminando no desenvolvimento do câncer ou de tumores malignos como também é conhecido. Em pesquisas anteriores, se acreditava que as células tumorais eram encontradas apenas no tecido atingido, mas em 1896, o cientista Thomas Ashworth propôs que haveria Células Tumorais Circulantes (CTC) no sangue, mas somente em 1977, estudos revelaram a existência da presença de células tumorais e

fragmentos de DNA livre circulantes (cfDNA) através da técnica que atualmente é chamada de biópsia líquida. (PINHEIRO, P.A., *et.al.*, 2022)

Para genotipar um tumor no caso de um paciente com câncer, é necessário a realização da biópsia de tecido, um procedimento bastante invasivo, que tem suas limitações, sendo uma delas o problema de uma única biópsia não representar a heterogeneidade do tumor. Assim, como alternativa para caracterizar o tumor, a biópsia líquida é utilizada, sendo usada para obter biomarcadores originários do tumor através do sangue. (ELAZEZY, M., JOOSSE, S.A., 2018). A biópsia líquida é uma técnica que se baseia na análise de biomarcadores derivados de tecidos tumorais, com objetivo de identificar marcadores moleculares circulantes predominantemente em sangue, mas também em outros fluidos, como urina, saliva, líquido cefalorraquidiano, derrame cerebral pleural. Segundo o Ministério da Saúde (2022), essa nova abordagem é utilizada para diagnóstico e manejo do paciente com câncer, porém, não se limita apenas ao uso na oncologia, podendo ser adotado, por exemplo, no monitoramento de rejeição de transplante de órgãos sólidos. (PINHEIRO, P.A., *et.al.*, 2022).

Um dos marcadores de alta importância que são utilizados na biópsia líquida é o DNA tumoral circulante (ctDNA) que é originado do tumor e representa uma pequena fração do cfDNA. É um marcador que tem como principal objetivo identificar mutações específicas no DNA do tumor, sendo liberado por mecanismos que ainda não são totalmente conhecidos, mas que há três tipos propostos para explicar a sua liberação na corrente sanguínea, que é partir da apoptose, necrose ou secreção ativa pelas células tumorais. (MA *et.al.*, 2024). Ele foi descoberto pela primeira vez em 1948 em indivíduos saudáveis, e pode ter origem diretamente do tumor ou de células tumorais circulantes, que foram liberadas pelo tumor primário e entraram para a circulação. Ele tem possibilidade de monitoramento em tempo real de alterações do tumor por meio de amostras de sangue coletadas em períodos diferentes, permitindo assim um monitoramento simples e repetido devido sua curta vida. (Biomedicina Padrão, 2022; BITTLA, P., *et.al.*, 2023).

A vantagem que a biópsia líquida de ctDNA tem em relação com a biópsia tradicional é que é uma técnica minimamente invasiva, podendo ser realizada com maior frequência e que desempenham um papel no rastreamento precoce. Além do ctDNA, pode-se encontrar também diversos marcadores moleculares como células tumorais circulantes (CTCs), vesículas extracelulares derivadas de tumor, micro-RNA circulante, microvesículas extracelulares, tudo isso através de uma amostra de plasma/soro do paciente. Porém, a sensibilidade e a especificidade desses biomarcadores por estarem abaixo do ideal, impedem sua aplicação na prática clínica, dando espaço para a identificação de biomarcadores mais sensíveis e mais específicos, como é o caso do ctDNA. (FAULKNER, L., 2024)

Diante do que foi exposto, este trabalho tem como objetivo evidenciar a relevância do ctDNA na biópsia líquida como ferramenta para diagnóstico, monitoramento e manejo do câncer.

2 MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa bibliográfica foi conduzida a partir da consulta de artigos científicos disponíveis nas bases de dados Scielo (Scientific Electronic Library Online), PubMed e notícias institucionais no site Ministério da Saúde e Organização Mundial da Saúde. Foram selecionados artigos publicados entre os anos de 2015 e 2025, como critério de inclusão, foram elegíveis as publicações que tinham como foco o ctDNA e sua aplicação na biópsia líquida, bem como a utilização do ctDNA no manejo do câncer. Como critérios de exclusão, foram desconsideradas as publicações datadas antes do período delimitado e que relacionavam ctDNA a outros métodos de estudo que não estivessem associados a biópsia líquida.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após análise dos estudos revisados, observa-se que a detecção e quantificação do DNA tumoral circulante apresentam alta correlação com a carga tumoral, refletindo diretamente na resposta ao tratamento, sendo a resposta clínica associada a redução dos níveis de ctDNA detectados no sangue. Há casos no qual a detecção do ctDNA está relacionada a piores resultados, como é o caso da sua detecção após o tratamento curativo, há também estudos que demonstram a correlação de altos níveis de ctDNA com piores prognósticos da doença. Entretanto, ainda há limitações que necessitam serem superadas antes da implementação completa do ctDNA na prática clínica. Uma dessas limitações é que nem todos os tumores liberam o ctDNA em quantidades favoráveis, o que já limita a aplicação mais generalizada da biópsia líquida por ctDNA, podendo acontecer casos de falso-positivos, comprometendo sua confiabilidade. (LIWEI, M., *et.al.*, 2024)

Um exemplo citado por Liwei Ma *et.al.* (2024) em que o uso desse marcador foi benéfico, foram os níveis de ctDNA elevados no soro de pacientes com câncer de pâncreas que, nesse caso, parecem diminuir após o tratamento. Outro caso citado no estudo são de uma avaliação de pacientes com câncer colorretal, no qual ao analisarem o ctDNA sérico destes pacientes, foram encontrados genes mutados, sendo a taxa de mutação relacionada com o processo terapêutico. A mutação dos genes pode frequentemente causar o desequilíbrio de oncogenes e assim levar ao câncer, por isso a importância da detecção de mutação do ctDNA se torna tão importante para detectar o aparecimento do câncer nesses casos.

Assim, o uso do ctDNA tem algumas características que o coloca em vantagem quando comparado a outros marcadores de biópsia tradicional, que é o fato de sua meia-vida curta lhe conferir capacidade de ser usado como um biomarcador tumoral em tempo real, o fato dele ser um fragmento mais curto que o cfDNA, tornando-o menos afetado pela heterogeneidade do tumor, e também há a vantagem de ser altamente sensível, específico e não invasivo e não prejudicial ao paciente. Ele pode ser utilizado como ferramenta preditiva e para a vigilância do câncer, podendo o tratamento ser ajustado de acordo com os níveis encontrados de ctDNA, no qual os níveis diminuirão com a resposta apropriada ao tratamento e aumentarão com a progressão da doença. (BITTLA, P., *et.al.*, 2023; LIWEI, M., *et.al.*, 2024; SAHA. S. *et.al.*, 2022)

4 CONCLUSÃO

O ctDNA representa um método inovador na investigação do câncer através da biópsia líquida, uma técnica menos invasiva que a biópsia de tecido tradicional, procedimento que ainda é considerado padrão-ouro no diagnóstico oncológico. Com a biópsia líquida evita-se a necessidade de procedimentos de alto risco, trazendo para o paciente mais tranquilidade e conforto. Entretanto, há limitações no que se diz a respeito da análise do ctDNA, pois não são todos os tumores que liberam o DNA tumoral circulante no sangue, limitando a aplicação generalizada. Apesar disso, capacidade de detecção em diversos casos de câncer pode ser útil para a realização de diagnósticos, prognósticos e estratégias terapêuticas, contribuindo assim para monitorar a progressão da doença e aumentando a sobrevida dos pacientes acometidos. Ainda se torna necessário mais estudos e avanços tecnológicos que permitam a detecção de níveis ainda mais baixos de cDNA. Dessa forma, o diagnóstico e o tratamento do câncer podem ter um impacto através da biópsia líquida com ctDNA, que reconhece mutações, prever evolução tumoral e acompanha uma resposta ao tratamento.

REFERÊNCIAS

BITTLA, P., *et.al.* Exploring Circulating Tumor DNA (CtDNA) and Its Role in Early Detection of Cancer: A Systematic Review. **Cureus**, 15 (9). Setembro, 2022.

BRASIL. **Ministério da Saúde. Ministério da Saúde abre chamada pública para projetos de testes genéticos e biópsia líquida.** Brasília, ago. 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/2022/agosto/ministerio-da-saude-abre-chamada-publica-para-projetos-de-testes-geneticos-e-biopsia-liquida>. Acesso em: 28 out. 2025.

BRASIL. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS), Organização Mundial da Saúde (OMS). **Câncer.** Disponível em: <https://www.paho.org/pt/topicos/cancer>. Acesso em: 27 de outubro de 2025.

CÂMARA, B. DNA tumoral circulante (ctDNA). *Biomedicina Padrão*, set. 2022. Disponível em: <https://www.biomedicinapadrao.com.br/2022/09/dna-tumoral-circulante-ctdna.html>. Acesso em: 27 de Outubro de 2025.

ELEZEZEY, M., JOOSE, S.A. Techniques of using circulating tumor DNA as a liquid biopsy component in cancer management. **Comput Stuct Biotechnol J.**, v.9, n. 16, p. 370-378, out. 2018.

FAULKNER, L. Circulating tumor DNA for cancer patients. **National Genomics Education Programme**, jun., 2023.

LIWEI, M., *et.al.* Liquid biopsy in cancer: current status, challenges and future prospects. **Springer Nature**, v.2, n.9, p. 336, dez., 2024.

PINHEIRO, P.A., *et. al.* A importância da biópsia líquida no diagnóstico oncológico. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v.8, n.7, p. 52988-53003, jul., 2022.

SAHA, S., *et.al.* Circulating tumor DNA in cancer diagnosis, monitoring, and prognosis. **Journal of the Egyptian National Cancer Institute**, 38:8, 2022.



FAGOTERAPIA: UM MÉTODO LABORATORIAL COMPLEMENTAR NO CONTROLE DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE ASSOCIADA A DISPOSITIVOS HOSPITALARES INVASIVOS

MANUELA CRISTINA SEGURA BOSSONARO; ALOÍSIO JOSÉ PEDROSA PORTELA;
ANNA LUÍSA LOPES PEREIRA; LORENA DA SILVEIRA DERENGOWSKI; HUGO COSTA
PAES

Introdução: A resistência antimicrobiana de *Klebsiella pneumoniae* representa um desafio crítico no escopo da Patologia Clínica e Médica, devido à sua alta incidência em infecções nosocomiais e capacidade de formar biofilmes em dispositivos hospitalares. Esses biofilmes conferem proteção às bactérias contra agentes antimicrobianos e dificultam a ação do sistema imune. Nesse contexto, o uso de bacteriófagos e suas enzimas depolimerases constitui uma estratégia inovadora em análises microbiológicas voltadas ao controle dessas infecções, sobretudo em superfícies médicas de uso prolongado. **Objetivo:** Este estudo buscou avaliar a adesão, estabilidade e atividade lítica de fagos específicos (K23, K75 e K79) sobre sondas hospitalares de PVC e látex, visando determinar sua aplicabilidade como ferramenta complementar de diagnóstico microbiológico para prevenção e controle da colonização bacteriana por *K. pneumoniae*. **Metodologia:** Foram conduzidos ensaios em duas versões experimentais, seguindo protocolos laboratoriais padronizados. Na primeira versão, sondas nasogástricas e Foley foram imersas por 24 horas em soluções contendo fagos em diferentes concentrações (padrão, 1×10 e 1×100) e posteriormente expostas a colônias de *K. pneumoniae*. A viabilidade bacteriana residual foi avaliada por colorimetria com Alamar Blue. Na segunda versão, sondas foram seccionadas longitudinalmente, esterilizadas por radiação ultravioleta e submersas por seis dias em soluções filtradas contendo bacteriófagos. A turbidez do meio pós-incubação foi empregada como indicador indireto de crescimento bacteriano e inibição fágica. **Resultados:** Os bacteriófagos apresentaram aderência satisfatória às superfícies das sondas de PVC e látex, com manutenção da atividade lítica após a secagem. O fago K79 demonstrou maior estabilidade e efeito bactericida, reduzindo significativamente a viabilidade de *K. pneumoniae* associada às sondas. Uma modificação do protocolo experimental, com abertura das sondas e prolongamento da imersão, aumentou a adsorção viral e reduziu contaminações, resultando em poços mais translúcidos e baixa turbidez, indicativos de menor densidade bacteriana. **Conclusão:** A adesão estável e a manutenção da atividade lítica dos fagos em sondas hospitalares evidenciam o potencial desses vírus como agentes antibacterianos na prevenção de infecções associadas a dispositivos clínicos. Os resultados sustentam a viabilidade da fagoterapia aplicada neste contexto, sugerindo um arquétipo de inovação no controle microbiológico hospitalar e uma alternativa complementar aos protocolos tradicionais de esterilização.

Palavras-chave: **BACTERIÓFAGO; BIOFILME BACTERIANO; ENZIMA DEPOLIMERASE**



ANÁLISE DA INCIDÊNCIA DE SÍFILIS CONGÊNITA RELACIONADA AO NÍVEL DE ESCOLARIDADE DAS GESTANTES NO MUNICÍPIO DE JABOATÃO DOS GUARARAPES

MICHELLE MARIA LIMA DO NASCIMENTO; AMANDA BEATRIZ SILVA DOS SANTOS;
DAYANNE DA SILVA VIVEIROS; DORALICE RODRIGUES GALDINO DA SILVA;
ERIVÂNIA MARIA DOS SANTOS; JADE LAKSHMI MENEZES DE ALMEIDA; MARCELA
DIAS DE FREITAS

Introdução: A sífilis congênita é uma infecção resultante da transmissão vertical do *Treponema pallidum* da gestante não tratada ou tratada de forma inadequada para o feto. Apesar de evitável, continua sendo um importante problema de saúde pública e indicador da qualidade do pré-natal. Fatores socioeconômicos e o nível de escolaridade das gestantes influenciam diretamente na prevenção e no tratamento da doença. **Objetivo:** Analisar a incidência de sífilis congênita em relação ao nível de escolaridade das gestantes no município de Jaboatão dos Guararapes. **Material e métodos:** Trata-se de uma pesquisa quantitativa e descritiva, baseada em dados secundários provenientes do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), obtidos por meio da plataforma DATASUS, utilizando a ferramenta TABNET. Foram incluídos todos os casos notificados de sífilis congênita do período de 2014 a 2023 no município de Jaboatão dos Guararapes- Pernambuco, considerando a variável “escolaridade” como foco da investigação. Utilizou-se a planilha Excell para o armazenamento das informações, e em seguida, realizou-se o processo de tabulação e descrição dos dados coletados, analisando e comparando possível distribuição percentual dos casos segundo os diferentes níveis de escolaridade materna. **Resultados:** Após a análise dos dados, pode-se observar um percentual elevado nos anos de 2014 (28,94%), 2015 (27,27%), 2016 (30,76%) e em 2017 (32,58%) nas gestantes que estudaram da 5ª a 8ª série incompleta do ensino fundamental. Além disso, nota-se uma maior concentração de casos de mães com o ensino médio completo nos anos de 2020(28,49%), 2021(40,14%), 2022(29,81%) e em 2023(28,12%) havendo uma predominância de casos no ano de 2021 em comparação com os anos anteriores. Os achados destacam a necessidade de um acompanhamento integral às gestantes. **Conclusão:** Em suma, medidas preventivas à disseminação da sífilis congênita devem ser tomadas com celeridade, por meio de investimentos consistentes em informações advindas de veículos oficiais. Concomitantemente, estas devem dispor de linguagem acessível ao público-alvo e os serviços de saúde, oferecer acompanhamento sistemático da mulher durante toda a gestação.

Palavras-chave: **MATERNIDADE; PRÉ-NATAL; VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA**



RELAÇÃO ENTRE CITOCINAS E MARCADORES INFLAMATÓRIOS NA DETECÇÃO PRECOCE DE RISCO CARDIOVASCULAR

JUNIOR MATOS SOUZA; CAROLINE RIBEIRO SOCHA; DJENIFER LUANA LUTZ;
DENER BRANDELERO

RESUMO

A identificação precoce do risco cardiovascular é crucial para a prevenção de eventos adversos, como infarto do miocárdio e morte súbita. As citocinas inflamatórias, especialmente a proteína C reativa de alta sensibilidade (hs-CRP), desempenham um papel significativo na avaliação desse risco. Estudos demonstram que níveis elevados de hs-CRP estão correlacionados com a severidade da aterosclerose e a inflamação associada a eventos isquêmicos, indicando que essa proteína pode contribuir para a patologia do infarto do miocárdio (Cosentino et al., 2019; Brunetti et al., 2006). Além disso, a hs-CRP tem sido empregada com sucesso na estratificação de risco em pacientes com síndrome coronariana aguda, apresentando-se como um preditor de complicações e mortalidade (Brunetti et al., 2006; Mahmoud et al., 2019). Outro exame relevante na avaliação do dano miocárdico é a dosagem de creatina quinase (CK) e sua isoenzima MM, a CK-MB. Essas enzimas são liberadas na corrente sanguínea durante episódios de isquemia miocárdica e têm sido amplamente utilizadas para diagnosticar infartos e monitorar a extensão do dano (Yu et al., 2022; Ştef et al., 2024). Estudos sugerem que o CK-MB, assim como a hs-CRP, pode fornecer informações valiosas sobre a gravidade do evento isquêmico e a resposta inflamatória subsequente (Jiang et al., 2021; Han et al., 2014). A detecção precoce e a monitorização dessas biomoléculas não apenas auxiliam na avaliação clínica, mas também favorecem a implementação de intervenções terapêuticas direcionadas, com potencial para reduzir a morbimortalidade cardiovascular. Além dessas moléculas clássicas, outros marcadores emergentes têm sido estudados para aprimorar o diagnóstico e o prognóstico das doenças cardiovasculares. Proteínas como a pentraxina-3 (PTX3) e o fator de crescimento transformador beta (TGF- β) estão sendo reconhecidas por refletirem a inflamação vascular local, complementando a informação fornecida pela hs-CRP (Jiang et al., 2021). A integração desses biomarcadores com parâmetros clínicos e de imagem, como ecocardiografia e ressonância magnética cardíaca, tem o potencial de oferecer uma visão mais abrangente do processo inflamatório e do dano tecidual. Nesse contexto, a adoção de painéis multimarcadores representa uma abordagem promissora para a medicina cardiovascular personalizada, permitindo identificar precocemente indivíduos de alto risco e otimizar estratégias preventivas e terapêuticas (Ştef et al., 2024; Yu et al., 2022).

