

diluições seriadas até 1:1024 (dilúente PFC negativo para HBV, HCV e HIV) e as amostras foram testadas em triplicata na Plataforma NAT HIV/HCV/HBV Bio-Manguinhos®. Identificada a maior diluição com resultado no teste NAT qualitativo repetidamente positivo nas 3 amostras de cada unidade de PFC, e selecionado para a produção de CQIs a amostra imediatamente anterior. No intuito de avaliar a reprodutibilidade, 20 alíquotas desta diluição (totalizando 40 de cada marcador HIV, HBV, HCV) foram re testadas na mesma plataforma utilizando Kits de lotes distintos e amostras foram enviadas para quantificação da carga viral (CVi) no Laboratório de AIDS-HC Unicamp (Abbot Realtime®HBV, HCV e HIV). Os resultados de CT (Cycle Threshold), DP(Desvio Padrão) e CV (Coeficiente de variação) foram analisados. Adicionalmente, 6 alíquotas (1 de cada PFC) foram submetidas a 20 ciclos de congelamento e descongelamento (TA e re congelamento por 24 horas) e posteriormente testadas na Plataforma NAT HIV/HCV/HBV Bio-Manguinhos® para avaliação da estabilidade da amostra. **Resultados:** A alíquota do PFC-HIV (bolsa 1) com diluição selecionada de 1:256 apresentou média de CT (mCT) nas 20 amostras analisadas de 34,5 (DP-0,8 ; CV-2,4; CVi-85.173 cópias/mL), enquanto o PFC HIV (bolsa 2) com diluição de 1:512 apresentou mCT 34,3 (DP-0,8; CV-2,4; CVi-83.353 cópias/mL). No PFC-HCV(1), foi obtido na diluição 1:32 mCT 28,0 (DP-0,5; CV-1,8; CVi-1.383.121 UI/mL) e no PFC-HCV(2), diluição 1:128 com mCT 32,5 (DP- 0,7; CV-2,38; CVi-271.630 UI/mL) e finalmente no PFC-HBV(1) a diluição 1:128 com mCT 34,8 (DP-0,4; CV:1,3, CVi-3.048 UI/mL) e PFC-HBV(2)1:128 com mCT de 35,8 (DP-1,32; CV-3,6, CVi-220 UI/mL). As amostras dos PFCs diluídas e submetidas a ciclos de congelamento e descongelamento permaneceram estáveis, não houve resultados falso-negativos e nem alterações significativas nos resultados do mCT. **Conclusões:** Os CQIs para o teste NAT, produzidos a partir de amostras de PFC positivas para HBV, HCV e HIV e diluídos em PFC, podem ser considerados uma opção viável para a rotina assistencial, as amostras apresentaram estabilidade e reprodutibilidade dos resultados. N°CAAE: 57413121.7.0000.5404.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1284>

HEPATITE C EM PACIENTES COM DOENÇA HEMORRÁGICA HEREDITÁRIA: 30 ANOS DE EVOLUÇÃO DE UMA COORTE BRASILEIRA

NM Foschi ^{a,b}, LH Siqueira ^a, DMC Rocha ^c, MP Colella ^a, SS Medina ^a, C Costa-Lima ^a, GG Yamaguti-Hayakawa ^a, ANL Prezotti ^c, MC Ozelo ^{a,b}

^a Centro de Hematologia e Hemoterapia da Unicamp (Hemocentro Unicamp), Universidade de Campinas (Unicamp), Campinas, SP, Brasil

^b Departamento de Medicina Interna, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade de Campinas (Unicamp), Campinas, SP, Brasil

^c Centro de Hematologia e Hemoterapia do Estado do Espírito Santo (HEMOES), Vitória, ES, Brasil

Pacientes adultos com doenças hemorrágicas hereditárias apresentam uma alta prevalência de infecções pelos vírus da imunodeficiência adquirida humana (HIV), hepatite B (HBV) e hepatite C (HCV), devido exposição prévia a transfusões sanguíneas. Vários fatores relacionados ao vírus e seu hospedeiro podem estar associados à progressão ou a cura da infecção pelo HCV, incluindo a presença de determinados polimorfismos da interleucina (IL) 28B. O objetivo desse estudo é avaliar os dados epidemiológicos da infecção pelo HCV em uma coorte de pacientes adultos, com mais de 30 anos, com doença hemorrágica hereditária, provenientes de dois centros de referência no Brasil. Além disso, avaliamos a influência de polimorfismos do gene da IL28B na evolução da infecção pelo HCV. Esse estudo foi realizado no período de agosto de 2018 a setembro de 2022. Foi avaliada uma coorte de pacientes com doenças hemorrágicas hereditárias nascidos até 1992 e acompanhados no Hemocentro Unicamp e HEMOES. Três polimorfismos da IL28B (rs12979860, rs8099917 e rs12980275), determinados por polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP), foram correlacionados ao índice de clearance espontâneo e tipo de resposta ao tratamento do HCV. Entre os 895 pacientes com doença hemorrágica hereditária nascidos até 1992 e acompanhados em um dos centros desse estudo, 300 (33,5%) foram infectados por HCV. Dentre todos os casos, 540 eram provenientes do Hemocentro Unicamp com 194 (35,9%) com sorologia positiva para HCV e 355 eram do HEMOES, com 106 (29,9%) com sorologia positiva para HCV. Desses, 46% haviam sido previamente expostos ao HBV e 1,7% apresentavam hepatite B crônica ativa. Além de 13% de coinfeção com HIV. Foi observado que 22,6% evoluíram com clearance espontâneo do HCV, os dados mostraram uma associação com a presença de polimorfismos da IL28B com os genótipos rs12979860 CC, rs12980275 AA e rs8099917 TT. Em relação ao tratamento, 89,7% dos pacientes que concluíram pelo menos um esquema de terapia, atingiram resposta virológica sustentada (RVS). No entanto, não foi observada relação entre a resposta aos diferentes esquemas de tratamento e os polimorfismos da IL28B. Mais recentemente, 61 pacientes foram tratados com os antivirais de ação direta (DAAs), sendo que todos os 57 pacientes que concluíram o tratamento atingiram RVS. Foram registrados 55 óbitos, sendo 33,3% relacionados às complicações hepáticas. Deve-se ressaltar, que para esse estudo foram incluídos apenas os pacientes com diagnóstico de doença hemorrágica hereditária nascidos até 1992, pois a partir de 1993 o controle do HCV em hemocomponentes foi oficialmente implantado no Brasil, reduzindo drasticamente o risco de contaminação desses pacientes. Apesar do grande avanço recente no tratamento do HCV, sua prevalência ainda é relevante entre pacientes adultos com doenças hemorrágicas hereditárias. O estudo dessa população é importante para entendimento da evolução da doença e seus fatores prognósticos, uma vez que representa pelo menos 30 anos desde que ocorreu a contaminação pelo HCV.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1285>