

ÍNDICE

1 - APRESENTAÇÕES LIVRES	8
Development of a pregnancy-specific serology test: a path towards a new tool to measure malaria transmission in the context of elimination	8
Ana Maria Fonseca; Eusebio Macete; Raquel González; Chenjerai Jairoce; Jennifer Hegewisch; Maria Rupérez; Llorenç Quintó; Pau Cisteró; Anifa Vala; Alfons Jiménez; Arsenio Nhacolo; Chetan Chitnis; Esperanza Sevene; Clara Menéndez; Alfredo Mayor	
Improving Molecular Diagnosis of Leishmaniasis: real-time PCR based on a new identified gene for the detection of Leishmania DNA from hair samples	10
Andrés Vacas-Oleas; Conor Sugden; Celia Fernández-Rubio; Miriam Algarabel-Olona; Paul Nguewa	
Estudo piloto de auto-disseminação de piriproxifeno no Paúl do Mar, ilha da Madeira.....	11
Bianca Pires; Gonçalo Seixas; Gonçalo Alves; Margarida Clairouin; Bela Viveiros; Luís Antunes; Ana Clara Silva; Gregor Devine; Richard Paul; Carla A. Sousa	
Estruturação intraespecífica em Anopheles gambiae e os impactos epidemiológicos na Guiné-Bissau.....	12
Bruno Gomes; Chris S. Clarkson; Beniamino Caputo; José L. Vicente; Marco Pombi; Carla A. Sousa; João Dinis; Amábélia Rodrigues; David Weetman; Alessandra della Torre; João Pinto	
A vigilância da doença de Chagas é possível na Amazônia brasileira: a experiência do Estado do Pará.....	13
Elenild de Góes Costa; Soraya O.Santos; Mayira S. Milano; Dilma S. M.Souza; Erica Tatto; Marcos Takashi Obara; Suelene Mamede de Oliveira; Simone Monzani Vivaldini; Francisco de A. Costa; Rui M. S. Póvoa	
Babesiosis in Europe: a neglected disease	14
Elisa Fernández Álvarez	
Caracterização bioquímica de metaloproteases de tripanossomatídeos (Leishmania spp., Trypanosoma cruzi e Trypanosoma brucei brucei)	15
Joana Monteiro; Gabriela Santos-Gomes; Aline Rimoldi Ribeiro; João Aristeu da Rosa; Marcelo Sousa Silva	
EVOLUÇÃO PARA CARDIOPATIA CHAGÁSICA CRÔNICA APÓS TRATAMENTO DE DOENÇA DE CHAGAS AGUDA POR TRANSMISSÃO ORAL: RELATO DE CASO	16
João Marcos Barbosa-Ferreira; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra; Maurício Borborema; Tomas Maria Porcuna; Bruna Valessa Moutinho; Thayana Braga Marques; Lígia Heinrichs Freitas	

Leishmaniose Mucosa na Região Amazônica, aspectos clínicos e estigma social	17
Jorge Augusto de Oliveira Guerra; Satiko Andrezza Takano Peixoto; Suzane Ribeiro Prestes; Henrique Manoel Silveira; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra; Alda Maria da Cruz	
BIG DATA IN HEALTH: uma contribuição da bibliometria para identificação da informação essencial para a doença tropical malária	18
Jorge Magalhães; Zulmira Hartz; Adelaide Maria de Souza Antunes	
Estimativa da Infecção pelo Trypanosoma cruzi e da vulnerabilidade de uma população da área rural e periurbana da cidade de Manaus-Amazonas, a doença de Chagas na Amazônia Brasileira.....	19
Laise Kelma Costa Magalhães; Jorge Augusto de Oliveira Guerra; João Marcos Barbosa Bemfica Ferreira; Laylah Kelre Costa Magalhães; Rosa Amelia Gonçalves Santana; Suzane Ribeiro Prestes; Leila Inês Aguiar Camara Coelho; Nelson Ferreira Fé; Danny Andrey Belém Gama; Cíntia Araújo Pereira; Henrique Silveira; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra	
Avaliação da atividade antimalárica in vitro e in vivo de endoperóxidos	20
Lis Lobo; Lília Cabral; Sebastião Rodrigues; Lurdes Cristiano; Valter Andrade; Fatima Nogueira	
Vetores de Dirofilaria immitis em Portugal: bioecologia e implicações na transmissão e controlo	21
M. Teresa Novo; Cátia Ferreira; Verónica Mixão; Manuela Calado; Silvana Belo; António Paulo Almeida	
PERFIL CLÍNICO DA MALÁRIA GRAVE NUMA UCI EM LUANDA	22
Maria Lina Antunes; Jorge Seixas; Marcelo Sousa e Silva	
Otimização de uma técnica de amplificação isotérmica associada a sondas moleculares para identificação das espécies de Borrelia burgdorferi sensu lato mais prevalentes em Portugal	23
Marta Nascimento; Mónica Nunes; Ricardo Parreira; Maria Luísa Vieira	
Polimorfismos na região promotora do gene TPI1: -5G>A e -8G>A, em diferentes grupos clínicos de malária de Angola e Moçambique	24
Mónica Guerra; Patrícia Machado; Licínio Manco; Natércia Fernandes; Juliana Miranda; Ana Paula Arez	
Estudo genético e filogeográfico de populações do mosquito vetor de dengue (Aedes aegypti) em Cabo Verde.....	25
Patrícia Salgueiro; Célia Serrano; Ana Abecasis; Bruno Gomes; Joana Alves; João Pinto; Carla A. Sousa	
Transcriptomic comparison between Anopheles gambiae and Anopheles stephensi salivary glands infected by Plasmodium berghei	26
Renato Pinheiro-Silva; Joana Couto; Virgílio do Rosário; Jose de la Fuente; Ana Domingos	

O papel dos vertebrados silvestres na manutenção de ixodídeos (Acari:Ixodida) e agentes a estes associados	27
Rita Velez; Ana Sofia Santos; Pedro Melo; Sandra Antunes; Joana Ferrolho; Ana Domingos; Maria Margarida Santos Silva	
Assessing the contribution of shorebirds to the epidemiological cycle of <i>Borrelia garinii</i>.....	28
Sara Pardal; Sandra Antunes; Ana Domingos; Jaime Ramos	
Rhodnius pictipes: importância em áreas com transmissão de doença Chagas Agudo na Amazônia Brasileira	29
Soraya Oliveira dos Santos; Marcos Takashi Obara; Elias Seixas Lorosa; Cleber Galvão; Elenild Goes Costa; Erica Tatto; George Luis Lins Machado Coelho; Mayira Sojo-Millano; Joseane Padilha	
Quantitative proteomics for the analysis of the interaction between <i>Plasmodium falciparum</i> and its red blood cell host.....	30
Tiago Rocha Vaz; Patrícia Machado; Fátima Nogueira; João Rodrigues; Licínio Manco; Letícia Ribeiro; Ed Bergstrom; David Ashford; Rui Vitorino; Jane Thomas-Oates; Jerry Thomas; Ana Paula Arez	
2 – PÓSTERS	31
Chikungunya em Portugal: Caso Importado e sua potencial introdução.....	31
Abílio Antunes; Jaime Nina; Sonia Centeno-Lima; Jorge Seixas; Ricardo Parreira; Maria Amélia Grácio; António José dos Santos Grácio	
Identificação molecular de bactérias do género <i>Leptospira</i> em colecções de água doce no Distrito de Leiria	32
Adriana Aldeia; Teresa Carreira; Maria Luísa Vieira	
Caracterização do perfil zimográfico, biológico e molecular de dez cepas de <i>Trypanosoma cruzi</i> TcI, TcII e TcIII isoladas de triatomíneos da Bahia, Rio Grande do Sul, Santa Catarina e São Paulo, Brasil	33
Aline Rimoldi Ribeiro; Larissa Aguiar de Almeida; Luciana Lima; Joana Monteiro; Cláudia Jassica Gonçalves Moreno; Marcia Aparecida Silva Graminha; Marta Maria Geraldes Teixeira; Marcelo Sousa Silva; Mário Steindel; João Aristeu da Rosa	
PERCEPÇÕES DE ALUNOS DO ENSINO BÁSICO E TÉCNICO DA CIDADE DE UBERLÂNDIA SOBRE A DENGUE E A INFLUÊNCIA DE OFICINAS EDUCATIVAS PERANTE ESTRATÉGIAS DE COMBATE, PREVENÇÃO E TRATAMENTO DA DOENÇA.....	34
Amanda Amaral Abrahão; Klauss Kleydmann Sabino Garcia	
<i>Tinea capitis</i> em crianças de meios desfavorecidos da periferia de Lisboa (2011).....	35
Ana Catarina Simão; Maria da Luz Martins; Rosa Teodósio	

First detection of <i>Borrelia burgdorferi</i> sensu lato DNA in hunted wild boars.....	36
Ana Sofia Faria; Maria das Neves Paiva-Cardoso; Mónica Nunes; Teresa Carreira; Hélia Marisa Vale-Gonçalves; Octávia Veloso; Catarina Coelho; João Alexandre Cabral; Madalena Vieira-Pinto; Maria Luísa Vieira	
PRELIMINARY RESULTS OF DISTRIBUTION OF PHLEBOTOMINE SAND FLY (DIPTERA: PSYCHODIDAE) VECTORS IN EXTREMADURA, SOUTHWEST OF SPAIN.*	37
Bravo-Barriga D; Afonso MO; Blanco-Ciudad J; Maia C; Cristóvão JM; Campino L; Pérez-Martín JE; Frontera E	
INFESTATION OF NEMATODES IN PHLEBOTOMINE SAND FLIES (DIPTERA, PSYCHODIDAE) IN PORTUGAL AND SPAIN.*	39
Bravo-Barriga D; Afonso MO; Blanco-Ciudad J; Maia C; Cristóvão JM; Mendes T; Maurício IL; Campino L; Serrano FJ; Reina D	
SOCIODEMOGRAPHIC, RELIGIOUS AND ETHNIC INFLUENCES and the WILLINGNESS TO DONATE ORGANS: PORTUGUESE DIALOGUES WITH IMMIGRANTS FROM AFRICA.....	41
Clara Saraiva; Elisa Lopes; Max Ramos	
Avaliação do potencial da infeciosidade e caracterização da resposta imune de diferentes estirpes de <i>Trypanosoma cruzi</i> pertencentes aos grupos TcI, TcII e TcIII em modelo murino.	42
Cláudia Jassica Gonçalves Moreno	
Caracterização de anticorpos anti-<i>Plasmodium</i> spp. e imunoidentificação de antígenos de <i>Plasmodium falciparum</i> em amostras de plasma de indivíduos com estadias prévias em zona endémica de malária	43
Daniela Portugal-Calisto; Rosa Teodósio; Fátima Nogueira; Marcelo Sousa Silva	
Consulta de regresso: avaliação de risco e doença em missão e impacto na aptidão física de militares.....	44
Diana Fernandes; Sara Grazina Dias; Helena Feliciano; Susana Cortinhal; Tânia Joaquim	
Extratos e óleos essenciais de plantas aromáticas e medicinais aplicados ao controlo de mosquitos vetores.....	45
Diara K. Rocha; Olívia C. Matos; Cristina Moiteiro; A. Cristina Figueiredo; Manuel Delgado; Ana Amaro; Maria C. Liberato; Marilene Cabral; Maria T. Novo	
Aspectos epidemiológicos da doença de Chagas aguda na Amazônia brasileira	47
Elenild de Góes Costa; Ednei C. C. Amador; Soraya O. Santos; Mayira S. Milano; Dilma S. M. Souza; Erica Tatto; Marco Takashi Obara; Francisco de Assis Costa; Rui M. S. Póvoa	
Cenário atual da malária e o papel de Farmanguinhos/Fiocruz na produção de fármacos e medicamentos.....	48
Erika Martins de Carvalho; Márcia Coronha Ramos Lima	
A visão da Pró-Reitoria de Pesquisa da Unicamp no estímulo à pesquisa em doenças tropicais negligenciadas.....	49
Fernando Antonio Santos Coelho	

Desafios ao Controlo Integrado de Doenças Transmitidas Por Vectores em Angola.....	50
Filomeno Fortes; Pedro Van-Dunem; Cani Pedro Jorge	
Efeito larvicida de extractos aquosos de resíduos de café, em duas espécies de Anopheles (Diptera: Culicidae).....	51
Flávia Ribeiro; Gonçalo Alves; Gonçalo Seixas; Carla Brazinha; Carla A. Sousa	
Immunological characterization of sera samples from chronic Chagasic patients living in Europe	52
Hiliana Aristizabal; Jailson Brito Querido; Joana Monteiro; Cláudia Moreno; Aline Rimoldi; Eva Dopico Ponte; Marcelo Sousa Silva	
Malária- Experiência de 3 anos.....	53
Jemima Sala Patrocínio; Jandir Patrocínio; Ester Freitas; Fernando Aldomiro	
How successful is the Ehrlichia canis transstadial transmission in Rhipicephalus sanguineus ticks?.....	54
Joana Ferrolho; Sandra Antunes; Marcos André; Gustavo Serón; Rosângela Zacarias Machado; Gervásio Henrique Bechara; Ana Domingos	
Anaplasma marginale, Theileria equi and Theileria annulata pathogens identified in the two-host tick Rhipicephalus bursa, in Portugal	55
Joana Ferrolho; Sandra Antunes; Rita Velez; Ana Sofia Santos; Maria Margarida Santos-Silva; Ana Domingos	
PRIMEIRO CASO DE ÓBITO POR DOENÇA DE CHAGAS AGUDA POR MIOCARDITE E MENINGOENCEFALITE NO ESTADO DO AMAZONAS BRASIL: RELATO DE CASO.....	56
João Marcos Barbosa-Ferreira; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra; Maurício Borborema; Tomas Maria Porcuna	
ALTERAÇÕES CARDÍACAS NA FASE CRÔNICA DA DOENÇA DE CHAGAS EM PACIENTES AUTÓCTONES DA AMAZÔNIA: SÉRIE DE CASOS DE 2007 A 2015	57
Jorge Augusto de Oliveira Guerra; Bruna Valessa Moutinho; Ketlen Nascimento Costa; Danny Andrey Belém Gama; Cíntia Araújo Pereira; Simão Gonçalves Maduro; Lígia Heinrichs Freitas; Thayana Braga Marques; João Marcos Barbosa-Ferreira; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra	
Infecção Natural por Trypanosoma cruzi em hospedeiros vertebrados e invertebrados e identificação de fonte alimentar de triatomíneos coletados em ambiente silvestre e domiciliar em zona rural e urbana	58
Laylah Kelre Costa Magalhães; Henrique Silveira; Suzane Ribeiro Preste; Laise Kelman Costa Magalhães; Nelson Ferreira Fé; Marcel Gonçalves Maciel; Rubens Celso Andrade Junior; Clézia Cristina Ribeiro Roque; Jorge Augusto de Oliveira Guerra; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra	
Pesquisa de Coxiella burnetii em animais de companhia.....	59
Luís Raposo Duarte; Maria Margarida Alves; Ana Sofia Santos	

Investigation of pvmdr1 haplotypes in Plasmodium vivax populations at a Brazilian malaria reference center	60
Maria de Fatima Ferreira da Cruz; Larissa Gomes; Natalia Oliveira; Patricia Brasil; Claudio Tadeu Daniel Ribeiro	
“Nested-PCR” de citocromo oxidase I para a detecção específica de Fasciola sp. e Echinococcus granulosus.....	61
Melissa Badrudin; Claudio Roque; Isabel L. Mauricio	
Susceptibilidade aos antimicrobianos de estirpes de salmonella spp isoladas em amostras clínicas e Ambientais na cidade de Luanda, Angola	62
Moisés Francisco; Gisela Aleixo; Alda Manuel; Andria Cassoma; Jorge Ramos; Isabel Couto; Constança Pomba; Miguel Viveiros	
Resistência aos fármacos antimaláricos e diversidade genética de populações de P. falciparum da Guiné Equatorial continental.....	63
Mónica Guerra; Rita Neres; Patrícia Salgueiro; Cristina Mendes; Nicolas Ndong-Mabale; Pedro Berzoza; Bruno de Sousa; Ana Paula Arez	
Doença de Lyme no sul de Portugal: avaliação da relação entre hospedeiros domésticos (caninos e felinos) e vetor	64
Mónica Nunes; Carla Maia; Teresa Carreira; António Paulo Almeida; Lenea Campino; Maria Luísa Vieira	
Laboratory fast direct detection and characterization of multi and poly drug-resistant tuberculosis in Guinea-Bissau	66
Paulo Rabna; Jorge Ramos; Gema Ponce; Lilica Sanca; Morto Mané; Ana Armada; Diana Machado; Fina Vieira; Vitor F. Gomes; Elisabete Martins; Raffaella Colombatti; Fabio Riccardi; João Perdigão; Joana Sotero; Isabel Portugal; Isabel Couto; Jorge Atouguia; Amabélia Rodrigues; Miguel Viveiros	
Ixodídeos (Acari:Ixodida) em animais de produção no distrito de Portalegre: detecção molecular de agentes zoonóticos	67
Rita Velez; Ana Sofia Santos; Sandra Antunes; Joana Ferrolho; Daniel Bacellar; Ludovina Padre; Ana Domingos; Maria Margarida Santos Silva	
Abscesso hepático a Entamoeba histolytica.....	68
Sheila Coelho	
Diagnóstico ambiental, uma ferramenta para avaliar o grau de antropização em áreas de risco para doença de Chagas na Amazônia.....	69
Soraya Oliveira dos Santos; Elenild de Goes Costa; George Luiz Lins Machado Coelho; Luiz Carlos Batista; Erica Tatto; Mayira Sojo-Milano; Marco Takashi Obara; Joseane Padilha	
Doença de Chagas Aguda na Amazônia Brasileira: Populações vulneráveis no Estado do Pará	70
Soraya Oliveira dos Santos; George Luiz Lins Machado Coelho; Elenild Goes Costa; Edney Charles da Cruz Amador; Erica Tatto; Mayira Sojo-Milano; Joseane Padilha	

Doença de Chagas na Amazônia brasileira: inquérito sorológico e parasitológico em população de áreas de risco.....71

Soraya Oliveira dos Santos; George Luiz Lins Machado Coelho; Elenild Goes Costa; Maria Terezinha Bahia; Carlos Augusto de Oliveira Botelho; Erica Tatto; Marcos Tadashi Obara; Suelene Mamede de Oliveira; Mayira Sojo-Milano

Rhodnius pictipes: importância em áreas com transmissão de doença Chagas Agudo na Amazônia Brasileira72

Soraya Oliveira dos Santos; Marcos Takashi Obara; Elias Seixas Lorosa; Cleber Galvão; Elenild Goes Costa; George Luiz Lins Machado Coelho; Erica Tatto

Dirofilariose por Dirofilaria repens. Breve revisão a propósito de um caso clínico importado da Índia.....73

Teresa Maria Baptista-Fernandes; Manuel Rodrigues; Dulce Rodrigues; Lucília Monteiro; Paulo Paixão; Patrícia Pereira; Raquel Tavares; Paulo Rodrigues; Isabel Maurício; Silvana Belo; Cristina Toscano

Carga Viral Comunitária como indicador para monitoramento do risco de transmissão do HIV75

Vitor Laerte Pinto Junior; Artur Iuri Alves de Sousa

Fatores de risco para a morte por acidente escorpiónico no Brasil em casos notificados entre 2007 e 2012.....76

Vitor Laerte Pinto Junior; Guilherme Carneiro Reckziegel; Letícia Cavalari Pinheiro

1 - APRESENTAÇÕES LIVRES

Development of a pregnancy-specific serology test: a path towards a new tool to measure malaria transmission in the context of elimination

Ana Maria Fonseca¹; Eusebio Macete²; Raquel González³; Chenjerai Jairoce²; Jennifer Hegewisch⁴; Maria Rupérez³; Llorenç Quintó⁴; Pau Cisteró⁴; Anifa Vala²; Alfons Jiménez⁴; Arsenio Nhacolo²; Chetan Chitnis⁵; Esperanza Sevene²; Clara Menéndez³; Alfredo Mayor³

¹Barcelona Center for International Health Research (CRESIB), Barcelona, Spain; Graduate Program in Areas of Basic and Applied Biology, Universidade do Porto, Porto, Portugal; ²Manhiça Health Research Center, Manhiça, Mozambique; ³Barcelona Center for International Health Research (CRESIB), Barcelona, Spain; Manhiça Health Research Center, Manhiça, Mozambique; ⁴Barcelona Center for International Health Research (CRESIB), Barcelona, Spain; ⁵International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology, New Delhi, India

The current focus on malaria elimination requires new metrics for malaria transmission intensity. *P. falciparum* infection during pregnancy is associated with a strong antibody response against the erythrocyte membrane protein VAR2CSA (pregnancy-specific antigen that binds to Chondroitin Sulphate A in the placenta), suggesting that detection of these antibodies in pregnant women at antenatal clinics could constitute an easy-to-implement approach for surveillance of malaria. Our aim was to select VAR2CSA-based antigens against which an antibody response is rapidly generated and detectable during one pregnancy. To achieve this, we developed a quantitative suspension array technology including 46 peptides covering both conserved and semi-conserved regions of VAR2CSA, 3 recombinant proteins (DBL3x, DBL5ε, DBL6ε) and non-pregnancy specific antigens. Levels of IgGs against this set of antigens was tested in plasma samples from pregnant women from Manhiça, Mozambique, as well as, plasmas from non-exposed population to select antigens with the highest potential for a serological-based test. Moreover, dynamics of antibody responses during pregnancy were also assessed to understand the relationship between recent malaria exposure and kinetics of antibody responses. We first excluded those antigens that were a) poorly recognized by plasmas from pregnant women with high antibody levels against a VAR2-CSA expressing parasite line (CS2) (n=106); b) recognized by men from Mozambique (n=102) and Spanish individuals (n=100) and c) not related with antibody acquisition in women infected with *P. falciparum* during pregnancy (n=252, longitudinal cohort with 3 time-points per women). Among the 25 antigens selected (22 peptides and 3 recombinant proteins), antibodies against 17 peptides, DBL3x and DBL5ε mirrored trends in malaria prevalence in pregnant women during 2003-2012 (n=654). Finally, 9 out of the 17 peptides, DBL3x and DBL5ε were selected based on high boosting of antibody by infection, low time to double the levels when infection occur (rapid generation of antibodies) and short half-life (detectable during one pregnancy). Future work will be done to explore the value of VAR2CSA serology to detect recent changes in *P. falciparum* exposure among pregnant women receiving intermittent preventive treatment with different antimalarials. This pregnancy-specific serological test could be placed into action to provide information for malaria surveillance in elimination campaigns.

Improving Molecular Diagnosis of Leishmaniasis: real-time PCR based on a new identified gene for the detection of Leishmania DNA from hair samples

Andrés Vacas-Oleas¹; Conor Sugden¹; Celia Fernández-Rubio¹; Miriam Algarabel-Olona¹; Paul Nguewa¹

¹Instituto de Salud Tropical Universidad de Navarra (ISTUN)/Department of Microbiology and Parasitology/IdiSNA, Navarra Institute for Health Research. Pamplona, Spain.

Leishmaniasis is a neglected parasitic disease caused by protozoans of the genus *Leishmania*. According to the World Health Organization (WHO), 350 million people are at risk of infection as no commercial vaccines are available for preventing this disease. The WHO emphasizes the urgent need for developing new drug treatments, vaccines and more specific and sensitive diagnostic methods. The symptoms of leishmaniasis vary and may be confused with other etiologic agents. Therefore, the clinical diagnosis must always be confirmed. Sample collection for diagnosis is often invasive and isolates are difficult to grow in vitro. Recently, hair has been reported to be a non-invasive and suitable sample for the diagnosis of leishmaniasis.

We tested a real-time PCR based method for the diagnosis and identification of *Leishmania* parasites. We use a new single copy gene recently identified in all the trypanosomatid species and absent in both, the host and vector species. Our preliminary results showed the specificity of our primers that only identified the targeting gene in the DNA purified from hair samples of *Leishmania* spp. experimentally infected mice. Moreover, such detection was negative in *Trypanosoma* spp. infected specimens. Further data demonstrate the high sensitivity of our assays.