Palavras-chave: Cardiologia; Biomarcadores inovadores; Precisão cardiovascular

1 INTRODUÇÃO

As doenças cardiovasculares (DCV) continuam sendo a principal causa de mortalidade global, o que reforça a importância de estratégias para detecção precoce e prevenção. Evidências recentes mostram que a inflamação crônica de baixo grau é um fator central na fisiopatologia das DCV, especialmente na aterosclerose e suas complicações (Kaptoge et al., 2014; Moissl et al., 2025). Citocinas pró-inflamatórias, como interleucina-6 (IL-6), fator de necrose tumoral alfa (TNF- α) e interleucina-1 (IL-1), desempenham papel fundamental na regulação das cascatas inflamatórias, promovendo disfunção endotelial e instabilidade de placas ateroscleróticas (Zhang & Dhalla, 2024; Kaptoge et al., 2014).

Paralelamente, marcadores inflamatórios como proteína C-reativa de alta sensibilidade (hs-CRP), fibrinogênio e galectina-3 têm sido amplamente estudados como ferramentas prognósticas para o risco cardiovascular, mostrando associação independente com eventos cardiovasculares, mesmo após ajuste para fatores de risco tradicionais (Moissl et al., 2025; Koo et al., 2025). Estudos sugerem que a avaliação combinada de citocinas e marcadores inflamatórios pode aprimorar a estratificação de risco, permitindo intervenções mais precoces e personalizadas (Moissl et al., 2025; Kristono et al., 2021).

Apesar dos avanços, desafios persistem quanto à padronização dos métodos de dosagem, influência de fatores demográficos e clínicos, e definição de valores de referência para aplicação clínica rotineira (Ain et al., 2021). Ainda assim, a integração desses biomarcadores no contexto clínico representa uma promissora fronteira para a medicina personalizada, com potencial de reduzir a carga global das DCV por meio da identificação precoce de indivíduos em risco elevado (Moissl et al., 2025; Kaptoge et al., 2014; Koo et al., 2025).

A compreensão dos mecanismos inflamatórios envolvidos nas doenças cardiovasculares ampliou a visão tradicional que se limitava aos fatores metabólicos e hemodinâmicos. A resposta inflamatória de baixo grau atua desde os estágios iniciais da aterogênese, promovendo a ativação de células endoteliais, a expressão de moléculas de adesão e o recrutamento de monócitos para a parede vascular. Esses processos culminam na formação e progressão das placas ateroscleróticas, as quais podem se tornar instáveis e levar a eventos agudos, como infarto do miocárdio e acidente vascular cerebral (Zhang & Dhalla, 2024). Assim, a inflamação não é apenas uma consequência da lesão vascular, mas um elemento determinante em todo o curso da doença.

A incorporação de biomarcadores inflamatórios na prática clínica tem potencial para complementar os escores de risco convencionais, como Framingham e SCORE, que frequentemente subestimam o risco em determinados grupos populacionais. Estudos recentes sugerem que níveis elevados de hs-CRP e IL-6 estão associados à ocorrência de eventos cardiovasculares mesmo em indivíduos considerados de risco intermediário pelos modelos tradicionais (Koo et al., 2025; Liu et al., 2023). Dessa forma, a mensuração de tais marcadores pode contribuir para decisões clínicas mais assertivas, como o início precoce de terapias hipolipemiantes ou anti-inflamatórias direcionadas.

Além do valor diagnóstico e prognóstico, a compreensão do papel da inflamação nas DCV tem estimulado o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas. Ensaios clínicos recentes com agentes anti-inflamatórios, como o canaquinumabe e a colchicina, demonstraram redução significativa em eventos cardiovasculares maiores, reforçando a importância do controle da inflamação sistêmica como alvo terapêutico (Moissl et al., 2025; Kaptoge et al., 2014). Essa perspectiva abre caminho para uma abordagem integrada que combine o manejo dos fatores de risco tradicionais com a modulação da resposta inflamatória,

representando um avanço na busca por uma medicina cardiovascular mais precisa e personalizada. A inflamação de baixo grau é reconhecida como um fator central na origem e progressão das doenças cardiovasculares (DCV), especialmente na aterosclerose. Citocinas pró-inflamatórias como interleucina-6 (IL-6), fator de necrose tumoral alfa (TNF- α) e interleucina-1 (IL-1) participam ativamente da disfunção endotelial, remodelamento vascular e instabilidade de placas, contribuindo para eventos como infarto e insuficiência cardíaca (Zhang & Dhalla, 2024; Kaptoge et al., 2014; Henein et al., 2022). Estudos prospectivos mostram que níveis elevados dessas citocinas estão associados a maior risco de eventos cardiovasculares, independentemente de fatores de risco tradicionais (Kaptoge et al., 2014).

Além das citocinas, marcadores inflamatórios como proteína C-reativa de alta sensibilidade (hs-CRP), fibrinogênio, galectina-3 e até biomarcadores mais recentes como GlycA e razão neutrófilo-linfócito (NLR) têm sido estudados para estratificação de risco (Moissl et al., 2025; Koo et al., 2025; Chiesa et al., 2022; García-Escobar et al., 2023). IL-6, em particular, tem se destacado por apresentar maior poder preditivo para eventos cardiovasculares do que marcadores tradicionais como hs-CRP (Moissl et al., 2025; Koo et al., 2025). A combinação de múltiplos marcadores inflamatórios pode identificar fenótipos de alto risco, com maior carga cardiometabólica e mortalidade, sugerindo que perfis multimarcadores são mais eficazes do que marcadores isolados (Moissl et al., 2025; Kristono et al., 2021).

No entanto, a utilidade clínica desses biomarcadores ainda enfrenta desafios, como a padronização dos métodos de dosagem, influência de fatores demográficos e validação de valores de referência (Patoulias et al., 2020; Giannakopoulou et al., 2024). Apesar disso, a integração de citocinas e marcadores inflamatórios em modelos de predição pode aprimorar a detecção precoce e a prevenção personalizada das DCV, representando uma fronteira promissora para a medicina cardiovascular (Moissl et al., 2025; Henein et al., 2022; Koo et al., 2025).

2 MATERIAL E MÉTODOS

Diversos estudos científicos recentes têm demonstrado que a inflamação de baixo grau desempenha papel central na fisiopatologia das doenças cardiovasculares, especialmente na aterosclerose e suas complicações. Citocinas pró-inflamatórias como a interleucina-6 (IL-6), proteína C-reativa de alta sensibilidade (hs-CRP) e a proteína amiloide A sérica (SAA) estão associadas a maior risco de eventos cardiovasculares futuros, sendo que a elevação combinada desses marcadores identifica um fenótipo de alto risco, caracterizado por maior carga cardiometabólica e aumento da mortalidade. Entre esses biomarcadores, a IL-6 se destaca por apresentar o maior poder preditivo isolado para eventos cardiovasculares e por refletir uma atividade inflamatória mais “a montante”, sugerindo inclusive potencial como alvo terapêutico. A análise conjunta de múltiplos marcadores inflamatórios, utilizando abordagens estatísticas avançadas como a análise de componentes principais, tem se mostrado superior à avaliação isolada de cada biomarcador, aumentando a precisão na predição de desfechos adversos, como morte e eventos cardiovasculares maiores, especialmente após infarto agudo do miocárdio. No entanto, a utilidade clínica desses marcadores ainda enfrenta desafios, como a influência de fatores demográficos, uso de medicamentos, variações metodológicas na coleta e análise das amostras, além da necessidade de validação de valores de referência para diferentes populações. Apesar dessas limitações, a integração de biomarcadores inflamatórios em modelos de estratificação de risco cardiovascular representa uma estratégia promissora para aprimorar a detecção precoce e a prevenção personalizada, podendo contribuir para a redução da morbimortalidade associada às doenças cardiovasculares. Estudos sistemáticos e meta-análises reforçam que marcadores avançados, como IL-6, fibrinogênio e galectina-3,

apresentam maior acurácia preditiva do que marcadores tradicionais como hs-CRP, e que a abordagem multimarcadores pode ser fundamental para o avanço da medicina personalizada no contexto cardiovascular.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estudos recentes mostram que a elevação de biomarcadores inflamatórios como IL-6, hs-CRP, SAA, fibrinogênio e galectina-3 está associada ao aumento do risco de eventos cardiovasculares e mortalidade. A análise do estudo LURIC demonstrou que a elevação combinada de hs-CRP, SAA e IL-6 identifica um fenótipo de alto risco, com maior prevalência de doença arterial coronariana, insuficiência cardíaca, alterações metabólicas e aumento da mortalidade, sendo a IL-6 o marcador isolado de maior poder preditivo para mortalidade cardiovascular (Moissl A, 2025). Em pacientes com doença arterial periférica, IL-6, TNF- α , IL-1 e hs-CRP também se associaram a piores desfechos, como eventos cardiovasculares maiores e mortalidade, embora a força dessas associações varie conforme o biomarcador e o contexto clínico (Fragão-Marques M, 2025). Uma meta-análise confirmou que níveis elevados de IL-6, CRP, fibrinogênio e galectina-3 aumentam o risco de desenvolvimento de doença cardiovascular, destacando a utilidade desses marcadores na predição de eventos (Liu Y, 2023). Revisões sistemáticas apontam que marcadores avançados, como IL-6, fibrinogênio e galectina-3, apresentam maior acurácia preditiva para eventos cardiovasculares do que marcadores tradicionais como hs-CRP, e que a análise multimarcadores pode aprimorar a estratificação de risco (Koo T, 2025). Em diabéticos tipo 2, IL-6 foi o único marcador que se manteve como preditor independente de eventos macrovasculares e mortalidade após ajustes para outros fatores (Lowe G, 2014). Estudos longitudinais mostram que aumentos ao longo do tempo em IL-6 e CRP estão relacionados a maior incidência de eventos cardiovasculares, enquanto alterações em fibrinogênio não apresentaram associação significativa (Shabani M, 2021). Em pacientes com síndromes coronarianas agudas, hs-CRP e contagem de leucócitos foram os únicos biomarcadores inflamatórios com valor preditivo independente para mortalidade cardiovascular a longo prazo (Zairis M, 2007).

Os achados do estudo LURIC Study reforçam que não apenas o aumento isolado de biomarcadores inflamatórios importa, mas a *combinação* entre eles pode revelar um perfil de risco muito mais significativo. Participantes com elevação simultânea de hs-CRP, SAA (serum amyloid A) e IL-6 apresentaram maior prevalência de doença arterial coronariana, insuficiência cardíaca, desregulação metabólica e pior função renal em comparação aos que não tinham esse perfil — indicando que há um “efeito sinérgico” desses marcadores no processo patológico.

Além disso, quando ajustados para múltiplos fatores de risco, o IL-6 isoladamente demonstrou o maior poder preditivo para mortalidade entre os biomarcadores avaliados, com melhor discriminação de risco (AUC \approx 0,638) em modelos de risco. Esses resultados sugerem que o IL-6 pode servir não só como marcador, mas como um retrato da ativação inflamatória de base, sendo capaz de superar, em alguns cenários, marcadores tradicionais isolados para estratificar risco cardiovascular.

4 CONCLUSÃO

Em conclusão, a elevação de biomarcadores inflamatórios, especialmente IL-6, está fortemente associada ao risco cardiovascular e à mortalidade, e a análise combinada de múltiplos marcadores pode aprimorar a identificação de indivíduos de alto risco, embora sua aplicação clínica rotineira ainda demande mais estudos para validação e padronização (Moissl

A, 2025; Fragão-Marques M, 2025; Liu Y, 2023; Koo T, 2025; Lowe G, 2014; Shabani M, 2021; Zairis M, 2007).

REFERÊNCIAS

AIN, Q.; SARFRAZ, M.; PRASESTI, G.; DEWI, T.; KURNIATI, N. Confounders in identification and analysis of inflammatory biomarkers in cardiovascular diseases. *Biomolecules*, v. 11, 2021.

BRUNETTI, N.; TROCCOLI, R.; CORREALE, M.; PELLEGRINO, P.; BIASE, M. C-reactive protein in patients with acute coronary syndrome: correlation with diagnosis, myocardial damage, ejection fraction and angiographic findings. *International Journal of Cardiology*, v. 109, n. 2, p. 248-256, 2006.

CANADA, J.; THOMAS, G.; TRANKLE, C.; CARBONE, S.; BILLINGSLEY, H.; TASSELL, B.; ... & ABBATE, A. Increased C-reactive protein is associated with the severity of thoracic radiotherapy-induced cardiomyopathy. *Cardio-Oncology*, v. 6, n. 1, 2020.

COSENTINO, N.; GENOVESE, S.; CAMPODONICO, J.; BONOMI, A.; LUCCI, C.; MILAZZO, V.; ... & MARENZI, G. High-sensitivity C-reactive protein and acute kidney injury in patients with acute myocardial infarction: a prospective observational study. *Journal of Clinical Medicine*, v. 8, n. 12, p. 2192, 2019.

DOCHERTY, K. F. et al. **Estudo DAPA-HF: níveis elevados de IL-6 e hs-CRP associados a pior prognóstico em insuficiência cardíaca, independentemente do tratamento com dapagliflozina.** 2025.

FRAGÃO-MARQUES, M. et al. **Inflammatory biomarkers and outcomes in patients with peripheral artery disease.** 2025.

GARCÍA-ESCOBAR, A. et al. **Neutrophil-to-lymphocyte ratio as an inflammatory and prognostic marker in heart failure, cardiovascular disease and chronic inflammatory diseases.** Elsevier, 2023.

GIANNAKOPOULOU, S. P. et al. Serum inflammatory markers used in cardiovascular disease risk prediction models: **a systematic review.** 2024.

HAN, J.; WANG, D.; YU, B.; WANG, Y.; REN, H.; ZHANG, B.; ... & ZHENG, Q. Cardioprotection against ischemia/reperfusion by licochalcone B in isolated rat hearts. *Oxidative Medicine and Cellular Longevity*, 2014.

HENEIN, M. Y. et al. The role of inflammation in cardiovascular disease. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 23, n. 21, 2022.

HIJAZI, Z. et al. IL-6 and CRP and their association with mortality in anticoagulated patients with atrial fibrillation. 2016.

JIANG, N.; ZHOU, S.; WANG, G.; JIANG, N.; WANG, H.; ZHAO, F. Diagnostic value and prognostic significance of CTRP9 combined with pentraxin-3 in acute coronary syndrome. **Experimental and Therapeutic Medicine**, v. 21, n. 3, 2021.



ASPECTOS PATOLÓGICOS E EPIDEMIOLÓGICOS DA COINFEÇÃO TUBERCULOSE E HIV NO BRASIL

DJENIFER LUANALUTZ; EMILLY RAFAELLY DE ARRUDA MAGALHÃES; MARA PEREIRA VIANA; MARIA LÚCIA ALVES RODRIGUES; MYLENA DA SILVA CUNHA

RESUMO

A coinfeção entre tuberculose (TB) e o vírus da imunodeficiência humana (HIV) constitui um dos cenários mais complexos e desafiadores da saúde pública brasileira, devido à interação patológica que intensifica a gravidade clínica e dificulta o diagnóstico e o tratamento. A tuberculose permanece como uma das principais causas de morbidade entre pessoas vivendo com HIV, e sua progressão é acelerada pela imunossupressão decorrente da redução significativa dos linfócitos CD4⁺, comprometendo a formação adequada dos granulomas e favorecendo a disseminação do *Mycobacterium tuberculosis*. Por outro lado, a inflamação desencadeada pela tuberculose ativa aumenta a replicação viral, acelerando a progressão da infecção pelo HIV e agravando o estado imunológico do indivíduo. No Brasil, cerca de 8% a 12% dos novos casos de TB ocorrem em pessoas vivendo com HIV, e a mortalidade permanece elevada, especialmente nas regiões Norte e Nordeste, onde a vulnerabilidade social, o diagnóstico tardio e o acesso limitado aos serviços especializados dificultam o controle da coinfeção. A sobreposição de fatores sociais, como pobreza, uso de drogas, baixa escolaridade e condições precárias de moradia, aumenta o risco de infecção e abandono terapêutico. Do ponto de vista clínico, a coinfeção está frequentemente associada a quadros extrapulmonares, maior carga bacilar, risco aumentado de tuberculose disseminada e maior prevalência de resistência medicamentosa. O tratamento simultâneo enfrenta desafios como interações farmacológicas, hepatotoxicidade e risco de síndrome inflamatória da reconstituição imune (IRIS), exigindo monitoramento rigoroso. Este trabalho apresenta uma análise dos aspectos patológicos, imunológicos e epidemiológicos da coinfeção no Brasil, destacando as dificuldades terapêuticas e os desafios estruturais do sistema de saúde. Conclui-se que a compreensão integrada desses fatores é essencial para aprimorar estratégias diagnósticas, terapêuticas e preventivas, contribuindo para a redução da mortalidade e do impacto da coinfeção no país.

