



X JORNADAS CIENTÍFICAS DO IHMT

12 DEZEMBRO'19

LIVRO DE RESUMOS



DESDE 1902
INSTITUTO DE HIGIENE E
MEDICINA TROPICAL
UNIVERSIDADE NOVA DE LISBOA



UNIVERSIDADE
NOVA
DE LISBOA

COMUNICAÇÕES ORAIS

DOUTORAMENTO EM CIÊNCIAS BIOMÉDICAS

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE LEISHMANIA SPP. EM GATOS DOMÉSTICOS

André Pereira (1,2), Ricardo Parreira (2,3), José Manuel Cristóvão (1,2), Germano Castelli (4), Federica Bruno (4), Fabrizio Vited (4), Lenea Campino (1), Carla Maia (1,2)

(1) Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade NOVA de Lisboa (UNL), Portugal

(2) Global Health and Tropical Medicine (GHMT), IHMT-UNL, Portugal

(3) Unidade de Microbiologia Médica, IHMT-UNL, Portugal

(4) OIE Leishmaniasis Reference laboratory, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia, Itália

As leishmanioses são doenças causadas por protozoários do género *Leishmania*, cuja transmissão aos vertebrados é levada a cabo por flebótomos. O envolvimento hipotético dos gatos na manutenção e disseminação das leishmanioses humana e animal tem-se tornado cada vez mais evidente. Contudo, pouco se encontra relatado sobre a diversidade genética destes parasitas em gatos. O presente estudo teve como objetivo avaliar a diversidade genética e as relações filogenéticas dos parasitas *Leishmania* detetados em gatos, com base na análise de segmentos nucleotídicos de quatro marcadores genéticos (cytB, g6pdh, hsp70 e ITSrDNA). Ao todo foram analisadas amostras de buffy-coat de 25 gatos onde a presença de *Leishmania* SSU-rDNA havia sido previamente identificada, assim como de seis estirpes isoladas gatos. A análise filogenética das sequências obtidas, revelou que a maioria dos parasitas detetados em gatos não apresenta características genéticas particulares, partilhando o mesmo tipo genético de estirpes de *L. infantum* isoladas de humanos, cães e vetores. Não obstante, o DNA de *L. major* e de híbridos de *L. major/L. donovani* sensu lato, foi detetado em amostras obtidas de um gato da região de Lisboa e de um gato da região do Algarve, respetivamente, constituindo assim a primeira evidencia de híbridos de *Leishmania* nestes felídeos. Os resultados obtidos não só suportam a hipótese de que os gatos desempenham um papel na epidemiologia da leishmaniose zoonótica, como também são indicativos da circulação de *L. major* e de híbridos de *L. major/L. donovani* s.l. em Portugal. A análise combinada de múltiplos marcadores genéticos, incluindo dos maxicírculos, parece ser essencial para a tipagem de *Leishmania*, sempre que a sequenciação completa do genoma não possa ser levada a cabo.

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS ISOLADOS EM HEMOCULTURAS DE CRIANÇAS NO HOSPITAL DISTRITAL DA MANHIÇA (HDM), MOÇAMBIQUE, 2001 - 2016

Marcelino Garrine (1,2), Sofia S. Costa (2), Inácio Mandomando (1,3), Isabel Couto

(1) Centro de Investigação em Saúde de Manhiça (CISM), Maputo, Moçambique; (2) Unidade de Microbiologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade NOVA de Lisboa (IHMT/UNL); (3) Instituto Nacional de Saúde (INS), Ministério da Saúde, Maputo, Moçambique.

Staphylococcus aureus constitui uma das principais causas de bacteremia, sendo a infecção de difícil gestão clínica e estando associada a elevadas taxas de mortalidade, devido ao insucesso da terapia antibiótica empírica. Ao nível da Manhiça, Moçambique, são ainda escassos os dados sobre resistência aos antibióticos em *S. aureus* agentes de bacteremia.