Estudo piloto de auto-disseminação de piriproxifeno no Paúl do Mar, ilha da Madeira

Bianca Pires¹; Gonçalo Seixas¹; Gonçalo Alves¹; Margarida Clairouin²; Bela Viveiros²; Luís Antunes³; Ana Clara Silva²; Gregor Devine⁴; Richard Paul⁵; Carla A. Sousa¹

¹GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ²Departamento de Saúde, Planeamento e Administração Geral, Instituto da Administração da Saúde e Assuntos Sociais, Funchal, Região Autónoma da Madeira, Portugal; ³DROTA – Direção de Serviços de Informação Geográfica e Cadastro, Direção Regional de Ordenamento do Território e Ambiente, Funchal, Região Autónoma da Madeira, Portugal; ⁴Mosquito Control Laboratory, QIMR Berghofer Medical Research Institute, Brisbane, Queensland 4006, Australia; ⁵Institut Pasteur, Unité de Génétique Fonctionnelle des Maladies Infectieuses, Paris, France

O piriproxifeno (PPF), químico que mimetiza a hormona juvenil de insetos, é um composto promissor para o controlo de *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1764) na Madeira. Este interfere no desenvolvimento de mosquitos inibindo a emergência de adultos. Tem ainda a particularidade de atuar em quantidades muito pequenas pelo que a sua dispersão entre criadouros tratados e não tratados pode ser efectuada por fêmeas durante as posturas. Para além deste aspecto, foi comprovado que fêmeas expostas a este composto tornam-se estéreis.

Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a eficácia da auto-disseminação de PPF e o seu impacto na população *Ae. aegypti* do Paúl do Mar, concelho da Calheta, Madeira.

O estudo foi dividido em pré- e pós-tratamento. No primeiro foi determinada a abundância da população adulta, através de armadilhas BG-sentinel[®] e o tempo de desenvolvimento em 39 criadouros sentinela de larvas em 3º estado até adulto. No segundo foi realizada a auto-disseminação de PPF com sete estações de disseminação constituídas por armadilhas BG-sentinel[®]. Para avaliar o efeito da disseminação foram colocados ao longo da área de estudo 40 criadouros sentinela com larvas do 3º estado de *Ae. aegypti*.

Os resultados sugerem que ocorreu auto-disseminação de PPF, dado que houve diferenças estatisticamente significativas na emergência de adultos nos criadouros sentinela entre o pré e o pós-tratamento ($P < 0.0001$). A avaliação da abundância de *Ae. aegypti* após a auto-disseminação de PPF revelou que houve diferenças significativas no total de espécimes adultos capturados, ($P < 0,05$) mas não no total de fêmeas colhidas ($P > 0.05$). no entanto, o número de ovos depositados nas ovitraps no Paúl do Mar decresceu abruptamente após o período de disseminação de piriproxifeno o que não se verificou nos dados de 2013. Assim, os resultados obtidos demonstram que a auto-disseminação de PPF pode ser uma estratégia de controlo de *Ae. aegypti* eficaz na Madeira.

Agradecimentos

Este trabalho foi financiado por: FCT - Fundação para a Ciência e Tecnologia através dos projetos: Ref PTDC/SAU-EPI/115853/2009) e Ref PTDC/CTM-NAN/119979/2010 e FP7-“DENFREE” (Ref 282378); G. Seixas foi financiado por MCTES (SFRH/BD/98873/2013).

Estruturação intraespecífica em *Anopheles gambiae* e os impactos epidemiológicos na Guiné-Bissau

Bruno Gomes¹; Chris S. Clarkson²; Beniamino Caputo³; José L. Vicente¹; Marco Pombi³; Carla A. Sousa¹; João Dinis⁴; Amábélia Rodrigues⁴; David Weetman²; Alessandra della Torre³; João Pinto¹

¹Global Health & Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal; ²Department of Vector Biology, Liverpool School of Tropical Medicine, United Kingdom; ³Istituto Pasteur-Fondazione Cenci-Bolognetti, Dipartimento di Sanità Pubblica e Malattie Infettive, Università di Roma “La Sapienza”, Italy; ⁴Instituto Nacional de Saúde Pública, Ministério da Saúde Pública, Guiné-Bissau

Anopheles gambiae e *Anopheles coluzzii* estão entre os vetores de malária mais eficientes em África. O isolamento reprodutivo entre estas espécies parece estar comprometido na Guiné-Bissau (GB), onde ocorrem elevadas taxas de hibridação^{1,2}. Este cenário apresenta uma oportunidade única para estudar o processo de especiação recente entre as duas espécies e determinar o impacto do fluxo génico interespecífico na evolução da resistência aos inseticidas.

Um total de 687 fêmeas colhidas em oito localidades da GB em 2010 foram genotipadas para 19 microssatélites^{3,4}. As frequências genotípicas foram utilizadas em análises de estrutura populacional baseadas em modelos de inferência Bayesiana, com e sem informação espacial. Os mosquitos foram ainda genotipados para os marcadores *kdr6* e *ace-17* associados à resistência a inseticidas piretróides/organoclorados e carbamatos/organofosfatos, respetivamente.

Foi identificado um cluster genético correspondente a *A. coluzzii*, que predominou na região central da GB. *Anopheles gambiae* apresentou dois clusters genéticos distintos: um na região litoral do país, caracterizado por elevados níveis de introgressão genética com *A. coluzzii* e ausência de mutações associadas à resistência aos inseticidas; outro na região interior, caracterizado por um background genético mais puro, com elevada frequência da mutação *kdr L1014F* e presença da mutação *ace-1 G119S*, ambas associadas à resistência a inseticidas.

Este estudo demonstra a existência de fluxo génico entre *A. coluzzii* e *A. gambiae* na região litoral da GB mas aponta também para restrições ao fluxo genético entre populações de *A. gambiae* do litoral e do interior do país. Estas restrições parecem limitar a dispersão de genes de resistência aos inseticidas nesta espécie.

Oliveira, E. et al. *J. Med. Entomol.* 45,1057–63 (2009). Torre, A. della et al. *Insect Mol. Biol.* 10,9–18 (2001). Zheng, L. et al. *Genetics* 143,941–52 (1996). Stump, A. D. et al. *Genetics* 169,1509–19 (2005). Santolamazza, F. et al. *Malar. J.* 7,74 (2008). Ranson, H. et al. *Insect Mol. Biol.* 9,491–7 (2000). Weill, M. et al. *Insect Mol. Biol.* 13,1–7 (2004).

A vigilância da doença de Chagas é possível na Amazônia brasileira: a experiência do Estado do Pará

Elenild de Góes Costa¹; Soraya O.Santos²; Mayira S. Milano³; Dilma S. M.Souza⁴; Erica Tatto⁵; Marcos Takashi Obara⁶; Suelene Mamede de Oliveira⁷; Simone Monzani Vivaldini⁸; Francisco de A. Costa⁹; Rui M. S. Póvoa¹⁰

¹Universidade Federal de São Paulo e Secretaria de Saúde Pública do Pará, Brasil; ²Ministério da Saúde, Brasília, Distrito Federal, Brasil; ³Ministério da Saúde, Maracay, Aragua, Venezuela; ⁴Faculdade de Medicina - Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil; ⁵Pesquisadora Independente – Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil; ⁶Faculdade de Ceilândia-Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil; ⁷Serviço de Normas, Procedimentos e garantia de Qualidade, Empresa Brasileira de Hemoderivados e Biotecnologia, Recife, Pernambuco, Brasil; ⁸Departamento de DST/AIDS e Hepatites Virais/Ministério da Saúde, Brasília, Distrito Federal, Brasil; ⁹Universidade Estadual de Ciências da Saúde, Maceió, Alagoas, Brasil; ¹⁰Disciplina de Cardiologia-Escola Paulista de Medicina-Universidade Federal de São Paulo, São Paulo-Brasil

INTRODUÇÃO:

Em 2006, começou no Pará a vigilância da doença de Chagas na Amazônia com a criação do Programa de Controle. As publicações científicas conhecidas sinalizavam para uma crescente de casos e surtos da doença na região, especialmente no Pará, pela relação com o consumo de alimentos contaminados, notadamente o açaí (*Euterpe oleracea*). **OBJETIVO:** Narrar a história da vigilância da doença de Chagas na Amazônia a partir da experiência do Pará. **METODOLOGIA:** Com o programa implantado, em 2007 foi elaborado um Plano de trabalho pelo estado e ministério da saúde, com linhas orientadoras que embasaram a vigilância, a saber, vigilância sanitária, entomológica, laboratorial, educação, mobilização social, pesquisa de reservatórios animais (silvestres e domésticos), média e alta complexidade, atenção básica e gestão. Este Plano selecionou 94 municípios (79,7% da população) como áreas prioritárias para a transmissão da doença de Chagas. **RESULTADOS:** De 2006 a 2012, 977 casos agudos foram confirmados, fruto do investimento em investigações epidemiológicas, capacitações, aulas, palestras, seminários, inclusive com a realização do Seminário Internacional de doença de Chagas (2009), reuniões científicas, protocolos de campo com participação de distintas instituições científicas em áreas de risco de transmissão, produção de material didático (folders, cartazes, manuais para agentes comunitários de saúde, agentes de controle de endemias e para profissionais de nível superior), além da co-autoria do “Guia para vigilância, prevenção, controle e manejo clínico da doença de Chagas aguda transmitida por alimentos” da OPAS/2009. **CONCLUSÃO:** Os pontos fortes na história da vigilância partiram da visão integradora que uniu num mesmo esforço, as três esferas governamentais (municípios, estado e federação) somadas a diferentes instituições de saúde, educação e agricultura, entre outras, que culminaram na maior sensibilidade para uma velha doença, mas de formas novas de transmissão na Amazônia. Assim aprendemos que para a vigilância na Amazônia funcionar a palavra-chave é Integração e hoje podemos afirmar que a doença de Chagas não é mais uma ilustre desconhecida na região. Infelizmente ela faz parte da vida das populações amazônicas, mas pode ser controlada e mesmo nas situações mais graves como cardiopatias estabelecidas, a qualidade de vida dos pacientes pode ser melhorada.

Babesiosis in Europe: a neglected disease

Elisa Fernández Álvarez

Degree in Biology (health field) – University of Vigo. University Master of Parasitic Tropical Diseases – University of Valencia.

Babesia spp. (Piroplasmida : Babesiidae), first described in cattle by Babes (1888), is the etiological agent of the zoonotic illness called babesiosis or piroplasmosis. It is an intraerythrocytic protozoan parasite transmitted by ticks of the genus: *Ixodes*, *Dermacentor*, *Rhipicephalus* (*Boophilus*), *Haemaphysalis* and *Hyalomma*, that not only affects domestic and wild animals, it also affects humans, and among them not only the immunocompromised, like it was thought until now. Although babesiosis is usually asymptomatic in immunocompetent people, it can manifest clinically with flu-like symptoms (fever, headache, myalgia, shaking chills, fatigue, nausea, vomiting, diarrhoea, lumbar and abdominal pain, jaundice ...). In the case of immunocompromised patients, and also sometimes in immunocompetents, the symptoms will be more severe (haemoglobinuria, high fevers of 40°C, intense sweats and shaking chills, haemolytic anaemia, icterus ...), and may even lead to death due to systemic organ failures (cerebral, respiratory, cardiac, renal and hepatic). The major pathogenicity of this agent is due to the destruction of the erythrocytes, whose consequences are: anoxia and relative toxicity of toxic waste products (haemoglobin), as well as the erythrocytes aggregation in cerebral capillaries, causing hyperaesthesia, convulsions and cerebral paralysis. Several studies done in recent years have shown high prevalence of *Babesia* species throughout all Europe, revealing that the babesiosis is probably underestimated due to different factors: scarce studies and information about the parasite, precarious training of health professionals, or nonspecific signs and symptoms of the disease. Because of its probable underestimation and the large economic, veterinary and medical impact of babesiosis, the aim of the present study has been to review the human cases reported in Europe to date, and at the same time underline the need for further studies about this parasitosis in Europe, in order to expand and improve its knowledge, and thus obtain more accurate data on prevalence. Furthermore, a greater knowledge would be necessary to carry out a better control, prevention and treatment of this parasitosis, being able to develop new more effective drugs.

Caracterização bioquímica de metaloproteases de tripanossomatídeos (*Leishmania* spp., *Trypanosoma cruzi* e *Trypanosoma brucei brucei*)

Joana Monteiro¹; Gabriela Santos-Gomes²; Aline Rimoldi Ribeiro³; João Aristeu da Rosa⁴; Marcelo Sousa Silva¹

¹UEI Clínica Tropical, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa; ²UEI Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa; ³Universidade Estadual de Campinas; ⁴Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho

Leishmania spp., *Trypanosoma cruzi* e *Trypanosoma brucei* são agentes etiológicos da Leishmaniose, Doença de Chagas e Doença do sono, respetivamente. Estas doenças fazem parte das 17 doenças tropicais negligenciadas (DTN) reconhecidas pela Organização Mundial de Saúde. Não obstante os esforços de controlar/erradicar estas doenças, as DTN são endémicas em 149 países. Face a esta realidade afigurou-se pertinente caracterizar bioquimicamente as metaloproteases, enzimas comuns a tripanossomatídeos. Foi analisado o perfil enzimático, por zimografia, de extratos de formas promastigotas de *L. amazonensis*, *L. guyanensis*, *L. infantum* e *L. shawi*, de formas epimastigotas e tripomastigotas das estirpes Y, Bolívia, e QMM5 de *T. cruzi* e de tripomastigotas sanguíneos de *T. b. brucei*. As concentrações mínimas inibitórias de metaloproteases foram estimadas na presença da 1,10-fenantrolina, um inibidor de metaloproteases. Para avaliar a atividade metaloproteolítica de cada extrato foi otimizada uma metodologia que permite quantificar o nível de expressão enzimática na presença e na ausência da 1,10-fenantrolina. Em *Leishmania* spp. foi observada a expressão de uma enzima com massa molecular entre os 50 e 80 kDa, possivelmente a glicoproteína de 63 kDa (gp63). Em extratos de *T. cruzi* e *T. b. brucei* foi detetada, respetivamente, a expressão de enzimas de aproximadamente 40 e 20 kDa. O decréscimo da atividade enzimática total dos extratos de *Leishmania* spp. e formas epimastigotas de *T. cruzi*, na presença de concentrações crescentes de 1,10-fenantrolina, confirmou a natureza metaloproteica das enzimas. A implementação de uma nova técnica de estudo da inibição da atividade enzimática, extensível a outros campos de interesse, permitiu, pela primeira vez, constatar a existência de um padrão de atividade metaloproteolítica que varia em função da estirpe de *T. cruzi* e por conseguinte também das unidades discretas de tipagem que cada uma integra. O perfil de atividade da metaloprotease de *L. shawi* mostrou-se distinto do evidenciado pelas restantes espécies. Das metaloproteases estudadas, a de *T. b. brucei* apresentou a menor velocidade de reação. Dada a importância das funções biológicas destas enzimas, o conhecimento do perfil de expressão nos diferentes tripanossomatídeos pode constituir uma oportunidade para a identificação de novos alvos terapêuticos e, conseqüentemente, para o desenvolvimento de novas estratégias profiláticas e terapêuticas.

EVOLUÇÃO PARA CARDIOPATIA CHAGÁSICA CRÔNICA APÓS TRATAMENTO DE DOENÇA DE CHAGAS AGUDA POR TRANSMISSÃO ORAL: RELATO DE CASO

João Marcos Barbosa-Ferreira¹; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra²; Maurício Borborema³; Tomas Maria Porcuna³; Bruna Valessa Moutinho⁴; Thayana Braga Marques⁵; Lígia Heinrichs Freitas⁶

¹Hospital Universitario Francisca Mendes, Manaus, Amazonas, Brasil; ²Universidade do Estado do Amazonas, Fundação de Medicina Tropical Heitor Vieira Dourado; ³Fundação de Medicina Tropical Heitor Vieira Dourado; ⁴Hospital Universitário Francisca Mendes; ⁵Fundação de Medicina Tropical Heitor Vieira Dourado, Universidade Federal do Amazonas; ⁶Fundação de medicina Tropical Heitor Vieira Dourado, Universidade Federal do Amazonas

INTRODUÇÃO: A doença de Chagas aguda (DCA) tem aumentado sua incidência nos últimos anos, principalmente na região amazônica, devido a surtos de transmissão oral associados a sucos como o de açaí. Pouco se conhece, sobre a evolução a longo prazo destes pacientes após o tratamento da fase aguda, principalmente no que diz respeito a evolução para cardiopatia chagásica crônica (CCC).

RELATO DO CASO: JANF, sexo masculino, procedente da área rural de Manaus, Amazonas, 15 anos de idade em 2007, quando apresentou quadro de DCA relacionado a transmissão oral por ingestão de suco de açaí. Na época evoluiu com palpitações, dor torácica e dispneia aos médios esforços. O eletrocardiograma apresentava extrassístolia ventricular frequente e o ecocardiograma, disfunção ventricular esquerda de grau discreto com fração de ejeção de 50%. Foi tratado para insuficiência cardíaca com captopril, carvedilol e furosemida e para doença de Chagas com benzonidazol por dois meses. Após o tratamento, o paciente se tornou assintomático e os exames cardiológicos foram normais. Houve também negatificação da sorologia e exames parasitológicos de doença de Chagas. Após cinco anos assintomático, evoluiu com queixas de palpitações taquicárdicas. O eletrocardiograma apresentava extrassístolia ventricular isolada e o ecocardiograma foi normal. No holter 24 horas, apresentou extrassístolia ventricular monomórfica frequente (1175 extrassístoles por hora), episódios de bigeminismo ventricular e episódios frequentes de taquicardia ventricular não sustentados. Foi instituído tratamento antiarrítmico com amiodarona (200 mg/dia), com melhora dos sintomas e normalização dos parâmetros do Holter. Os exames de doença de Chagas tais como: sorologia e exames parasitológicos foram negativos.

CONCLUSÃO: Apesar da descrição de bons resultados com o tratamento da fase aguda, este paciente, mesmo com a negatificação dos exames específicos para a doença de Chagas, apresentou alterações compatíveis com a forma arritmogênica da CCC. Estas alterações sugerem a possibilidade de sequelas tais como: alterações permanentes do Sistema Nervoso Autônomo ou presença de fibrose miocárdica residual. Portanto, são necessários mais estudos a respeito da evolução a longo prazo dos pacientes tratados para DCA.

Leishmaniose Mucosa na Região Amazônica, aspectos clínicos e estigma social

Jorge Augusto de Oliveira Guerra¹; Satiko Andrezza Takano Peixoto²; Suzane Ribeiro Prestes³; Henrique Manoel Silveira⁴; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra³; Alda Maria da Cruz⁵

¹Fundação de Medicina Tropical Heitor Vieira Dourado; ²Universidade Federal do Amazonas; ³Universidade do Estado do Amazonas; ⁴Universidade de Nova Lisboa; ⁵Fundação Oswaldo Cruz RJ

Introdução: A Leishmaniose Mucosa é um importante problema de saúde pública na região Amazônica, e a dificuldade de acesso aos serviços especializados devido as distâncias trazem aos pacientes sequelas e um grande estigma social.

Metodologia: Estudo prospectivo, de janeiro de 2009 a dezembro de 2013, avaliando os dados de pacientes com diagnóstico de Leishmaniose Mucosa (LM) atendidos na FMTAM com história clínica e exame físico sugestivos da doença e exame complementar positivo, e submetidos a tratamento para LM, à rinoscopia, considerou-se casos severos pacientes com lesões extra nasais e ou com destruição nasal e/ou perfuração; moderados, com úlcera e leves aqueles com infiltrado.

Resultados: Foram atendidos 76 pacientes; predominância sexo masculino com 62 (81,6%). A média de idade: 52,5 anos (14 a 92), maior frequência entre os 51 e 70 anos com 19 (25%). 52 (82,5%) com história de Lesão cutânea anterior, (desses 36 (69,2%) fizeram tratamento considerados irregulares). 27 (40,8%) apresentavam perfuração nasal/oral, 18 (23,7%) tinham úlcera e 31 (40,8%) possuíam infiltrado. O tempo médio de LM a LC foi de 20,3 anos em 48 doentes, 4 pacientes apresentavam formas concomitantes; o tempo médio de LM foi de 7,6 anos, desde formas concomitantes em 4 casos a 52 anos. As atividades associadas à ocorrência da LTA: agricultores 27 (35,5%), castanheiros 17 (22,4%), e seringueiros 12 (15,8%). A PCR em 41 doentes mostrou: 9 (11,8%) *L. (V.) braziliensis*, 8 (10,5%) *L. (V.) guyanensis* e 15 (19,7%) apenas em nível de gênero, 9 (11,8%) foram negativos. As formas clínicas foram: Nasal 62 (81,6%), oral nasal 10 (13,2%) e oral 2 (3,8%). As queixas mais frequentes foram: eliminação de crostas 66 (86,1%), epistaxe 53 (69,7%), obstrução nasal 35 (46,1%), rinorréia 34 (44,7%). À Rinoscopia observou-se: úlcera 31 (40,8%), perfuração 27 (35,5%), e infiltrado em 18 (23,7%). Intradermo Reação de Montenegro positiva em 50 (89,3%) dos 56 realizados; a histopatologia foi compatível ou positiva para LM em 36 (54,5%) dos 66 em realizados. No desfecho final do tratamento, 58 (76,3%) pacientes foram considerados clinicamente curados, 15 (19,7%) foram perda de seguimento, 2 (2,6%) transferidos e 1 (1,3%) óbito.

Discussão/conclusões: O dados demonstram a importância e o impacto da doença na região Amazonica e ainda o papel de *Leishmania (Viania) Guyanensis* na etiologia dos casos.

Improving Molecular Diagnosis of Leishmaniasis: real-time PCR based on a new identified gene for the detection of *Leishmania* DNA from hair samples

BIG DATA IN HEALTH: uma contribuição da bibliometria para identificação da informação essencial para a doença tropical malária

Jorge Magalhães¹; Zulmira Hartz²; Adelaide Maria de Souza Antunes³

¹FIOCRUZ - Fundação Oswaldo Cruz/Farmanguinhos; ²IHMT - Universidade NOVA de Lisboa; ³INPI - Instituto Nacional de Propriedade Intelectual. Escola de Química da UFRJ - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Brasil

Introdução: O século 21 é marcado pela velocidade em geração de informações sem precedente e inédita na história da humanidade. Os dados criados são praticamente instantâneos. A capacidade per-capita tecnológica do mundo para armazenar informações praticamente dobrou a cada 40 meses desde a década de 1980. A partir de 2012, todos os dias 2,5 quintilhões (2,5 × 10¹⁸) bytes de dados são criados. Esse fenômeno crescente de dados é denominado Big Data.

É de se notar que a ciência intensiva em dados e informação não é nova, mas deve-se considerar novas correlações em um contexto globalizado. Exige, portanto, novas ferramentas de extração, análise e tratamento informacional. As doenças negligenciadas (DN) constituem um grupo de doenças tropicais endêmicas.

Este trabalho objetiva verificar a percepção do valor da informação através da identificação, filtragem e análise de dados contidos no Big Data em saúde para malária.

A Inteligência Competitiva e o Big data em saúde

O capital intelectual tem desempenhado um papel importante na economia e nos negócios, por conseguinte, para o desenvolvimento económico e o da tecnologia. Big Data na saúde - PubMed há 65 milhões de trabalhos científicos desde 1953. Observa-se a Malária pesquisada em 40 anos que ela dobra a cada 20 anos. Nesta década cresceu 122%. No SciFinder® há 208.634 documentose 48% específicos.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Big Data se instaurou com novo milênio e sinaliza avanços exponenciais a cada ano com novas abordagens de análise para ciência. na busca por inovação. A saúde é uma questão prioritária e a inteligência de pesquisa para tratar a informação essencial é crucial para o avanço da ciência.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] G. L. Jamil, A. Malheiro, e F. Ribeiro, Orgs., Rethinking the Conceptual Base for New Practical Applications in Information Value and Quality:. IGI Global, 2013.
- [2] C. Lynch, "Big data: How do your data grow?", Nature, vol. 455, no 7209, p. 28–29, set. 2008.
- [3] S. Lawrence e C. L. Giles, "Accessibility of information on the Web", Intelligence, vol. 11, no 1, p. 32–39, abr. 2000.
- [4] McKinsey Global Institute, "Big Data: The Management Revolution - Harvard Business Review", 2011.
- [5] M. E. Porter, Competitive Strategy: Techniques for Analyzing Industries and Competitors. Simon and Schuster, 2008.