Palavras-chave: Epidemiologia; Imunopatologia; Infecções Respiratórias.

1 INTRODUÇÃO

A coinfeção entre tuberculose (TB) e o vírus da imunodeficiência humana (HIV) caracteriza um dos mais complexos desafios patológicos e epidemiológicos da saúde pública brasileira e mundial. A interação entre o *Mycobacterium tuberculosis* e o HIV produz um cenário de agravamento mútuo, em que a resposta imunológica é profundamente comprometida pela destruição progressiva de linfócitos CD4⁺, essenciais para a manutenção da imunidade celular (BRASIL, 2024). A tuberculose é, historicamente, a principal causa de morte por doenças infecciosas entre pessoas vivendo com HIV, sendo responsável por quase um terço das mortes globais relacionadas ao vírus (OMS, 2023).

No Brasil, estima-se que entre 8% e 12% dos novos casos de tuberculose ocorram em indivíduos coinfectados com HIV, embora essa proporção seja maior em regiões de maior desigualdade socioeconômica e menor cobertura assistencial, como Norte e Nordeste

(SANTOS et al., 2020). Nesses locais, fatores como pobreza extrema, dificuldade de acesso a exames, falta de vigilância ativa, estigma social e abandono terapêutico contribuem para a perpetuação da doença.

A coinfeção altera profundamente a fisiopatologia da tuberculose, comprometendo a formação adequada de granulomas — estruturas fundamentais para conter a proliferação bacteriana. Em indivíduos imunocompetentes, a resposta imune tende a limitar a infecção, mantendo o bacilo em estado latente por anos. Entretanto, na presença de HIV, o número reduzido de linfócitos CD4⁺ e a disfunção de macrófagos tornam o organismo incapaz de controlar o bacilo, facilitando a disseminação hematogênica e o desenvolvimento de formas graves, como tuberculose miliar e acometimento do sistema nervoso central (MOURA et al., 2024).

Além disso, a resposta inflamatória desencadeada pela tuberculose ativa estimula a replicação viral, acelerando a progressão da infecção pelo HIV e reduzindo o tempo até o estágio de imunodeficiência avançada (ZUMALA; LAWN, 2017). Esse ciclo patológico torna a coinfeção um fenômeno de retroalimentação negativa, no qual um agente infeccioso amplia a gravidade do outro.

O contexto epidemiológico brasileiro ainda é marcado por desigualdades, vulnerabilidade social, dificuldades de diagnóstico precoce e desafios estruturais no acesso aos serviços de saúde. Assim, compreender os aspectos patológicos e epidemiológicos da coinfeção é fundamental para direcionar estratégias de controle, aprimorar protocolos assistenciais e reduzir a morbimortalidade no país.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo caracteriza-se como uma revisão bibliográfica narrativa e integrativa, de caráter qualitativo e descritivo, elaborada com o objetivo de analisar os principais aspectos patológicos, clínicos e epidemiológicos da coinfeção tuberculose-HIV no Brasil. Para isso, foi realizada uma busca sistematizada nas bases de dados SciELO, PubMed, LILACS, BVS, Google Scholar, além de relatórios epidemiológicos oficiais do Ministério da Saúde e da Organização Mundial da Saúde.

Os descritores utilizados incluíram: “tuberculose”, “HIV”, “coinfeção TB-HIV”, “epidemiologia”, “imunopatologia”, “granuloma”, “resposta imune”, “IRIS”, “TB extrapulmonar”, “resistência medicamentosa” e “TARV”. A busca abrangeu publicações entre 2014 e 2024, em português, inglês e espanhol.

Inicialmente foram identificados 312 estudos. Após leitura de títulos e resumos, 174 foram excluídos por não abordarem diretamente a temática ou não apresentarem metodologia adequada. Permaneceram 138 artigos para leitura completa, dos quais 39 apresentaram relevância direta para os objetivos da revisão. Além desses, foram incluídos documentos oficiais, protocolos clínicos e estudos multicêntricos.

Os dados obtidos foram organizados em cinco eixos temáticos:

1. Fisiopatologia e imunopatologia da coinfeção clínica
2. Aspectos anatomopatológicos e evolução
3. Diagnóstico laboratorial e dificuldades na

4. prática clínica
5. Panorama epidemiológico brasileiro
6. Tratamento, desafios e políticas públicas
7. Por se tratar de pesquisa bibliográfica, o estudo não exigiu submissão ao Comitê de Ética em Pesquisa.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Aspectos patológicos e imunológicos da coinfeção

A coinfeção TB-HIV produz uma profunda disrupção do sistema imune. O HIV causa redução progressiva de linfócitos CD4⁺, o que compromete a ativação de macrófagos e células T auxiliares, essenciais para conter o *M. tuberculosis* (MOURA et al., 2024). Em pessoas imunocompetentes, granulomas organizados formam barreiras físicas e celulares contra a disseminação do bacilo. Porém, em coinfectados, esses granulomas tornam-se incompletos, frouxos e incapazes de conter o bacilo, aumentando significativamente a carga bacteriana.

Além disso, o HIV compromete a função dos macrófagos, reduzindo a capacidade fagocítica e favorecendo a replicação intracelular do bacilo. Isso contribui para a formação de formas clínicas mais graves e disseminadas. A tuberculose, por sua vez, estimula intensa inflamação, ativando células T e macrófagos, o que aumenta a expressão de co-receptores do HIV (como CCR5), acelerando a replicação viral. Esse mecanismo explica por que pessoas coinfectadas progridem mais rapidamente para estágios avançados de imunossupressão.

3.2 Alterações anatomopatológicas e manifestações clínicas Em indivíduos coinfectados, observa-se maior frequência de:

- tuberculose extrapulmonar (linfonodal, miliar,
- meníngea, pleural)
- tuberculose disseminada
- ausência de cavitações pulmonares
- alta carga bacilar tecidual
- necrose caseosa pouco organizada granulomas incompletos ou ausentes

Autópsias em coinfectados mostram comprometimento simultâneo de pulmões, fígado, baço, medula óssea, sistema nervoso central e linfonodos. Clinicamente, a coinfeção apresenta febre prolongada, emagrecimento acentuado, sudorese noturna e dificuldade respiratória, porém muitas vezes sem radiografia típica, dificultando o diagnóstico.

3.3 Diagnóstico clínico e laboratorial

O diagnóstico da TB em pessoas vivendo com HIV é dificultado pela apresentação atípica e pela menor sensibilidade dos métodos tradicionais. A baciloscopia pode ser negativa em até 65% dos casos devido à ausência de cavitações, apesar da alta carga bacteriana tecidual.

Ferramentas recomendadas:

- TRM-TB (Teste Rápido Molecular) — alta acurácia, mas ainda desigual no acesso.
- Cultura em meio líquido — padrão-ouro, porém lenta.
- Radiografia — muitas vezes inespecífica em coinfectados.
- Testes de sensibilidade — essenciais para detectar TB resistente.

O diagnóstico precoce do HIV também é essencial, pois o início tardio da TARV aumenta a mortalidade da coinfeção.

3.4 Panorama epidemiológico da coinfeção no Brasil

A coinfeção permanece como um dos principais entraves no controle da tuberculose.

As regiões brasileiras mais afetadas são:

- Norte (alta incidência, pobreza, acesso restrito ao diagnóstico)
- Nordeste (altas taxas de abandono terapêutico)
- Grandes centros urbanos (desigualdade social acentuada)
- Determinantes sociais da coinfeção incluem:
 - pobreza extrema
 - uso de álcool e drogas
 - baixa escolaridade
 - insegurança alimentar
 - superlotação domiciliaropulação privada de Liberdade
 - pessoas vivendo em situação de rua

Esses fatores aumentam o risco de infecção, dificultam a adesão ao tratamento e elevam a mortalidade.

3.5 Desafios terapêuticos no manejo TB-HIV

O tratamento simultâneo enfrenta múltiplos desafios:

- interações medicamentosas entre rifampicina e antirretrovirais
- risco elevado de hepatotoxicidade
- síndrome inflamatória de reconstituição imune
 - (IRIS)
 - necessidade de monitoramento rigoroso
 - resistência medicamentosa (TB-MDR e TB- abandono terapêutico por fatores sociais

A supervisão direta da terapia (TDO) é uma estratégia crucial, porém ainda insuficientemente implementada.

3.6 Políticas públicas e desafios estruturais O Brasil possui políticas importantes:

- TARV universal
- TRM-TB gratuito
- distribuição de medicamentos antituberculose
- vigilância epidemiológica integrada Entretanto, persistem fragilidades:
 - subnotificação
 - fragmentação dos serviços de TB e HIV
 - desigualdade regional de acesso
 - falta de integração entre atenção primária e serviços especializados
- fortalecimento da Atenção Primária (APS) e o investimento em ações intersetoriais são fundamentais para controle da coinfeção.

4 CONCLUSÃO

A coinfeção tuberculose-HIV representa um grave desafio patológico, clínico e epidemiológico no Brasil, marcado pela interação de mecanismos fisiopatológicos complexos e profundas vulnerabilidades sociais. A disfunção imunológica causada pelo HIV compromete o controle do *M. tuberculosis*, favorecendo formas graves e disseminadas, enquanto a inflamação decorrente da tuberculose acelera a progressão viral.

A persistência de desigualdades regionais, diagnóstico tardio, resistência medicamentosa e dificuldades de adesão reforçam a necessidade de estratégias integradas no sistema de saúde. Assim, fortalecer a atenção primária, ampliar o acesso ao TRM-TB e à TARV, aperfeiçoar ações de vigilância e investir na formação de equipes multiprofissionais são medidas essenciais.

Conclui-se que compreender a coinfeção em seus aspectos patológicos e epidemiológicos é fundamental para reduzir mortalidade, aprimorar o manejo clínico e promover políticas públicas mais equitativas e efetivas no Brasil.

REFERÊNCIAS

- BRASIL. Ministério da Saúde. **Manual de recomendações para o controle da tuberculose no Brasil**. 2022.
- BRASIL. Ministério da Saúde. **Boletim Epidemiológico de Tuberculose 2024**. 2024.
- BRASIL. Ministério da Saúde. **Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas para Manejo da Infecção pelo HIV em Adultos**. 2021.
- MOURA, A. C. et al. Imunopatologia da TB-HIV. 2024. OMS. **Global Tuberculosis Report**. 2023.
- SANTOS, M. L. S. et al. **Vulnerabilidade social e tuberculose no Brasil**. 2020.
- ZUMALA, A.; LAWN, S. D. **Tuberculosis and HIV co- infection**. 2017.



O impacto do diabetes mellitus na qualidade de vida dos pacientes: desafios e enfrentamentos

RAIANE VICTORIA MELO SILVA; THAIS INFANTE ANTUNES TEIXEIRA; JÚLIA GRAZIELLE VILARINHO DA SILVA; ANA CLARA DA SILVA NOBRE; ANA LUIZA LOPES BRAGA; HERLANE SANTOS; NAOMI MARTINS

Introdução: O diabetes mellitus é uma doença crônica de ampla prevalência e grande impacto na saúde pública. Sua presença afeta diretamente a qualidade de vida dos pacientes, influenciando aspectos emocionais, físicos e sociais. O controle glicêmico rigoroso exige restrições alimentares e monitoramento frequente, gerando limitações no cotidiano. Assim, compreender essa relação é essencial para aprimorar o cuidado e promover melhor bem-estar às pessoas com diabetes. **Objetivo:** Investigar como esta patologia afeta a qualidade de vida, considerando desafios físicos, emocionais e sociais. Analisar sua importância para estratégias de cuidado mais eficazes e identificar como o controle glicêmico influencia o bem-estar, além de compreender o impacto do tratamento, das complicações e do autocuidado no enfrentamento da doença, buscando avaliar como esses fatores afetam a rotina, a autonomia e a adaptação dos indivíduos. **Metodologia:** A presente pesquisa trata-se de uma revisão integrativa, desenvolvida durante o período de outubro e novembro do ano de 2025. Foram consideradas como fontes de buscas os sites de divulgação acadêmica Scientific Electronic Library Online (SciELO) e google acadêmico. Foram considerados artigos originais e revisões publicados entre 2020 e 2023, utilizando as seguintes palavras chaves: Diabetes; desafios; impactos; enfrentamentos combinados pelo operador booleano 'AND'. Como Critérios de inclusão, foram selecionados artigos que apresentassem uma relação direta entre Diabetes, impactos e qualidade de vida e estivessem na língua portuguesa. Como critérios de exclusão, foram artigos não disponíveis na íntegra ou com acesso restrito. **Resultados:** A pesquisa bibliográfica resultou em 73.200 estudos encontrados, onde após aplicação dos critérios de inclusão e exclusão e análise por pares, 7 foram selecionados à leitura integral, e 4 por fim, foram selecionados como material definitivo para construção do presente estudo. **Conclusão:** O diabetes mellitus impacta a qualidade de vida dos pacientes, afetando aspectos físicos, emocionais e sociais. Os desafios incluem adesão rigorosa ao tratamento e mudanças no estilo de vida. Para minimizar esses impactos, é essencial promover educação em saúde, apoio psicológico e acompanhamento multidisciplinar, visando o controle glicêmico e o bem-estar integral do paciente.

Palavras-chave: **PATOLOGIA; REPERCUSSÕES; AUTOCUIDADO**



ACHADOS MACROSCÓPICOS RELEVANTES EM NECROPSIAS DE MORTES SÚBITAS CARDIOVASCULARES

HILDELENE AMELIA DE ARAUJO DANTAS; DANIELLE BANDEIRA CAMPOS RODRIGUES; DARLEANE BATISTA DE OLIVEIRA ANGELIM; JOSÉ DANIEL OLIVEIRA ANGELIM DA SILVA; ISABELLE MARIA VELOSO BRAZ; ERIKA CHIRLEY CHAIB ARAUJO; ALEXANDRA MORAES COSTA DE SOUSA

Introdução: A morte súbita cardiovascular (MSC) representa uma das principais causas de óbitos inesperados na população adulta e constitui um grande desafio para a patologia forense e clínica. A análise macroscópica em necropsias é essencial para identificar causas imediatas e contribuintes do evento fatal, permitindo reconhecer alterações estruturais cardíacas e vasculares compatíveis com isquemia aguda, arritmias, cardiomiopatias ou rupturas vasculares. A avaliação morfológica detalhada auxilia na determinação da causa mortis e orienta ações epidemiológicas. **Objetivo:** Identificar e sintetizar os principais achados macroscópicos descritos em necropsias de mortes súbitas cardiovasculares, destacando seu papel na determinação da causa mortis e na compreensão dos mecanismos fisiopatológicos envolvidos. **Metodologia:** Trata-se de uma síntese de revisões sistemáticas publicadas entre 2015 e 2025, complementada por artigos originais sobre achados macroscópicos em necropsias de mortes súbitas cardiovasculares. A busca foi realizada nas bases PubMed, SciELO e LILACS, utilizando os descritores: “morte súbita cardíaca”, “autópsia”, “patologia macroscópica” e “doenças cardiovasculares”. Foram incluídas revisões sistemáticas, metanálises e estudos observacionais que apresentavam descrição macroscópica detalhada. Excluíram-se estudos exclusivamente histológicos, pesquisas em modelos animais e trabalhos sem dados morfológicos pertinentes. **Resultados:** A busca identificou 118 artigos, dos quais 32 foram incluídos após aplicação dos critérios de elegibilidade. Os achados macroscópicos mais frequentes envolveram doença arterial coronariana avançada, com estenoses críticas superiores a 75% e trombos oclusivos. Infartos agudos do miocárdio foram encontrados nas fases hiperaguda ou aguda, caracterizados por áreas pálidas, amareladas ou hemorrágicas. A cardiomiopatia hipertrófica foi associada à hipertrofia septal assimétrica, enquanto a cardiomiopatia dilatada apresentou cavidades aumentadas e trombos murais. Rupturas cardíacas secundárias a infarto transmural foram observadas, frequentemente associadas a hemopericárdio. Outros achados incluíram aneurisma dissecante de aorta, com destacamento da íntima, e miocardite fulminante, com aumento cardíaco difuso. **Conclusão:** A análise macroscópica nas necropsias de morte súbita cardiovascular segue sendo essencial para esclarecer a causa do óbito. Achados como doença coronariana avançada, infarto agudo e rupturas cardíacas ou vasculares permitem identificar padrões importantes na prática forense. Esses elementos reforçam o valor da necropsia, ampliam o entendimento epidemiológico e ajudam a direcionar ações preventivas para indivíduos e famílias em risco.