OBJECTIVOS: Descrever as características fenóticas e genóticas, em termos de resistência aos antibióticos, de *S. aureus* isolados em hemoculturas de crianças <5 anos, internadas no HDM, entre 2001 e 2016.

MÉTODOS: A colecção em estudo engloba 309 *S. aureus* isolados de hemoculturas, caracterizados em termos de susceptibilidade aos antibióticos por difusão em disco e E-test, segundo as normas CLSI (2019) e de presença de determinantes de resistência, por PCR. A clonalidade dos isolados foi avaliada por PFGE.

RESULTADOS: Dos 309 isolados, 94% (291/309) foram resistentes a pelo menos uma classe de antibióticos e 27,2% apresentaram fenótipo de multiresistência. Foram detetadas taxas elevadas de resistência à penicilina (89,6%), tetraciclina (50,2%); médias para eritromicina/clindamicina (27,5%/22,9%), cotrimoxazole (11,3%) e baixas para metilicina (estirpes MRSA, 5,2%). O gene *blaZ* foi detectado em todos os isolados resistentes à penicilina (n=277); enquanto o gene *mecA* foi detectado em 15 dos 16 MRSA. O gene *tetK* foi detectado em 77,5% dos 151 isolados resistentes à tetraciclina, tendo sido também detectados os genes *tetM* e *tetL* em 23,8% e 13,2% destes isolados, respectivamente. Relativamente aos macrólidos, foram detectados os genes *ermC* e *msrA*, em 95,2% e em 7,9% dos 63 isolados resistentes à eritromicina. A presença dos genes *aacA-aphD* (n=10), *dfrG* (n=15) e *dfrAS1* (n=11) foi concordante com os fenótipos exibidos. A análise por PFGE revelou alta diversidade destas estirpes.

CONCLUSÕES: Os resultados obtidos até ao momento revelam: (i) a presença de *S. aureus* com elevadas taxas de resistências aos antibióticos comumente utilizados na Manhiça; (ii) boa correlação entre os fenótipos e os determinantes de resistência associados; (iii) a circulação de estirpes de *S. aureus* geneticamente relacionadas com fenótipos de resistência que podem ser similares ou distintos. A tipagem molecular destes isolados por MLST, actualmente em curso, deverá providenciar informação mais detalhada sobre a sua clonalidade, num contexto global.

POSTERS

DOUTORAMENTO EM CIÊNCIAS BIOMÉDICAS

PLATAFORMA POINT-OF-CARE INOVADORA BASEADA NUM BIONANOSSENSOR PARA O DIAGNÓSTICO SEROLÓGICO DA PNEUMONIA POR PNEUMOCYSTIS

A.L. Tomás¹, F. Cardoso¹, M.P. De Almeida², E. Pereira², R. Franco³, O. Matos¹

1. GHTM, Unidade de Parasitologia médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal;
2. LAQV-REQUIMTE, Departamento de Química e Bioquímica, Faculdade de Ciências, Universidade do Porto, Porto, Portugal; 3. REQUIMTE/UCIBIO, Departamento de Química, Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade NOVA de Lisboa, Caparica, Portugal;

Pneumocystis jirovecii é um fungo oportunista capaz de causar pneumonia (PPc) fatal em imunocomprometidos. O diagnóstico da PPc baseia-se na visualização microscópica do microrganismo ou na deteção do seu ADN em amostras respiratórias, obtidas por técnicas onerosas e invasivas. Assim, o desenvolvimento de um método de diagnóstico rápido, económico e menos invasivo da PPc é uma necessidade. Este projeto teve como objetivo desenvolver um teste rápido de tira para deteção de anticorpos anti-*Pneumocystis* em soro humano, utilizando antigénios recombinantes sintéticos (ARS) específicos de *Pneumocystis* conjugados com nanopartículas de ouro funcionalizadas (AuNPs).