Estimativa da Infecção pelo *Trypanosoma cruzi* e da vulnerabilidade de uma população da área rural e periurbana da cidade de Manaus-Amazonas, a doença de Chagas na Amazônia Brasileira

Laise Kelma Costa Magalhães¹; Jorge Augusto de Oliveira Guerra²; João Marcos Barbosa Bemfica Ferreira¹; Laylah Kelre Costa Magalhães¹; Rosa Amelia Gonçalves Santana¹; Suzane Ribeiro Prestes¹; Leila Inês Aguiar Camara Coelho³; Nelson Ferreira Fé²; Danny Andrey Belém Gama³; Cíntia Araújo Pereira³; Henrique Silveira⁴; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra⁵

¹Universidade do Estado do Amazonas; ²Fundação de Medicina Tropical Dr. Heitor Vieira Dourado; ³Universidade Federal do Amazonas; ⁴Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ⁵Universidade do Estado do Amazonas e Fundação de Medicina Tropical Dr. Heitor Vieira Dourado

Nos últimos anos, programas de controle vetorial e triagem de doadores de sangue reduziram a prevalência e incidência da Doença de Chagas (DC), importante problema de saúde pública que acomete cerca de 10 milhões de Pessoas na América Latina. Entretanto, na Amazônia Brasileira (AB) as baixas taxas de prevalência e de morbimortalidade, juntamente com a ideia de que a transmissão do *Trypanosoma cruzi* para os seres humanos requer vetores domésticos, gerou, por muito tempo, um consenso de que a doença não representava um problema de saúde pública na região. O crescente número de casos agudos e crônicos de DC registrados nos últimos anos, reafirmaram a existência de uma enzootia com particularidades sub-regionais em toda a Amazônia, com ampla dispersão de vetores silvestres e do agente etiológico. Este estudo teve como objetivo realizar um inquérito sorológico e descrever a vulnerabilidade e exposição de uma população da área rural e periurbana da cidade de Manaus-Amazonas, à infecção pelo *T. cruzi*. Foram realizadas coletas de sangue e testes sorológicos para a detecção da infecção; aplicou-se um questionário com perguntas fechadas sobre dados socioeconômicos e demográficos. Todos os participantes, residiam próximo à floresta. Foram visitadas 1.085 residências e incluídos 1.845 participantes; 712 (39%) nunca ouviram falar sobre a DC; 961 (53%) não conheciam os barbeiros, 1.286 (71%) referiam ser comum a presença de gambás próximo a suas casas; 296 (16%) tinham o hábito de caçar; 1.384 (75%) consumiam carne de caça; 281 (15%) faziam pernoite na mata, 1.684 (91%) consumiam frutos de palmeira. Foram diagnosticados 45 (2,4%) casos reativos para a infecção chagásica; 35/45 (77%) pacientes realizaram o seguimento clínico; 26/35 (74%) eram naturais do Amazonas; faixa etária prevalente entre 41 a 60 anos com predomínio do sexo masculino em 19 (54%); 5/35 (5,7%) apresentaram alterações cardíacas. Embora no Amazonas observe-se menor morbidade que nas áreas endêmicas clássicas, é importante a detecção precoce de casos, uma vez que a doença progride na maioria das vezes com uma fase assintomática, que posteriormente pode evoluir para formas crônicas com patologias cardíacas e digestivas. Dessa forma, os serviços de saúde, particularmente os públicos, devem adotar uma conduta vigilante, onde o papel dos inquéritos é de fundamental importância ao controle dessa doença considerada emergente na Amazônia Brasileira.

Avaliação da atividade antimalárica in vitro e in vivo de endoperóxidos

Lis Lobo¹; Lília Cabral²; Sebastião Rodrigues³; Lurdes Cristiano²; Valter Andrade⁴; Fatima Nogueira¹

¹Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa; ²Centro de Ciências do Mar, Departamento de Química e Farmácia, Universidade do Algarve; ³Centro de Investigação em Genética Molecular Humana, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Nova de Lisboa; ⁴Laboratório de Biologia da Malária e Toxoplasmose, Universidade Federal do Rio Grande do Norte

Introdução

A Organização Mundial da Saúde (OMS) recomenda as terapias combinadas com derivados de artemisinina (ACT) para o tratamento da malária não complicada por *Plasmodium falciparum*. Porém, a recente confirmação de casos de falência terapêutica à artemisinina (Dondorp et al., 2010) e a ausência de opções terapêuticas disponíveis, impõem o desenvolvimento de novos fármacos.

Assim foi preparada uma biblioteca de endoperóxidos sintéticos e avaliada quanto à atividade antimalárica in vitro, in vivo e citotoxicidade.

Objetivos

Avaliar a atividade antimalárica da biblioteca de novos endoperóxidos: (i) in vitro, em estirpes de *P. falciparum* sensíveis e resistentes aos derivados da artemisinina, (ii) in vivo em modelo murino e (iii) avaliar a sua citotoxicidade em linhas celulares de mamíferos.

Métodos

O screening de atividade antimalárica in vitro dos 21 compostos foi efectuado nas estirpes de *P. falciparum* 3D7, Dd2, IPC5202 e IPC4912 (com diferentes graus de susceptibilidade aos derivados da artemisinina), usando o método de SYBR Green I. A citotoxicidade foi avaliada em células de mamíferos V79 e HepG2, usando MTT e a avaliação in vivo em *P. berghei*.

Resultados

Os IC50s dos 5 compostos com maiores índices de seletividade (SI) variam entre 2,1 - 26,6 nM em 3D7 e Dd2 (respectivamente sensível e resistente à cloroquina e mefloquina) e entre 0,3 - 25,0 nM nas estirpes IPC5202 e IPC4912 (resistentes aos derivados artemisinina). Destes 5 compostos, 3 mantiveram parasitemia em 0% ao décimo dia (D10) em ratinhos infectados com *P. berghei*.

Conclusões

5 dos endoperóxidos testados apresentam elevada atividade antimalárica e muito baixa citotoxicidade, e 3 deles elevada eficácia in vivo. A variabilidade estrutural da biblioteca de compostos considerada permite extrair informações relevantes para posterior otimização.

Referências: World Health Organization (2013) World Malaria Report. Geneva: WHO. Dondorp, A.M., Yeung, S., White, L., Nguon, C., Day, N.P., Socheat, D. e von Seidlein, L. (2010) Artemisinin resistance: current status and scenarios for containment. *Nat. Rev. Microbiol.* 8: 272-280.

Vetores de *Dirofilaria immitis* em Portugal: bioecologia e implicações na transmissão e controlo

M. Teresa Novo¹; Cátia Ferreira¹; Verónica Mixão¹; Manuela Calado¹; Silvana Belo¹; António Paulo Almeida¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Casos de dirofilariose canina, felina e humana estão, na atualidade, em expansão na Europa.

Em Portugal, estudos prévios indicaram que a espécie de mosquito *Culex theileri* seria provável vetor de dirofilariose por *Dirofilaria immitis* no continente e confirmado vetor na ilha da Madeira. Por outro lado, na sequência de um subsequente estudo culicidológico, observaram-se indícios de possível envolvimento de outras espécies de mosquito na transmissão desta e/ou de outras filárias.

No âmbito de projeto recente sobre dirofilariose desenvolvido em cães e/ou nas suas imediações, em três distritos de conhecida endemicidade da doença em cães – Coimbra, Santarém e Setúbal - foi possível identificar *Anopheles maculipennis*, *Aedes caspius*, *Aedes detritus* e *Culex theileri* como vetores potenciais de *D. immitis*. *Culex pipiens* s.s. foi encontrada infetada mas nunca infetante.

Estes resultados não estão de acordo com outros obtidos a nível europeu, que consideram *Cx. pipiens* o principal vetor de dirofilariose e *Ae. caspius* refratário à infeção.

Considerando que as espécies encontradas infetadas e/ou infetantes representam a maioria da população de mosquitos em Portugal Continental, o conhecimento do seu comportamento alimentar e de repouso é fundamental para delinear estratégias no sentido de evitar a transmissão da doença e controlar as respetivas populações vetoriais.

A monitorização das populações de mosquitos, preferencialmente em âmbito geograficamente mais alargado, é fundamental para identificar e/ou confirmar os vetores potenciais de *D. immitis*, e de outras filárias que estas possam estar a transmitir, para que se determinem medidas de controlo adequadas.

Financiamento: PTDC/SAU-SAP/113523/2009 e UPMM-PEst-OE/SAU/UI0074/2011-014.

PERFIL CLÍNICO DA MALÁRIA GRAVE NUMA UCI EM LUANDA

Maria Lina Antunes¹; Jorge Seixas¹; Marcelo Sousa e Silva¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Introdução: A malária grave associada a infecção por *P. falciparum* permanece a principal causa notificada de morbidade e mortalidade em Angola. O presente estudo visa caracterizar as apresentações graves de malária observadas num serviço de referência em Luanda.

Materiais e Métodos: Efectuou-se um estudo prospectivo, observacional em doentes internados no Serviço de Cuidados Intensivos de adultos do Hospital Américo Boavida em Luanda entre 2011 e 2013 (2 anos). Os critérios de inclusão foram: a) doentes com 10 anos de idade ou mais b) diagnóstico de malária confirmado (gota espessa e/ou teste rápido para *P. falciparum* c) sintomas e sinais de gravidade utilizando os critérios da OMS d) duas ou mais disfunções de órgãos monitorizadas pelo SOFA score (Sequential Organ Failure Assessment). Foram caracterizados sexo, idade, existência de co-morbilidade e densidade parasitária. A pontuação do SOFA score considerada foi a pior obtida nos 3 primeiros dias de internamento. Todos os doentes receberam quinino e clindamicina e beneficiaram de suporte de vida com técnicas invasivas de acordo com a gravidade das disfunções.

Resultados: 101 doentes foram incluídos no estudo, maioritariamente do sexo masculino (59,4%), com idade média de 21 anos (DP \pm 10,72 anos). 72,2% dos doentes não tinha co-morbilidade e 87% era autóctone e residente. As disfunções de órgãos mais frequentes foram a hematológica (anemia e trombocitopenia) e a cerebral (agitação psicomotora e coma). 25% dos doentes apresentava disfunção de 4 órgãos. A mortalidade global foi de 16,8%, inferior à estimada pelo SOFA score, e ocorreu nos 3 primeiros dias.

A comparação entre os sobreviventes e os falecidos não mostrou diferenças estatisticamente significativas para as variáveis epidemiológicas ou para a densidade parasitária média entre os dois grupos. A comparação das variáveis laboratoriais do SOFA score mostrou que para todos os resultados excepto a contagem de plaquetas os valores obtidos foram piores nos doentes que não sobreviveram (p-value significativo). O número de doentes com necessidade de suporte de órgãos vitais com técnicas invasivas foi maior nos sobreviventes do que nos falecidos (p-value significativo).

Conclusões: Os resultados obtidos são comparáveis com estudos similares. A parasitemia não influenciou o resultado final da malária. A instituição precoce de suporte avançado de vida foi importante para a sobrevivência observada, que foi superior à estimada pelo SOFA score.

Otimização de uma técnica de amplificação isotérmica associada a sondas moleculares para identificação das espécies de *Borrelia burgdorferi* sensu lato mais prevalentes em Portugal

Marta Nascimento¹; Mónica Nunes¹; Ricardo Parreira¹; Maria Luísa Vieira¹

¹UEI Microbiologia Médica – Grupo de Leptospirose e Borreliose de Lyme, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL); Global Health & Tropical Medicine (GHTM), IHMT, UNL.

A Borreliose de Lyme ou doença de Lyme é causada por espiroquetas do complexo *Borrelia burgdorferi* sensu lato (B.b.s.l.), que são transmitidas por carrças do género Ixodes.

Em Portugal as quatro genospecies de *Borrelia* mais prevalentes são: *B. afzelii*, geralmente associada a manifestações cutâneas, *B. garinii* a espécie mais neurotrófica, *B. burgdorferi* sensu stricto (s.s.) responsável por manifestações articulares e *B. lusitaniae* cujo quadro clínico é polimórfico. Cada espécie de *Borrelia* está assim associada a diferentes quadros clínicos pelo que é importante que os testes de diagnóstico consigam diferenciá-las de modo a instituir-se o tratamento adequado. O objetivo deste estudo é otimizar uma técnica molecular de amplificação isotérmica – LAMP (Loop Mediated Isothermal Amplification), para uma identificação mais sensível e específica e de simples execução das quatro genospecies de B.b.s.l. mais prevalentes em Portugal.

Para a técnica LAMP foram desenhados primers universais com a ajuda do software primerexplorer 4, tendo como alvo o gene *fla* codificante da proteína flagelar, comum às quatro espécies de B.b.s.l..

Ao produto LAMP são adicionadas sondas moleculares, previamente desenhadas, específicas para cada uma das espécies de B.b.s.l., e marcadas com fluoróforos que emitem diferentes cores quando expostas à luz UV, consoante a espécie em causa.

Determinou-se a sensibilidade e especificidade da técnica, face a outras técnicas moleculares em uso no laboratório, nomeadamente PCR em tempo real (qPCR) e dois nested-PCR cujos alvos moleculares são também o gene *fla* e ainda o espaço intergénico 5S e 23S do gene 16S rRNA.

A técnica LAMP desenvolvida, apresentou uma especificidade de 100%, tendo a sensibilidade variado entre 0,5pg/µl e 50fg/µl, de acordo com a espécie de B.b.s.l. em causa.

A técnica LAMP demonstrou ser mais sensível que a nested PCR para o espaço intergénico 5S e 23S, mas com igual sensibilidade em relação ao qPCR e ao nested-PCR para o gene *fla*, sendo o limiar de sensibilidade de 50fg/µl de DNA.

A presente técnica apresentou uma boa sensibilidade, tendo a vantagem de ser um método molecular mais rápido e sem necessidade de equipamento sofisticado, podendo por isso ser utilizada em laboratórios com poucos recursos. A conjugação desta técnica com sondas moleculares marcadas com fluoróforos é promissora uma vez que promoverá a emissão de diferentes cores quando o produto LAMP for exposto à luz UV, consoante a espécie de B.b.s.l. em causa.

Polimorfismos na região promotora do gene TPI1: -5G>A e -8G>A, em diferentes grupos clínicos de malária de Angola e Moçambique

Mónica Guerra¹; Patrícia Machado¹; Licínio Manco²; Natércia Fernandes³; Juliana Miranda⁴; Ana Paula Arez¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal; ²Centro de Investigação em Antropologia e Saúde (CIAS), Universidade de Coimbra, Portugal; ³Faculdade de Medicina da Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Moçambique; ⁴Hospital Pediátrico David Bernardino, Luanda, Angola

A malária, em termos evolutivos, é um fenómeno recente com cerca de 10 000 anos, período onde tem atuado como importante pressão seletiva no genoma humano, contribuindo para a seleção de inúmeros polimorfismos que propiciam maior resistência ao *Plasmodium* sp.. A deficiência em TPI1 afeta o metabolismo energético, comprometendo a sobrevivência de células dependentes da glicólise para obtenção de energia, como é o caso dos eritrócitos. Vários estudos têm demonstrado uma elevada incidência de heterozigóticos para a deficiência em TPI1 em indivíduos de origem Africana, nomeadamente ao nível dos polimorfismos do promotor do gene -5A>G, -8G>A, -24T>G, mas ainda sem justificação aparente. Dois grupos populacionais de indivíduos infetados de Angola e Moçambique agrupados de acordo com a gravidade da doença (grupos clínicos) foram genotipados para as variantes do promotor do gene TPI1: -5A>G, -8G>A e -24T>G, e para o polimorfismo intrónico 2262 situado no intrão 5. O locus -24 revelou ser monomórfico para o alelo T sendo identificados 6 haplótipos GGG (-5G/8G/2262G), AGA, AGG, GAG, GGA e AAG. Nas populações estudadas 47% e 53% dos indivíduos de Angola e Moçambique, respetivamente, apresentam variações polimórficas na região promotora do gene. A variante -8A foi detetada em 45% dos indivíduos genotipados, sendo mais frequente no grupo de indivíduos com infeção malárica não grave associada ao haplótipo GAG, no entanto sem diferenças estatisticamente significativas. O surgimento e a dispersão das variantes -5G>A e -8G>A na evolução da genética humana são controversos. Estimou-se a antiguidade destes polimorfismos pela análise de dois microssatélites adjacentes ao gene TPI1, loci CAG e ATN1 em ambas as populações. A mutação -5A será mais antiga que a mutação -8A, com uma idade estimada de aproximadamente 35 000 anos em ambas as populações. A variante -8A terá surgido em 2 haplótipos diferentes, sugerindo eventos mutacionais independentes. O primeiro evento mutacional terá ocorrido no haplótipo ancestral (-5G) há 20 800 anos na região de África Oriental, e o segundo evento mutacional no haplótipo -5A, há 7 500 anos na região de África Ocidental. A idade estimada para esta variante encontra-se dentro do período de origem e expansão da agricultura e do mosquito vetor da malária em África, o que poderá ser uma das razões para o surgimento da mutação -8A em países endémicos de malária.

Estudo genético e filogeográfico de populações do mosquito vetor de dengue (*Aedes aegypti*) em Cabo Verde

Patrícia Salgueiro¹; Célia Serrano²; Ana Abecasis¹; Bruno Gomes¹; Joana Alves³; João Pinto¹; Carla A. Sousa¹

¹Global Health & Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal; ²Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal; ³Direção Geral de Saúde, Ministério da Saúde de Cabo Verde, Cabo Verde

A Dengue é a mais importante doença viral transmitida por mosquitos no mundo. Mais de 300 milhões de pessoas são afetadas anualmente em mais de 100 países, sendo responsável por 22000 mortes, principalmente em crianças.

A combinação de crescimento urbano intenso, o aumento do movimento global de pessoas e carga, e a ineficácia no controle vetorial têm promovido a dramática expansão desta pandemia. Na ausência de terapias antivirais e vacinas, a transmissão da dengue depende ainda exclusivamente do controle vetorial.

Existe uma enorme escassez de informação relativamente às dimensões e características da epidemia de dengue em África. Devido à elevada prevalência de malária, a maioria das "doenças febris", incluindo dengue, são susceptíveis de ser mal diagnosticadas e tratadas como malária. Isto dificulta a avaliação do real impacto da dengue em África e a aplicação de medidas adequadas para combater a doença.

O vírus da dengue surgiu pela primeira vez no arquipélago de Cabo Verde em 2009. O surto de dengue foi considerado, na época, o maior registado em África. Foram notificados mais de 20000 casos (cerca de 5% da população total do país), com 174 casos de febre hemorrágica e 6 mortes. *Aedes aegypti* foi o vetor do serótipo do vírus DEN-3.

O presente trabalho consiste no primeiro estudo filogeográfico e de genética populacional de *A. aegypti* em Cabo Verde.

Para tal foram analisados mosquitos *A. aegypti* capturados antes e depois do surto de dengue na ilha de Santiago (n=47 in 2007 e n=26 in 2010) e também nas ilhas da Brava e Fogo em 2007 (n=7). Foi feita a análise de dois genes mitocondriais COI e ND4, 14 loci de microssatélites e cinco mutações *kdr* (I1011V, I1011M, V1016I, V1016G e F1534C).

O estudo revelou níveis elevados de variabilidade genética nos marcadores mitocondriais e nucleares, consistentes com uma colonização do arquipélago a partir da África Ocidental.

Foi detetada diferenciação genética significativa entre os dois anos amostrados, com um sinal de efeito de gargalo e redução do efetivo populacional em 2010.

Não foram encontradas mutações *kdr* associadas à resistência a piretróides, o que é consistente com a susceptibilidade a estes inseticidas reportada aquando do surto. Isto sugere que esta é ainda uma opção viável no controle químico em Cabo Verde.

As consequências para o controle vetorial serão desenvolvidas.

Transcriptomic comparison between *Anopheles gambiae* and *Anopheles stephensi* salivary glands infected by *Plasmodium berghei*

Renato Pinheiro-Silva¹; Joana Couto¹; Virgilio do Rosário¹; Jose de la Fuente²; Ana Domingos¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ²Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos

Malaria is an infectious disease caused by *Plasmodium* parasites, transmitted exclusively through the bites of infected females *Anopheles* mosquitoes, being *Anopheles gambiae* the main vector in Africa and *Anopheles stephensi* in Middle East, India and China. Approaches like RNA-sequencing can offer new insights into mosquito-parasite interactions, where transcriptomic comparison may give differences and similarities between *Anophelinae* species. Herein, transcriptomic analyses on salivary glands were performed using Illumina technology, through two different approaches: for *An. gambiae*, a reference genome was used to perform sequencing on CLC Genomics Workbench and, for *An. stephensi*, a de novo assembly was performed on Oases software. In *An. gambiae*, 2623 genes were differentially expressed in response to *P. berghei* infection, being 1594 upregulated and 1029 downregulated. On the other hand, in *An. stephensi*, we found a total of 2536 genes significantly differentially expressed, whereas 1996 were overexpressed and 540, subexpressed. A comparison of the most represented functional classes in both *Anophelinae* was performed, using Gene Ontology (GO) terms description (Cell function, Metabolism, etc) to improve our understanding into the major processes related to mosquito SGs infection by the malaria parasite. After an analysis of ID transcripts, 613 genes were found in both species, from which 256 were upregulated, 25 downregulated and, the remaining 332 had different expression profile between the two species. Classification of transcripts based on GO showed that the functional classes with a high number of genes in both *Anophelinae* were Metabolism and Transport, being equally represented in the up- and downregulated as well; on the contrary, the functional class RTT was mainly upregulated while Cell Function, presented the higher number of downregulated genes. This study contributes for a better understanding of the mechanisms that mediate malaria parasite transmission through both *Anophelinae* mosquito-vectors.

O papel dos vertebrados silvestres na manutenção de ixodídeos (Acari:Ixodida) e agentes a estes associados

Rita Velez¹; Ana Sofia Santos¹; Pedro Melo²; Sandra Antunes³; Joana Ferrolho⁴; Ana Domingos³; Maria Margarida Santos Silva¹

¹Centro de Estudos de Vetores e Doenças Infeciosas Dr. Francisco Cambournac, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge I.P., Águas de Moura, Portugal; ²Direção Geral de Alimentação e Veterinária, Lisboa, Portugal; ³Vetnatura, Lisboa; ³Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (IHMT-UNL), Lisboa, Portugal; ⁴Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (IHMT-UNL), Lisboa, Portugal

Os ixodídeos, ectoparasitas hematófagos de vertebrados terrestres, são responsáveis pela transmissão de inúmeros agentes infecciosos aos animais e ao Homem. Embora a sua presença nos animais domésticos em Portugal se encontre bem documentada, o mesmo não acontece relativamente às espécies silvestres. Da mesma forma, os agentes disseminados neste ciclo silvático são também pouco conhecidos. O conceito “ONE WORLD, ONE HEALTH” evidencia a importância dos reservatórios silvestres na saúde animal e Humana. Como tal, é de extrema importância a caracterização da ixodofauna de animais de vida livre, bem como o rastreio de agentes infecciosos com potencial impacto em Saúde Pública.

Este trabalho inclui ixodídeos removidos em território nacional, entre Janeiro de 2006 e Dezembro de 2014. Os exemplares foram obtidos de 81 hospedeiros, incluindo aves (49% rapinas, 1% passeriformes e 1% estepárias) e mamíferos silváticos (16% carnívoros, 20% lagomorfos, 12% insectívoros e 1% roedores).

No total foram removidos 756 ixodídeos pertencentes a 11 espécies: *Hyalomma marginatum* (45,5%), *Rhipicephalus sanguineus* (28,4%), *Rhipicephalus pusillus* (15,2%), *Hyalomma lusitanicum* (4,8%), *Ixodes hexagonus* (1,1%), *Ixodes ventalloi* (0,9%), *Ixodes ricinus* (0,5%), *Haemaphysalis punctata* (0,4%), *Haemaphysalis hispanica* (0,3%), *Ixodes acuminatus* (0,3%) e *Ixodes frontalis* (0,3%). Foram identificados exemplares das três fases evolutivas: larvas (6,6%), ninfas (42,7%) e adultos (50,7%).

Uma subamostra de 22% (N=166), representativa das espécies, fases evolutivas e hospedeiros parasitados, foi seleccionada para pesquisa por PCR de parasitas Apicomplexa, *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp. e *Coxiella burnetii*. Os resultados preliminares apontam para a presença de *C. burnetii* e *Hepatozoon canis*, respectivamente em 7,8% e 0,6% dos ixodídeos testados.

Os resultados obtidos contribuem para o conhecimento das espécies de carraças presentes em animais silvestres, bem como para o papel que podem ter na transmissão de agentes infecciosos. É ainda confirmada a importância destes ectoparasitas na manutenção do ciclo de transmissão de *C. burnetii* entre as espécies silvestres no nosso país. O facto de se tratar de um agente zoonótico com potencial impacto na produção animal e em Saúde Pública salienta a importância de estudos como este no sentido de definir áreas de risco e potenciais reservatórios silvestres do agente.

Estudo financiado pelos projetos PTDC/CVT-EPI/4339/2012 e PTDC/SAU-SAP/115266/2009.