Palavras-chave: **AUTÓPSIA; CARDIOMIOPATIAS; TANATOLOGIA**



A PATOLOGIA DA COLICA EQUINA

HANNA COELHO C. DE ARAÚJO;

Introdução: A cólica equina é uma condição amplamente conhecida entre profissionais e tutores de cavalos por causar grande desconforto e risco aos animais. Ela representa um conjunto de dores abdominais desencadeadas por diferentes alterações no trato gastrointestinal, podendo variar de situações simples a emergências graves. Por não ser uma doença única, mas sim uma manifestação de diversos processos internos, sua compreensão exige olhar atento para os mecanismos que levam o cavalo a demonstrar dor e alterações comportamentais. **Objetivo :** Apresentar de maneira clara e acessível os principais fatores envolvidos no desenvolvimento da cólica em equinos, explicando suas causas, impacto no organismo e a importância do diagnóstico precoce, a fim de facilitar o entendimento e auxiliar na tomada de decisões clínicas. **Metodologia :** A construção deste material foi realizada a partir de revisão integrada de conteúdo técnico-científico, utilizando literatura da área, fundamentos fisiopatológicos e referências atualizadas sobre saúde digestiva de equinos. As informações foram reunidas e ajustadas para formar um texto coeso e de leitura agradável. **Resultados :** As cólicas podem surgir por obstruções causadas por alimentos secos ou mal mastigados, formação de enterólitos, deslocamentos intestinais, além de distensões gasosas provocadas por fermentação exagerada ou mudanças bruscas na dieta. Situações de estresse, parasitismo ou manejo alimentar inadequado também desencadeiam contrações dolorosas. Quando o conteúdo intestinal não avança como deveria ou quando as paredes do intestino são estiradas, o cavalo sente dor intensa. Nos quadros mais graves, torções ou encarceramentos interrompem o fluxo sanguíneo, levando à isquemia, necrose e risco real de sepse. Os sinais clínicos podem ir de inquietação, olhar para o flanco e redução do apetite até sudorese intensa, rolamento constante e dificuldade de se manter em pé. **Conclusão :** O tratamento varia conforme a causa, podendo incluir analgésicos, antiespasmódicos, fluidoterapia, decompressão gástrica ou cirurgia. A prevenção depende de cuidados simples, como alimentação adequada, hidratação contínua, exercícios regulares e controle parasitário. Conhecer a fisiologia por trás da cólica permite intervir cedo, reduzir riscos e garantir qualidade de vida aos equinos.

Palavras-chave: **SAÚDE INTESTINAL EQUINA; DISTÚRBIOS ABDOMINAIS; CUIDADOS PREVENTIVOS**



Microrganismos resistentes aos carbapenêmicos e sua distribuição no Brasil, 2015 a 2022

Kamila Bacelar da Silva

RESUMO

A resistência aos antimicrobianos é um importante problema de saúde pública mundial. Os genes envolvidos nesses mecanismos codificam enzimas capazes de hidrolisar o anel β -lactâmico de antibióticos como penicilinas, cefalosporinas e, inclusive, carbapenêmicos, amplamente utilizados em infecções graves em unidades de terapia intensiva. Neste estudo, foram analisados principalmente os genes *Enterobacterales* bla KPC e bla NDM, bem como o bla OXA-23 em *Acinetobacter baumannii* e o bla SPM em *Pseudomonas Aeruginosa*. Apresentam-se dados sobre a detecção de carbapenemases e a evolução dos mecanismos de resistência, no período de 2015 a 2022. Trata-se de um estudo descritivo, de abordagem quantitativa, baseado em dados do Boletim Epidemiológico do Ministério da Saúde referentes a microrganismos resistentes aos carbapenêmicos no Brasil entre 2015 e 2022. Observou-se que os estados de Minas Gerais, Paraná e Bahia concentraram juntos 58,21% dos casos notificados, ou seja, mais da metade dos casos identificados no país. Em relação aos genes, houve redução de 26,1% nos registros de bla KPC entre 2015 e 2022, enquanto o bla NDM apresentou aumento de 19,6 pontos percentuais, correspondendo a um crescimento relativo de 466,7% em oito anos. O bla OXA-23 mostrou leve queda de 3,9% no mesmo período, mantendo-se como o principal determinante de resistência no *complexo Acinobacter baumannii*. Os demais genes permaneceram em frequências próximas de 7%. Os achados reforçam a necessidade de fortalecimento da vigilância laboratorial e do investimento em educação, pesquisa, testes diagnósticos e inovação, com vistas à promoção do uso racional de antimicrobianos e à contenção da disseminação de genes que codificam enzimas hidrolisadoras de β -lactâmicos.

Palavras-chave: Antibióticos; Saúde única; Vigilância

1 INTRODUÇÃO

Mundialmente, a Resistência aos antimicrobianos (RAM) tornou-se uma das principais causas de óbitos em UTI. De acordo com o Ministério da Saúde (BRASIL, 2024) avalia-se que uma entre cada 5 mortes relacionadas a RAM ocorreu com crianças menores de 5 anos, muitas vezes acometidas de infecções previamente tratáveis. No mundo, são mais de 4,95 milhões de mortes associados direta ou indiretamente à resistência aos antimicrobianos, representando uma das maiores ameaças à saúde única.

De acordo com o Plano de Ação Nacional de Prevenção e Controle da Resistência aos Antimicrobianos no Âmbito da Saúde Única PAN-BR (BRASIL, 2018) o seu desenvolvimento era esperado por diversos fatores: a variabilidade genética, a interação das bactérias com o meio ambiente, o uso irracional de antibióticos na saúde humana, animal e meio de cultura de alimentos, vigilância e monitoramento inadequado desses antimicrobianos, o descarte de medicamentos de forma inadequada que conseqüentemente contamina o solo e a água

disponível para consumo, as mudanças climáticas, a redução de pesquisas e o impacto econômico e social como aumento do custo nos hospitais, tempo de tratamento e internação. Em 2009, o Brasil, por meio do Ministério da Saúde, implementou o Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL), um sistema online que permite o registro, acompanhamento e liberação de resultados de exames, como tuberculose, HIV, Covid-19, arboviroses, entre outros. Dessa forma, o GAL constitui uma ferramenta fundamental para garantir a confiabilidade e a veracidade dos dados epidemiológicos de cada região e subsidiar o monitoramento de microrganismos resistentes aos carbapenêmicos no país. Devido ao desequilíbrio microbiológico provocado após a pandemia de Covid, o Ministério da Saúde lançou a Nota Técnica Conjunta nº 74/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS, elaborada em parceria com o Comitê Brasileiro de Testes de Sensibilidade aos Antimicrobianos (BrCAST) e a Agência Brasileira de Vigilância Sanitária (Anvisa). Esse documento contribuiu para o aprimoramento da qualificação dos dados qualitativos e quantitativos de isolados de bactérias com perfil de multirresistência em especial metalo- β -lactamases como a NDM, e co-produção de outras carbapenemases. Além disso a nota técnica orienta os laboratórios e serviços de saúde quanto à realização de testes, interpretação dos resultados e notificação dos microrganismos multirresistentes (BRASIL,2022), evidenciando a preocupação com as bactérias gram-negativas, principalmente as produtoras de carbapenemases.

Diante desse cenário, o objetivo deste estudo é apresentar os dados sobre a detecção de carbapenemases no Brasil, a partir da base de dados do GAL, permitindo observar a evolução dos mecanismos de resistência nos anos de 2015 a 2022. Foram avaliados os microrganismos de maior importância clínica *Enterobacterales*, *Complexo Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas Aeruginosa*.

2 MATERIAIS E MÉTODOS:

Trata-se de um estudo descritivo, de abordagem quantitativa, com dados do Boletim Epidemiológico do Ministério da Saúde referente aos microrganismos resistentes aos carbapenêmicos no Brasil, no período de 2015 a 2022 (BRASIL,2024). Foram selecionados os seguintes microrganismos de maior relevância clínica: *Enterobacterales*, complexo *Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas Aeruginosa*. A análise contemplou a totalidade dos casos provenientes da Base unificada (BDU) do GAL, do Laboratório Central do Paraná (Lacen-PR) e do Laboratório de Pesquisa em infecções hospitalares Oswaldo Cruz (LAPIH) abrangendo os 27 Estados Brasileiros.

Os microrganismos resistentes aos carbapenêmicos, advindos do serviço de saúde, foram enviados ao Lacen para confirmação das cepas produtoras de carbapenemases. Nesses laboratórios, foram empregadas técnicas de reações em cadeia da polimerase (PCR) convencional ou qPCR. Mais recentemente foram desenvolvidas técnicas de PCR multiplex e microarray para detecção de vários genes em um único teste. Foram analisados os seguintes genes associados à produção de carbapenemases (BRASIL,2024)

- *Enterobacterales*: bla_{KPC}, bla_{NDM}, bla_{IMP}, bla_{VIM}, bla_{OXA-48};
- *Acinetobacter baumannii*: bla_{KPC}, bla_{NDM}, bla_{OXA-23}, bla_{OXA-24}, bla_{OXA-58};
- *Pseudomonas. Aeruginosa*: bla_{SPM}, bla_{KPC}, bla_{NDM}, bla_{VIM};

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO:

No total foram analisadas 85.718 isolados bacterianos. Dentre os quais bla_{KPC} (83.282) e o bla_{NDM} (86.038) foram os mais testados visto serem comuns dos três grupos pesquisados.

Em relação à distribuição geográfica, observou-se predominância de notificações em três estados brasileiros: Minas Gerais, com 20.146 casos (23%), Paraná, com 17.748 casos (20,71%) e Bahia, com 12.428 casos (14,5%) (BRASIL, 2024). Ressalta-se que cada estado possui suas particularidades epidemiológicas, estruturais e de vigilância, de modo que um menor valor dos dados não implicam necessariamente menor incidência de bactérias multirresistentes. Essa representação evidencia a importância da análise crítica dos dados pela comunidade científica e a consolidação da vigilância laboratorial em todo o território nacional. (BRASIL,2024).

Enterobacterales

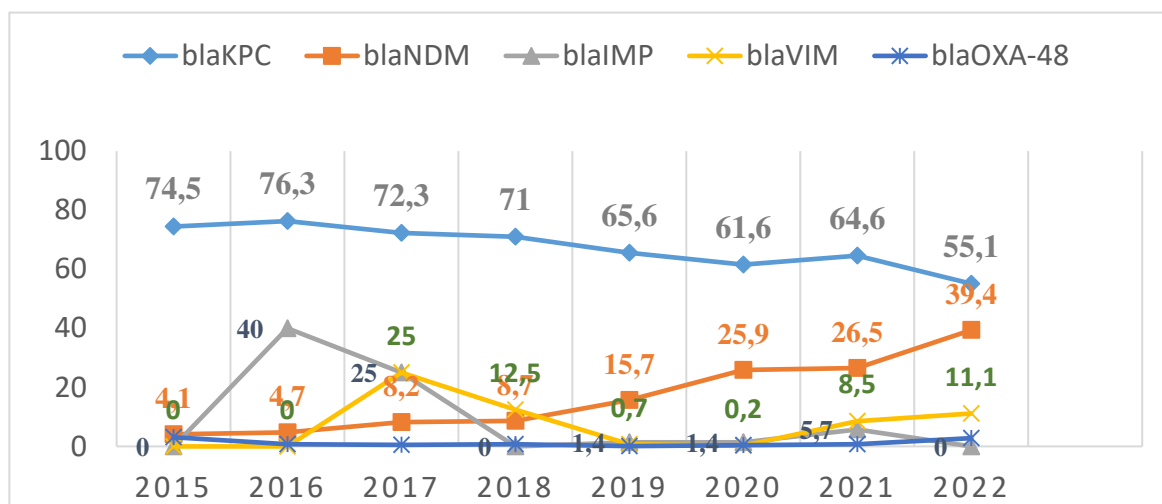


Gráfico 1: Evolução da quantificação dos genes de enterobacterales nos anos de 2015 a 2022.

Ao longo dos anos analisados, observou-se variação oposta entre os genes bla KPC e bla NDM. Com queda de 26% comparando o percentual de 2015 e 2022. Essa bactéria está presente no Brasil desde 2006 e é a principal causa de surtos hospitalares em UTI como infecção urinária em paciente com sonda, pneumonia associada a ventilação mecânica, infecção de corrente sanguínea (septicemia/bacteremia) e demais infecções em feridas pós-cirúrgicas ou infra abdominais.

O gene NDM apresentou um crescimento de 466,7% ao comparar os anos de 2015 e 2022. O gene NDM é da Classe B, ou seja hidrolisa diversos B-lactâmicos como imipeném, meropeném, ertapeném, doripeném. Diferente do KPC que é da classe A, inibida pelo ceftazidima/avibactam, o NDM não é inibida pelos clássicos penicilina, cefalosporina ou carbapenêmicos, limitando as opções terapêuticas que podem permanecer ativas dependendo da gravidade. Nessas situações, frequentemente restam poucas alternativas, como polimixinas (colistina/polimixina B), tigeciclina, fosfomicina e, em alguns casos, esquemas combinados com aztreonam. (BRASIL, 2022).

Embora se observe uma redução relativa do gene bla KPC no período analisado, o Boletim Epidemiológico do Ministério da Saúde destaca que parte dessa queda pode ser explicada pela adoção de métodos próprios de detecção de carbapenemases por alguns hospitais brasileiros. Nesses casos, os isolados positivos deixam de ser encaminhados aos laboratórios centrais para confirmação por PCR, o que pode reduzir o número de notificações na base nacional sem necessariamente refletir uma diminuição real na circulação do gene. Assim, os dados devem ser interpretados com cautela, considerando possíveis mudanças na estratégia diagnóstica e no fluxo de encaminhamento das amostras.

Em paralelo, outros estudos apontados no boletim indicam aumento da detecção do gene bla NDM, especialmente na região Sul do país, possivelmente associado à sua presença em diferentes plasmídeos, o que favorece a disseminação entre distintas espécies de

Enterobacterales. Esse comportamento reforça a importância do monitoramento contínuo desses determinantes genéticos e da análise regionalizada dos perfis de resistência.

Acinetobacter Baumannii

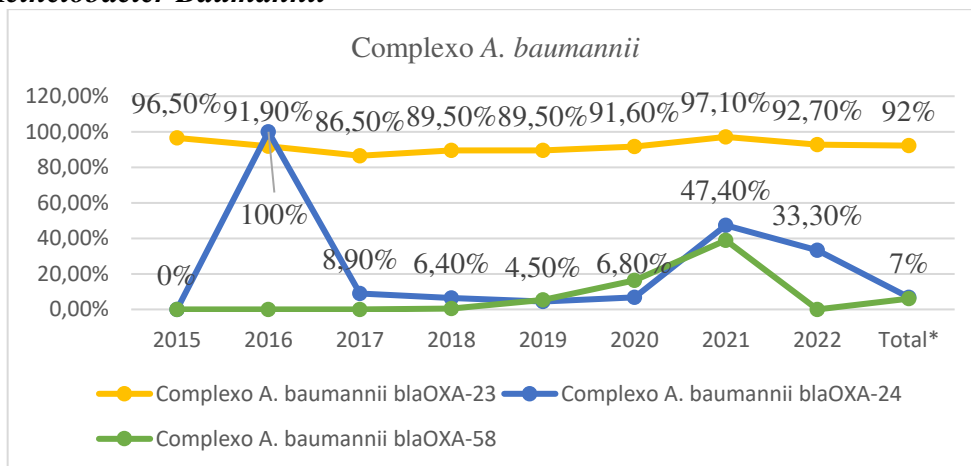


Gráfico 2: Evolução da quantificação dos genes de Complexo A *baumannii* nos anos de 2015 a 2022

No complexo *Acinetobacter baumannii*, o gene predominante foi o bla OXA-23, que apresentou uma discreta redução de 3,9% ao longo do período estudado. Esse gene foi detectado pela primeira vez no Brasil em 1999 e está relacionado a um dos principais bacilos Gram-negativos associados às infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) (BRASIL, 2020).

O Complexo A *baumanni* é frequentemente classificado como MDR (multirresistente) ou até XDR (extensivamente resistente), devido à presença de β-lactamases de classe D, com destaque para as oxacilinas (OXA), frequentemente envolvidas na produção de carbapenemases. Esses microrganismos apresentam grande capacidade de sobrevivência em ambientes secos e úmidos, formando um biofilme na superfície de dispositivos hospitalares, o que aumenta a tolerância aos antimicrobianos e aos processos de desinfecção. Além disso podem permanecer viáveis por dias em superfícies como travesseiros, colchões, prontuários e até mesas, contribuindo para o prolongamento do tempo de internação, maior necessidade de uso de dispositivos invasivos e uso prévio de antibióticos de amplo espectro (CALDART, 2020).

Pseudomonas Aeruginosa

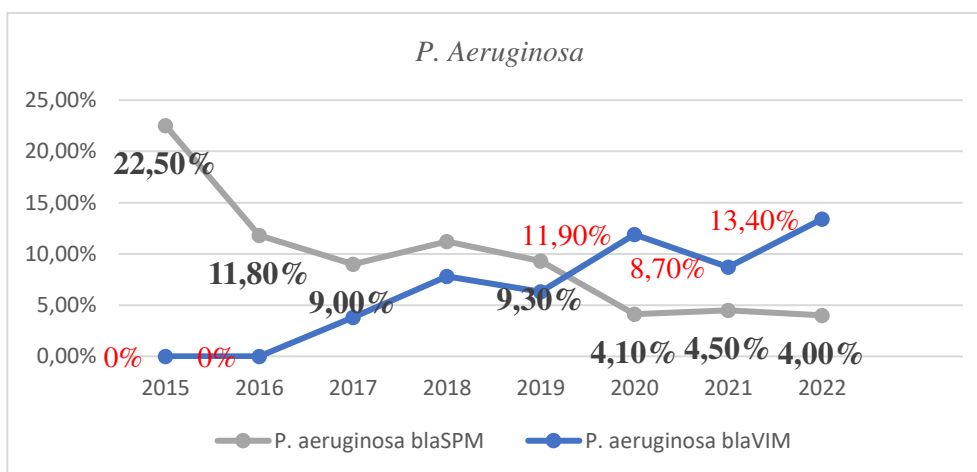


Gráfico 3: Evolução da quantificação dos genes *P. Aeruginosa* nos anos de 2015 a 2022.