ARS multi-epítipo da principal glicoproteína de superfície (Msg) e da serina protease kexina (Kex1) de *P. jirovecii* foram desenhados com base no estudo *in silico* da imunogenicidade das suas sequências. Esses ARS foram aplicados em ELISA indiretos como ferramentas antigénicas, para deteção de anticorpos IgG e IgM anti-*P. jirovecii* em amostras de soro de doentes previamente classificados em grupos clínicos distintos. Esses ARS foram conjugados com AuNPs esféricas de 40 nm de diâmetro, funcionalizadas com ácido 11-mercaptoundecanóico. A interação dos bionanoconjugados com anticorpos séricos anti-*Pneumocystis* foi caracterizada por eletroforese em gel de agarose (EGA). Os bionanoconjugados foram utilizados no desenvolvimento e otimização de ensaios de fluxo lateral baseados em tiras, que foram projetados para detetar a presença de IgM humana reativa contra os ARS produzidos.

Com os ARS obtidos, foi possível detetar níveis de IgM anti-*Pneumocystis* significativamente aumentados em doentes com PPc, comparativamente a doentes sem PPc ($p < 0,001$). Os ensaios de EGA confirmaram que os bionanoconjugados são capazes de reagir especificamente com anticorpos anti-*Pneumocystis* presentes no soro de doentes. Os testes de tira desenvolvidos, testados com soros de doentes com PPc e com soros de doentes sem infeção por *P. jirovecii*, apresentaram resultados concordantes com o desempenho esperado.

Estes resultados suportam a possibilidade de diagnosticar PPc usando os ARS produzidos como instrumentos de deteção de anticorpos IgM anti-*Pneumocystis* específicos, capazes de funcionar como ferramenta de diagnóstico diferencial da PPc. A validação dos testes de tira desenvolvidos deve ser o próximo passo, a fim de viabilizar a sua implementação na prática clínica como um teste alternativo de diagnóstico point-of-care da PPc.

DIFERENCIAÇÃO, MATURAÇÃO E FUNCIONALIDADE DE CÉLULAS DENDRÍTICAS DERIVADAS IN VITRO DE MONÓCITOS CANINOS

Ana Valério-Bolas¹, Ana Armada¹, Sofia Mesquita-Gabriel¹, Mafalda Meunier¹, Ana Margarida Santos², João Carlos Alves², Rui Ferreira³, Inês Cardoso³, Graça Alexandre-Pires⁴, Isabel Pereira da Fonseca⁴, Gabriela Santos-Gomes¹

1. Global Health and Tropical Medicine, IHMT-UNL, Lisboa, Portugal
2. Divisão de Medicina Veterinária, Guarda Nacional Republicana, Lisboa Portugal
3. BSA, Banco de Sangue Animal, Porto, Portugal
4. CIISA - Centre for Interdisciplinary Research in Animal Health, FMV-ULisboa, Portugal