Assessing the contribution of shorebirds to the epidemiological cycle of *Borrelia garinii*

Sara Pardal¹; Sandra Antunes²; Ana Domingos²; Jaime Ramos³

¹MARE - Marine and Environmental Sciences Centre, Department of Life Sciences, University of Coimbra; ²GHTM/IHMT, UNL – Global Health and Tropical Medicine/ Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³MARE – Marine and Environmental Sciences Centre, Department of Life Sciences, University of Coimbra, 3004-517 Coimbra, Portugal

Lyme borreliosis, a tick-transmitted infectious disease caused by a spirochete like bacteria *Borrelia burgdorferi sensu lato*, has been identified over the last century as one of the most prevalent tick-borne zoonosis in the Northern hemisphere and considered an emerging disease in The Netherlands. Currently from the 33 existing species within the *Borrelia* complex, only 12 are causative agents of Lyme borreliosis and small animals like rodents, lizards and birds are main reservoirs acquiring infection through the bite of infected hard *Ixodes* tick. Particular species like *B. burgdorferi sensu strictu*, *B. afzelii* and *B. garinii* are responsible for symptoms in humans, with the latter depending heavily on birds as main reservoir. Long-distance migratory birds are in fact efficient carriers not only for the bacteria, but also ticks, being considered one of the main contributors for Lyme borreliosis widespread distribution. In Europe, currently only ground foraging birds and some seabirds were described as competent reservoirs for *B. garinii* and *B. valaisiana*, while the epidemiological role of other bird groups is still lacking. Detection of Lyme borreliosis for the first time on shorebirds/waterbirds raised questions about their competence as reservoirs. Therefore to better understand their exposure to Lyme, we screened 100 individuals for antibodies against *B. garinii* through Indirect Immunofluorescence assay. Preliminary results indicate that more than 40% had antibodies against *B. garinii*. These findings show that despite terrestrial contact of woodland ticks with shorebirds is rare, their exposure to Lyme borreliosis seems more common than we might expect. Like all seasonal migrants, their capacity to spread and/or maintain *B. garinii* foci requires further investigation.

Rhodnius pictipes: importância em áreas com transmissão de doença Chagas Aguda na Amazônia Brasileira

Soraya Oliveira dos Santos¹; Marcos Takashi Obara²; Elias Seixas Lorosa³; Cleber Galvão³; Elenild Goes Costa⁴; Erica Tatto⁵; George Luis Lins Machado Coelho⁶; Mayira Sojo-Mllano⁷; Joseane Padilha⁸

¹universidade Federal de Ouro Preto. Minas Gerais. Brasil; ²Faculdade de Ceilândia da Universidade de Brasília. Brasília, DF, Brasil; ³Laboratório de Referência Nacional em Taxonomia de Triatomíneos. Fiocruz. Rio de Janeiro, RJ, Brasil; ⁴Universidade Federal de São Paulo-UNIFESP. São Paulo. Brasil; ⁵Pesquisadora independente; ⁶Universidade Federal de Ouro Preto. Minas Gerais. Brasil; ⁷Ministério da Saúde da Venezuela; ⁸Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Brasília.DF.Brasil

INTRODUÇÃO:

Na Amazônia Brasileira foram registradas 16 espécies de triatomíneos, das quais 5 são as que oferecem potencial risco de transmissão de *Trypanosoma cruzi*: *Rhodnius pictipes*, *Rhodnius robustus*, *Panstrongylus geniculatus*, *Panstrongylus herreri* e *Triatoma maculata*. Em grande parte das investigações ligadas aos surtos agudos da doença na região se reportam evidências do envolvimento de Porém não existem metodologias padronizadas e/ou institucionalizadas para pesquisas de campo, indicadores entomológicos e controle vetorial com foco em doença de Chagas. OBJETIVO: O objetivo deste estudo foi investigar o perfil alimentar e as taxas de infestação domiciliar e infecção natural de triatomíneos presentes em áreas urbanas, rurais e Ilhas do município de Abaetetuba no Estado do Pará. MÉTODOS: Foram testadas metodologias de captura como: pesquisa de insetos no domicílio pela técnica hora-homem, (tempo de captura gasto para pesquisar cada domicílio), instalação de armadilhas Noireau, instalação de armadilha Shannon e dissecação de ecótopos potenciais (palmeiras). Os domicílios selecionados para pesquisa foram aqueles em que os indivíduos, declararam ter tido febre nos últimos trinta dias e/ou contato com triatomíneos. Os triatomíneos capturados foram submetidos a avaliação de infectividade para *T. cruzi* e fonte alimentar pela reação imunológica de precipitina para diferentes antissoros. RESULTADOS: Somente duas técnicas de captura resultaram produtivas: a armadilha de Noireau, colocada em palmeiras e a dissecação das palmeiras das espécies *Maximiliana maripa* (Inajá). A espécie predominante foi *R. pictipes* em 85,20% (n=213) e 37 (14,80%) da espécie *P. geniculatus*. 24 (11,26%) indivíduos da espécie *R. pictipes* estavam infectados. Não houve diferença significativa comparando-se a taxa de infectividade do *R. pictipes* em áreas rurais e ilhas com a área urbana, 11/107 (11,28%) e 13/106 (12,26%), respectivamente. Com relação a fonte alimentar, 64,01% dos vetores se alimentaram em uma mesma fonte e 38 (17,75 %) reagiram para mais de uma fonte alimentar sendo que o sangue de ave 89 (41,58%), foi predominante. CONCLUSÃO: *R. pictipes*, a espécie mais abundante nos ecótopos silvestres das áreas estudadas, mostrou uma elevada ornitofilia. Sua presença (sem domiciliação) e abundância sugerem sua importância como vetor na dinâmica da transmissão local da doença de Chagas.

Quantitative proteomics for the analysis of the interaction between *Plasmodium falciparum* and its red blood cell host

Tiago Rocha Vaz¹; Patrícia Machado¹; Fátima Nogueira¹; João Rodrigues²; Licínio Manco³; Letícia Ribeiro⁴; Ed Bergstrom⁵; David Ashford⁵; Rui Vitorino⁶; Jane Thomas-Oates⁵; Jerry Thomas⁵; Ana Paula Arez¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ²Instituto de Medicina Molecular, Faculdade de Medicina da Universidade de Lisboa; ³Centro de Investigação em Antropologia e Saúde, Universidade de Coimbra; ⁴Departamento de Hematologia, Centro Hospitalar de Coimbra; ⁵Centre of Excellence in Mass Spectrometry, University of York; ⁶Centro de Espectrometria de Massa, Universidade de Aveiro

Malaria is a major cause of death and has been one of the strongest selective forces on the human genome, selecting variants that influence pathogenesis, host response and that may protect against disease severity. Previous studies suggest the association between malaria and red blood cell (RBC) glucose-6-phosphate dehydrogenase (G6PD) and pyruvate kinase (PK) deficiencies in humans.

This study focuses on RBC-pathogen interactions and the effect of these two enzymatic deficiencies on parasite development. Proteomic information from *Plasmodium falciparum* infection is still scarce, and the proteomes of both G6PD- and PK-deficient RBC and from parasites growing in these cells have yet to be characterised. This proteomic study aims at detecting the relative abundance of proteins from both G6PD- and PK-deficient RBC, and also from *P. falciparum* infecting and growing in these cells. It will provide key information about malaria dynamics, and also about these enzymatic deficiencies which cause important haemolytic anaemia. Furthermore, it will contribute to a better understanding of host-parasite interactions.

P. falciparum 3D7 was maintained in continuous synchronous culture. Daily blood smears were used to determine invasion and maturation ratios. RBCs were lysed and parasites extracted when parasitaemia was around 15% and parasites were in trophozoite stage. Upon protein extraction, samples were prepared for proteomic analysis by FASP and GeLC-MS. LC-MS and CID-MS/MS of peptides were carried out by nano-RP-LC-MS/MS. Peptides were identified and their quantification was done by comparing normalised peak area/intensity of each identified peptide.

Invasion ratios determined for three consecutive cycles indicate the parasite seems to have some difficulty invading enzyme-deficient RBC. Regarding parasite proteomes, there was an over-expression of defensive molecules against oxidative stress (heat shock proteins and chaperones) in parasites growing in G6PD-deficient RBC, and an under-expression of global proteins (mostly proteins involved in haemoglobin catabolism and trafficking/RBC remodelling) in parasites growing in PK-deficient RBC.

The study will still look into infected RBC proteomes and assess the influence of these alterations in the putative protective effect against malaria.

2 – PÓSTERS

Chikungunya em Portugal: Caso Importado e sua potencial introdução.

Abílio Antunes¹; Jaime Nina²; Sonia Centeno-Lima³; Jorge Seixas⁴; Ricardo Parreira⁵; Maria Amélia Grácio⁶; António José dos Santos Grácio⁷

¹Associação para o Desenvolvimento da Medicina Tropical (ADMT), Instituto de Higiene e Medicina Tropical(IHMT)/Universidade Nova de Lisboa (UNL), Lisboa, Portugal.; ²Unidade de Clínica Tropical/IHMT/UNL, Lisboa Portugal. Centro Hospitalar de Lisboa Ocidental/Hospital Egas Moniz , Serviço de Doenças Infecciosas. Lisboa, Portugal; ³Unidade de Clínica Tropical/IHMT/UNL, Lisboa Portugal. Centro de Malária e outras Doenças Tropicais (CMDT)/IHMT/UNL, Lisboa Portugal.; ⁴Unidade de Clínica Tropical/IHMT/UNL, Lisboa Portugal.; ⁵Unidade de Microbiologia Médica (Grupo de Virologia)/IHMT/UNL, Lisboa Portugal. Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas (UPMM)/IHMT/UNL),Lisboa, Portugal.;⁶Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas (UPMM)/IHMT/UNL),Lisboa, Portugal. Unidade de Parasitologia Médica (Grupo de Helminologia e Malacologia Médicas)/IHMT/UNL, Lisboa Portugal.; ⁷Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas (UPMM)/IHMT/UNL),Lisboa, Portugal. Unidade de Parasitologia Médica (Grupo de Entomologia)/IHMT/UNL, Lisboa Portugal.

Descrição:

O vírus Chikungunya, agente causal da arbovirose Chikungunya, foi identificado pela primeira vez na Tanzânia em 1952 e desde então surtos e casos isolados da doença têm sido registados em países e territórios de África, Ásia, Américas, Europa e Oceania/Ilhas do Pacífico. Nesta comunicação descrevemos um caso importado de infecção por vírus Chikungunya e tecemos algumas considerações sobre o risco da sua potencial introdução em Portugal (Madeira).

Num doente regressado de Angola, onde residira por 4 meses em 2014 tendo regressado 9 dias antes da consulta, a febre do Dengue e de Chikungunya foram suspeitadas em função da sua história epidemiológica e quadro clínico. Os exames complementares incluíram pesquisa de plasmódios (gota espessa e teste imunocromatográfico rápido SD BIOLINE Malaria Pf/Pan), pesquisa do antigénio NS1 e IgG/IgM do vírus da Dengue (teste imunocromatográfico rápido SD BIOLINE Dengue Duo), pesquisa de IgM para o vírus Chikungunya (teste imunocromatográfico rápido SD BIOLINE Chikungunya IgM) e detecção de genomas dos vírus Chikungunya e Dengue (serotipos 1-4) por RT-PCR. Os resultados serológicos e moleculares confirmaram a infecção por vírus Chikungunya. Este vírus é transmitido aos humanos por picada de fêmeas de mosquitos infectadas (vectores) principalmente das espécies *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*, Dada a existência de *A. aegypti* na Ilha da Madeira e a constante circulação de pessoas oriundas de países onde o vírus Chikungunya tem sido detectado, os Serviços de Saúde e o respectivo pessoal devem ter em conta que casos importados desta arbovirose podem surgir na Madeira a qualquer momento pelo que a vigilância epidemiológica para a introdução deste vírus naquela ilha deve ser mandatária.. Este agente deverá ser considerado no diagnóstico diferencial da doença febril aguda, em doentes provenientes de áreas onde o vírus esteja em circulação. Adicionalmente, nas áreas onde o vector existe mas não a doença, os casos suspeitos devem ser tratados em isolamento para prevenir o estabelecimento de transmissão autóctone.

Identificação molecular de bactérias do género *Leptospira* em colecções de água doce no Distrito de Leiria

Adriana Aldeia¹; Teresa Carreira²; Maria Luísa Vieira²

¹UEI Microbiologia Médica – Grupo de Leptospirose e Borreliose de Lyme, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL).; ²UEI Microbiologia Médica – Grupo de Leptospirose e Borreliose de Lyme, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL); Global Health & Tropical Medicine (GHTM), IHMT, UNL.

Descrição:

A leptospirose é uma zoonose de distribuição mundial, endémica em muitos países, sendo causada por espiroquetas patogénicas do género *Leptospira*. Estas bactérias têm como reservatório principal os roedores, mas também outros mamíferos tais como suínos, bovinos e canídeos, podendo excretar leptospiros na urina durante meses ou anos. As leptospiros excretadas podem sobreviver na água durante muito tempo, sendo esta uma importante via na transmissão das mesmas. A população humana em contacto com água contaminada é assim exposta a um elevado risco de infeção por estas bactérias.

O objetivo desta investigação é identificar molecularmente as bactérias do género *Leptospira* presentes em colecções de água doce no distrito de Leiria, o que permitirá ter uma noção da prevalência destas bactérias nas águas da região e avaliar o risco de leptospirose, dado o contacto direto da população com as referidas colecções de água. Foram analisadas 100 amostras de água doce coletadas em diferentes pontos de amostragem no distrito de Leiria. Utilizaram-se três protocolos de PCR para a pesquisa e identificação de leptospiros. O primeiro protocolo foi uma *nested*-PCR, com *primers* universais designados por A e B, obtidos do gene *rrs* (16S). Este protocolo permitiu detetar a presença de DNA de *Leptospira*. Posteriormente, nas amostras positivas pelo referido protocolo, aplicou-se uma segunda PCR, usando os *primers* G1 e G2, para deteção de DNA de leptospiros patogénicas, se presentes. Estes *primers* foram desenhados no gene *secY*, presente em algumas espécies patogénicas de *Leptospira*. Por último, utilizou-se uma outra *nested*-PCR, com *primers* designados por lipL32, desenhados no gene que codifica a proteína de superfície com o mesmo nome, comum a todas as leptospiros patogénicas. Este protocolo foi aplicado nas amostras positivas obtidas pela PCR (*primers* G1 e G2) e em algumas outras amostras positivas pela *nested*-PCR (*primers* A e B). Até agora, do total das amostras processadas, foram detetadas 38 amostras com resultado positivo para *Leptospira* spp., sendo que em quatro destas, foi detetado DNA leptospírico através da PCR (G1 e G2).

Sendo este um estudo pioneiro em Portugal ao nível de colecções de água doce, e considerando o seu interesse em Saúde Pública e existindo casos reportados de leptospirose no distrito de Leiria, admite-se poder estabelecer-se um alerta para a melhoria da qualidade das referidas águas com a consequente diminuição dos casos referidos na Região.

Caracterização do perfil zimográfico, biológico e molecular de dez cepas de *Trypanosoma cruzi* TcI, TcII e TcIII isoladas de triatomíneos da Bahia, Rio Grande do Sul, Santa Catarina e São Paulo, Brasil

Aline Rimoldi Ribeiro¹; Larissa Aguiar de Almeida²; Luciana Lima³; Joana Monteiro⁴; Cláudia Jassica Gonçalves Moreno⁴; Marcia Aparecida Silva Graminha²; Marta Maria Geraldês Teixeira³; Marcelo Sousa Silva⁴; Mário Steindel⁵; João Aristeu da Rosa²

¹Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP; ²Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho - UNESP; ³Universidade de São Paulo - USP; ⁴Universidade Nova de Lisboa - UNL; ⁵Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC

Descrição:

A identificação de metaloproteases em *Trypanosoma cruzi* somada à caracterização biológica e molecular pode esclarecer características biológicas do parasito como a invasão em células hospedeiras. Para o ensaio de atividade, o extrato protéico de dez cepas de *T. cruzi* foi testado por zimografia e visualizado em gel de gelatina, caseína e colágeno. A cinética de crescimento foi realizada com 5×10^6 parasitos/mL contados por 10 dias. A parasitemia foi observada em $5 \mu\text{L}$ de sangue de camundongos Balb/c infectados, durante 60 dias. Realizou-se a infecção em células J774 e macrófagos peritoneais (5×10^6 tripomastigotas/mL). A filogenia foi determinada por sequenciamento do gene V7V8 utilizando “*maximum likelihood*” e análise bayesiana. A ação de metaloproteases foi demonstrada nas dez cepas de *T. cruzi*. A cinética de crescimento do grupo TcI (Bolívia, Tm, T lenti e SC90) resultou pico de multiplicação entre o 5º e 8º dia; TcII (Y, SC96 e SI8) entre o 4º e 9º e TcIII (SI5, QMM3 e QMM5) entre o 6º e 8º. A curva parasitêmica mostrou perfil semelhante em TcI, TcII e TcIII com crescimento regular, multiplicação e decréscimo do parasito. As dez cepas infectaram células; as cepas TcI mostraram maior capacidade que TcII e essas maior que TcIII. O sequenciamento do gene V7V8 posicionou para o surgimento primeiro de TcII, seguido por TcI e TcIII. A partir dos resultados observou-se ação de metaloproteases nos grupos TcI, TcII e TcIII de *T. cruzi*. A caracterização biológica mostrou que as dez cepas (TcI, TcII e TcIII) apresentaram características distintas que permitem separá-las dentro de cada grupo, bem como agrupá-las em cada um dos três grupos. A análise filogenética indicou que o grupo TcII surgiu primeiro, a seguir TcI e TcIII.

Palavras-chave: *Trypanosoma cruzi*; metaloproteases; caracterização; DTU.

Apoio: Capes; UNL

PERCEPÇÕES DE ALUNOS DO ENSINO BÁSICO E TÉCNICO DA CIDADE DE UBERLÂNDIA SOBRE A DENGUE E A INFLUÊNCIA DE OFICINAS EDUCATIVAS PERANTE ESTRATÉGIAS DE COMBATE, PREVENÇÃO E TRATAMENTO DA DOENÇA

Amanda Amaral Abrahão¹; Klauss Kleydmann Sabino Garcia²

¹Universidade Federal de Uberlândia; ²Universidade de Brasília

Descrição:

A Saúde Ambiental está ligada à qualidade de vida da população e, com o rápido desenvolvimento populacional e tecnológico, acabou sendo caracterizado como um modelo insustentável de produção e consumo, prejudicando os recursos naturais. A Educação Ambiental é uma ferramenta que busca trabalhar no indivíduo sua importância na ação social, em especial, no combate a dengue, por ser uma doença com altos índices de incidência durante todo o ano, porém suas ações devem ser contínuas e coletivas. A pesquisa trabalhou com alunos dos últimos anos do ensino fundamental, ensino médio e cursos técnicos de Meio Ambiente e de Análises Clínicas da UFU, buscou mostrar quais fontes de informações influenciam no conhecimento acerca da doença, além de analisar mudanças conceituais após a realização de uma oficina, onde foi apresentado o vetor, foi discutido o alto índice da doença na cidade de Uberlândia e também os dados de monitorações realizadas no campus do IFTM – Uberlândia. Foi observado que o conhecimento prévio ocorre por meio de escolas, televisão e outras fontes de divulgação, e os conhecimentos com maiores evoluções conceituais foram sobre o vetor, formas de prevenção e proliferação. Assim, pode-se concluir que ações no âmbito de educação ambiental são de grande importância e devem fazer parte do currículo escolar, sendo agregada às políticas públicas municipais.

Tinea capitis em crianças de meios desfavorecidos da periferia de Lisboa (2011)

Ana Catarina Simão¹; Maria da Luz Martins¹; Rosa Teodósio¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Descrição:

Introdução: Os fungos dermatófitos são dos mais disseminados, as dermatofitoses afetam milhões de pessoas em todo o mundo, sendo muito comuns em África. A *tinea capitis* afeta essencialmente crianças e pré-adolescentes, é a infeção fúngica mais comum na idade pediátrica, é contagiosa, há aumento do risco de infeção com a partilha de objetos e poucos cuidados de higiene. Tem um impacto social marcado, levando as crianças à restrição de atividades sociais. Com o aumento das viagens intercontinentais e da imigração têm-se expandido novas doenças nos países de acolhimento, daí o aumento da prevalência desta infeção na Europa.

Objectivos: Pretende-se identificar as infeções por dermatófitos (*tinea capitis*) em crianças de 3-14 anos de idade do Bairro de Santa Filomena, Concelho de Amadora, Portugal, e caracterizar conhecimentos dos encarregados de educação/responsáveis pela criança sobre a doença, de forma a se proporem estratégias de intervenção

Métodos: Realizou-se um estudo nas crianças que frequentavam a Associação Encosta Nascente e a Catequese local. Utilizaram-se três técnicas de diagnóstico: observação clínica, microscopia, exame cultural das amostras do couro cabeludo; foi aplicado um questionário aos encarregados de educação/responsáveis.

Resultados: Participaram no estudo 127 crianças (44,9% do género masculino); 17,3% tinham doença ativa e 19,7% eram portadoras, havendo maior percentagem de crianças com doença ativa/portadores nos grupos etários mais baixos ($p=0,001$) e nas que viviam em habitações com maior número de crianças abaixo dos 15 anos ($p=0,042$). Identificaram-se apenas dois agentes etiológicos, ambos de origem africana: *Microsporum audouinii* (22%) e *Tricophyton soudanense* (13,4%); 1,6% das crianças tinham infeção mista. Os encarregados de educação/responsáveis foram na maioria mães (69,3%); 41,3% de todos os entrevistados consideravam a tina do couro cabeludo como manchas ou peladas, 22,8% consideravam o tratamento médico mas 36,9% consideravam a utilização de tratamentos tradicionais (ex: limão, sal, lixívia, pintar as lesões); apenas 22,5% considerava o contato com outras crianças infetadas a forma de transmissão.

Conclusões: A *tinea capitis* é um problema de saúde pública nesta comunidade. A grande percentagem de portadores revela que muitas crianças contribuem para a disseminação da infeção. Os respondentes mostraram poucos conhecimentos sobre a doença, alguns deles incorretos. Para o controlo da infeção sugere-se envolver vários parceiros.

First detection of *Borrelia burgdorferi sensu lato* DNA in hunted wild boars

Ana Sofia Faria¹; Maria das Neves Paiva-Cardoso²; Mónica Nunes³; Teresa Carreira³; Hélia Marisa Vale-Gonçalves¹; Octávia Veloso⁴; Catarina Coelho⁵; João Alexandre Cabral⁶; Madalena Vieira-Pinto⁷; Maria Luísa Vieira³

¹Department of Veterinary Sciences, School of Agrarian and Veterinary Sciences, University of Trás-os-Montes and Alto Douro; CITAB, UTAD; ²Department of Veterinary Sciences, School of Agrarian and Veterinary Sciences, University of Trás-os-Montes and Alto Douro; CITAB; CECAV, UTAD; ³Group of Leptospirosis and Lyme Borreliosis, Unit of Medical Microbiology, Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT) Universidade Nova de Lisboa (UNL), Lisbon, Portugal; ⁴Department of Veterinary Sciences, School of Agrarian and Veterinary Sciences, University of Trás-os-Montes and Alto Douro; ⁵CECAV, UTAD; Agrarian School of Viseu, Polytechnic Institute of Viseu; Laboratory of Sanitary Inspection, UTAD; ⁶Laboratory of Applied Ecology, Centre for the Research and Technology of Agro-Environment and Biological Sciences (CITAB), UTAD; ⁷Department of Veterinary Sciences, School of Agrarian and Veterinary Sciences, (UTAD); CECAV, UTAD; Laboratory of Sanitary Inspection, UTAD

Descrição:

Lyme borreliosis (LB) is the most common tick-borne zoonosis in the northern hemisphere. The European Centers for Disease Control and Prevention estimate that over 360,000 cases of LB have been reported in the last two decades, but in Portugal LB remains under-diagnosed and under-reported, despite being a disease of mandatory declaration.

The infection is caused by spirochetes of the *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex and are transmitted through the bite of infected ticks of the *Ixodes* genus, with *I. ricinus* as the main vector in Europe. Ticks can feed on numerous hosts, including large hunting species like the wild boar, an animal with great economic impact in the region of Trás-os-Montes, Northern Portugal, but whose role in the epidemiological cycle of the bacteria as potential reservoir is still unknown.

Sera were collected from 90 wild boars shot in the Trás-os-Montes region (hunting season 2011/2012) and analyzed by nested-PCR. *Borrelia* DNA was detected for the first time in three different sera and sequencing results showed a similarity of 100% with *Borrelia afzelii*, a species usually associated with rodents and other mammals.

1. circulation in this regional ecosystem may represent an important infection risk for occupational groups, particularly hunting-related individuals (hunters, gamekeepers, etc.) and hunting dogs, which have recurrent contact with tick-infested animals and the vegetation where these can be found.

This work emphasizes the growing need for a “One Health” approach when it comes to emerging zoonotic disease control and prevention strategies, namely in Lyme borreliosis.