O Ministério da Saúde inclui *Pseudomonas Aeruginosa* entre os principais microrganismos resistentes a carbapenêmicos monitorados em âmbito nacional. Na presente análise, observou-se que a detecção do gene bla SPM diminuiu de 22,5% em 2015 para 3,9% em 2022, representando uma variação relativa de -82,7%. Até 2017, o bla SPM figurava entre os principais genes de resistência identificados no país (BRASIL, 2024).

A *Pseudomonas Aeruginosa* está relacionada a diversos quadros infecciosos, como pneumonia, infecções de corrente sanguínea e infecções do trato urinário (cistite, pielonefrite e ITU associada a cateter). Também é frequentemente envolvida em infecções de pele e tecidos moles, úlceras e escaras, especialmente em pacientes queimados, formando biofilmes em curativos e materiais médico-hospitalares. Trata-se de um patógeno que combina múltiplos mecanismos de resistência, incluindo baixa permeabilidade da membrana externa, superexpressão de bombas de efluxo, hiperprodução da β -lactamase AmpC, produção de carbapenemases e alteração da porina OprD, principal via de entrada do imipeném (BRASIL, 2020).

4 CONCLUSÃO

Os dados analisados evidenciam um cenário dinâmico da resistência aos carbapenêmicos no Brasil entre 2015 e 2022. Observou-se declínio na detecção do gene bla KPC no período estudado; no entanto, o Boletim Epidemiológico do Ministério da Saúde aponta que essa redução pode estar relacionada, em parte, à adoção de métodos próprios de detecção de carbapenemases por alguns hospitais brasileiros, o que reduz o envio de isolados positivos aos laboratórios centrais para confirmação por PCR. Dessa forma, a queda observada deve ser interpretada com cautela, pois pode refletir tanto mudanças na estratégia diagnóstica e no fluxo de notificação quanto um possível impacto das medidas de controle adotadas.

Em contraste, o aumento expressivo do gene bla NDM, com maior expressão especialmente na região Sul do país, tem sido associado à sua presença em diferentes plasmídeos, o que facilita a disseminação entre distintas espécies bacterianas. Apesar do declínio na detecção do gene bla SPM, o crescimento de outros determinantes de resistência, como o bla VIM em *Pseudomonas Aeruginosa*, reforça que o cenário permanece desafiador, com substituição e reconfiguração dos perfis de resistência ao longo do tempo.

Uma das hipóteses que podem contribuir para explicar parte desse desequilíbrio envolve o contexto da pandemia de Covid-19, marcado por superlotação hospitalar, aumento do uso de dispositivos invasivos e emprego muitas vezes inadequado de antimicrobianos, em alguns casos impulsionado por informações não comprovadas cientificamente. Esse conjunto de fatores pode ter favorecido a seleção e disseminação de microrganismos multirresistentes.

Diante desse panorama, torna-se essencial o fortalecimento contínuo da vigilância laboratorial, o incentivo à pesquisa e à inovação diagnóstica, bem como a implementação rigorosa de políticas de uso racional de antimicrobianos. Estudos futuros, com aprofundamento regional e inclusão de variáveis clínicas e epidemiológicas, são fundamentais para compreender melhor a evolução dos diferentes genes de resistência e subsidiar estratégias mais eficazes de prevenção e controle da resistência aos carbapenêmicos no país.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Microbiologia clínica para o controle de infecção relacionada à assistência à saúde. Módulo 10 – Detecção dos principais mecanismos de resistência bacteriana aos antimicrobianos pelo Laboratório de Microbiologia Clínica.** Brasília, DF: Anvisa, 2020. 160 p.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Microrganismos resistentes aos carbapenêmicos e sua distribuição no Brasil, 2015 a 2022.** *Boletim Epidemiológico*, v. 55, 17 jan. 2024. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2024.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Plano de Ação Nacional de Prevenção e Controle da Resistência aos Antimicrobianos no Âmbito da Saúde Única 2018-2022.** Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2018.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Nota Técnica nº 74/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS: informações sobre o aumento na frequência de isolamento de bactérias multirresistentes, em especial dos bacilos Gram-negativos (BGN) produtores da metalo-beta-lactamase “New Delhi” (NDM), e coprodutores de enzimas relacionadas à resistência aos carbapenêmicos (KPC e NDM).** Brasília, DF, 2022.

CALDART, Raquel Voges. **Infecções hospitalares e caracterização genética de *Acinetobacter baumannii* resistentes aos carbapenêmicos de Boa Vista, Roraima.** 2020. 120 f. Tese (Doutorado em Biologia Parasitária) - Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, 2020.



PANORAMA METABÓLICO DE METÁSTASES CEREBRAIS DE ADENOCARCINOMA PULMONAR DE PACIENTES FUMANTES E NÃO FUMANTES

CAMILLA DONATO CONTIERO; IAEL WEISSBERG MINUTENTAG; RACHEL PAES DE ARAUJO; PATRICIA PINTOR DOS REIS

Introdução: O câncer de pulmão é um dos principais desafios globais em saúde pública, com cerca de 2,5 milhões de novos casos e 1,8 milhão de mortes anuais. No Brasil, está entre os cânceres mais incidentes em ambos os sexos. Embora o tabagismo seja o principal fator de risco, de 10% a 30% dos casos ocorrem em indivíduos que nunca fumaram, sugerindo mecanismos biológicos distintos. O adenocarcinoma, subtipo predominante do câncer de pulmão de não pequenas células (NSCLC), apresenta aumento entre não fumantes, mas o perfil molecular de suas metástases cerebrais permanece pouco explorado. **Objetivo:** Caracterizar o perfil transcriptômico e os processos biológicos associados a metástases cerebrais de adenocarcinoma pulmonar de fumantes e não fumantes. **Metodologia:** Foram analisadas 7 amostras congeladas de metástases cerebrais (3 de fumantes e 4 de não fumantes) provenientes do Biobanco HCFMB-UNESP. O RNA total foi sequenciado pelo protocolo Illumina Stranded Total RNA Prep e plataforma Illumina NovaSeq. Controle de qualidade, alinhamento, quantificação e análise diferencial foram realizados no ambiente R, este último utilizando o pacote limma. O enriquecimento funcional utilizou termos do Gene Ontology - Biological Process, considerando fold change $\geq 1,5$ e $p < 0,05$. **Resultados:** A análise diferencial mostrou clara separação entre fumantes e não fumantes. O enriquecimento funcional indicou predominância de vias relacionadas ao metabolismo de lipídios, abrangendo processos de síntese, degradação e remodelagem, essenciais para geração de energia e manutenção das estruturas celulares. Também foram identificados processos associados ao metabolismo de compostos derivados de ácidos graxos, envolvendo moléculas bioativas que regulam inflamação e sinalização. Além disso, surgiram funções relacionadas ao sistema imune, incluindo regulação inflamatória, homeostase de surfactante e apresentação antigênica, sugerindo modulação metabólica e atividade imune residual no microambiente metastático. **Conclusão:** Pacientes fumantes e não fumantes exibem perfis moleculares distintos, com destaque para vias metabólicas específicas e possíveis moduladores locais da progressão tumoral. Esses processos podem influenciar a biologia tumoral e representar potenciais alvos terapêuticos.

Palavras-chave: **ADENOCARCINOMA PULMONAR; METÁSTASE CEREBRAL; NÃO FUMANTES**



O Papel da Genômica Mitocondrial (mtDNA) no Diagnóstico e Tratamento do Câncer de Mama: Uma Revisão Integrativa.

ANA JÚLIA LOURENÇO LIMA DE AZEVEDO

Introdução: O câncer de mama é a neoplasia mais incidente em mulheres no mundo e a letalidade pode ser maior quando o paciente tem um diagnóstico tardio. Nesse contexto, pesquisas e estudos são conduzidos diariamente com a finalidade de criar métodos de diagnósticos precoces e tratamentos, por exemplo, o rastreamento de biomarcadores tumorais como o genoma mitocondrial (mtDNA). Esse genoma é herdado matematicamente, é um biomarcador não invasivo e tem demonstrado enorme potencial por estar intrinsecamente ligado às características bioenergéticas tumorais. **Objetivo:** Analisar a relação entre mtDNA e o câncer de mama, com foco na melhoria dos diagnósticos e tratamentos. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão integrativa de literatura. As buscas foram realizadas na base de dados MEDLINE, com descritores em DeCS e MeSH "Genome", "Breast Neoplasms", "mtDNA", e usando o operador booleano "AND". Foram incluídos estudos, com texto completo, publicados entre 2018 e 2025, que abordavam biomarcadores tumorais. **Resultados:** A busca resultou em 2 artigos. A análise comparativa entre os estudos das variantes mitogenômicas no câncer de mama evidenciou que observar o perfil mutacional do genoma mitocondrial pode ser útil para proporcionar diagnósticos precoces e tratamentos com prognóstico positivo, uma vez que, alterações em sequência e conteúdo do genoma mitocondrial estão associadas à reprogramação metabólica das células tumorais e à promoção de mudanças bioenergéticas na oncogênese. O nível de heteroplasmia (proporção de mtDNA mutado dentro de uma célula) também pode indicar riscos maiores de complicação por alterar ainda mais a biologia tumoral e as regiões mutadas específicas estão diretamente associadas às altas taxas de progressão e recorrência em neoplasias. Portanto, a abordagem genômica pode verificar a correlação entre as variantes do genoma, a quantidade de cópias, a ancestralidade mitocondrial e as variáveis clínicas da doença, fatores que podem auxiliar no tratamento, profilaxia de metástases e no aumento da sobrevivência global, além de ser um instrumento promissor para intervenção terapêutica precoce e direcionada. **Conclusão:** A análise do perfil mutacional do mtDNA é uma ferramenta potencial que pode prever os possíveis riscos e prognósticos, direcionando a atuação dos profissionais no tratamento e no diagnóstico precoce do câncer de mama.

Palavras-chave: **BIOMARCADORES TUMORAIS; NEOPLASIA MAMÁRIA; PROGNÓSTICO CLÍNICO**



IMPLEMENTAÇÃO DO PLANO DE ENFRENTAMENTO DA DOENÇA DE CHAGAS EM PONTA DE PEDRAS - ILHA DO MARAJÓ (PA)

MAXWELL DOS SANTOS SILVA; GABRIELLE SANTIAGO COSTA NEVES; SUENNY FURTADO RIBEIRO; NATALIA CORREA DA COSTA; OSCAR FERNANDO LEIS FIGUEIREDO; EDER DO AMARAL MONTEIRO

Introdução: A Doença de Chagas é uma das doenças tropicais negligenciadas em todo o mundo. Ocorre através da infecção humana produzida pelo protozoário flagelado *Trypanosoma cruzi*. A transmissão é por meio de um vetor – o triatomíneo, popularmente conhecido como “barbeiro”. As formas de contágio ocorrem por via oral, vetorial, vertical e acidental, sendo que na região amazônica a maior incidência de casos é por via oral pelo consumo do açaí. Nesse sentido, tornam-se imprescindíveis estratégias eficazes para o combate a doença por meio de um Plano de Enfrentamento que contemple as particularidades do Município de Ponta de Pedras na Ilha do Marajó. **Objetivo:** Implementar de forma objetiva um plano de ação voltado para o enfrentamento da Doença de Chagas em Ponta de Pedras. **Metodologia:** Trata-se de um estudo descritivo, do tipo relato de experiência, realizado no município de Ponta de Pedras (PA) entre agosto/2024 e setembro/2025. As informações foram coletadas por meio de atas das reuniões do grupo de trabalho, registros da vigilância epidemiológica municipal, notificações de triatomíneos no aplicativo oficial do estado e dados de casos confirmados de Doença de Chagas disponibilizados pelo SINAN. As ações desenvolvidas foram classificadas de acordo com os quatro eixos estruturantes do plano (entomologia, vigilância sanitária, assistência e educação). Para avaliação dos resultados preliminares, comparou-se o número de casos notificados no período de janeiro a outubro de 2025 com o mesmo período de 2024. **Resultado:** Atualmente foram realizadas ações do eixo de entomologia com a expansão do posto de informação de triatomíneo, divulgação do informe epidemiológico do barbeiro infectado e ações do eixo vigilância sanitária com a implantação do aplicativo de mapeamento, cadastro e monitoramento dos estabelecimentos que comercializam açaí. Estas ações contribuíram para a redução de 46% dos casos positivos de doença de chagas de janeiro a outubro de 2025 comparado a igual período do ano de 2024. **Conclusão:** O Plano de enfrentamento demonstrou viabilidade para o combate da Doença de Chagas em Ponta de Pedras. O envolvimento intersetorial foi crucial para o sucesso inicial das ações de vigilância e controle fomentando o município a dar continuidade na execução dos eixos.

Palavras-chave: **DOENÇA DE CHAGAS; VIGILÂNCIA EM SAÚDE; ENTOMOLOGIA**



REJEIÇÃO AGUDA E CRÔNICA NO TRANSPLANTE CARDÍACO: BIOMARCADORES HISTOLÓGICOS

EMANUELA ALMEIDA SOBRAL; MARLIETE MOURA GADELHA; ANA BEATRIZ;
DE OLIVEIRA SOUSA; CÁTIA ANA BERNARDI; DAIONNY DINIZ DE FRANÇA
VASCONCELOS;

RESUMO

A rejeição do enxerto permanece como uma das principais complicações após o transplante cardíaco, representando um desafio significativo para a manutenção da função do órgão a médio e longo prazo. Tanto a rejeição aguda quanto a crônica apresentam manifestações histopatológicas próprias, cuja identificação precoce é fundamental para orientar intervenções terapêuticas oportunas. Nesse contexto, os biomarcadores histológicos têm ganhado destaque por fornecerem informações detalhadas sobre a dinâmica inflamatória, imunológica e estrutural do tecido miocárdico. A rejeição aguda, especialmente a mediada por células, tende a se manifestar por infiltrados linfocitários intersticiais e áreas de lesão miocitária. Já a forma mediada por anticorpos apresenta deposição de componentes do complemento, como C4d, além de edema capilar e presença de macrófagos ativados nos espaços perivascularares. Esses achados auxiliam na diferenciação dos subtipos de rejeição e na definição da gravidade do processo, permitindo um ajuste mais preciso da imunossupressão. Por outro lado, a rejeição crônica caracteriza-se por alterações estruturais cumulativas, que incluem fibrose intersticial, espessamento da íntima e comprometimento progressivo da microcirculação coronariana, fenômeno conhecido como vasculopatia do enxerto. Esses elementos histológicos refletem um estado inflamatório persistente, muitas vezes subclínico, que pode evoluir silenciosamente até comprometer de forma irreversível o desempenho do órgão transplantado. A incorporação de técnicas complementares, como análise imuno-histoquímica e métodos digitais de avaliação tecidual, tem ampliado a sensibilidade diagnóstica, fortalecendo o papel dos biomarcadores na prática clínica. Assim, a caracterização minuciosa dos padrões histológicos contribui para um cuidado mais individualizado e eficaz, reduzindo o risco de perda do enxerto e melhorando a sobrevida dos receptores. Diante desse cenário, o uso de biomarcadores histológicos se consolida como ferramenta essencial para o monitoramento contínuo e preciso do transplante cardíaco.

Palavras-chave: Manifestações histopatológicas; Miocárdio ; Monitoramento.

1 INTRODUÇÃO

O transplante cardíaco permanece como a principal alternativa terapêutica para pacientes com insuficiência cardíaca avançada que não respondem às terapias convencionais.

Apesar dos avanços no manejo clínico e no desenvolvimento de regimes imunossupressores mais eficazes, a rejeição do enxerto ainda representa uma das complicações mais relevantes no acompanhamento pós-transplante (Kobashigawa & Patel, 2023).

A detecção precoce desses episódios é essencial para garantir a longevidade do órgão e reduzir o risco de deterioração funcional, especialmente nos primeiros anos após o procedimento.

Dentro desse contexto, a avaliação histológica obtida por meio de biópsia endomiocárdica segue como o padrão-ouro para identificar alterações estruturais e imunológicas associadas à rejeição aguda e crônica. A International Society for Heart and Lung Transplantation (ISHLT) tem atualizado periodicamente os critérios diagnósticos, reforçando a importância dos marcadores teciduais na compreensão dos mecanismos patológicos envolvidos (Stewart et al., 2021).

Além disso, pesquisas recentes têm ampliado o entendimento sobre biomarcadores específicos, como a deposição de C4d, padrões de infiltração linfocitária e graus de fibrose, que auxiliam na diferenciação dos tipos de rejeição e na estratificação de risco (Loupy et al., 2020).