A leishmaniose canina (CanL) é uma doença endémica de preocupação global causada maioritariamente por *Leishmania infantum*. A maturação das células dendríticas (CD) inclui a segregação de citocinas e a sobre-expressão de moléculas de co-estimulação, moléculas do complexo principal de histocompatibilidade e receptores de quimiocinas. A ligação de antígenos às CD é mediada por recetores de reconhecimento de padrões (PRR), como os recetores Toll-like e NOD-like. O recetor NLRP10 parece ser crucial na iniciação da resposta imunitária adquirida. Estas células que são especializadas na apresentação antigénica e eficientes na ativação dos linfócitos T, fazem parte da resposta imune inata e estabelecem a ponte com a resposta imune adquirida. O presente estudo teve como objetivo (i) caracterizar fenotipicamente as CD derivadas in vitro de monócitos (moCD) caninos, (ii) avaliar a sua funcionalidade e (iii) gerar os instrumentos necessários á análise específica dos PRR e da expressão génica de citocinas e quimiocinas. A análise fenotípica de moDC foi realizada por citometria de fluxo tendo-se utilizado os marcadores CD1a, CD11c, CD14 e CD83. A fagocitose foi verificada por microscopia ótica em moCD expostas a promastigotas de *Leishmania* spp. durante 24 h. Para avaliar a capacidade das moCD caninos reconhecerem antígenos e darem início á resposta imunitária foi necessário proceder ao desenho de primers através do software Primer3 para os genes NLRP10, TLR4, IL-1 β , IL-12p35, IL-13, IL-3 e CCL3 e estabelecer as condições de amplificação por PCR convencional. As sequencias genéticas obtidas foram clonadas e o tamanho do produto de PCR confirmado por electroforese em gel de agarose. As sequências de DNA clonadas foram amplificadas por PCR em tempo real e a eficiência da amplificação dos genes foi determinada. A maioria das moCD (70-80%)apresentou fenotipo CD14+CD11c+CD1a+CD83+ , exibindo elevada densidade de moléculas CD83 e CD14 na superfície celular. Quando expostas a parasitas de *Leishmania*, moCDs foram capazes de fagocitar promastigotas permitindo a diferenciação intracelular de formas amastigotas. Nas condições estabelecidas, os primers selecionados geraram sequências genéticas com o tamanho esperado. A amplificação das sequencias clonadas por PCR em tempo real revelou eficiências $\geq 90\%$. O presente estudo conduziu à diferenciação moCD funcionais, maduras e com assinatura molecular compatível com CD convencionais. As condições necessárias para analisar o processo de ativação de CD expostas a *Leishmania* spp encontra-se estabelecido.

MORFOMETRIA APLICADA À MICROMORFOLOGIA PARA A CARACTERIZAÇÃO DE SUBPOPULAÇÕES HETEROGÊNEAS DE VESÍCULAS EXTRACELULARES DE LEISHMANIA

Á. M. Gabriel¹, L. Coelho da Rocha², L. F. D. Passero³, G. Alexandre-Pires⁴, G. Santos-Gomes¹

- 1) Universidade Nova de Lisboa, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Lisboa, Portugal.
- 2) Universidade do Estado do Amazonas Laboratório de Parasitologia, Manaus, Amazonas, Brazil.
- 3) Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, São Vicente, Sao Paulo, Brazil.
- 4) Universidade de Lisboa Faculdade de Medicina Veterinária, Lisboa, Portugal

Tecnologias emergentes têm sido adaptadas ao estudo da comunicação intercelular por microvesículas e nanovesículas, denominadas coletivamente vesículas extracelulares (EVs). Evidências experimentais indicam que as EVs segregadas por parasitas do gênero *Leishmania* (LeishEVs) desempenham um papel importante, que pode conferir possível vantagem a estes protozoários no estabelecimento e persistência da infecção através de mecanismos moleculares complexos. O presente estudo teve como objetivo caracterizar as LeishEVs segregadas *in vitro* por promastigotas e amastigotas de *Leishmania*. As LeishEVs foram analisadas através de Dispersão de Luz Dinâmica (DLS), Rastreamento de Nanopartículas (NTA) ou através de Microscopia Eletrônica de Varrimento (MEV). A metodologia para isolar e fixar as LeishEVs foi otimizado, permitindo a observação de características topográficas e o software Image J foi utilizado para determinar o tamanho das LeishEVs analisadas por MEV.

As LeishEVs isolados de promastigotas e amastigotas analisados por MEV apresentaram formato esférico e topografia irregular, e diâmetro a variar entre 150-450 nm. No entanto, o padrão de segregação de LeishEVs parece diferir ao longo do ciclo de vida do parasita. A análise do tamanho e a concentração das LeishEVs por DLS e NTA mostraram uma grande quantidade de nanopartículas polidispersas (30-160 nm) com maior taxa de rendimento por volta dos 40 nm. Foram observados ainda picos gráficos aumentados aos 60-70 nm e 150-160 nm. A eficiência dos métodos experimentais aplicados na caracterização micromorfométrica das LeishEVs de ambas as formas morfológicas de *Leishmania* permite discutir as possíveis aplicações das LeishEVs em futuros estudos de imunologia parasitária.