PRELIMINARY RESULTS OF DISTRIBUTION OF PHLEBOTOMINE SAND FLY (DIPTERA: PSYCHODIDAE) VECTORS IN EXTREMADURA, SOUTHWEST OF SPAIN.*

Bravo-Barriga D¹; Afonso MO²; Blanco-Ciudad J¹; Maia C³; Cristóvão JM⁴; Campino L⁵; Pérez-Martín JE¹; Frontera E¹

¹Parasitology and Parasitic Diseases, Animal Health Department, Veterinary Faculty, University of Extremadura, Avda. de la Universidad s/n, 10071, Cáceres, Spain.; ²Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, IHMT-UNL. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL, Portugal (current a; ³Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL, Portugal (current affiliation). Centro de Malária e outras Doenças Tropicais, IHM; ⁴Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal.; ⁵Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, IHMT-UNL. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL, Portugal

Descrição:

In Spain, Phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae) are the vectors of leishmaniosis caused by *Leishmania infantum*, being the dogs the main reservoir, and *Phlebotomus perniciosus* and *P. ariasi* the proven vectors. Although Extremadura (southwestern Spain) is a canine leishmaniosis endemic area, with a prevalence between 15%-20%, there is a lack of up-to-date data on its sand fly fauna, and the last study dates from 1997. The aim of this work is to provide information about the phlebotomine species of Extremadura to obtain a map on the current distribution of *Leishmania* sand fly vectors.

During 2012-2013, sand flies were surveyed from different habitats using CDC miniature light-traps in 15 localities corresponding to 431 biotopes. Captured specimens were initially stored at -20°C and then in 70% ethanol for morphological identification. Specimens were identified following the characters described by Martínez-Ortega and Conesa-Gallego, (1987). Female identification was done by microscopic observation of the spermatheca, after the dissection and mounting of the three last abdominal segments in Marc-André solution. A total of 1,092 sand flies (both gender) were captured, 553 females were identified and five species detected with a relative abundance of: *P. perniciosus* (53.67%), *Sergentomyia minuta* (31.31%), *P. ariasi* (11.77%), *P. papatasi* (1.79%) and *P. sergenti* (0.89%). The last three species are for the first time reported in Badajoz, the most southern province of Extremadura. We are currently conducting the molecular detection of *Leishmania* species in all the females and blood meal identification in the engorged ones. The simultaneous presence of *P. perniciosus* and *P. ariasi* together with a known *L. infantum* reservoir can be considered as predictional risk factors for the occurrence of leishmaniosis outbreaks. All these results improve epidemiological knowledge of this parasitosis, which will be helpful for future health plans in the afore mentioned Spanish region.

* Study funded through the research project (IB10044) of the “Consejería de Economía, Comercio e Innovación”, (Extremadura, Spain).

* First author holds a fellowship from the Ministry of Education of Spain (FPU grant AP2010-5854). Work done during the stay in the GHMT in Lisbon, funded by Banco Santander, SA through program “JPI 2014”.

*C. Maia (SFRH/BPD/44082/2008) holds a scholarship from FCT, Ministério da Educação e Ciência, Portugal.

KEY WORDS: Sand flies, vectors, Extremadura, Spain.

INFESTATION OF NEMATODES IN PHLEBOTOMINE SAND FLIES (DIPTERA, PSYCHODIDAE) IN PORTUGAL AND SPAIN.*

Bravo-Barriga D¹; Afonso MO²; Blanco-Ciudad J¹; Maia C³; Cristóvão JM⁴; Mendes T⁵; Maurício IL⁶; Campino L⁷; Serrano FJ¹; Reina D¹

¹Parasitology and Parasitic Diseases, Animal Health Department, Veterinary Faculty, University of Extremadura, Avda. de la Universidad s/n, 10071, Cáceres, Spain.; ²Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, IHMT-UNL. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL (current affiliation); ³Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Centro de Malária e outras Doenças Tropicais, IHMT-UNL. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL (current affiliation).; ⁴Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal.; ⁵Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, IHMT-UNL. Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP),; ⁶Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, IHMT-UNL. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL (current affiliation); ⁷Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Portugal. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL (current affiliation).

Descrição:

Phlebotomine sand flies (Diptera, Psychodidae) are vectors of several important pathogens world-wide: arboviruses, *Bartonella bacilliformis* and particularly *Leishmania* spp. Entomopathogens have been described in phlebotomine sand flies, including protozoa, fungi, viruses, bacteria, nematodes, and mites. However, in the Iberian Peninsula information is scarce regarding the entomopathogens that infect sand flies.

Sand flies were caught by CDC miniature light traps, stored in 70% ethanol and morphologically identified using standard entomological keys (Pires, 1979; Branco *et al.*, 2013) for specimens collected in Portugal and by Martinez-Ortega and Conesa-Gallego (1987), for samples collected in Spain. Female sand flies were identified through microscopic observation of the spermatheca and males were identified by direct stereomicroscopic observation of the genitalia.

Nematodes were observed in the abdomen of two female *Phlebotomus perniciosus* and a male *Sergentomyia minuta* captured in Extremadura, Spain (2012-2013), and a female *S. minuta* captured in 2012 in the Algarve(Sotavento), Portugal. None of the females had recently blood fed. Molecular identification of the observed nematodes is under way and their role as pathogens is yet to be established.

Identification and studies of entomopathogenic nematodes could be important for the biological control of sand fly vectors in leishmaniosis endemic regions such as Portugal and Spain, considering that these nematodes are not harmful for non-target organisms and could be used instead of chemical insecticides that can cause unknown damage in the environment.

* Study funded through the research project (IB10044) of the “Consejería de Economía, Comercio e Innovación” of the Extremadura Government (Spain).

* First author holds a fellowship from the Ministry of Education of Spain (FPU grant AP2010-5854). Work done during the stay in the GHMT in Lisbon, funded by Banco Santander, SA

through program “Becas Iberoamérica. Jóvenes Profesores e Investigadores. Santander Universidades 2014”.

*Funding: This work was partially supported by EDENext (FP7-INCO-CT-2010-261504). C. Maia (SFRH/BPD/44082/2008) holds a fellowship from Fundação para a Ciência e a Tecnologia, Ministério da Ciência, Tecnologia e Ensino Superior, Portugal, and Strategic project.

Key words: Sand flies, nematodes, biological control, Iberian Peninsula.

SOCIODEMOGRAPHIC, RELIGIOUS AND ETHNIC INFLUENCES and the WILLINGNESS TO DONATE ORGANS: PORTUGUESE DIALOGUES WITH IMMIGRANTS FROM AFRICA

Clara Saraiva¹; Elisa Lopes²; Max Ramos³

¹Instituto de Investigação Científica Tropical e CRIA FCSH-UNL; ²FMUL; ³ICS-UL

Descrição:

Willingness to commit to posthumous organ donation has been shown to differ between cultures and sociodemographic characteristics. In Portugal death attitudes haven't been much investigated and even less among immigrants. This study explores differences in the willingness to donate organs among immigrants from Brazil, Cape Verde, and Guinea-Bissau. In this paper we will discuss some factors influencing the attitudes toward organ donation and other procedures with the dead body. Data derives from the project "The invisibility of death among immigrant populations in Portugal: vulnerabilities and transnational managements" a cross-sectional population-based study conducted among adults immigrants from Bangladesh, Brazil, Cape Verde, Guinea-Bissau, and China. These populations represent some of the most important groups of immigrants in Portugal and emphasize the heterogeneity of Portuguese immigration. Between November 2012 and February 2013 trained interviewers from the communities in study collected qualitative and quantitative data through face-to-face interviews, namely sociodemographic characteristics and health conditions, willingness to donate organs (subjects were asked if they would like to have their organs donated; 'yes', 'no', 'indifferent', 'don't know/don't answer') and other attitudes towards death. Logistic regression was performed to identify factors associated to willingness to donate organs in univariate and multivariate-adjusted models ($\alpha=0.05$, SPSSv21). Willingness to donate organs was higher among the Brazilian (82.9%) and the Portuguese (77.8%), comparing to the Guineans (59.0%) and the Capeverdians (56.9%). Univariate analysis showed an association between compliance with organs donation and age, educational level, being married, self-reported diseases and quality of life, religion (lower among the Muslims) and religion commitment. In the multiple regression, when adjusting to sociodemographic characteristics, health conditions and religion, higher education level, religion commitment and quality of life, remained associated to the willingness to donate organs. Models by country of origin highlighted differences inter-and intragroup. There were gender-based differences on organs donation among the Brazilians and Guineans. Age seems to be the most important variable for the explanation of the phenomenon among the Capeverdians and religion commitment among the Portuguese.

Avaliação do potencial da infeciosidade e caracterização da resposta imune de diferentes estirpes de *Trypanosoma cruzi* pertencentes aos grupos TcI, TcII e TcIII em modelo murino.

Cláudia Jassica Gonçalves Moreno¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Descrição:

Após um século da sua descoberta, a doença de Chagas causada por protozoário *Trypanosoma cruzi* representa uma das principais doenças tropicais negligenciadas em vários países da América Latina. A dificuldade de encontrar uma medida de controlo capaz de erradicar o parasita pode estar relacionada diretamente com a heterogeneidade das diferentes populações de *T. cruzi*. Deste modo pretendeu-se avaliar o potencial da infeciosidade e a caracterização da resposta imunológica em murganhos inoculados com três estirpes diferentes de *T. cruzi*, Bolívia, Y e QMM5 pertencentes respetivamente ao grupo TcI, TcII e TcIII. Para o estudo utilizou-se 4 grupos animais com 5 a 8 semanas, como grupo controlo foram utilizados animais saudáveis (n=3) e nos restantes grupos (n=10) foram inoculados com 1×10^5 parasitas/ml. Para a caracterização da resposta imune foram utilizados os soros dos murganhos inoculados com as estirpes de *T. cruzi* através do método de ELISA. Observou-se que todos os animais inoculados com as estirpes Bolívia, Y e QMM5 apresentaram anticorpos anti- *T. cruzi*. A resposta humoral gerada foi do tipo poliisotípica, com predomínio da produção dos anticorpos IgG e IgM anti- *T. cruzi*. Os murganhos apresentaram títulos de anticorpos IgG1 e IgG2a e IG3 anti- *T. cruzi*. A pesquisa de anticorpos anti- *T. cruzi* demonstrou a ocorrência da mudança de classe do anticorpo IgM para anticorpo IgG anti- *T. cruzi* no decorrer da infeção. A citocina IL-4 aumentou durante a fase inicial da infeção com diminuição na fase mais avançada da infeção, setenta dias pós infeção. Relativamente a produção do NO verificou-se, aumento durante a fase inicial e o declínio na produção durante a fase mas tardia da infeção sendo sugestivo da ação imunomodulatória na infeção por *T. cruzi* em todos os grupos. Finalmente, observou-se que os murganhos inoculados com a estirpe do grupo TcIII apresentaram perfil distintos na produção dos anticorpos em relação as duas outras estirpes.

Caracterização de anticorpos anti-Plasmodium spp. e imunoidentificação de antígenos de Plasmodium falciparum em amostras de plasma de indivíduos com estadias prévias em zona endémica de malária

Daniela Portugal-Calisto¹; Rosa Teodósio¹; Fátima Nogueira¹; Marcelo Sousa Silva¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Descrição:

Introdução: O desenvolvimento de imunidade protetora contra *Plasmodium* spp. requer repetidas exposições ao parasita. No entanto, não é claro o período de persistência dos anticorpos no sangue, quando o sistema imune do indivíduo deixa de ser estimulado pelo contacto com o parasita. Em estudos anteriores observaram-se anticorpos anti-*Plasmodium* spp. em indivíduos cujo último período de exposição ocorreu há 10 ou mais anos. Assim, o objectivo deste trabalho é caracterizar as imunoglobulinas (subclasses e tempo de persistência no sangue) e identificar as proteínas parasitárias responsáveis pela reatividade serológica, em indivíduos com estadias prévias em zona endémica de malária.

Métodos: Neste estudo foram incluídos 321 indivíduos com estadias em zona endémica de malária aos quais foi aplicado um questionário sobre o historial de viagens. As amostras foram avaliadas por ELISA para anticorpos totais anti-*Plasmodium* spp. Destas, as amostras com reatividade serológica foram caracterizadas quanto às subclasses de imunoglobulinas para *P. falciparum*, por ELISA. As amostras com reatividade serológica para *P. falciparum* foram utilizadas para a caracterização antigénica por *Western Blot*.

Resultados: Das 321 amostras obtiveram-se 76 com reatividade serológica para anticorpos totais anti-*Plasmodium* spp., das quais 11 foram serologicamente reativas para IgM e 51 para IgG total anti-*P. falciparum*. Neste último grupo foi estudado o perfil antigénico de *P. falciparum*: as proteínas com maior frequência de reatividade serológica encontram-se entre 50-80 kDa e 100-120 kDa. Do grupo de indivíduos com reatividade serológica para anticorpos totais anti-*Plasmodium* spp., 61,3% são indivíduos que regressaram de zona endémica nos 6 meses anteriores ao estudo, 6,7% regressaram 6 meses a 1 ano antes do estudo, 6,7% 2 a 9 anos antes do estudo e 25,3% são indivíduos regressados há 10 ou mais anos antes do início do estudo.

Conclusão: Os anticorpos anti-*Plasmodium* spp. podem permanecer detetáveis no sangue periférico muitos anos após o regresso do indivíduo de zona endémica. Torna-se, então, importante identificar as proteínas parasitárias responsáveis pela reatividade serológica, para se compreender a razão da permanência destes anticorpos em circulação vários anos após o regresso do indivíduo de zona endémica, bem como o papel das proteínas imunogénicas na imunidade da malária, podendo vir a ser importantes alvos no desenvolvimento de ferramentas de diagnóstico serológico ou de vacinas.

Consulta de regresso: avaliação de risco e doença em missão e impacto na aptidão física de militares.

Diana Fernandes¹; Sara Grazina Dias²; Helena Feliciano¹; Susana Cortinhal¹; Tânia Joaquim¹

¹Centro de Epidemiologia e Intervenção Preventiva - Hospital das Forças Armadas; ²Hospital das Forças Armadas

Descrição:

Introdução: Os militares quando em missões individuais, sem equipa de saúde ou outras estruturas de apoio, estão mais expostos a riscos ambientais. Apesar das medidas de prevenção primária instituídas e ensino para a saúde, comportamentos individuais de risco podem ter impacto na aptidão física do militar.

Objetivo: Avaliar a adesão às medidas, assim como sintomas e limitações da saúde durante a missão e após o regresso.

Métodos: Avaliação analítica retrospectiva dos inquéritos individuais dos militares avaliados no Centro de Epidemiologia e Intervenção Preventiva/HFAR em consulta de regresso durante 2014, após amostragem aleatória.

Resultados: Dos 1309 militares em missão individual durante o ano de 2014, 387 foram observados no regresso. Foram aleatorizados 72 indivíduos. Os destinos mais frequentes foram Guiné-Bissau (n=15) e Angola (n=11), com uma média de duração de estadia de 192 dias. À data da partida, o plano de vacinação proposto encontrava-se incompleto em 6 militares. Apenas 25 dos 55 militares a quem foi proposta quimioprofilaxia da malária referiram ter cumprido de acordo com indicação, sendo que apenas 3 dos restantes suspenderam por iatrogenia. Das medidas de prevenção da picada, a maioria utilizou ar condicionado (n=64) e repelente de insetos (n=49). Foram reportados 4 episódios de malária e 3 de dengue. Dos contactos ambientais, verificou-se exposição residual a cursos de água doce (n=4) e mordedura de animais (n=4). Os riscos alimentares mais reportados foram consumo de saladas (n=51), gelo (n=39) e alimentação de rua (n=27). 32 militares referiram episódios de diarreia. Verificou-se 1 evacuação médica por patologia psiquiátrica. Apenas 1 militar reportou condição física aceitável após o regresso, os restantes reportaram boa ou muito boa condição física.

Conclusão: Existe uma adesão limitada a quimioprofilaxia da malária. A adesão às medidas de prevenção da picada, poderá justificar a baixa taxa de incidência de doença, apesar de estadias prolongadas. Os cuidados alimentares têm menor adesão, justificando a elevada taxa de diarreia e podendo estar relacionado com confiança adquirida ao longo da missão.

Apesar de não haver impacto na aptidão física dos militares, será necessário reforçar o ensino e desmitificar comportamentos relativos a quimioprofilaxia da malária e cuidados alimentares.

Extratos e óleos essenciais de plantas aromáticas e medicinais aplicados ao controlo de mosquitos vetores

Diara K. Rocha¹; Olívia C. Matos²; Cristina Moiteiro³; A. Cristina Figueiredo⁴; Manuel Delgado⁵; Ana Amaro⁶; Maria C. Liberato⁷; Marilene Cabral⁸; Maria T. Novo⁹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, Universidade Nova de Lisboa, Rua Junqueira, 100, 1349-008 Lisboa, Portugal. diara@ihmt.unl.pt; ²Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Quinta do Marquês, Av. República, 2784-505, Oeiras, Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas-UNL, oliviamatos@sapo.pt, Portugal; ³Centro de Química e Bioquímica, DQB Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, Campo Grande, 1749-016, Lisboa, Portugal. cmmoiteiro@fc.ul.pt; ⁴Universidade de Lisboa, Faculdade de Ciências, DBV, CESAM, Centro de Biotecnologia Vegetal, C2, Campo Grande, 1749-016 Lisboa, Portugal. acfigueiredo@fc.ul.pt; ⁵Delegação do Ministério do Desenvolvimento Rural, MDR. Porto Novo, Santo Antão, Cabo Verde. nayssdelgado.83@gmail.com; ⁶Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, R. General Morais Sarmento S/N, 1500-011 Lisboa, Portugal. ana.amaro@iniav.pt; ⁷Instituto de Investigação Científica Tropical, Jardim Botânico Tropical, Lg. dos Jerónimos, 1400- 209 Lisboa; Ap.; m.c.liberato@sapo.pt; ⁸Universidade de Cabo Verde, Campus Palmarejo, Praia, Cabo Verde. marilena.cabral@docente.unicv.edu.cv; ⁹Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Unidade de Parasitologia e Microbiologia Médicas, Universidade Nova de Lisboa, Rua Junqueira, 100, 1349-008 Lisboa, Portugal. tenovo@ihmt.unl.pt

Descrição:

Diversos fatores têm contribuído para reemergência e prevalência de doenças transmitidas por vetores, nomeadamente alterações ambientais, resistência dos vetores aos inseticidas e dos agentes patogénicos aos fármacos, bem como o aumento de densidade e mobilidade da população humana [1, 2].

O presente estudo consistiu na avaliação das propriedades inseticidas de diferentes tipos de extratos de *Sambucus nigra* L., *Melia azedarach* L. e *Azadirachta indica* A. Juss. e de óleos essenciais (OEs) de *Foeniculum vulgare* Mill. e *Mentha pulegium* L. sobre culicídeos vetores de agentes patogénicos de malária e arboviroses, nomeadamente, *Anopheles arabiensis* Patton, 1905 e *Aedes aegypti* Linnaeus, 1762, existentes em Cabo Verde.

Os bioensaios inseticidas foram efetuados segundo a metodologia da Organização Mundial de Saúde e os OEs foram caracterizados por Cromatografia Gasosa e Cromatografia Gasosa acoplada a Espectrometria de Massa, sendo confirmada a identificação dos seus constituintes maioritários por Ressonância Magnética Nuclear [3].

Apenas o extracto de *S. nigra* em acetato de etilo revelou atividade sobre larvas do 3º estágio de *Ae. aegypti*. Estas foram mais suscetíveis aos OEs de *F. vulgare* de Cabo Verde e Portugal ($CL_{50} = 23,3$ e $28,2 \mu\text{l l}^{-1}$) comparativamente aos de *M. pulegium* ($CL_{50} = 136,1$ e $107,3 \mu\text{l l}^{-1}$). Dada a maior mortalidade induzida nas larvas, o OE de *F. vulgare* foi testado em adultos, observando-se correlação positiva entre concentração e mortalidade. O bioensaio deste OE em *An. arabiensis*, não revelou diferenças significativas comparativamente a *Ae. aegypti*. Os ensaios com os compostos maioritários deste OE evidenciaram existência de efeito sinérgico. A elevada

atividade larvívora do OE de *M. pulegium* indicou uma possível associação à presença de pulegona.

Foram observadas ao microscópio óptico alterações morfológicas em larvas expostas ao OE de *F. vulgare* e a um dos seus compostos maioritários, limoneno [3].

Este estudo permitiu pela primeira vez, avaliar a atividade insetívora de espécies de plantas de Portugal e Cabo Verde e permitiu também delinear futuros projectos de caracterização química de outras espécies de plantas de Cabo Verde.

Agradecimentos: D. K. Rocha agradece o apoio financeiro da Fundação Calouste Gulbenkian, no âmbito do Programa “Doenças Tropicais Negligenciadas” para Licenciados dos PALOP/ Bolsa de Doutoramento. À Fundação para a Ciência e a Tecnologia pelo Pest-OE/EQB/LA0023/2011 e Pest-OE/QUI/UI0612/2013.

Aspectos epidemiológicos da doença de Chagas aguda na Amazônia brasileira

Elenild de Góes Costa¹; Ednei C. C. Amador²; Soraya O. Santos³; Mayira S. Milano⁴; Dilma S. M. Souza⁵; Erica Tatto⁶; Marco Takashi Obara⁷; Francisco de Assis Costa⁸; Rui M. S. Póvoa⁹

¹Universidade Federal de São Paulo e Secretaria de Saúde Pública do Pará; ²Secretaria de Saúde Pública do Pará, Brasil; ³Ministério da Saúde, Brasil; ⁴Ministério da Saúde, Venezuela; ⁵Faculdade de Medicina - Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil; ⁶Pesquisadora Independente - Rio Grande do Sul, Brasil; ⁷Faculdade de Ceilândia/Universidade de Brasília, Brasília-Distrito Federal, Brasil; ⁸Universidade Federal de Alagoas, Brasil; ⁹Disciplina de Cardiologia-Escola Paulista de Medicina-Universidade Federal de São Paulo, São Paulo-Brasil

Descrição:

INTRODUÇÃO: A doença de Chagas infecta cronicamente de oito a 14 milhões de pessoas na América Latina. O agente etiológico é o *Trypanosoma cruzi*, transmitido por via vetorial, transfusional, congênita e oral, entre outras. A transmissão oral ocorre pelo consumo de alimentos contaminados com triatomíneos ou suas fezes ou pela ingestão de carne crua ou mal cozida de hospedeiros mamíferos silvestres infectados. Entre os alimentos contaminados destaca-se o açaí no contexto de surtos de transmissão oral na Amazônia. O açaí é um fruto de palmeira da família *Euterpe oleracea*, encontrado em toda bacia amazônica e consumido como bebida pela maior parte da população desta região. **OBJETIVO:** Avaliar a situação epidemiológica da doença de Chagas aguda (DCA) no Estado do Pará no período de sete anos. **METODOLOGIA:** A amostra foi constituída por 94 municípios selecionados pelo Plano de Intensificação das Ações de Controle da Doença de Chagas e a estratificação baseou-se no histórico de ocorrência de casos agudos de 1997 a 2007, e pelo recebimento de incentivos estaduais e federais ao plantio de açaí. Estes municípios representam 79,7% da população do Estado. O diagnóstico de DCA foi firmado segundo as recomendações do Guia de Consulta Rápida para Profissionais de Saúde do Ministério da Saúde, considerando critérios parasitológicos, sorológicos e clínico-epidemiológicos. Foi utilizado como banco de dados o Sistema Nacional de Agravos de Notificações (SINAM) que é baseado na avaliação das Fichas de Investigação de DCA. O banco foi analisado em Programa Excel versão 2007. **RESULTADOS:** Constatamos que em sete anos, 977 casos de DCA foram confirmados no Pará. Deste total, 68,4% ocorreu por transmissão oral e em 28,6% o açaí foi o alimento implicado. Em ambos os sexos, a faixa etária envolvida foi de 20 a 59 anos e o diagnóstico foi confirmado laboratorialmente em 98,1% dos casos. **CONCLUSÃO:** Os dados oficiais do governo apontam para uma grave situação epidemiológica desta doença emergente e negligenciada, caracterizando o Pará como área endêmica para doença de Chagas.