A relevância do tema se intensifica diante das evidências que mostram que alterações histológicas podem preceder manifestações clínicas, o que reforça a necessidade de métodos de monitoramento cada vez mais sensíveis. O avanço de técnicas complementares — incluindo imuno-histoquímica e análise digital do tecido — tem ampliado a precisão diagnóstica e contribuído para intervenções mais precoces e direcionadas (Halloran et al., 2019).

Diante do exposto, o objetivo geral deste trabalho é analisar os principais biomarcadores histológicos associados à rejeição aguda e crônica no transplante cardíaco, destacando sua relevância para o diagnóstico precoce e o seguimento clínico do paciente transplantado.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho caracteriza-se como uma revisão narrativa da literatura, conduzida com o objetivo de reunir e discutir evidências atualizadas sobre os biomarcadores histológicos envolvidos na rejeição aguda e crônica no transplante cardíaco. A escolha desse delineamento se justificou pela necessidade de explorar diferentes tipos de estudos — diretrizes internacionais, análises histopatológicas, pesquisas clínicas e investigações moleculares — permitindo uma compreensão ampla e integrada do tema.

A busca bibliográfica foi realizada entre agosto e outubro de 2024 nas bases PubMed, Scopus e Web of Science, utilizando descritores em português e inglês, combinados por operadores booleanos: *heart transplantation*, *acute rejection*, *chronic rejection*, *cardiac allograft vasculopathy*, *histological biomarkers*, *ISHLT grading*, *endomyocardial biopsy* e *C4d*. Foram incluídos artigos publicados nos últimos dez anos, além de diretrizes e atualizações oficiais da International Society for Heart and Lung Transplantation (ISHLT), dada sua relevância e contínua atualização dos critérios diagnósticos.

Foram considerados elegíveis estudos originais, revisões sistemáticas, revisões narrativas, consensos e documentos técnicos com dados relevantes sobre padrões histológicos, técnicas de avaliação tecidual e aplicação clínica de biomarcadores. Excluíram-se trabalhos duplicados, textos sem revisão por pares e estudos que não apresentavam detalhamento metodológico ou não abordavam processos de rejeição do enxerto.

Após a seleção, os estudos foram lidos integralmente, e as informações extraídas foram organizadas em três eixos: rejeição aguda, rejeição crônica e biomarcadores histológicos aplicáveis ao diagnóstico e acompanhamento. Em razão da natureza qualitativa da revisão, não houve análise estatística nem envolvimento de participantes humanos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da literatura revelou que os biomarcadores histológicos continuam sendo elementos centrais para o diagnóstico da rejeição do enxerto cardíaco, especialmente porque traduzem, de forma direta, a resposta imunológica que ocorre no tecido miocárdico. Nos estudos mais recentes, observou-se que a rejeição aguda ainda se apresenta como um evento relativamente frequente, sobretudo nos primeiros meses após o transplante. A infiltração linfocitária intersticial e perivascular, acompanhada de lesão dos cardiomiócitos, permanece como o principal marcador histológico da rejeição mediada por células (ACR), conforme descrito nas diretrizes atualizadas da ISHLT (Stewart et al., 2021). Esses achados reforçam a necessidade de vigilância rigorosa por meio de biópsias endomiocárdicas seriadas, ainda consideradas o padrão-ouro na prática clínica.

Em casos de rejeição mediada por anticorpos (AMR), os estudos mostraram forte correlação entre deposição de C4d e ativação do endotélio microvascular, fenômeno consistentemente associado a pior prognóstico do enxerto. Loupy et al. (2020) demonstram que a presença simultânea de C4d e anticorpos anti-HLA circulantes aumenta substancialmente o risco de episódios recorrentes de rejeição e de disfunção progressiva do órgão. Além disso, a identificação de macrófagos CD68+ e edema capilar reforça o caráter imunológico da agressão mediada por anticorpos, diferenciando-a dos padrões observados na rejeição celular.

Quanto à rejeição crônica, os estudos apontam que a vasculopatia do aloenxerto cardíaco (TCAV) representa a manifestação mais relevante. Caracterizada por hiperplasia intimal difusa e remodelamento vascular, a TCAV surge como resultado de uma lesão imunológica persistente e, muitas vezes, silenciosa. Halloran et al. (2019) destacam que processos inflamatórios subclínicos, mesmo quando não detectados pela microscopia convencional, podem ser identificados por análises transcriptômicas, ampliando significativamente a sensibilidade diagnóstica. A presença de fibrose intersticial, deposição de colágeno e expressão aumentada de TGF- β também aparece de forma recorrente nos estudos como marcadores associados à progressão da rejeição crônica.

De forma geral, os achados mostram que a integração entre histopatologia tradicional, imunomarcações específicas e novas ferramentas de análise digital tende a aprimorar substancialmente a capacidade de diagnóstico precoce. Esses avanços contribuem para intervenções mais personalizadas, aumentando o potencial de preservação do enxerto a longo prazo e fortalecendo a importância dos biomarcadores histológicos na rotina clínica do transplante cardíaco.

4 CONCLUSÃO

Os achados reunidos neste estudo demonstram que os biomarcadores histológicos continuam desempenhando papel essencial no diagnóstico e acompanhamento da rejeição aguda e crônica no transplante cardíaco. A análise do tecido miocárdico, aliada a técnicas complementares, permite identificar precocemente processos inflamatórios e estruturais que comprometem a função do enxerto. O reconhecimento de padrões associados à rejeição mediada por células, à rejeição mediada por anticorpos e à vasculopatia crônica evidencia a complexidade da resposta imune pós-transplante e reforça a importância de uma monitorização sistemática.

Os resultados também mostram que a integração entre histopatologia tradicional, imunomarcações específicas e abordagens moleculares amplia a sensibilidade diagnóstica e

contribui para intervenções mais direcionadas. Apesar desses avanços, ainda persistem limitações importantes, especialmente no que diz respeito à variabilidade interpretativa entre patologistas, à natureza invasiva da biópsia endomiocárdica e à dificuldade de detectar processos subclínicos que evoluem de forma silenciosa.

Como perspectiva futura, destaca-se a necessidade de estudos multicêntricos que unifiquem critérios de avaliação e validem novos biomarcadores capazes de substituir ou complementar a biópsia tradicional. A incorporação de plataformas digitais e análises transcriptômicas também representa um caminho promissor para diagnósticos mais precisos e menos invasivos.

Dessa forma, esta revisão contribui para o entendimento atualizado dos biomarcadores histológicos e aponta direções relevantes para aprimorar o acompanhamento do paciente transplantado.

REFERÊNCIAS

- COLVIN, M. M. et al.** Antibody-mediated rejection in cardiac transplantation: emerging knowledge in diagnosis and management. *Journal of Heart and Lung Transplantation*, v. 37, n. 7, p. 761–772, 2018.
- HALLORAN, P. F. et al.** The molecular diagnosis of rejection in cardiac transplants. *Nature Reviews Cardiology*, v. 16, p. 407–423, 2019.
- KOBASHIGAWA, J.; PATEL, J.** Immunosuppression for heart transplantation: current approaches and future directions. *Circulation*, v. 147, n. 3, p. 215–230, 2023.
- LOUPY, A. et al.** The role of C4d in antibody-mediated rejection. *Current Opinion in Organ Transplantation*, v. 25, n. 3, p. 251–259, 2020.
- STEWART, S. et al.** Revision of the 2013 ISHLT working formulation for the standardization of cardiac allograft rejection. *Journal of Heart and Lung Transplantation*, v. 40, n. 5, p. 427–447, 2021.
- TSELIU, E.; PIATOSA, B.; TSITOURA, E.** Chronic rejection and cardiac allograft vasculopathy: histopathology and emerging biomarkers. *Transplantation Reviews*, v. 34, n. 4, p. 100–113, 2020.



INTERAÇÕES IMUNOPATOGÊNICAS NA COINFEÇÃO MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS-HIV: REVISÃO DA LITERATURA

MARIA EDUARDA ARCANJO NOGUEIRA SANTOS; GEOVANNA VITÓRIA DE ALBUQUERQUE PEDROSA SILVA; STÉPHANY VITÓRIA ANDRADE VILAS BOAS; INGRID BEATRIZ DA SILVA SANTOS; ANA ALICIA WARMLING; THAINÁ MARIA PEREIRA CAVALCANTI; EMILY MORGANA SOUZA MENDES

Introdução: A coinfeção entre *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) e HIV é um dos principais desafios em saúde global. O Mtb segue entre as maiores causas de mortalidade infecciosa, enquanto o HIV compromete a imunidade celular necessária ao controle da infecção. Pessoas vivendo com HIV apresentam risco 23 vezes maior de desenvolver tuberculose ativa. No Brasil, a coinfeção TB-HIV representou 11,4% dos casos novos de tuberculose em 2024. **Objetivo:** Descrever os mecanismos etiológicos e imunopatológicos envolvidos na coinfeção Mtb-HIV e seus impactos morfofuncionais. **Metodologia:** Foram selecionados seis artigos, em inglês ou português, nas bases PubMed e ScienceDirect, utilizando as palavras-chave “HIV”, “*Mycobacterium tuberculosis*” e “imunopatogênese”. Realizou-se triagem qualitativa priorizando estudos que detalhavam mecanismos imunológicos da coinfeção e excluindo artigos publicados antes de 2020. Dados do Ministério da Saúde foram usados para contextualização. As etapas incluíram: definição do tema, critérios de inclusão/exclusão e análise integrativa do conteúdo relevante. **Resultados:** A coinfeção causa profunda desorganização da resposta imune. A depleção de linfócitos T CD4+ induzida pelo HIV reduz a ativação macrófaga, compromete a produção de IL-12 e IFN- γ e enfraquece a resposta Th1, favorecendo reativação da tuberculose latente. A infecção pelo Mtb, por sua vez, intensifica a replicação viral ao induzir inflamação persistente e ampliar o número de células alvo do HIV. A coinfeção também afeta a formação dos granulomas, que torna-se instável, com maior necrose caseosa e disseminação bacilar. A queda de TNF- α e IFN- γ reduz o controle local, enquanto monócitos inflamatórios CD14++CD16+ favorecem a propagação sistêmica. Alterações em CCR5 e CXCR4 aumentam a permissividade viral. **Conclusão:** A interação entre Mtb e HIV gera uma falha imunopatológica integrada, caracterizada por desorganização dos granulomas, redução de citocinas essenciais, menor ativação macrófaga e maior permissividade à replicação viral. Esses processos explicam os achados típicos da coinfeção, como granulomas mal formados, necrose caseosa extensa, alta carga bacilar, resposta inflamatória desregulada e maior risco de disseminação. Reconhecer esses padrões aprimora a interpretação histopatológica, orienta a coleta correta de amostras e aumenta a acurácia diagnóstica na prática.

Palavras-chave: **PATOGÊNESE; TUBERCULOSE; IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA**



MECANISMOS IMUNOPATOLÓGICOS DA INFECÇÃO POR *HELICOBACTER PYLORI* NA CARCINOGENESE GÁSTRICA

PEDRO HENRIQUE DE OLIVEIRA BENTO; JOSEFRAN SANTOS DO VALE; CAROLINE GONÇALVES CORRÊA; JÉSSYCA CAMILLA MARQUES VICENTE; DJENIFER LUANA LUTZ; LARA FÁBIAN SILVA PAZ; PEDRO ROGER CARDOSO FEITOSA

Introdução: O câncer gástrico representa um grave problema de saúde pública, sendo a infecção crônica pela bactéria Gram-negativa *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) seu principal fator etiológico. A evolução clínica segue classicamente a "Cascata de Correa", um modelo sequencial de alterações histopatológicas que progridem da gastrite crônica para atrofia gástrica, metaplasia intestinal, displasia e, eventualmente, adenocarcinoma. A complexa interação entre os fatores de virulência bacterianos e a resposta inflamatória do hospedeiro é o motor dessa progressão neoplásica. **Objetivo:** Descrever os mecanismos imunopatológicos e moleculares pelos quais a virulência do *H. pylori* induz instabilidade genômica e progressão das lesões pré-neoplásicas na mucosa gástrica. **Metodologia:** Realizou-se uma revisão bibliográfica narrativa nas bases de dados PubMed e SciELO. A seleção priorizou estudos que elucidam a fisiopatologia da infecção, os fatores de virulência bacterianos e a histogênese das lesões gástricas. **Resultados:** A análise demonstra que a colonização é viabilizada pela enzima urease e consolidada por adesinas específicas, como BabA e SabA, que fixam a bactéria ao epitélio. A patogenicidade é impulsionada pela citotoxina VacA, que causa danos estruturais, e pelo sistema de secreção tipo IV (T4SS), uma estrutura que injeta a oncoproteína CagA diretamente no citoplasma epitelial. A CagA desregula o citoesqueleto e ativa o fator nuclear kappa B (NF- κ B), promovendo proliferação celular aberrante. A resposta imune mucosa, dominada por macrófagos M1 e linfócitos Th1/Th17, resulta na liberação sustentada de citocinas pró-inflamatórias, incluindo IL-1 β , TNF- α e, crucialmente, IL-8, que recruta neutrófilos. Esse ambiente inflamatório gera espécies reativas de oxigênio (ROS) e nitrogênio (RNS), provocando estresse oxidativo e danos cumulativos ao DNA epitelial. A persistência desse dano leva à apoptose e destruição das glândulas oxínticas (atrofia). A consequente hipocloridria altera o microambiente, favorecendo a metaplasia intestinal, uma adaptação fenotípica irreversível que serve de substrato para a displasia. **Conclusão:** Conclui-se que a carcinogênese gástrica por *H. pylori* é um processo multifatorial onde a inflamação crônica e o estresse oxidativo, mediados por fatores de virulência específicos, conduzem a mutações genéticas. O entendimento detalhado da "Cascata de Correa" reforça a necessidade de erradicação bacteriana precoce para interromper a evolução para malignidade.

Palavras-chave: **CARCINOGENESE GÁSTRICA; HELICOBACTER PYLORI; PATOLOGIA**



O TECIDO ADIPOSEO COMO ÓRGÃO ENDÓCRINO: FISIOPATOLOGIA DA INFLAMAÇÃO CRÔNICA DE BAIXO GRAU E SUAS IMPLICAÇÕES SISTÊMICAS

PEDRO HENRIQUE DE OLIVEIRA BENTO; LAISA ROCHA ANGELINO; BRUNA RODRIGUES DA SILVA; LARA FÁBIAN SILVA PAZ; DÉBORA VIEIRA DE BRITO; ANAY PRISCILLA DAVID DE OLIVEIRA GONÇALVES; PEDRO ROGER CARDOSO FEITOSA

Introdução: A obesidade é uma doença metabólica complexa caracterizada pelo acúmulo excessivo de tecido adiposo, que transcende a simples reserva energética. Patologicamente, é definida como um estado inflamatório crônico de baixo grau, onde o tecido adiposo, especialmente o visceral, atua como um órgão endócrino ativo. A hipertrofia dos adipócitos desencadeia a secreção desregulada de adipocinas e citocinas, alterando a homeostase imunológica e contribuindo para o surgimento de comorbidades sistêmicas. **Objetivo:** O presente estudo teve como objetivo descrever os mecanismos imunopatológicos envolvidos na inflamação crônica associada à obesidade, analisando a desregulação das citocinas e a alteração do perfil celular no microambiente do tecido adiposo. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão bibliográfica narrativa, realizada através de levantamento em bases de dados científicas como PubMed, SciELO e Lilacs. Foram selecionados artigos e materiais acadêmicos recentes que elucidam a fisiopatologia inflamatória da obesidade e a interação entre metabolismo e sistema imune. **Resultados:** A análise demonstra que a expansão do tecido adiposo gera hipóxia local e estresse celular, recrutando células imunes. Ocorre uma mudança crítica na polarização dos macrófagos teciduais: há uma diminuição do fenótipo anti-inflamatório (M2) e um aumento predominante do fenótipo pró-inflamatório (M1). Esses macrófagos M1, juntamente com linfócitos Th1 e Th17, secretam citocinas como TNF- α , IL-6 e IL-1 β . Esse ambiente pró-inflamatório inibe a sinalização da insulina, promove resistência insulínica sistêmica e disfunção endotelial. Além disso, observa-se uma redução na atividade de linfócitos T reguladores (Treg), o que perpetua o ciclo inflamatório e a disfunção metabólica. **Conclusão:** Conclui-se que a obesidade constitui uma patologia imunometabólica distinta. A inflamação crônica de baixo grau, sustentada pela plasticidade dos macrófagos e secreção de citocinas pelo tecido adiposo, é o mecanismo central que conecta o excesso de peso ao desenvolvimento de doenças crônicas. Portanto, estratégias terapêuticas devem visar não apenas a redução da massa gorda, mas também a modulação da resposta inflamatória para restaurar a homeostase sistêmica.