Cenário atual da malária e o papel de Farmanguinhos/Fiocruz na produção de fármacos e medicamentos

Erika Martins de Carvalho¹; Márcia Coronha Ramos Lima¹

¹Farmanguinhos/Fiocruz

Descrição:

A malária é uma das protozooses mais conhecidas no mundo presente em praticamente todas as regiões tropicais e subtropicais do mundo. Estima-se que a cada ano cerca de 300 milhões de casos novos de malária e 1-2 milhões de óbitos ocorram em todo o mundo. No Brasil, a região amazônica concentra 99,8% do total de casos (2000-2011) atingindo primordialmente a população brasileira de baixa renda. Nos últimos anos houve um decréscimo da ocorrência da doença, em função das campanhas de erradicação. Porém, a notificação de 18 casos de malária nos primeiros três meses do ano (2015) na região da Mata Atlântica (Rio de Janeiro), considerada até então de baixo risco, revela que o controle da doença ainda não é estável. Portanto, uma total atenção dos órgãos governamentais para o controle e combate da doença torna-se imperativa. E, é imprescindível a permanência da malária na agenda política de saúde nacional bem como o investimento contínuo na pesquisa, no desenvolvimento tecnológico e na inovação de insumos farmacêuticos. Neste contexto, destacam-se duas inovações de Farmanguinhos: a primeira, um medicamento denominado ASMQ que consiste na combinação de dose fixa de artesunato e mefloquina já certificado pela OMS; a segunda, o sal híbrido MEFAS que é resultante da combinação dos mesmos insumos do ASMQ. O MEFAS tem como vantagem o fato de consistir em único IFA que apresenta menos efeitos colaterais e cura a malária com metade da dose do ASMQ. A abordagem etnofarmacológica também é empregada na busca de novos antimaláricos. Por exemplo, foram identificadas diversas espécies da biodiversidade brasileira com atividade antimalárica experimental, com destaque para as espécies *Bidens pilosa* e *Simaba amara*. Entretanto, o desenvolvimento de novos medicamentos é complexo longo e dispendioso, sobretudo em países em desenvolvimento como o Brasil. Isto fica claro quando na base de dados Thomson Reuters Integrity empregando-se a palavra “Malaria” encontrou 4.313 medicamentos em potencial, sendo que em 98,2% a pesquisa foi encerrada, e somente 1,7% continuam em desenvolvimento. Como conclusão, apesar de todas as práticas preventivas, o controle da malária tem sido transferido para a esfera da produção, desafiando o Brasil na transformação, no fortalecimento e no fomento da inovação para medicamentos, não só voltados contra a malária, mas como componente sistêmico da estrutura produtiva nacional.

A visão da Pró-Reitoria de Pesquisa da Unicamp no estímulo à pesquisa em doenças tropicais negligenciadas

Fernando Antonio Santos Coelho¹

¹Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)

Descrição:

As doenças tropicais atingem uma grande parcela da população mundial e constituem um problema de saúde pública de grande amplitude. Como essas doenças ocorrem em países de baixa renda per capita, os grandes conglomerados farmacêuticos mundiais não se interessam em desenvolver pesquisas com o objetivo de desenvolver novos e mais eficazes agentes terapêuticos para o tratamento dessas enfermidades. Uma das alternativas para a resolução desse problema seria a união de esforços envolvendo as universidades e os laboratórios farmacêuticos públicos.

Nesse trabalho vamos relatar os esforços realizados pela Unicamp, através da sua Pró-Reitoria de pesquisa com o objetivo de dar apoio e estimular pesquisas científicas na área das doenças tropicais negligenciadas.

Desafios ao Controlo Integrado de Doenças Transmitidas Por Vectores em Angola

Filomeno Fortes¹; Pedro Van-Dunem¹; Cani Pedro Jorge²

¹Ministério da Saude de Angola; ²Ministério da Saúde de Angola

Descrição:

As principais doenças transmitidas por vectores em Angola são: Malária, Tripanosomose Humana Africana, Oncocercose, Filaríose Linfática, Loa Loa e Schistosomose. Nos últimos anos confirmou-se a existência de Chikungunya e Dengue. Em 2014 o país sofreu uma epidemia de Dengue do tipo DNVE1.

A **Malária** é a principal causa de morbilidade. Todo o país é endémico, e tem como principais vectores o *Anopheles funestus*, *Anopheles gambiae* s.s, *Anopheles arabiensis* e *Anopheles melas*. O plasmódio *falciparum* é predominante, seguindo-se o plasmódio *vivax*. O diagnóstico, o tratamento e as medidas preventivas são as principais componentes estratégicas.

A **Oncocercose** tem como agente etiológico a *Onchocerca volvulus* transmitido pela mosca *Simulium*, endémica em 50,0% províncias e co-endémica com loase.

A **Tripanosomose Humana Africana** tem como agentes etiológicos o *Trypanosoma brucei gambiense* (7 províncias endémicas) e o *Trypanosoma brucei rhodesiense* (1 província endémica). O controlo é por despiste activo e luta antivectorial. Nos últimos anos a incidência da doença tem diminuído de forma drástica.

A **Schistosomose urinária** (*Schistosoma haematobium*), endémico em todo o país, com uma prevalência de 28% e uma abordagem por tratamento de massas.

A **Filaríose Linfática** cujo agente etiológico a *Wuchereria bancrofti*. não tem uma distribuição bem definida.

A organização do controlo das DTVs em Angola não está devidamente estruturada segmentando-se em Instituto Nacional de Combate e Controlo da Tripanosomose Humana Africana (ICCT), Programa Nacional de Controlo da Malária (PNCM) e Programa Nacional de Controlo de Doenças Tropicais Negligenciadas (PNCDTN). Quer o ICCT como o PNCM têm unidades de luta antivectorial independentes. O ICCT possui estrutura laboratorial própria enquanto que o PNCM e o PNCDTN são apoiados pelo Instituto Nacional de Saúde Pública. Esta organização não favorece uma utilização eficaz de recursos, um sistema de controlo vectorial integrado nem um único sistema de vigilância epidemiológica e pesquisa. A abordagem comunitária para as DTNs é adequada, no entanto a sua operacionalização poderá ser facilitada através da implementação do projecto de agentes comunitários “ADECOS”, em curso no país.

Efeito larvicida de extractos aquosos de resíduos de café, em duas espécies de Anopheles (Diptera: Culicidae)

Flávia Ribeiro¹; Gonçalo Alves¹; Gonçalo Seixas¹; Carla Brazinha²; Carla A. Sousa¹

¹GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ²LAQV, REQUIMTE, Departamento de Química, Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Descrição:

A (re-)emergência de doenças transmitidas por mosquitos, tais como malária ou dengue, é actualmente um dos maiores problemas de saúde a nível mundial, devido à elevada mortalidade e morbidade que causam, maioritariamente, em regiões tropicais e subtropicais¹. O uso de inseticidas continua a ser a estratégia mais utilizada no controlo dos insetos vetores destas doenças. Contudo, devido ao uso excessivo destes químicos, os níveis de resistência dos mosquitos aos inseticidas tem vindo a aumentar. Assim, é necessário procurar novas estratégias para reduzir as populações de vetores de forma sustentável e economicamente viável, especialmente, em países em desenvolvimento².

Perante esta situação, e de forma a encontrar alternativas aos químicos já existentes, testou-se o efeito inseticida de extratos obtidos através de resíduos provenientes da indústria de café. Para a obtenção destes extratos recorreu-se a processos de separação com o uso de membranas sintéticas, através de ultrafiltração, que mostraram ser bastante eficientes por apresentarem: (i) menor consumo energético; (ii) menos etapas de separação, e; (iii) melhor qualidade do produto face aos processos convencionais³. Foram obtidos extratos em bruto com concentrações de fenólicos totais de 1337 ppm entre quais 231 ppm correspondentes a cafeína. Após processamento, obteve-se extratos fracionados com concentrações de 543 ppm e 185 ppm, de fenólicos totais e cafeína, respetivamente.

Efetuuou-se bioensaios padronizados OMS de sensibilidade aos insecticidas em larvas de 4º estado de *Anopheles gambiae* Giles, 1926 e *Anopheles atroparvus* Van Thiel, 1927, respectivamente, o principal vetor de malária em África e o antigo vetor desta doença na Europa. Foram testados extratos brutos e fracionados. As taxas de mortalidades com o extrato bruto foram de 100% para *An. gambiae* e de 96% para *An. atroparvus*. Com o extrato fracionado, as mortalidades foram de 99% e de 54% para *An. gambiae* e *An. atroparvus*, respetivamente. Com estes ensaios preliminares, conclui-se que extratos obtidos do reaproveitamento de resíduos de café podem ser uma promissora alternativa aos inseticidas atuais. No entanto, a metodologia utilizada necessita de ser aperfeiçoada para obter extratos mais concentrados e consequentemente com maior efeito larvicida.

Referências

1. WHO. World Malaria Report 2013 pp. 67
2. WHO. Global strategic framework for Integrated vector Management. (2004) pp.12

Mulder, M. "Basic Principles of Membrane Technology" (1996) pp.4-6

Immunological characterization of sera samples from chronic Chagasic patients living in Europe

Hiliana Aristizabal¹; Jailson Brito Querido²; Joana Monteiro²; Cláudia Moreno²; Aline Rimoldi³; Eva Dopico Ponte⁴; Marcelo Sousa Silva⁵

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical Universidade NOVA de Lisboa; ²GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³UNICAMP – Universidade Estadual de Campinas - Brazil; ⁴Laboratori Clínic L'Hospitalet, Catalan Institute of Health, Barcelona – Spain; ⁵GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Programa de Pós-graduação em Bioquímica, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal – Brazil

Descrição:

Background: Chagas disease is caused by a protozoan parasite called *Trypanosoma cruzi*. This disease was originally confined to rural areas of Central and South America where it is endemic because of the presence of its vector, the triatomine bug. However, the migration of potential *T. cruzi* carriers from endemic Latin American countries to other continents has made Chagas disease a public health problem in non-endemic countries, where the main routes of transmission are blood transfusion, organ transplantation and from mother to child during pregnancy. In Europe it is estimated that more than 100,000 people are infected with *T. cruzi*, nevertheless only 5% have been diagnosed. Therefore, correct and timely diagnosis has become a major challenge for surveillance systems in non-endemic countries.

Methods: This study analyzed immune reactivity of sera from chronic Chagasic patients living in Europe, using two available commercial ELISA kits (ORTHO[®] *T. cruzi* ELISA Test System and REM[®] Gold ELISA *T. cruzi* IgG), and in-house ELISA anti *T. cruzi* IgG which was optimized in this study. After that, predominant immunogenic antigens for the chronic stage of the disease were identified by western blotting.

Results: The ORTHO *T. cruzi* ELISA kit had better performance when compared to Gold *T. cruzi* ELISA or in-house *T. cruzi* ELISA. Furthermore, the most reactive sera in ELISA were used to identify the predominant immunogenic antigens during chronic stage of the infection with *T. cruzi*. These proteins were classified into four groups based on their molecular weight: Group 1: 20-15 kDa band, Group 2: 30-25 kDa band, Group 3: 50-40 kDa band and Group 4: 80-125 kDa band.

Conclusion: The Ortho ELISA kit seems to be the most suitable kit for the detection of anti-*T. cruzi* antibodies in non-endemic areas for Chagas disease. It is important to carry out future research on the most reactive antigens to figure out the importance of these proteins during the chronic stage of the infection, which could be important in the development of new diagnostic kits for Chagas disease screening in non-endemic countries.

Malária- Experiência de 3 anos

Jemima Sala Patrocínio¹; Jandir Patrocínio¹; Ester Freitas¹; Fernando Aldomiro¹

¹Hospital Fernando Fonseca

Descrição

A Malária é uma das doenças infecciosas mais importantes a nível mundial, responsável por mais de 1 milhão de mortes por ano.^[1] Causada pelo parasita do género *Plasmodium*, sendo endémica em países tropicais. Com o aumento da migração e principalmente das viagens intercontinentais, a sua incidência tem vindo a aumentar em países não endémicos, resultando na chamada Malária importada. Dados da Direção Geral de Saúde revelam que em Portugal foram notificados 58 casos em 2011. Os autores realizaram um estudo retrospectivo, analisando os processos clínicos de todos os doentes internados com diagnóstico de Malária entre Janeiro de 2012 e Dezembro de 2014. Os parâmetros avaliados foram: idade; sexo; proveniência do doente; profilaxia; forma de apresentação; espécie do *Plasmodium*; presença de disfunção de órgão; terapêutica instituída; complicações associadas ao tratamento; tempo de internamento e taxa de mortalidade. Foram incluídos 69 doentes, com idade média de 38,8 anos (6 – 76 anos) - a moda foi de 7 e a mediana 40,5. Houve predomínio do sexo masculino (75.3%) e o tempo médio de internamento foi de 6,5 dias (1-17dias) A maioria dos doentes eram provenientes de Angola, e apenas 1,4% de doentes tinham feto profilaxia. A manifestação clínica mais frequente foi a febre (94% dos casos), seguido pelas mialgias e cefaleias, ambas com 28,9%. A média da parasitémia na admissão foi de 2,7% (0,1-18,4%). Relativamente a espécie, 94,2% dos casos foram por *P. falciparum*, seguido de *P. vivax* com 2,8%. Em termos de disfunção de órgão, a mais frequente foi a hematológica (92,7%), seguido pela disfunção renal (34,7%). Dos doentes admitidos, 10,1% tiveram critérios de Malária grave. O esquema terapêutico mais utilizado foi quinino + doxiciclina (73,9%). Como complicação secundária á terapêutica, identificou-se a hipoacusia, presente em 2,8% dos casos. Nesta série não houve óbitos, e 60,8% dos casos foram referenciados para a consulta externa. Estes dados refletem a prevalência de casos de Malária na área de referência do nosso Hospital, com uma população imigrante muito importante. Um elevado índice de suspeição, principalmente em doentes que apresentam febre alta e história de viagens recentes a zonas endémicas, é fundamental para permitir um diagnóstico atempado e a instituição de terapêutica apropriada, conseguindo desta forma diminuir a mortalidade.

^[1]Rosenthal P. Artesunate for the treatment of severe Falciparum Malaria. The New England Journal of Medicine 2008

How successful is the *Ehrlichia canis* transstadial transmission in *Rhipicephalus sanguineus* ticks?

Joana Ferrolho¹; Sandra Antunes²; Marcos André³; Gustavo Serón³; Rosângela Zacarias Machado³; Gervásio Henrique Bechara³; Ana Domingos²

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ²Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista

Descrição:

Rhipicephalus sanguineus, the brown dog tick, is the most widespread tick in the world, has a remarkable host preference for dogs, but infestations occur also on other mammals, as humans. *R. sanguineus* is the natural vector of *Ehrlichia canis*, the aetiological agent of canine monocytic ehrlichiosis. Under experimental conditions, *R. sanguineus* ticks are capable of both intrastadial and transstadial acquisition and transmission of *E. canis* to susceptible dogs. To date, no data is available describing the efficiency of *E. canis* transstadial transmission in the salivary glands amongst *R. sanguineus* stages. Thus, an *in vivo* experiment was conducted to determine the prevalence of *E. canis* infection in the salivary glands after *R. sanguineus* female nymphs moult into adults.

Two 8-week old German shepherd dogs were used after pathogen-free confirmation. For infection, one dog was inoculated intravenously with *E. canis* Jaboticabal strain from infected whole blood and DH82 cells. The unexposed control was inoculated with PBS alone. One-thousand five-hundred *R. sanguineus* nymphs were placed on each animal, distributed in tick feeding chambers, and allowed to feed until the drop-off. The engorged nymphs were collected and maintained under laboratory conditions to moult into adults. Individual salivary glands were excised and after DNA extraction, each sample was tested for the presence of *E. canis* by qPCR targeting separately a fragment of the *dsb* and the *16S* rRNA using dual-labelled fluorescent TaqMan probe.

A total of 60 salivary glands were tested, from which 50 were obtained from female adult ticks fed on the *E. canis*-infected dog and 10 from the uninfected dog. qPCR results have shown a prevalence of infection of approximately 4% and 10%, when targeting the *dsb* and the *16S* rRNA genes, respectively. Using a 10-fold serial dilution, the qPCR efficiency was confirmed to be above 90%. Given that no *E. canis* transovarial transmission occurs, the low prevalence of *E. canis* in the salivary glands after transstadial transmission might suggest a poor pathogen adaptation to its natural vector. Furthermore, few studies highlight that *E. canis* is transmitted to the vertebrate host in just a few hours; and that a low number of infected ticks is enough for a successful transmission of the pathogen to the vertebrate host. The results here reported contribute for a better understanding of the *E. canis* infection strategy.

Anaplasma marginale, Theileria equi and Theileria annulata pathogens identified in the two-host tick Rhipicephalus bursa, in Portugal

Joana Ferrolho¹; Sandra Antunes²; Rita Velez³; Ana Sofia Santos³; Maria Margarida Santos-Silva³; Ana Domingos²

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ²Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³Centro de Estudos de Vetores e Doenças Infeciosas Dr. Francisco Cambournac, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge

Descrição:

Ticks are obligatory blood-sucking arthropod ectoparasites (Acari: Ixodida) of domestic and wild animals and humans, acting as vectors of different pathogens, such as fungi, viruses, protozoa and bacteria. The incidence of tick-borne diseases is rising worldwide challenging our knowledge regarding the diagnosis, treatment and control options.

Rhipicephalus bursa (Canestrini and Fanzago, 1978) is a two-host tick widely distributed in the Mediterranean of the Palearctic region, that can be found in a variety of vertebrate hosts such as goats, cattle, equines, dogs, gazelles, hares, deers and sporadically humans. This tick species is known to transmit *Babesia ovis*, *B. bigemina*, *B. caballi*, *B. equi*, *Theileria ovis*, *T. equi* and *T. annulata*, among others, in several countries.

In this study, we aimed to determine the presence of tick-borne pathogens among *R. bursa* ticks collected in Portugal.

From 2007 to 2014, ticks were removed from domestic animals or collected by flagging or dragging the vegetation in different Portuguese regions. After species identification and separation by instars, DNA was extracted from 260 *R. bursa* ticks and tested by PCR for the detection of tick-borne pathogens including *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Theileria* spp., *Babesia* spp. and *Coxiella burnetii*.

Amplicon sequencing confirmed the presence of *Anaplasma marginale*, *T. annulata* and *T. equi*, amongst the ticks analysed. This is the first report confirming the presence of *T. annulata* and *T. equi* in *R. bursa* ticks feeding on domestic animals, in Portugal.

Confirmation of the presence of *Anaplasma* and *Theileria* in *R. bursa* ticks in some areas of Portugal is of extreme importance, once both pathogens exert great impact in animal health, affecting animal production and trading. Our findings contribute for a better understanding of the *R. bursa* vector role in Portugal, essential to consider when planning future effective control strategies.

PRIMEIRO CASO DE ÓBITO POR DOENÇA DE CHAGAS AGUDA POR MIOCARDITE E MENINGOENCEFALITE NO ESTADO DO AMAZONAS BRASIL: RELATO DE CASO

João Marcos Barbosa-Ferreira¹; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra²; Maurício Borborema³; Tomas Maria Porcuna³

¹Hospital Universitario Francisca Mendes, Manaus, Amazonas, Brasil; ²Universidade do Estado do Amazonas; ³Fundação de medicina Tropical Heitor Vieira Dourado

Descrição:

INTRODUÇÃO: A doença de Chagas aguda (DCA) tem se tornado um diagnóstico frequente na região amazônica. Sua evolução e gravidade é pouco conhecida nos dias atuais. Descrições prévias sugerem uma maior gravidade da doença em crianças. Neste relato, descrevemos um caso de óbito em criança de três meses por DCA complicada por miocardite e meningoencefalite.

RELATO DO CASO: Criança de sexo masculino, três meses de idade, procedente do município de Coari, estado do Amazonas, apresentou quadro agudo febril e surgimento de lesão nodular e eritematosa em antebraço esquerdo, sugestiva de chagoma de inoculação. No exame de gota espessa, foi evidenciada presença de *Trypanosoma cruzi* e iniciado tratamento para DCA com Benznidazol. Na primeira semana de evolução, a criança apresentou quadro de convulsões tônico-clônicas e dispneia. Apresentou eletrocardiograma com baixa voltagem dos complexos QRS no plano frontal e ecocardiograma com derrame pericárdico moderado e disfunção sistólica ventricular com fração de ejeção de VE de 40%. No exame de líquido, foi identificada a presença de *T. cruzi* (linhagem TcI). Não houve resposta ao tratamento de suporte e tratamento para DCA, com evolução para óbito.

CONCLUSÃO: Foi descrito caso de óbito por meningoencefalite e provável miocardite por DCA em criança de três meses. Este caso reforça a característica de maior gravidade da DCA em crianças e a necessidade de medidas efetivas de prevenção da doença

ALTERAÇÕES CARDÍACAS NA FASE CRÔNICA DA DOENÇA DE CHAGAS EM PACIENTES AUTÓCTONES DA AMAZÔNIA: SÉRIE DE CASOS DE 2007 A 2015

Jorge Augusto de Oliveira Guerra¹; Bruna Valessa Moutinho²; Ketlen Nascimento Costa²; Danny Andrey Belém Gama³; Cíntia Araújo Pereira³; Simão Gonçalves Maduro²; Lígia Heinrichs Freitas³; Thayana Braga Marques³; João Marcos Barbosa-Ferreira²; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra⁴

¹Fundação de Medicina Tropical Heitor Vieira Dourado; ²Hospital Universitário Francisca Mendes; ³Universidade Federal do Amazonas; ⁴Fundação de medicina Tropical Heitor Vieira Dourado

Descrição:

INTRODUÇÃO: A doença de Chagas (DC) tem apresentado redução em sua incidência nas áreas tradicionalmente endêmicas do Brasil. Na Amazônia, por outro lado, tem-se tornado um diagnóstico mais frequente, com características epidemiológicas e clínicas peculiares. Pela presença de cepas silvestres de *Trypanosoma cruzi*, a morbidade da DC na Amazônia tem se mostrado menor que em outras regiões. Raros casos de cardiopatia chagásica grave têm sido descritos e, até o momento, nenhum caso de forma digestiva foi diagnosticado na região. O objetivo deste trabalho foi descrever as alterações cardíacas em pacientes com cardiopatia chagásica crônica (CCC) autóctones da Amazônia. **MÉTODOS:** Trata-se de um estudo descritivo, de pacientes com diagnóstico de CCC atendidos no Hospital Universitário Francisca Mendes (referência no atendimento público em cardiologia na cidade de Manaus, Amazonas) entre 2007 e 2015. Foram realizados exame clínico, eletrocardiograma, ecocardiograma e Holter 24 horas. **RESULTADOS:** Foram avaliados 14 pacientes, sendo a maioria do sexo masculino (79%) e com média de idade de 47 anos. Segundo a classificação da I Diretriz Latino-Americana para o Diagnóstico e Tratamento da Cardiopatia Chagásica, sete pacientes (50%) encontravam-se na classe B1; três pacientes, na classe C (21%) e 4 pacientes, na classe D (29%). Os achados mais frequentes foram alterações de repolarização ventricular (35,7%) no eletrocardiograma, aneurisma apical (42,3%) no ecocardiograma e extrassístoles ventriculares frequentes (64,3%) no Holter 24 horas. A média da fração de ejeção de VE foi de 45%. Sete pacientes apresentaram fração de ejeção abaixo de 40%. Houve diagnóstico de distúrbios de condução como bloqueio átrio-ventricular avançado e necessidade de implante de marcapasso em um paciente, morte súbita abortada por taquicardia ventricular sem pulso com necessidade de cardiodesfibrilador implantável em um paciente e dois casos de acidente vascular isquêmico. Três pacientes evoluíram para óbito neste período (21%). **CONCLUSÃO:** Apesar da menor morbidade da DC na região amazônica, os raros casos descritos sugerem alterações semelhantes às encontradas em outras regiões. Além disto, a evolução de pacientes com forma arritmogênica, bloqueio átrio-ventricular avançado, fenômenos tromboembólicos e cardiomiopatia dilatada demonstra a gravidade da doença na região.

Infecção Natural por *Trypanosoma cruzi* em hospedeiros vertebrados e invertebrados e identificação de fonte alimentar de triatomíneos coletados em ambiente silvestre e domiciliar em zona rural e urbana

Laylah Kelre Costa Magalhães¹; Henrique Silveira²; Suzane Ribeiro Preste¹; Laise Kelman Costa Magalhães¹; Nelson Ferreira Fé³; Marcel Gonçalves Maciel¹; Rubens Celso Andrade Junior¹; Clézia Cristina Ribeiro Roque⁴; Jorge Augusto de Oliveira Guerra⁵; Maria das Graças Vale Barbosa Guerra⁶

¹Universidade do Estado do Amazonas; ²Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³Fundação de Medicina Tropical Dr. Heitor Dourado; ⁴Universidade Paulista; ⁵ unidades relevantes para a epidemiologia molecular; ⁶Universidade do Estado do Amazonas e Fundação de Medicina Tropical Dr. Heitor Dourado

Descrição:

Na Amazônia a exceção de poucos relatos isolados, ainda não há domiciliação de triatomíneos vetores da doença de Chagas, zoonose endêmica e nativa das Américas, considerada um importante problema de saúde pública, não havendo portanto, o ciclo de transmissão doméstico, de seu agente etiológico, o *Trypanosoma cruzi*, um parasito que por sua diversidade genética, distribuição espacial e número de hospedeiros vertebrados e invertebrados, está classificada em seis unidades de tipagem discretas (DTU) ou linhagens TcI a TcVI. O objetivo desse estudo foi detectar e estimar a taxa de infecção natural de vetores e reservatórios silvestres pelo *T. cruzi* e a fonte de alimentação dos vetores, coletados em zona rural e urbana dos municípios de Manaus e Coari na Amazônia. O estudo foi realizado em áreas onde já foram registrados casos de Doença de Chagas aguda e crônica. Estimou-se a infecção natural e a variabilidade genética do *T. cruzi*, usando marcadores moleculares da região intergênica dos genes de mini-exon e mitocondrial citocromo oxidase subunidade II (COII). Foi realizada ainda, a identificação da fonte alimentar de triatomíneos pela técnica do ELISA. Foram capturados 105 espécimes de roedores e marsupiais sendo *Didelphis marsupialis* o mais abundante com 91(86%) espécimes e destes, 54(51%) foram identificados no clado TcI. Com relação aos vetores, foram capturados 262 triatomíneos, sendo 253(96%) no ambiente silvestre e 9(3,4%) no ambiente domiciliar. Foram identificadas as espécies *R. pictipes* 183 (70%) e *R. robustus* 70(26%) tanto no ambiente silvestre quanto domiciliar; e *Panstrongylus geniculatus* 5(2%), e *Eratyrus mucronatus* 1(0,5%) no intradomicílio; 94(37%) foram positivos para *T. cruzi* (TcI); e em 126(48%) triatomíneos foram registrados sangue de, roedores, cavalos, gambás e réptil, aves e tatus. Em *R. pictipes* e *P. geniculatus* registrou-se sangue humano. A estimativa de taxa de infecção natural por *T. cruzi* (TcI) de 51% em animais sinantrópicos e de 37% nos vetores, e a identificação de sangue humano em triatomíneos, encontrados no intradomicílio, reforça a necessidade de medidas preventivas do serviço de vigilância, para a população dessa região, considerada emergente, onde as pessoas estão sendo diagnosticadas com a infecção sem conhecer a doença, ou a dinâmica do ciclo de transmissão do *T. cruzi*.

Pesquisa de *Coxiella burnetii* em animais de companhia

Luís Raposo Duarte¹; Maria Margarida Alves²; Ana Sofia Santos¹

¹Centro de Estudos de Vectores e Doenças Infecciosas Dr. Francisco Cambournac (CEVDI), Instituto Nacional de Saúde Dr Ricardo Jorge, Av. da Liberdade 5, 2965-575 Águas de Moura; ana.santos@insa.min-saude.pt; a_s_p_s@vodafone.pt; Telefone: +351265938306; Fa; ²CBIOS - Research Center for Biosciences & Health Technologies. Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona, Campo Grande 376, 1749-024 Lisboa

Descrição:

A infeção por *Coxiella burnetii* é considerada uma zoonose emergente ou reemergente na Europa. Parte desta abrangência poderá ser atribuída à versatilidade do agente que é transmissível, tanto por intermédio de artrópodes vectores, sobretudo carraças, como por via aerogénea, por contato com animais infectados ou ambientes contaminados. No caso concreto da infeção do Homem, defende-se que sejam os ruminantes domésticos os principais implicados na transmissão de *C. burnetii*. Contudo, discute-se a existência de fontes alternativas de infeção, em especial em meio urbano onde o contato com espécies pecuárias é limitado, podendo os animais de companhia constituir uma fonte de infeção para o Homem. Para averiguar se *C. burnetii* é uma bactéria prevalente nestes animais, foram recolhidas, em 23 concelhos de Portugal continental, amostras biológicas diversas de 173 cadelas e de 134 gatas em contexto urbano. O DNA do agente foi pesquisado, por PCR *nested*, em 208 úteros, 167 amostras de sangue, 68 esfregaços vaginais, 24 placentas e 4 fetos/nados mortos. Anticorpos IgG anti-*C. burnetii* foram pesquisados por IFA no soro/plasma (N= 149). Em nenhuma das amostra estudadas foi possível identificar, de forma conclusiva, DNA de *C. burnetii*, embora três cadelas (4,3%) e seis gatas (7,5%) tenham sido seropositivas, apresentando títulos anti-fase II de 50-800 e anti-fase I de 50-400.

Em Portugal existem poucos trabalhos que tenham investigado a presença de *C. burnetii* em amostras de animais, centrando-se os existentes, quase exclusivamente, nos ruminantes. Assim, o presente trabalho constitui o primeiro estudo realizado em animais de companhia no nosso País. A ausência de infeções ativas nos animais rastreados é reforçada pela baixa seroprevalência encontrada, comparável à observada por outros autores em cães recolhidos no canil municipal de Setúbal. Em suma, esta investigação indica que a exposição a *C. burnetii* é baixa na população em estudo, apontando para que o papel dos cães e gatos na infeção humana, possa ser negligenciável. Salienta-se, no entanto, que em alguns grupos, nomeadamente nos animais reprodutores, é recomendável o rastreio deste agente no contexto de quadros de transtornos reprodutivos ou de fertilidade.

Estudo financiado pelo projeto PTDC/SAU-SAP/115266/2009.

Investigation of *pvmdr1* haplotypes in *Plasmodium vivax* populations at a Brazilian malaria reference center

Maria de Fatima Ferreira da Cruz¹; Larissa Gomes¹; Natalia Oliveira¹; Patricia Brasil¹; Claudio Tadeu Daniel Ribeiro¹

¹Fundação Oswaldo Cruz

Descrição:

The emergence of chloroquine *P.vivax* resistance (CQPvR) represents a hurdle to malaria control. Several studies have linked CQPvR to SNPs in the *pvmdr1* gene, but much work remains to irrefutably link these mutations with CQR. Thus, 49 *P. vivax* samples were submitted to direct DNA sequencing for PCR products containing *pvmdr1* T958**M**, Y976**F** and F1076**L** SNPs. Thirty-four (67%) showed nonsynonymous (T958**M**, Y976**F** and F1076**L**) mutations. Single mutation was detected in 23 isolates (70%), while 10 (30%) showed double mutations. In the isolates presenting single mutant haplotype, the great majority (18/55%) showed **MYF** profile contrasting with the **FF** one, which was found in only five isolates. The wild type was present in the Pará (54%), Acre (40%), Amazonas (33%) and Rondonia (23%) states. The **MFY** haplotype was recorded in Rondonia (77%), Amazonas (62%) and Acre (67%) although in Pará the **FF** single mutant was more frequent (80%) than the **MYF**. Double mutants presenting **FL** (12%) and **MYL** (20%) were seen in Amazonian and Extra Amazonian states and double mutant haplotype **MYL** was detected in all isolates from Extra Amazonia and in only one from the Amazon Basin. Considering that no treatment failure was observed in these patients we are tempting to conclude that these *pvmdr1* haplotypes are endemic in Brazil and could be related to diversity rather than to CQR. However, since CQ is co-administered with primaquine (PQ) and PQ can reverse CQ resistance, the extent to which CQ-resistant *P.vivax* currently represents could remain to be determined.

Supported by SVS/ Brazilian Ministry of Health; FAPERJ and CNPq

“Nested-PCR” de citocromo oxidase I para a deteção específica de *Fasciola sp.* e *Echinococcus granulosus*

Melissa Badrudin¹; Claudio Roque²; Isabel L. Mauricio³

¹ Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade Nova de Lisboa, ² Instituto de Higiene e Medicina Tropical/UPMM/GHTM, Universidade Nova de Lisboa; ³ Escola Superior de Saúde Dr. Lopes Dias, Instituto Politécnico de Castelo Branco; ³ Instituto de Higiene e Medicina Tropical/UPMM/GHTM, Universidade Nova de Lisboa

Descrição:

Fasciola hepatica e *Echinococcus granulosus* são, respetivamente, espécies de tremátodes e cestodes parasitas de gado bovino e ovino, com importância económica mas que também apresentam um risco para a saúde humana. *F. hepatica* tem moluscos gastrópodes anfíbios como hospedeiros intermediários, sendo a sua transmissão associada a zonas húmidas e a plantas onde enquistam as formas infetantes, as metacercárias. Por outro lado, *E. granulosus* tem caninos como hospedeiro definitivo que libertam ovos com as fezes e que por sua vez contaminam o solo e plantas e levando à infeção de rebanhos e manadas, assim como de humanos.

A deteção de formas infetantes iniciais em carcaças de bovinos e ovinos em matadouros, assim como a deteção de infeção por *F. hepatica* em moluscos e por *E. granulosus* em caninos, é particularmente importante para estabelecer taxas e distribuição de infeção por estes parasitas.

As técnicas moleculares são consideradas mais sensíveis do que as técnicas parasitológicas tradicionais. Anteriormente foi testada a amplificação por PCR de alvos genómicos nucleares (“internal transcribed spacer”) e mitocondriais (citocromo oxidase I - COI) através do uso de sequências iniciadoras genéricas que amplificam espécies diferentes e requerem sequenciação de DNA. Para aumentar a sensibilidade destas técnicas e permitir a identificação das espécies ou géneros dos parasitas em amostras biológicas, desenharam-se sequências iniciadoras específicas para amplificação específica através de “nested-PCR” de *F. hepatica* e *E. granulosus*. As técnicas revelaram-se 100 vezes mais sensíveis do que a técnica de PCR inicial e específicas para cada uma destas duas espécies.

Esta técnica de nested-PCR” com sequências iniciadoras específicas para espécie deverá permitir a pesquisa em amostras de moluscos de infeções por *F. hepatica* e amostras de fezes de caninos ou em amostras de fígado de gado bovino e ovino de *E. granulosus*. Assim, será possível um melhor conhecimento da epidemiologia destas espécies presentes em Portugal e melhor prevenção e controlo das patologias veterinárias e humanas.

Susceptibilidade aos antimicrobianos de estirpes de salmonella spp isoladas em amostras clínicas e Ambientais na cidade de Luanda, Angola

Moisés Francisco¹; Gisela Aleixo²; Alda Manuel¹; Andria Cassoma¹; Jorge Ramos²; Isabel Couto²; Constança Pomba³; Miguel Viveiros²

¹Instituto Nacional de Saúde de Angola e Departamento de Microbiologia da Faculdade de Medicina da Universidade Agostinho Neto, Luanda, Angola; ²Grupo de Micobactérias, Unidade de Microbiologia Médica, Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³Centro Interdisciplinar de Investigação em Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Técnica de Lisboa

Descrição:

A resistência antimicrobiana é um assunto de grande interesse para a saúde pública e amplamente estudado em todos os géneros bacterianos, sobretudo entre agentes responsáveis por doenças epidémicas como a febre tifóide. A incidência de surtos contribuiu para o aumento abusivo da administração errónea de antimicrobianos facilitando assim surgimento de estirpes bacterianas resistentes. Este trabalho avaliou a susceptibilidade aos antimicrobianos de 38 estirpes de *Salmonella spp* isoladas em amostras clínicas (n=34) e ambientais (n=4) na cidade de Luanda durante 2014. Todos isolados apresentaram multi-resistência a pelo menos 4 antimicrobianos. As 38 estirpes não apresentaram resistência a Imipenem. Das 26 estirpes de *Salmonella typhi* testadas 1(2.6%) apresentou resistência à ciprofloxacina e 3(7.89%) ao sulfametoxazol. Do total das 38 estirpes testadas 30(78.9%) foram resistentes ao ácido nalidixico; 34 (89.4%) foram resistentes ao cloranfenicol enquanto que 35(92%) apresentaram resistência à tetraciclina. No conjunto dos 38 isolados estudados foram observados 9 padrões diferentes de resistência.

Em conclusão, os resultados apresentados neste trabalho sugerem uma constante monitorização de resistência aos antimicrobianos em *Salmonella spp* para melhor orientar o tratamento destas infecções. É importante realçar que o quadro de resistências apresentado nestes resultados, ainda não compromete as escolhas terapêuticas de primeira e segunda linha já estabelecidas nas recomendações internacionais. A resistência intermédia (RI) observada em algumas estirpes de *Salmonella typhi* para alguns antimicrobianos como o ácido nalidixico, ampicilina, cloranfenicol, ceftriaxona e tetraciclina deve ser vista como uma linha indicadora de alerta para a vigilância das resistências e para a necessidade de controlo sanitário e clínico-epidemiológico das Salmoneloses em Angola.

Resistência aos fármacos antimaláricos e diversidade genética de populações de *P. falciparum* da Guiné Equatorial continental

Mónica Guerra¹; Rita Neres¹; Patrícia Salgueiro¹; Cristina Mendes¹; Nicolas Ndong-Mabale²; Pedro Berzoza³; Bruno de Sousa⁴; Ana Paula Arez¹

¹Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal; ²Centro de Referência para el Control de Endemias, Instituto de Salud Carlos III, Bata, Guiné Equatorial; ³Centro Nacional de Medicina Tropical, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Espanha; ⁴Faculdade de Psicologia e de Ciências da Educação, Universidade de Coimbra, Portugal

Descrição:

A resistência de *Plasmodium falciparum* à maioria dos antimaláricos em uso é um dos maiores obstáculos ao controlo eficaz da malária. Fenómenos de resistência parasitária à terapia combinada na administração de artemisininas (ACT) foram relatados recentemente no Sudoeste Asiático, comprometendo os programas de controlo e eliminação da malária em todo o mundo. Na Guiné Equatorial, em que a malária continua a ser um dos principais problemas de saúde pública, a terapia com ACT como primeira linha de tratamento foi iniciada em 2009. Em 2013, foram coletados isolados sanguíneos de duas regiões da Guiné Equatorial continental, Miyobo e Ngonamanga. Os isolados positivos para *P. falciparum* foram genotipados para os genes *Pfcr1*, *Pfmdr1*, associados à resistência da cloroquina (CQ) e *Pfdhps* e *Pfdhfr*, associados à resistência à sulfadoxina-pirimetamina (SP). Para avaliar a diversidade parasitária foram genotipados microssatélites de *loci* neutros e flanqueantes dos genes *Pfdhfr* e *Pfdhps*. A avaliação da resistência à terapêutica ACT foi testada pela caracterização do *locus* “K13-propeller gene”. A prevalência da infeção malárica continua a ser elevada (69%). Em comparação com estudos anteriores, verificou-se um aumento da prevalência de mutações nos genes *Pfdhfr* e *Pfdhps* em particular a presença de quintuplos mutantes associados à falência clínica de SP, *Pfdhfr*: N51I+N59R+S108N com *Pfdhps*: A437G+K540E. A prevalência dos alelos resistentes à CQ: *Pfmdr1*: N86Y, *Pfcr1*: N75E e K76T diminuiu, provavelmente devido à substituição da CQ pela terapia ACT. Foi observada uma perda de diversidade genética associada aos microssatélites flanqueantes dos genes *Pfdhfr* e *Pfdhps* em comparação com os microssatélites neutros. A totalidade dos isolados analisados apresentou mutações pertencentes ao *Pfdhfr* triplo mutante, o que sugere um possível evento de “selective sweep” nesta região genómica. A região flanqueante *Pfdhps* apresenta uma diminuição da diversidade genética e um aumento da diferenciação genética sugerindo que ambas as regiões flanqueantes se encontram sob seleção positiva. A genotipagem do *locus* “K13-propeller gene” demonstrou variabilidade parasitária, sobretudo em Miyobo, com a presença da mutação A578S. As elevadas prevalências de resistência à SP resultam da pressão mantida pela sua prescrição no tratamento intermitente preventivo em grávidas. A monitorização das populações parasitárias nos vários países endémicos é fundamental no controlo e propagação da patologia.

Doença de Lyme no sul de Portugal: avaliação da relação entre hospedeiros domésticos (caninos e felinos) e vetor

Mónica Nunes¹; Carla Maia²; Teresa Carreira¹; António Paulo Almeida³; Lenea Campino²; Maria Luísa Vieira¹

¹UEI Microbiologia Médica – Grupo de Leptospirose e Borreliose de Lyme, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL); Global Health & Tropical Medicine (GHTM), IHMT, UNL.; ²UEI Parasitologia Médica – Grupo de Leishmanioses, IHMT, UNL;GHTM, IHMT, UNL.; ³UEI Parasitologia Médica – Grupo de Entomologia Médica, IHMT, UNL; GHTM, IHMT, UNL; ZRU, Department of Medical Virology, Faculty of Health Sciences, University of Pretoria.

Descrição:

A doença de Lyme (DL) é uma infeção multisistémica que afeta humanos e animais, causada por espiroquetas do complexo *Borrelia burgdorferi* sensu lato (*B.b.s.l.*). Estas bactérias são transmitidas por vetores (carrasças) do género *Ixodes*, em particular pela espécie *I. ricinus*. Este vetor é comum em zonas florestadas, mas devido às alterações climáticas e ecológicas, entre outras, pode também ser encontrado em parques urbanos. A DL é uma zoonose que circula entre as populações de reservatórios de animais silváticos, sendo os humanos infetados apenas ocasionalmente.

Segundo a OMS, a DL é a zoonose (re)-emergente mais comum na Europa. Em Portugal, a emergência da DL deve-se ao aumento da população de vetores, resultante do desenvolvimento agrícola e industrial, que induziram alterações nos ecossistemas, potenciando um maior contacto dos animais e humanos com vetores e/ou hospedeiros reservatórios.

O objetivo deste estudo foi pesquisar DNA de *B.b.s.l.* em 2187 carrasças coletadas no solo e no sangue de 1010 cães e 649 gatos (domésticos, de canis e errantes) oriundos do sul do país, de forma a estabelecer uma possível relação entre o vetor e os hospedeiros domésticos, e avaliar o risco de infeção humana.

A pesquisa de DNA de *B.b.s.l.* foi realizada usando dois protocolos de *nested*-PCR, tendo como alvos o espaço intergénico 5S(*rrf*)-23S(*rrl*) do rRNA e o gene *flaB* de *B.b.s.l.*.

O DNA de *B.b.s.l.*, foi detetado em 4% (83/2187) das carrasças coletadas e após sequenciação verificou-se maioritariamente homologia com *B. lusitaniae*, seguindo-se *B. burgdorferi* sensu stricto (*B.b.s.s.*) e *B. valaisiana*. O DNA de *B.b.s.l.* foi amplificado em 1,3% e 2,3% das amostras de cães e gatos respetivamente e destas, a sequenciação de oito amostras caninas e cinco felinas mostrou maior homologia com a espécie *B.b.s.s.*.

Verificou-se uma estreita relação entre o vetor de *B.b.s.l.* e os hospedeiros domésticos, pois as amostras positivas dos cães, gatos e carrasças provinham dos mesmos distritos (Lisboa, Setúbal e Algarve). Esta proximidade representa um elevado risco de exposição dos humanos às borrelíias, pois os animais ao frequentar zonas infestadas, podem transportar consigo carrasças infetadas para o seu habitat doméstico.

É assim crucial, a implementação de programas de vigilância epidemiológica, que permitam conhecer de forma eficaz a situação da DL em Portugal, de modo a responder-se mais

rapidamente aos desafios de controlo da doença, em animais domésticos, silváticos e ainda em humanos.

Laboratory fast direct detection and characterization of multi and poly drug-resistant tuberculosis in Guinea-Bissau

Paulo Rabna¹; Jorge Ramos²; Gema Ponce³; Lilica Sanca¹; Morto Mané¹; Ana Armada²; Diana Machado²; Fina Vieira⁴; Vitor F. Gomes⁵; Elisabete Martins⁴; Raffaella Colombatti⁶; Fabio Riccardi⁶; João Perdigão⁷; Joana Sotero⁷; Isabel Portugal⁷; Isabel Couto²; Jorge Atouguia³; Amabélia Rodrigues¹; Miguel Viveiros²

¹Instituto Nacional de Saúde Pública/Projecto de Saúde de Bandim (INASA/PSB), Bissau, Guiné-Bissau; ²Grupo de Micobactérias, Unidade de Microbiologia Médica, Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical; ³Unidade de Clínica Tropical, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (IHMT/UNL), Lisboa, Portugal; ⁴Hospital Raoul Follereau, Bissau, Guiné-Bissau; ⁵Ministério da Saúde/Programa Nacional de Luta contra a Tuberculose, Bissau, Guiné-Bissau; ⁶Aid, Health and Development-Onlus – Ahead-Onlus, Rome, Italy; ⁷Centro de Patogénese Molecular, URIA, Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

Descrição:

Tuberculosis (TB) is one of the major health problems in Guinea-Bissau (GB). With a population of approximately 1.6 million people, TB incidence rate is one of the highest in the world (242/100,000 inhabitants). A key factor in the management and treatment of TB patients is the laboratory rapid detection of TB and multidrug resistant TB (MDR-TB). In this manner, we aimed to evaluate the usefulness of the GeneXpert system used with the Xpert MTB/RIF assay, recently installed for the first time in GB, in the National Tuberculosis Reference Laboratory of GB, that can detect, within two hours, directly from patients' sputum samples, *M. tuberculosis* complex DNA and rifampicin resistance-conferring mutations, and evaluate and complement the scarce information about multi and poly drug-resistant *M. tuberculosis* complex strains circulating in GB, as well as to study the genotypic diversity within the sample of recovered isolates. Between May and December 2012, 100 tuberculosis patients diagnosed with positive acid-fast bacilli smear after two months of first-line anti-tuberculosis treatment, or in a retreatment situation were included in this study. The Xpert MTB/RIF assay was used for the detection of resistance to rifampicin. *M. tuberculosis* isolates recovered by BACTEC MGIT 960 system were tested for susceptibility to first and second line anti-tuberculosis drugs. The prevalence of MDR-TB was found to be 9 cases. Of these, 6 cases of confirmed MDR-TB cases had no past history of TB treatment and 3 cases were previously treated cases with anti-tuberculosis drugs. Extensively drug-resistant TB was not found among the sample studied. Molecular typing of the MDR-TB strains revealed recent transmission patterns of imported MDR strains. The Xpert MTB/RIF assay proved to be a very reliable method for the detection of rifampicin resistant *M. tuberculosis* complex strains directly from sputum samples. This system is technically simple and does not require specialized personnel or laboratory infrastructures and is suitable for low-resources countries when a regular source of electricity is available. The performance of the assay was very good throughout all analytic phases in the hands of technicians non-experienced with molecular diagnosis. Our findings showed a high prevalence of MDR-TB among patients with risk of MDR-TB and support the recommendations of the WHO for the use of the Xpert MTB/RIF assay for the initial diagnosis of individuals in this risk group.

Ixodídeos (Acari:Ixodida) em animais de produção no distrito de Portalegre: deteção molecular de agentes zoonóticos

Rita Velez¹; Ana Sofia Santos¹; Sandra Antunes²; Joana Ferrolho³; Daniel Bacellar⁴; Ludovina Padre⁴; Ana Domingos²; Maria Margarida Santos Silva¹

¹Centro de Estudos de Vetores e Doenças Infeciosas Dr. Francisco Cambournac, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge I.P., Águas de Moura, Portugal; ²Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (IHMT-UNL), Lisboa, Portugal; ³Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (IHMT-UNL), Lisboa, Portugal; ⁴Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas (ICAAM), Universidade de Évora, Portugal

Descrição:

A pesquisa de agentes infecciosos em vetores ixodídeos removidos de vertebrados permite-nos a sinalização de possíveis focos de infecção em animais assintomáticos. A manutenção em vetores e hospedeiros de agentes associados a carraças, alguns dos quais com carácter zoonótico, têm um impacto directo quer na saúde e produção animal, quer como um potencial risco para a Saúde Pública.

Entre Novembro de 2012 e Janeiro de 2013, foram capturados 527 ixodídeos em animais de produção. As colheitas foram efectuadas durante acções veterinárias de saneamento em 15 explorações dos concelhos de Alter do Chão (N=5), Crato (N=4), Portalegre (N=4) e Marvão (N=2). Os animais amostrados foram essencialmente bovinos (93,9%), seguidos de suínos (4,9%), ovinos (0,6%) e equinos (0,6%).

Os ixodídeos foram identificados ao nível da espécie e fase evolutiva. As formas imaturas de larvas (N=3/0,6%) e ninfas (N=482/91,4%) foram identificadas como *Rhipicephalus bursa*. Os adultos distribuíram-se pelas espécies *Hyalomma lusitanicum* (N=31/5,9%), *Dermacentor marginatus* (N=10/1,9%) e *Ixodes ricinus* (N=1/0,2%). Uma subamostra de 10%, representativa das espécies, fases evolutivas, bem como dos hospedeiros e locais rastreados, foi seleccionada para pesquisa de *Babesia* spp., *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp. e *Coxiella burnetii* por PCR e qPCR.

Os resultados preliminares revelam a presença de *C. burnetii* em *H. lusitanicum* proveniente de ovinos no concelho de Alter do Chão. Não foram detectadas outras infecções nos restantes ixodídeos.