Palavras-chave: **IMUNOPATOLOGIA; OBESIDADE; INFLAMAÇÃO CRÔNICA**



ALTERAÇÕES HISTOPATOLÓGICAS GLOMERULARES NA NEFROPATIA DIABÉTICA: DA LESÃO PODOCITÁRIA À ESCLEROSE MESANGIAL

PEDRO HENRIQUE DE OLIVEIRA BENTO; ANNA BEATRIZ DE OLIVEIRA SOUSA;
CÁTIA ANA BERNARDI; ANNA BHEATRYZ RAULINO DE QUEIROZ; BRUNA
RODRIGUES DA SILVA; LARA FÁBIAN SILVA PAZ; PEDRO ROGER CARDOSO FEITOSA

Introdução: A Nefropatia Diabética (ND) representa a principal causa de doença renal crônica terminal em nível mundial, manifestando-se como uma complicação microvascular grave do Diabetes Mellitus. A unidade funcional do rim, o néfron, sofre agressões contínuas devido ao estado de hiperglicemia crônica, resultando em perda progressiva da função de filtração. A barreira de filtração glomerular, composta pelo endotélio fenestrado, membrana basal glomerular e podócitos, é o alvo primário dessa lesão patológica. **Objetivo:** O presente estudo teve como objetivo descrever as alterações histopatológicas e os mecanismos celulares envolvidos na progressão da nefropatia diabética, com ênfase na injúria aos podócitos e na esclerose glomerular. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão bibliográfica narrativa, realizada mediante levantamento nas bases de dados PubMed, SciELO e Lilacs. A seleção priorizou artigos que correlacionam a fisiopatologia metabólica do diabetes com as alterações morfológicas renais observadas em microscopia. **Resultados:** A análise demonstra que a hiperglicemia sustentada induz a produção de Produtos Finais de Glicação Avançada (AGEs) e espécies reativas de oxigênio, gerando estresse oxidativo no parênquima renal. A lesão inicial caracteriza-se pelo espessamento da membrana basal glomerular e hipertrofia renal. Um evento crítico é a podocitopatia: os podócitos, células epiteliais viscerais altamente especializadas da cápsula de Bowman que compõem a fenda de filtração, sofrem alterações no citoesqueleto, desprendimento e apoptose. A perda dessas células compromete a seletividade da barreira, resultando em albuminúria. Simultaneamente, ocorre ativação das células mesangiais, que proliferam e produzem matriz extracelular em excesso, levando à expansão mesangial e formação de nódulos de Kimmelstiel-Wilson (glomerulosclerose nodular). Esse processo fibrótico oblitera os capilares glomerulares, reduzindo a taxa de filtração. **Conclusão:** Conclui-se que a nefropatia diabética é uma patologia de progressão silenciosa, iniciada por alterações moleculares que culminam em danos estruturais irreversíveis, como a perda podocitária e a fibrose glomerular. A identificação precoce de marcadores de lesão, antes do estabelecimento da esclerose, é vital para preservar a arquitetura renal e retardar a falência do órgão.

Palavras-chave: **NEFROPATIA DIABÉTICA; PATOLOGIA RENAL; PODÓCITOS**



ALTERAÇÕES HISTOPATOLÓGICAS E MECANISMOS INFLAMATÓRIOS DO MIOCÁRDIO COM MIOCARDITE VIRAL SUBCLÍNICA

EMANUELA ALMEIDA SOBRAL; GLENDA PAULA SILVA BORGES; DIONNY COSTA DINIZ; LAISLA MARIA CANDIDO; CÁTIA ANA BERNARDI

RESUMO

A miocardite viral subclínica representa um desafio significativo para a investigação cardiológica por evoluir de forma silenciosa, apesar de desencadear alterações histopatológicas capazes de comprometer progressivamente a função miocárdica. Embora a ausência de sintomas dificulte o diagnóstico precoce, estudos têm demonstrado que mesmo infecções virais leves podem induzir respostas inflamatórias persistentes no miocárdio, especialmente mediadas por vírus como enterovírus, adenovírus e parvovírus B19. O processo fisiopatológico inicia-se com a invasão direta dos cardiomiócitos, seguida por necrose focal, edema intersticial e ativação de vias imunológicas inatas, marcadas por aumento de citocinas pró-inflamatórias, como IL-6, TNF- α e interferons. Histologicamente, observa-se um conjunto de alterações sutis, porém consistentes, que incluem desorganização de fibras musculares, infiltração discreta de linfócitos T e presença de macrófagos ativados no tecido intersticial. Tais alterações, embora menos expressivas do que nas formas clínicas agudas, são suficientes para desencadear remodelamento miocárdico a médio prazo. A ativação prolongada da resposta imune, mesmo após o clearance viral, pode gerar um ambiente inflamatório de baixo grau, favorecendo fibrose intersticial progressiva. Esse fenômeno está associado à expressão anormal de metaloproteinases e à perda gradual da integridade estrutural do miocárdio, elementos que contribuem para disfunção ventricular tardia. Os mecanismos imunológicos envolvidos mostram um equilíbrio delicado entre eliminação viral e preservação tecidual. Quando esse equilíbrio é rompido, surge um processo inflamatório crônico subclínico que pode se manifestar clinicamente apenas em fases avançadas, por meio de arritmias, redução da fração de ejeção ou evolução para cardiomiopatia dilatada. Assim, compreender os padrões histopatológicos e os caminhos inflamatórios da miocardite viral subclínica é fundamental para o desenvolvimento de estratégias de rastreamento precoce, intervenções imunomoduladoras e prevenção das complicações estruturais e funcionais que emergem silenciosamente ao longo do tempo.

Palavras-chave: macrófagos; disfunção ventricular; mecanismos imunológicos.

1 INTRODUÇÃO

A miocardite viral, mesmo em suas formas subclínicas, tem recebido crescente atenção na literatura cardiológica devido ao seu impacto silencioso na estrutura e função do miocárdio. Estudos recentes reforçam que infecções virais aparentemente benignas podem desencadear respostas inflamatórias persistentes no tecido cardíaco, favorecendo remodelamento e disfunção ventricular tardia (Cooper, 2020; Caforio et al., 2022).

A relevância desse tema se intensifica no cenário pós-infecções virais comunitárias e emergentes, em que manifestações cardíacas discretas podem passar despercebidas pela ausência de sintomas específicos. Apesar disso, evidências indicam que tais alterações subclínicas representam um fator de risco importante para arritmias, insuficiência cardíaca e evolução para cardiomiopatia dilatada (Pollack, 2019; Tschöpe et al., 2021).

A compreensão dos mecanismos inflamatórios que sustentam essas alterações é fundamental para elucidar a fisiopatologia da doença. Pesquisas clássicas e contemporâneas demonstram que a interação entre invasão viral, dano direto aos cardiomiócitos e ativação desregulada da resposta imune é determinante para a progressão da lesão miocárdica (Kindermann et al., 2008; Libby, 2021).

Além disso, modelos experimentais e análises histopatológicas reforçam que infiltração linfocitária leve, necrose focal e fibrose inicial podem ocorrer mesmo na ausência de manifestações clínicas evidentes, indicando que a fase subclínica não é isenta de impacto biológico relevante (Rose, 2016; Bozkurt et al., 2021).

Justifica-se, portanto, a investigação aprofundada das alterações histopatológicas e dos mecanismos inflamatórios envolvidos na miocardite viral subclínica, uma vez que esse conhecimento contribui para aprimorar estratégias diagnósticas, terapêuticas e de prevenção de sequelas a longo prazo. Dessa forma, o objetivo geral deste trabalho é analisar as alterações histopatológicas e os principais mecanismos inflamatórios associados ao miocárdio acometido por miocardite viral subclínica.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo foi elaborado a partir de uma revisão narrativa de literatura, direcionada à identificação e análise das evidências mais recentes sobre alterações histopatológicas e mecanismos inflamatórios presentes na miocardite viral subclínica. A seleção metodológica baseou-se na abordagem proposta por Rother (2007), que recomenda a revisão narrativa quando o objetivo envolve síntese interpretativa e compreensão aprofundada de fenômenos complexos, especialmente aqueles que apresentam diversidade metodológica nos estudos primários, como é o caso das doenças inflamatórias cardíacas.

A busca bibliográfica foi realizada nas bases PubMed, SciELO e ScienceDirect, contemplando artigos publicados entre 2008 e 2024. Foram utilizados descritores combinados em inglês e português, incluindo: *viral myocarditis*, *subclinical myocarditis*, *myocardial inflammation*, *histopathology of myocarditis*, *viral infection and myocardium* e suas correspondentes na terminologia em saúde. Estudos clássicos e diretrizes renomadas também foram incluídos para fundamentação teórica, especialmente aqueles desenvolvidos por Cooper (2020), Caforio et al. (2022) e Bozkurt et al. (2021), reconhecidos por sua relevância científica na área da cardiologia inflamatória.

Os critérios de inclusão contemplaram artigos originais, revisões sistemáticas, diretrizes clínicas e estudos experimentais que abordassem mecanismos imunológicos, remodelamento miocárdico e achados histopatológicos em miocardite viral, com ênfase nas apresentações subclínicas. Foram excluídos trabalhos com populações pediátricas específicas, relatos de caso isolados e estudos cujo foco principal não envolvesse o tecido miocárdico ou os efeitos virais diretos.

Após a leitura integral, os achados foram organizados em eixos temáticos: (1) alterações estruturais e celulares do miocárdio; (2) ativação imunológica inata e adaptativa; e (3) implicações funcionais e potenciais desfechos clínicos. Essa estruturação permitiu uma análise integrada das evidências e favoreceu a construção de uma discussão crítica sobre os mecanismos envolvidos na miocardite viral subclínica.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da literatura evidenciou que a miocardite viral subclínica apresenta um conjunto característico de alterações histopatológicas que, embora discretas, possuem impacto significativo na organização estrutural e funcional do miocárdio. Os principais achados recorrentes entre os estudos revisados incluem infiltração linfocitária leve, edema intersticial, áreas focais de necrose dos cardiomiócitos e graus iniciais de fibrose tecidual. Tais padrões têm sido consistentemente descritos em biópsias endomiocárdicas e modelos experimentais, reforçando que a ausência de sintomas não equivale à ausência de dano tecidual.

No âmbito dos mecanismos imunológicos, os resultados destacam um predomínio da ativação de vias de resposta inata, com elevação de citocinas pró-inflamatórias — especialmente IL-6, TNF- α e interferon- β — que participam tanto da eliminação viral quanto da lesão indireta ao tecido cardíaco. A literatura aponta que, em fases subclínicas, há um desequilíbrio entre a resposta antiviral e a preservação estrutural dos cardiomiócitos, favorecendo microlesões persistentes e contribuindo para remodelamento adverso. Esse processo inflamatório de baixa intensidade, quando prolongado, é apontado por autores como Cooper (2020) e Tschöpe et al. (2021) como um fator determinante para a transição silenciosa para cardiomiopatia dilatada.

Outro ponto relevante identificado é a heterogeneidade da progressão da doença. Estudos de imagem avançada, como ressonância magnética cardíaca, demonstram que mesmo pacientes assintomáticos podem apresentar áreas de realce tardio e edema discreto, sugerindo atividade inflamatória contínua. Isso reforça a necessidade de estratégias de rastreamento mais sensíveis, capaz de identificar sinais subclínicos antes da instalação de disfunção ventricular. Além disso, a persistência de material viral no miocárdio, descrita em pesquisas envolvendo enterovírus e parvovírus B19, amplia o debate sobre a cronificação da inflamação e seu papel na evolução estrutural do tecido cardíaco.

De forma geral, os resultados convergem para a compreensão de que a miocardite viral subclínica constitui um processo ativo, biologicamente relevante e potencialmente progressivo, justificando a atenção clínica e investigativa voltada para seu diagnóstico precoce e manejo adequado.

4 CONCLUSÃO

A miocardite viral subclínica revela-se um fenômeno de grande relevância clínica e científica, apesar de sua apresentação silenciosa. As evidências reunidas mostram que, mesmo na ausência de sintomas, há alterações histopatológicas consistentes, como infiltração celular discreta, necrose focal e início de fibrose, que indicam atividade inflamatória persistente no miocárdio. Esses achados reforçam que o processo subclínico não é uma condição estática, mas parte de um continuum fisiopatológico capaz de evoluir para comprometimento funcional significativo.

Os mecanismos inflamatórios identificados, especialmente aqueles mediados pela resposta imune inata, sugerem um desequilíbrio entre defesa antiviral e preservação tecidual, contribuindo para microlesões que podem se acumular ao longo do tempo. A literatura demonstra que esse ambiente inflamatório de baixa intensidade exerce papel importante no remodelamento cardíaco, podendo culminar em arritmias, queda da função ventricular e, em casos mais avançados, cardiomiopatia dilatada. Assim, compreender a dinâmica desses processos é fundamental para aprimorar estratégias de vigilância, diagnóstico precoce e intervenção terapêutica.

Dessa forma, o estudo reforça a importância de reconhecer a miocardite viral subclínica como um evento ativo e potencialmente progressivo, cuja detecção precoce pode evitar desfechos adversos e ampliar as possibilidades de intervenção preventiva.

REFERÊNCIAS

BOZKURT, B.; KOLTUN, S.; COOPER, L. T. Myocarditis: Current concepts in diagnosis and management. *Circulation Research*, v. 128, n. 4, p. 336–354, 2021.

CAFORIO, A. L. P. et al. Current state of knowledge on aetiology, diagnosis, management, and therapy of myocarditis: a position statement of the ESC Working Group on Myocardial and Pericardial Diseases. *European Heart Journal*, v. 43, n. 27, p. 2626–2648, 2022.

COOPER, L. T. Myocarditis. *The New England Journal of Medicine*, v. 383, p. 1547–1560, 2020.

KINDERMANN, I. et al. Update on myocarditis. *Journal of the American College of Cardiology*, v. 52, n. 1, p. 1–10, 2008.

LIBBY, P. Inflammation in cardiovascular disease. *Nature Reviews Cardiology*, v. 18, p. 1–20, 2021.

POLLACK, A.; KUGLER, N.; SHINDLER, D. Myocarditis: Recent updates. *Current Opinion in Cardiology*, v. 34, n. 3, p. 1–7, 2019.

ROSE, N. R. Viral myocarditis. *Current Opinion in Rheumatology*, v. 28, n. 4, p. 383–389, 2016.

ROTHER, E. T. Revisão sistemática X revisão narrativa. *Acta Paulista de Enfermagem*, v. 20, n. 2, p. v-vi, 2007.

TSCHÖPE, C. et al. Myocarditis and inflammatory cardiomyopathy: Current evidence and future directions. *Nature Reviews Cardiology*, v. 18, n. 3, p. 169–193, 2021.



MECANISMOS MOLECULARES DA RESISTÊNCIA BACTERIANA EM INFECÇÕES HOSPITALARES

JUNIOR MATOS SOUZA; GLENDA PAULA SILVA BORGES; JOSEFRAN SANTOS DO VALE; LAISLA MARIA CANDIDO; LUIS GUSTAVO FERREIRA BELISARIO

RESUMO

A resistência bacteriana em infecções hospitalares representa um desafio crescente para a saúde pública, sendo impulsionada por mecanismos moleculares complexos que dificultam o tratamento e aumentam a mortalidade. Entre os principais mecanismos, destacam-se a produção de enzimas inativadoras de antibióticos, como as β -lactamases de espectro estendido (ESBLs) e as carbapenemases, a alteração de alvos moleculares, a diminuição da permeabilidade da membrana bacteriana por perda ou alteração de porinas e a superexpressão de bombas de efluxo, que expulsam antibióticos do interior celular (ZHOU et al., 2025; LI et al., 2023). A transferência horizontal de genes de resistência, frequentemente mediada por plasmídeos, integrons e transposons, contribui para a rápida disseminação desses mecanismos entre diferentes espécies bacterianas no ambiente hospitalar. Genes como *bla_KPC*, *bla_NDM*, *bla_OXA-48* e *mcr-1* são comumente encontrados em patógenos multirresistentes, conferindo resistência a carbapenêmicos e polimixinas, antibióticos de última linha (ZHOU et al., 2025; KHAN et al., 2025). A *Klebsiella pneumoniae*, especialmente as variantes produtoras de carbapenemases (KPC), destaca-se como um dos principais agentes de infecções hospitalares. O gene *bla_KPC* codifica uma enzima capaz de hidrolisar carbapenêmicos, tornando-os ineficazes. Variantes hipervirulentas podem adquirir plasmídeos que carregam genes de resistência e de virulência, resultando em cepas com alta capacidade de disseminação e gravidade clínica (KARAMPATAKIS et al., 2023; TU et al., 2024). A presença simultânea de múltiplos genes, como *bla_KPC*, *bla_NDM* e *mcr-1*, em um único isolado, intensifica a resistência a diversas classes antimicrobianas e dificulta o manejo terapêutico. Diante desse cenário, a vigilância molecular contínua e o uso racional de antimicrobianos são essenciais para conter a propagação da resistência e preservar a eficácia dos tratamentos disponíveis (ZHOU et al., 2025; KHAN et al., 2025). Além disso, ações complementares, como o fortalecimento de programas de stewardship, a implementação rigorosa de medidas de prevenção e o investimento em métodos diagnósticos rápidos, são fundamentais para identificar precocemente cepas resistentes e orientar terapias mais precisas. A integração entre equipes clínicas, microbiologia e vigilância epidemiológica favorece respostas mais eficientes e contribui para reduzir o impacto da resistência bacteriana no ambiente hospitalar.

Palavras-chave: Multirresistência; Infecções nosocomiais; *Klebsiella pneumoniae*

1 INTRODUÇÃO

A resistência bacteriana em infecções hospitalares representa um dos maiores desafios contemporâneos para a saúde pública global, impactando diretamente a morbidade, mortalidade e custos hospitalares (MARINO et al., 2025; MEHRAD et al., 2015). O ambiente hospitalar, especialmente unidades de terapia intensiva (UTIs), favorece a seleção e disseminação de bactérias multirresistentes devido ao uso intensivo de antimicrobianos, procedimentos invasivos e à presença de pacientes imunocomprometidos (EL MEKES et al., 2020; ABBA et al., 2023). Entre os principais agentes etiológicos destacam-se membros do grupo ESKAPE, como *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Staphylococcus aureus*, que apresentam múltiplos mecanismos de resistência e elevada capacidade de adaptação (PARTRIDGE et al., 2018; ABBA et al., 2023).

A emergência e propagação de bactérias resistentes a múltiplos fármacos (MDR) são impulsionadas por mecanismos moleculares complexos, incluindo a produção de enzimas inativadoras de antibióticos, como β -lactamases de espectro estendido (ESBLs) e carbapenemases, modificações em alvos moleculares, diminuição da permeabilidade da membrana e superexpressão de bombas de efluxo (DARBY et al., 2022; PARTRIDGE et al., 2018). A transferência horizontal de genes de resistência, mediada por elementos genéticos móveis como plasmídeos, transposons e integrons, acelera a transmissão desses determinantes entre diferentes espécies bacterianas, tornando o controle epidemiológico ainda mais desafiador (PARTRIDGE et al., 2018; KHAN et al., 2025).

A *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase (KPC) destaca-se como um dos principais patógenos de infecções hospitalares, sendo responsável por surtos de difícil controle e associada a altas taxas de mortalidade (YANG et al., 2025; ASRI et al., 2021). O gene *bla*_{KPC} codifica uma enzima capaz de hidrolisar carbapenêmicos, antibióticos de última linha, tornando-os ineficazes e limitando as opções terapêuticas (KHAN et al., 2025; SERGEVNIN; KUDRYAVTSEVA, 2025). Além disso, a coocorrência de múltiplos genes de resistência, como *bla*_{KPC}, *bla*_{NDM} e *mcr-1*, em um mesmo isolado, potencializa a resistência a diferentes classes de antimicrobianos, agravando o cenário clínico (KHAN et al., 2025; ZHOU et al., 2025).

A prevalência de infecções hospitalares causadas por bactérias multirresistentes tem aumentado globalmente, com taxas alarmantes em países de baixa e média renda, onde a vigilância e o controle são frequentemente insuficientes (DIOP et al., 2025; ASRI et al., 2021). Estudos apontam que fatores como uso prolongado de antibióticos, falhas em medidas de controle de infecção e permanência prolongada em ambiente hospitalar sintomático para a seleção e disseminação desses patógenos (EL MEKES et al., 2020; JIANG et al., 2020).

Diante desse cenário, a compreensão dos mecanismos moleculares de resistência bacteriana é fundamental para o desenvolvimento de estratégias de vigilância, prevenção e tratamento mais eficazes, além de subsidiar políticas de uso racional de antimicrobianos e controle de infecções hospitalares (DARBY et al., 2022; PARTRIDGE et al., 2018).

A resistência bacteriana aos medicamentos mais populares, como β -lactâmicos (penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos), fluoroquinolonas e aminoglicosídeos, tornou-se um desafio crítico nos ambientes hospitalares. Patógenos como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Acinetobacter baumannii* apresentam elevadas taxas de resistência a essas antibióticos, frequentemente devido à produção de β -lactamases de espectro estendido (ESBLs), carbapenemases, alterações em porinas e superexpressão de bombas de efluxo. Em *E. coli* e *K. pneumoniae*, a resistência às penicilinas e cefalosporinas de terceira geração pode ultrapassar 90%, enquanto a resistência às fluoroquinolonas também é elevada. Em *A. baumannii*, a resistência a carbapenêmicos pode chegar a 100% em determinados contextos, restando algumas opções terapêuticas eficazes, como a polimixina, que também já apresenta

casos de resistência emergente (FOUDRAINE et al., 2021; KYRIAKIDIS et al., 2021; ABBA et al., 2023; LE et al., 2025).

No caso de *Pseudomonas aeruginosa*, a resistência intrínseca e a aquisição de múltiplas classes de antibióticos, incluindo β -lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas, dificultam o tratamento de infecções, especialmente em pacientes críticos. A produção de enzimas inativadoras, a formação de biofilme e a transferência horizontal de genes de resistência positivos para a persistência e disseminação desses fenótipos multirresistentes. A presença simultânea de mecanismos múltiplos de resistência em um mesmo isolado é comum, tornando frequente a necessidade de terapias combinadas e reforçando a importância da vigilância molecular e do uso racional de antimicrobianos para conter a propagação desses patógenos (PACHORI et al., 2019; MEHRAD et al., 2015; CHAKRABORTY et al., 2023; AYOBAMI et al., 2022).

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo foi desenvolvido a partir de uma pesquisa bibliográfica narrativa, utilizando exclusivamente dados previamente publicados em artigos científicos, diretrizes, revisões e documentos técnicos disponíveis em bases de dados atualizadas. Foram consultados materiais indexados nas plataformas PubMed, Scielo, Scopus, Web of Science e Google Scholar, bem como periódicos especializados em microbiologia clínica, epidemiologia hospitalar e resistência antimicrobiana, publicados entre 2015 e 2025. Conduziu-se uma Revisão Integrativa de Literatura (RIL) com foco em estudos empíricos relacionados aos mecanismos moleculares de resistência bacteriana, especialmente em infecções hospitalares causadas por bactérias multirresistentes, com ênfase em *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemases (KPC) e outros genes relevantes como *bla*_{NDM}, *bla*_{OXA-48} e *mcr-1*. A revisão seguiu os princípios gerais do protocolo PRISMA 2020, adaptado para revisões integrativas, assegurando organização sistemática, transparência metodológica e rastreabilidade das etapas de busca e seleção.

Os critérios de inclusão foram definidos com base nas abordagens metodológicas e temáticas adotadas pelos autores consultados, incluindo: estudos empíricos que descrevessem mecanismos moleculares de resistência (DARBY et al., 2022; LI et al., 2023), pesquisas com caracterização genômica ou molecular de isolados clínicos de *K. pneumoniae* e outros patógenos gram-negativos (ZHOU et al., 2025; TU et al., 2024; SERGEVNIN; KUDRYAVTSEVA, 2025), artigos que analisassem prevalência, disseminação ou impacto clínico de bactérias multirresistentes em ambiente hospitalar (ASRI et al., 2021; DIOP et al., 2025; ABBA et al., 2023), e estudos que abordassem epidemiologia, fatores de risco, resistência combinada ou portabilidade de genes de resistência por elementos móveis (PARTRIDGE et al., 2018; KHAN et al., 2025; KARAMPATAKIS et al., 2023). Foram incluídos também estudos clínicos e laboratoriais que investigassem resistência a β -lactâmicos, carbapenêmicos, fluoroquinolonas e aminoglicosídeos, com descrição experimental clara e análise de fenótipos e genótipos de resistência (FOUDRAINE et al., 2021; KYRIAKIDIS et al., 2021; LE et al., 2025).

Foram excluídos artigos que não apresentaram metodologia explícita ou que se limitassem a revisões narrativas sem dados originais; estudos voltados exclusivamente para áreas veterinárias, agrícolas ou ambientais sem relação direta com infecções hospitalares (PACHORI; GOTHALWAL; GANDHI, 2019); publicações que abordassem resistência antimicrobiana sem descrição molecular, epidemiológica ou clínica aplicável ao contexto hospitalar; estudos anteriores a 2015 sem relevância metodológica atual; e artigos que não mencionaram genes ou mecanismos específicos como ESBLs, carbapenemases ou bombas de efluxo, essenciais para a robustez analítica desta revisão (MEHRAD et al., 2015).

A análise metodológica contemplou a avaliação da clareza experimental, caracterização microbiológica, consistência dos dados moleculares, detalhamento dos mecanismos de resistência, rigor epidemiológico e aplicabilidade clínica. Os dados extraídos foram organizados em categorias envolvendo prevalência e distribuição de genes de resistência, mecanismos moleculares descritos, impactos clínicos observados, disseminação por elementos genéticos móveis e implicações terapêuticas. A síntese integrativa foi conduzida por análise crítica comparativa, destacando padrões convergentes, divergências nas abordagens dos autores e limitações metodológicas, permitindo compreender o panorama atual da resistência bacteriana em infecções hospitalares e suas implicações para vigilância, controle e terapias disponíveis.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dos estudos incluídos evidencia que a resistência bacteriana em infecções hospitalares permanece um desafio crescente e multifatorial. Diversos autores, como Zhou et al. (2025) e Khan et al. (2025), enfatizam a importância de genes como bla_KPC, bla_NDM e mcr-1 na promoção de resistência a antimicrobianos de última linha, especialmente em *Klebsiella pneumoniae*. No entanto, observa-se que muitos trabalhos focam exclusivamente na caracterização molecular dos isolados sem contextualizar adequadamente a relevância clínica ou epidemiológica desses achados, limitando a compreensão do impacto real das cepas multirresistentes no manejo terapêutico e nos desfechos hospitalares. Estudos como os de Abba et al. (2023) e Diop et al. (2025) oferecem dados mais amplos sobre prevalência e distribuição, mas por vezes carecem de análise aprofundada sobre os mecanismos moleculares subjacentes, mostrando uma lacuna entre dados epidemiológicos e genômicos.

A resistência a antimicrobianos clássicos, incluindo β -lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas, é amplamente documentada (Foudraïne et al., 2021; Kyriakidis et al., 2021; Le et al., 2025), revelando taxas de resistência alarmantes em contextos hospitalares críticos. No entanto, autores como Mehrad et al. (2015) apresentam dados limitados à descrição de fenótipos resistentes, sem integração com estudos moleculares recentes que poderiam explicar a rápida disseminação observada. Essa lacuna evidencia a necessidade de abordagens integrativas que combinem vigilância molecular, análises clínicas e fatores epidemiológicos para subsidiar políticas efetivas de controle de infecção e uso racional de antimicrobianos.

Tabela 1 – Principais patógenos, genes de resistência e mecanismos moleculares identificados

Patógeno	Genes de resistência	Mecanismos moleculares	Referências
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (KPC)	bla_KPC, bla_NDM, bla_OXA-48, mcr-1	Produção de carbapenemases, ESBLs, bombas de efluxo, perda de porinas	Zhou et al., 2025; Khan et al., 2025; Tu et al., 2024
<i>Acinetobacter baumannii</i>	bla_OXA-23, bla_NDM	Carbapenemases, bombas de efluxo, alterações na membrana	Kyriakidis et al., 2021; ABBA et al., 2023
<i>Pseudomonas</i>	bla_VIM, bla_IMP,	Carbapenemases,	Pachori et al., 2019;

aeruginosa	aac(6 ['])-ib	aminoglicosídeo modificador, biofilme, efluxo	Chakraborty et al., 2023
Escherichia coli	bla_CTX-M, bla_TEM, mcr-1	ESBLs, carbapenemases, bombas de efluxo, mutações em alvos moleculares	Foudraïne et al., 2021; Le et al., 2025

Finalmente, a crítica comparativa dos estudos revela divergências metodológicas significativas. Enquanto Karampatakis et al. (2023) e Tu et al. (2024) fornecem detalhes robustos sobre variantes hipervirulentas e plasmídeos associados a resistência, muitos outros autores não descrevem claramente critérios de amostragem, métodos de detecção de genes ou limitações experimentais, comprometendo a generalização dos resultados. Além disso, há inconsistência na avaliação do impacto clínico da resistência, como mortalidade e eficácia terapêutica, o que limita a aplicação direta dos achados em políticas hospitalares. Em síntese, apesar do avanço no conhecimento molecular da resistência bacteriana, a literatura ainda carece de integração crítica entre genômica, epidemiologia e prática clínica, reforçando a necessidade de estudos futuros mais abrangentes e padronizados.

4 CONCLUSÃO

A revisão integrativa evidencia que a resistência bacteriana em infecções hospitalares é um fenômeno complexo, envolvendo múltiplos genes, mecanismos moleculares e patógenos críticos, como *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas aeruginosa*. Apesar dos avanços na caracterização molecular e epidemiológica, muitos estudos ainda apresentam lacunas quanto à integração dos dados genômicos com desfechos clínicos e políticas de controle. A compreensão aprofundada desses mecanismos, aliada à vigilância contínua, uso racional de antimicrobianos e implementação de estratégias de prevenção, é essencial para reduzir a disseminação de cepas multirresistentes e melhorar os resultados clínicos em ambientes hospitalares.

REFERÊNCIAS

ABBA, MK et al. O impacto das infecções hospitalares e da resistência antimicrobiana. **Heliyon**, v. 9, n. 10, p. e2023, 2023.

ASRI, NAM et al. Prevalência global de *Klebsiella pneumoniae* multirresistente nosocomial: uma revisão sistemática e meta-análise. **Antibiotics**, v. 10, n. 12, p. 1-15, 2021.

AYOBAMI, O. et al. Resistência a antibióticos em infecções ESKAPE-E adquiridas em ambiente hospitalar em países de baixa e média-baixa renda: uma revisão sistemática e meta-análise. **Emerging Microbes & Infections**, v. 11, n. 1, p. 443-454, 2022.

CHAKRABORTY, M. et al. Tendências atuais nos padrões de resistência antimicrobiana em patógenos bacterianos entre pacientes adultos e pediátricos na Unidade de Terapia Intensiva de um Hospital Terciário em Calcutá, Índia. **Antibiotics**, v. 12, n. 3, p. 1-15, 2023.

- DARBY, EM et al. Mecanismos moleculares de resistência a antibióticos revisitados. **Nature Reviews Microbiology**, v. 20, n. 12, p. 1-16, 2022.
- DIOP, M. et al. Prevalência de bactérias multirresistentes em ambientes de saúde e comunitários na África Ocidental: revisão sistemática e meta-análise. **BMC Infectious Diseases**, v. 25, n. 2, p. 1-13, 2025.
- EL MEKES, A. et al. Os fatores de risco clínicos e epidemiológicos de infecções por bactérias multirresistentes em uma unidade de terapia intensiva para adultos do Centro Hospitalar Universitário de Marrakesh, Marrocos. **Revista de infecção e saúde pública**, v. 13, n. 4, p. 637-643, 2020.
- FOUDRAINE, DE et al. Explorando a resistência antimicrobiana a beta-lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas em *E. coli* e *K. pneumoniae* usando proteogenômica. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 1-13, 2021.
- JIANG, A. et al. Infecções nosocomiais por bactérias multirresistentes em pacientes com câncer: um estudo retrospectivo de seis anos em um centro de oncologia no oeste da China. **BMC Infectious Diseases**, v. 20, n. 1, p. 1-10, 2020.
- KARAMPATAKIS, T.; TSERGOULI, K.; BEHZADI, P. *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenêmicos: fatores de virulência, epidemiologia molecular e atualizações recentes em opções de tratamento. **Antibiotics**, 2023.
- KHAN, Sumia et al. Caracterização molecular de genes de resistência a antibióticos em infecções do trato urinário adquiridas em ambiente hospitalar. **Indus Journal of Bioscience Research**, v. 3, n. 2, p. 1-10, 2025.
- KYRIAKIDIS, I. et al. Mecanismos de resistência a antibióticos de *Acinetobacter baumannii*. **Patógenos**, v. 10, n. 3, p. 1-31, 2021.
- LE, H. et al. Padrões predominantes de resistência a antibióticos em pacientes hospitalizados com infecções do trato urinário em um hospital universitário vietnamita (2014–2021). **Infection and Drug Resistance**, v. 18, p. 1-12, 2025.
- LI, Yanping et al. Características dos mecanismos de resistência a antibióticos e genes de *Klebsiella pneumoniae*. **Open Medicine**, 2023.
- MARINO, A. et al. A carga global de bactérias multirresistentes. **Epidemiologia**, v. 6, n. 2, p. 1-15, 2025.
- MEHRAD, B. et al. Resistência antimicrobiana em infecções bacterianas gram-negativas adquiridas em ambiente hospitalar. **Chest**, v. 147, n. 5, p. 1413-1421, 2015.
- PACHORI, P.; GOTHALWAL, R.; GANDHI, P. Emergência de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a antibióticos em unidade de terapia intensiva: uma revisão crítica. **Genes & Diseases**, v. 6, n. 2, p. 109-119, 2019.

PARTRIDGE, SR et al. Elementos genéticos móveis associados à resistência antimicrobiana. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 31, n. 4, p. e00088-17, 2018.

SERGEVNIN, VI; KUDRYAVTSEVA, LG. Características genéticas moleculares da resistência antimicrobiana em isolados de *Klebsiella pneumoniae* de um hospital de cirurgia cardíaca. **Alfabeto Médico**, v. 23, n. 3, p. 1-8, 2025.

TU, Yanye et al. Características moleculares e mecanismos patogênicos de *Klebsiella pneumoniae* hipervirulenta resistente a carbapenêmicos produtora de KPC-3 (ST23-K1). **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, 2024.

YANG, J. et al. Análise prognóstica e fatores de risco relacionados à infecção de bactérias multirresistentes isoladas de um hospital geral na China, 2019-2023. **The Journal of hospital infection**, v. 145, p. 1-10, 2025.

ZHOU, X. et al. Elaboração do genoma de *Klebsiella pneumoniae* CRE, causadora de infecção nosocomial e com resistência confirmada à colistina e eravaciclina, portadora de bla NDM-1, mcr-1 e bla KPC-2, em neonatologia, de novembro a dezembro de 2023. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 15, p. 1-12, 2025.