Este estudo contribuiu por um lado para uma melhor caracterização da ixodofauna de animais domésticos de produção, particularmente durante os meses de Outono/Inverno, nos quais as acções veterinárias são reduzidas e consequentemente a colheita de ixodídeos é dificultada. Por outro lado, a identificação de *C. burnetii*, em ixodídeos, agente de reconhecido potencial zoonótico, também associado a transtornos reprodutivos em animais, reforça a necessidade de serem realizados mais estudos de vigilância epidemiológica no país.

Estudo financiado pelos projectos PTDC/CVT-EPI/4339/2012 e PTDC/SAU-SAP/115266/2009.

Abscesso hepático a *Entamoeba histolytica*.

Sheila Coelho¹:

¹Hospital Amato Lusitano

Descrição:

Abscesso hepático a *Entamoeba histolytica*.

A propósito de um caso clínico

A amebíase é uma infeção causada pelo protozoário intestinal *Entamoeba histolytica*, de distribuição universal, predominantemente em regiões tropicais. A manifestação mais frequente da sua forma extra-intestinal é o abscesso hepático, que são precedidas de colonização intestinal.

O diagnóstico clínico deve ser considerado quando há dor no hipocôndrio direito, hepatomegalia e febre. O início do quadro pode ser insidioso, com associação ou não a doença intestinal, sendo a história epidemiológica indiciador para amebíase hepática.

Os exames de imagens são de fundamental importância para o diagnóstico preciso dos abscessos hepáticos e definem a conduta terapêutica a ser utilizada. A tomografia computadorizada (TC) apresenta uma eficácia de 95% e se iguala a ecografia. O diagnóstico definitivo dos abscessos amebianos dá-se na presença de trofozoítos de *E. histolytica* no aspirado do abscesso hepático.

Os autores apresentam o caso de um homem de 48 anos que recorreu ao SU por quadro febril, dor abdominal no quadrante superior direito, episódios diarreicos prévios e anorexia. Sem antecedentes patológicos anteriores conhecidos. História epidemiológica de viagens laborais frequentes a Cabo Verde e a São Tomé e Príncipe.

Do estudo efetuado documentou-se: analiticamente à entrada, leucocitose $26.27 \times 10^3/\mu\text{L}$, neutrófilos $21,95 \times 10^3/\mu\text{L}$, PCR 377 mg/L; FA 177 U/L, GGT 223 U/L, AST 93 U/L, bilirrubina total/direta 1.81/1.58 mg/dL; ecografia abdominal superior com uma formação volumosa heterogénea hepática de 11 cm no maior eixo; o TC abdominal mostrou fígado aumentado de dimensões, com uma formação ovalada +/- 11×8.5 cm dos segmentos posteriores do lobo direito, de baixa densidade, conteúdo heterogéneo e com parede espessa, associada a consolidação da base do pulmão direito, ainda no lobo hepático direito um outro foco de 2 cm, de características idênticas. A punção eco-guiada da área de abscesso revelou conteúdo supurativo acastanhado, com exame bacteriológico negativo e pesquisa de DNA para *E. histolytica* positiva; exame parasitológico das fezes, coproculturas, hemoculturas foram negativas.

Cumpriu antibioticoterapia com piperacilina/ tazobactam por 15 dias e metronidazol por 1 mês. Observou-se melhoria clínica, analítica e imagiológica.

Com este caso os autores pretendem salientar a importância da suspeição diagnóstica, terapêutica e condutas apropriadas para uma boa evolução clínica do doente.

Diagnóstico ambiental, uma ferramenta para avaliar o grau de antropização em áreas de risco para doença de Chagas na Amazônia

Soraya Oliveira dos Santos¹; Elenild de Goes Costa²; George Luiz Lins Machado Coelho³; Luiz Carlos Batista⁴; Erica Tatto⁵; Mayira Sojo-Milano⁶; Marco Takashi Obara⁷; Joseane Padilha⁸

¹Universidade Federal de Ouro Preto e Ministério da Saúde do Brasil; ²Universidade Federal de São Paulo. SP.Brasil; ³Universidade Federal de Ouro Preto. MG. Brasil; ⁴Museu Emílio Goeldi. Belém. Pará. Brasil; ⁵Pesquisadora Independente – Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil; ⁶Ministério da Saúde da Venezuela; ⁷Faculdade de Ceilândia/Universidade de Brasília, Brasília-Distrito Federal, Brasil; ⁸Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Brasília.DF.Brasil

Descrição:

INTRODUÇÃO: Na avaliação de áreas de risco para doença de Chagas no Estado do Pará, além do inquérito entomológico e sorológico humano, foi incorporado o diagnóstico ambiental nas áreas selecionadas para estimar o grau de antropização, tendo com base o percentual de palmeiras de frutos de açaí existentes nas áreas, a população de espécies arbóreas não madeireiras e a extração de espécies comerciais **OBJETIVO:** Determinar o grau de antropização e a relação espacial entre os casos humanos e ecótopos silvestres. **METODOLOGIA:** Foram selecionadas áreas urbanas, rurais e ilhas do município de Abaetetuba no Estado do Pará onde foi realizado levantamento das espécies vegetais, utilizando-se como ferramenta o método de Avaliação Ecológica Rápida (AER), um protocolo desenvolvido para inventário florístico qualitativo baseado em Pontos de Observação (PO's) pela The Nature Conservancy. Os PO's são áreas selecionadas com raio cruzado de 50m onde são registradas todas as espécies de plantas. A cada espécie foi atribuída, de forma subjetiva, uma ocorrência ou densidade, podendo ser, **Abundante** - espécie cujas populações são muito numerosas e que chegam a formar mancha ou agregados mono específicos; **Comum** - espécie também numerosa, porém que não formam agregados; **Ocasional** - espécie cujo padrão de ocorrência assemelha-se àquele esperado ao acaso; **Rara**- espécie que ocorre em baixas densidades, com um indivíduo por Ponto de Observação. Com base na exploração de espécies não madeireiras, na extração de espécies comerciais como a virola (*Virola surinamensis* (Rol.) Warb., pracuuba (*Mora paraensis* Ducke), macacauba (*Platymiscium duckei* Huber) e sucupira amarela (*Diplotropis martiusii* Benth.) e no percentual de área com plantio de açaizeiros, foi atribuída uma pontuação de 1 a 5, sendo 1 a área mais antropizada e 5 a área menos antropizada. **RESULTADO:** O bairro urbano de São Sebastião foi a área mais antropizada e com menor risco de transmissão da doença enquanto a ilha de Ajuáí foi a menos antropizada e com maior risco de transmissão da doença. **CONCLUSÃO:** O estudo mostrou uma correlação entre a área menos antropizada, a presença de palmeiras infestadas com triatomíneos e casos humanos positivos.

Doença de Chagas Aguda na Amazônia Brasileira: Populações vulneráveis no Estado do Pará

Soraya Oliveira dos Santos¹; George Luiz Lins Machado Coelho²; Elenild Goes Costa³; Edney Charles da Cruz Amador⁴; Erica Tatto⁴; Mayira Sojo-Milano⁵; Joseane Padilha⁶

¹Ministério da Saúde do Brasil e Universidade Federal de Ouro Preto; ²Universidade Federal de Ouro Preto; ³Universidade Federal de São Paulo; ⁴Secretaria de Saúde Pública do Estado do Pará; ⁵Ministério da Saúde da Venezuela; ⁶Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

Descrição:

Até 2005 a detecção de casos agudos na Amazônia Brasileira era realizada exclusivamente por institutos de pesquisa. A partir de 2006, diante do número de casos registrados anualmente implantou-se o Programa Estadual de controle da doença de Chagas no Estado do Pará o que foi importante para o relato crescente de casos autóctones. Dos 934 casos de doença de Chagas aguda do Pará, registrados no período de 2005 a 2012 pelo Programa, o município de Abaetetuba foi o responsável por aproximadamente 19,61% (n=184) dos casos, considerado o segundo município com maior número de registros de casos agudos no Estado e por isto objeto de nosso estudo. Os dados para a análise, dos casos agudos da doença de Chagas no período de 2005 a 2012, foram extraídos do banco do Sistema Nacional de Agravos de Notificações e os dados climatológicos da temperatura (°C), precipitação pluviométrica (mm), umidade relativa (%) e velocidade do vento (m/s) do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). O risco da doença na população foi estimado pela incidência anual (Positivos pela população no ano da notificação dos casos) em cem mil habitantes. Para avaliar o nível de associação entre os fatores estudados e à presença/ausência de casos de doença de Chagas utilizou-se o Modelo de Regressão Logística, tanto no contexto univariado, como no multivariado. Para medir fatores de risco associados ao número de casos de doença de Chagas entre os anos 2005 e 2012 utilizou-se o modelo linear generalizado Poisson com correção do fator de heterogeneidade presente nos dados (método Quasipoisson), tanto no contexto univariado, como no multivariado. As análises foram desenvolvidas no programa de linguagem estatística R. Conclui-se que a distribuição da doença num período de oito anos mostrou um padrão sazonal, com incrementos da casuística nos meses de julho e novembro, e pico epidêmico no mês de outubro, com uma incidência máxima em 2012 de 41,55/100.000 hab. Febre, edema e alimentar-se com açaí foram fatores associados ao risco de ocorrência da doença. Os resultados do estudo de prevalência demonstraram os ambientes de ilhas como os de maior risco para a transmissão, apesar da maioria dos casos ocorrerem no ambiente urbano.

Doença de Chagas na Amazônia brasileira: inquérito sorológico e parasitológico em população de áreas de risco

Soraya Oliveira dos Santos¹; George Luiz Lins Machado Coelho²; Elenild Goes Costa³; Maria Terezinha Bahia⁴; Carlos Augusto de Oliveira Botelho⁵; Erica Tatto⁶; Marcos Tadashi Obara⁷; Suelene Mamede de Oliveira⁸; Mayira Sojo-Milano⁹

¹Universidade Federal de Ouro Preto e Ministério da Saúde do Brasil - Brasília-DF. Brasil; ²Universidade Federal de Ouro Preto - Minas Gerais - Brasil; ³Universidade Federal de São Paulo - SP - Brasil; ⁴Universidade Federal de Ouro Preto. Minas Gerais. Brasil; ⁵Faculdade União de Goyazes. Goiás - Brasil; ⁶Pesquisadora independente; ⁷Universidade de Brasília. DF. Brasil; ⁸Hemobrás. Pernambuco. Brasil; ⁹Ministério da Saúde da Venezuela

Descrição:

Introdução: Ainda que não se tenha critérios sólidos para determinar áreas de risco para doença de Chagas (DC) na região Amazônica, admite-se que são as áreas em que foram detectados casos agudos da doença, e sua predição depende de estudos sistemáticos. No Brasil o primeiro estudo sobre a infecção chagásica no período de 1975 a 1980 mostrou uma positividade média nacional de 4,22 sendo que para o estado do Pará foi de 0,56. Há no segundo inquérito nacional a prevalência para o Estado foi igual a zero. Em 2012, o município de Abaetetuba teve uma incidência de 41,93/100.000 hab. **Objetivo:** Determinar a positividade da infecção por *Trypanossoma. cruzi* para DC na população humana em áreas urbanas, rurais e ilhas do município de Abaetetuba. **Metodologia:** Foram coletadas amostras de sangue da polpa digital em papel de filtro (Whatman nº 1) e submetidas a testes de triagem pela técnica de ELISA., além disto, naqueles participantes que relataram febre nos últimos trinta dias e/ou tiveram contato com triatomíneos, foi coletada uma amostra de sangue da polpa digital em lâmina exame de sangue a fresco e outra de sangue venoso para pesquisa do parasita no creme leucocitário e para análise por IFI, ELISA, HAI e IgM. As amostras positivas em papel filtro e confirmadas no soro foram consideradas positivas para infecção pelo *T. cruzi*. Todos os participantes assinaram um termo de consentimento livre e esclarecido conforme aprovação pelo CEP da UFOP (código 0029.0238.000-09). **Resultados:** Foram consideradas válidas para processamento e análise estatística 4 699 amostras (75,63 % da população total). A diferença não foi significativa ($\alpha=0,0218$; IC=0,0071;0,0363; p= 0,4913) em relação ao sexo. A prevalência geral foi de 2,54 por mil habitantes, sendo que nas ilhas obteve-se maior prevalência. Em 12 (0,25%) amostras sorológicas foi confirmado o diagnóstico de DC e destas 6 (50%) amostras apresentaram IgM reagente confirmando o diagnóstico de DCA. **Conclusões:** A prevalência foi significativamente mais elevada do que nos inquéritos anteriores. Foram encontradas evidências de casos de DCA, conforme os resultados da IgM, em residentes de ilhas. Os dados obtidos neste estudo demonstram que a realização de inquéritos é uma importante ferramenta para identificar áreas de risco e para o estabelecimento de políticas públicas visando o controle da doença na região.

Rhodnius pictipes: importância em áreas com transmissão de doença Chagas Aguda na Amazônia Brasileira

Soraya Oliveira dos Santos¹; Marcos Takashi Obara²; Elias Seixas Lorosa³; Cleber Galvão³; Elenild Goes Costa⁴; George Luiz Lins Machado Coelho⁵; Erica Tatto⁶

¹Ministério da Saúde do Brasil e Universidade Federal de Ouro Preto; ²Faculdade de Ceilândia da Universidade de Brasília. Brasília, DF, Brasil; ³Laboratório de Referência Nacional em Taxonomia de Triatomíneos. Fiocruz. Rio de Janeiro, RJ, Brasil; ⁴Universidade Federal de São Paulo-UNIFESP. São Paulo. Brasil; ⁵Universidade Federal de Ouro Preto. Minas Gerais. Brasil; ⁶Pesquisadora independente

Descrição:

Rhodnius pictipes: importância em áreas com transmissão de doença Chagas Aguda na Amazônia Brasileira

INTRODUÇÃO: Na Amazônia Brasileira foram registradas 16 espécies de triatomíneos, das quais 5 são as que oferecem potencial risco de transmissão de *Trypanosoma cruzi*: *Rhodnius pictipes*, *Rhodnius robustus*, *Panstrongylus geniculatus*, *Panstrongylus herreri* e *Triatoma maculata*. Em grande parte das investigações ligadas aos surtos agudos da doença na região se reportam evidências do envolvimento de Porém não existem metodologias padronizadas e/ou institucionalizadas para pesquisas de campo, indicadores entomológicos e controle vetorial com foco em doença de Chagas. **OBJETIVO:** O objetivo deste estudo foi investigar o perfil alimentar e as taxas de infestação domiciliar e infecção natural de triatomíneos presentes em áreas urbanas, rurais e Ilhas do município de Abaetetuba no Estado do Pará. **MÉTODOS:** Foram testadas metodologias de captura como: pesquisa de insetos no domicílio pela técnica hora-homem, (tempo de captura gasto para pesquisar cada domicílio), instalação de armadilhas Noireau, instalação de armadilha Shannon e dissecação de ecótopos potenciais (palmeiras). Os domicílios selecionados para pesquisa foram aqueles em que os indivíduos, declararam ter tido febre nos últimos trinta dias e/ou contato com triatomíneos. Os triatomíneos capturados foram submetidos a avaliação de infectividade para *T. cruzi* e fonte alimentar pela reação imunológica de precipitina para diferentes antissoros. **RESULTADOS:** Somente duas técnicas de captura resultaram produtivas: a armadilha de Noireau, colocada em palmeiras e a dissecação das palmeiras das espécies *Maximiliana maripa* (Inajá). A espécie predominante foi *R. pictipes* em 85,20% (n=213) e 37 (14,80%) da espécie *P. geniculatus*. 24 (11,26%) indivíduos da espécie *R. pictipes* estavam infectados. Não houve diferença significativa comparando-se a taxa de infectividade do *R. pictipes* em áreas rurais e ilhas com a área urbana, 11/107 (11,28%) e 13/106 (12,26%), respectivamente. Com relação a fonte alimentar, 64,01% dos vetores se alimentaram em uma mesma fonte e 38 (17,75 %) reagiram para mais de uma fonte alimentar sendo que o sangue de ave 89 (41,58%), foi predominante. **CONCLUSÃO:** *R. pictipes*, a espécie mais abundante nos ecótopos silvestres das áreas estudadas, mostrou uma elevada ornitofilia. Sua presença (sem domiciliação) e abundância sugerem sua importância como vetor na dinâmica da transmissão local da doença de Chagas.

Dirofilariose por *Dirofilaria repens*. Breve revisão a propósito de um caso clínico importado da Índia

Teresa Maria Baptista-Fernandes¹; Manuel Rodrigues²; Dulce Rodrigues²; Lucília Monteiro³; Paulo Paixão⁴; Patrícia Pereira⁵; Raquel Tavares⁶; Paulo Rodrigues⁶; Isabel Maurício⁷; Silvana Belo⁸; Cristina Toscano¹

¹Laboratório de Microbiologia Clínica e Biologia Molecular do Hospital Egas Moniz, Centro Hospitalar de Lisboa Ocidental; ²Biopremier S.A.; ³Laboratório de Anatomia Patológica do Hospital Egas Moniz; ⁴CEDOC, NOVA Medical School FCM, Universidade Nova de Lisboa; ⁵Serviço de Patologia Clínica do Hospital Beatriz Ângelo; ⁶Serviço de Infecção do Hospital Beatriz Ângelo; ⁷Unidade de Parasitologia Médica do IHMT; ⁸Unidade de Parasitologia do IHMT

Descrição:

INTRODUÇÃO

As infecções humanas causadas por *Dirofilaria repens*, uma parasitose zoonótica cosmopolita endêmica da Europa Oriental, Meridional e Ásia, estão sub-diagnosticadas devido a dificuldades inerentes à identificação do parasita. Descrevemos o primeiro caso humano de dirofilariose subcutânea por *D. repens* diagnosticado em Portugal. Trata-se provavelmente de um caso importado da Índia, de acordo com os dados epidemiológicos e clínicos. Pretendemos alertar os Clínicos para a emergência de zoonoses transmitidas por vetores associados ao aquecimento global e ao aumento das viagens internacionais. Tratam-se de patologias emergentes nas nossas unidades de saúde europeias, que se forem precocemente diagnosticadas, são facilmente resolvidas.

METODOLOGIA

Homem de 23 anos, leucodérmico que após o regresso há três meses da Índia se dirige ao hospital com um nódulo oval com cerca de 2x2,5 cm na hemiface esquerda, uma obstrução nasal e um edema peri-orbitário. O nódulo foi cirurgicamente removido tendo sido recolhido um nemátodo que foi enviado ao laboratório de parasitologia para identificação. O parasita foi identificado com base na morfologia, histopatologia e sequenciação de DNA.

RESULTADOS

Identificou-se uma fêmea adulta de 13 cm de comprimento e 600 µm de largura, possuindo uma cutícula com cristas longitudinais características de *Dirofilaria repens*. Os cortes histológicos revelaram uma cutícula espessa, seguida de uma camada muscular bem desenvolvida e úteros com microfilárias em diferentes estádios de desenvolvimento. O DNA extraído foi amplificado com *primers* direccionados para uma região do 16S rDNA mitocondrial. O fragmento obtido foi sequenciado e através de um BLAST foi identificado como pertencendo à espécie *D. repens* (99,5% de homologia), corroborando a identificação morfológica e histológica.

DISCUSSÃO

As dirofilarioses humanas estão sub-diagnosticadas e a detecção e identificação através de técnicas de biologia molecular podem superar a complexidade inerente ao seu diagnóstico

morfológico. Com base em dados clínicos e epidemiológicos, as dirofilarioses por *D. repens* deverão ser incluídas no diagnóstico diferencial de nódulos subcutâneos.

Carga Viral Comunitária como indicador para monitoramento do risco de transmissão do HIV

Vitor Laerte Pinto Junior¹; Artur Iuri Alves de Sousa²

¹Fundação Oswaldo Cruz, Universidade de Brasília, IHMT; ²Ministério da Saúde do Brasil, Universidade de Brasília

Descrição:

As transformações observadas na história natural da SIDA, nomeadamente causados pela introdução de terapia antirretroviral potente, torna necessária a introdução de novos indicadores para o monitoramento da evolução e do risco de transmissão da doença. Com o objetivo de avaliar na carga viral comunitária como indicador para a vigilância da infecção do HIV, desenvolveu-se um estudo descritivo e retrospectivo utilizando-se a base de dados conjunta do sistema com informação do histórico da carga viral de cada indivíduo (Siscel) e do sistema que controla a dispensa dos medicamentos para a terapia antirretroviral (Siclom) do Ministério da Saúde do Brasil. Foram utilizadas as informações data da coleta para o exame de carga viral, data da dispensa terapia antirretroviral e município de residência do indivíduo referentes aos registos do Siscel/Siclom. Para obter uma base de dados sem duplicidades de registro, foram utilizados procedimentos probabilísticos com o aplicativo ReLink que utiliza campos comuns com o objetivo de identificar, com probabilidades estabelecidas, se os registos pareados pertencem ao mesmo indivíduo. Foram calculados indicadores da carga viral para os anos de 2007, 2009, e 2011. O primeiro foi a carga viral comunitária total (CVC), que consiste na soma da carga viral de todos os indivíduos no período. O segundo foi a carga viral comunitária média (CVCM), que consiste na soma da carga viral de todos os indivíduos no período dividido pelo total de indivíduos em acompanhamento. Observou-se que a carga viral comunitária (CVC) apresentou redução progressiva no período de 2007 a 2011, acompanhada da redução da CVCM (média) em mais de 30% no período (22.522 cópias/mL no ano de 2007 vs. 15.280 cópias/mL no ano de 2011). No período, houve redução da CVCM em todas as grandes regiões do Brasil, embora as Regiões Norte e Nordeste apresentem CVCM 1,7 e 1,5 vezes maior que a Sudeste, respectivamente. Dos indivíduos que estavam ou não em tratamento, observou-se aumento persistente da carga viral entre aqueles que não faziam uso da terapia, chegando a ser 3,5 maior no ano de 2011. A utilização deste indicador pode ser considerado uma ferramenta adicional para a vigilância da doença agregando informação para tomada de decisões. O principal fator dificultador é a disponibilidade de sistemas que acompanhem a evolução virológica do indivíduo e a adaptação da vigilância para analisar esses dados.

Fatores de risco para a morte por acidente escorpiônico no Brasil em casos notificados entre 2007 e 2012

Vitor Laerte Pinto Junior¹; Guilherme Carneiro Reckziegel²; Letícia Cavalari Pinheiro³

¹Fundação Oswaldo Cruz, Universidade de Brasília, IHMT; ²Universidade de Brasília, Ministério da Saúde do Brasil; ³Fundação Oswaldo Cruz, Brasil.

Descrição:

Acidentes causados por picadura de escorpião são relatados no mundo inteiro, onde ocorrem mais de 1 milhão de casos por ano com cerca de 2 bilhões de pessoas em situação de risco para o acidente. No Brasil, este agravo de notificação obrigatória apresentou o maior aumento em números absolutos na última década entre os causados por animais peçonhentos, representando um problema de saúde pública de importância nacional, principalmente pela elevada letalidade em crianças. A principal espécie envolvida em acidentes no Brasil é o *Tityus serrulatus*. Este estudo teve o objetivo de analisar os fatores de risco associados ao óbito por acidentes por escorpião no Brasil durante o período de 2007 a 2012. Para tanto, foi realizado um estudo retrospectivo incluindo-se todos os casos de picada de escorpião notificados em todo o país para o Sistema Nacional de Agravos de Notificação (SINAN) do Ministério da Saúde do Brasil. Foram utilizadas as variáveis constantes na Ficha de de Investigação e Notificação de acidentes por animais peçonhentos que incluem informações acerca da pessoa, da morada e localidade do acidente e informações clínicas e de tratamento do acidente. Para a análise estatística utilizou-se o software R versão 3.0.3. A comparação das variáveis categóricas foi realizada por meio de análise univariada entre os pacientes no grupo de sobreviventes e aqueles que morreram em decorrência do acidente pelo teste do qui -quadrado. A regressão logística múltipla foi realizada a fim de verificar a influência individual de fatores de risco para a morte. Foram estimados os odds ratio com intervalo de confiança de 95%. Em ambas as análises valor de p menor que 0,05 foi considerado significativo. Um total de 302.734 casos de escorpionismo foram analisados durante o período de estudo, a classificação dos casos como graves foi o fator mais importante associado com resultado ruim (OR 25,3), seguido de presença de manifestações sistêmicas (OR 2,5) e idade inferior a 4 anos (OR 1,8). Atualmente, a picada de escorpião é considerada um problema de saúde pública mundial, no Brasil, confirmou-se que o pior prognóstico está relacionado ao estado clínico do paciente e sua idade. As ações preventivas e o aumento da eficiência do atendimento devem ter como fulcro os grupos vulneráveis evidenciados no estudo, além de controle ambiental de escorpiões em habitações humanas.