RESISTÊNCIA AOS ANTIBIÓTICOS EM STAPHYLOCOCCUS PSEUDINTERMEDIUS RESPONSÁVEIS POR INFEÇÕES DE PELE E DOS TECIDOS MOLES EM ANIMAIS DE COMPANHIA

Catarina Morais (1), Sofia Santos Costa (1), Constança Pomba (2), Isabel Couto (1)

(1) Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Unidade de Microbiologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

(2) Laboratório de Resistência a Antibióticos e Biocidas, CIISA, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Portugal

INTRODUÇÃO: A resistência aos antimicrobianos em *S. pseudintermedius*, agentes de infeções de pele e tecidos moles (SSTIs) em animais de companhia, tem vindo a aumentar, condicionando o tratamento destas infeções. **Objetivos:** Neste primeiro ano de estudo pretendeu-se caracterizar uma coleção de *S. pseudintermedius* responsáveis por SSTIs em cães e gatos, de forma a documentar o perfil de suscetibilidade a antibióticos e a presença de genes de resistência.

Metodologia: A coleção em estudo engloba 163 *S. pseudintermedius* isolados de SSTIs entre 2014 e 2018 em dois laboratórios veterinários da área de Lisboa. As amostras foram identificadas por amplificação do gene *spsJ* e o perfil de suscetibilidade a antibióticos foi determinado por difusão em disco. Os resultados foram interpretados de acordo com as recomendações VET08 CLSI ou, quando necessário, normas alternativas. A pesquisa dos genes *blaZ* e *mecA* foi realizada para todos os isolados, tendo a dos outros genes de resistência (ex: *erm*, *tet*, *aadD*, *vga(C)*, *dfrA(S1)*, *aph3-IIIa*) sido feita apenas para os isolados que demonstraram resistência fenotípica. **Resultados:** Dos 163 *S. pseudintermedius* estudados, 136 (83,4%) eram resistentes à penicilina e possuíam o gene *blaZ*, enquanto 52 (31,9%) eram resistentes à meticilina (MRSP). Destes 52 isolados, 51 apresentaram o gene *mecA* e 48 eram

multirresistentes. No geral, a multirresistência (MDR) foi detetada em 77 isolados (47%), sendo o padrão mais comum a resistência aos β -lactâmicos, aminoglicosídeos, macrólidos e lincosamidas. Foi detetada resistência aos aminoglicosídeos (39,3%) e macrólidos/lincosamidas (37,4%), maioritariamente associada ao gene *aph3-IIIa* e ao gene *erm(B)*, respetivamente. A resistência às tetraciclinas foi encontrada em 55,2% dos isolados, estando maioritariamente relacionada com a presença do gene *tet(M)*. Foi ainda detetada resistência ao trimetoprim-sulfametoxazole (30,7%), fluorquinolonas (25,8%), cloranfenicol (14,7%) e ácido fusídico (4,9%). Não foi observada resistência à linezolida, tigeciclina ou quinupristina-dalfopristina. **Conclusões:** Este estudo tem revelado uma elevada frequência de resistência aos antibióticos entre *S. pseudintermedius* associados a SSTIs em cães e gatos, dos quais quase metade apresenta um perfil MDR. O contacto próximo entre humanos e estes animais poderá constituir uma possível fonte de transmissão de estirpes resistentes, demonstrando a necessidade de seguir uma perspetiva “One Health” neste tipo de estudos.

CARACTERIZAÇÃO DOS MARCADORES MOLECULARES E AVALIAÇÃO DA SUSCETIBILIDADE DO PLASMODIUM FALCIPARUM

Clemente da Silva (a), Maria de Fátima Nogueira (a), Sónia Maria Mauricio Enosse (b)

(a) Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Portugal

(b) Instituto Nacional de Saúde, Maputo

Moçambique é o quinto país com maior contribuição no peso da malária a nível mundial. Estimase cerca de 10 milhões de casos confirmados em instituições de saúde, e 15 mil mortes pela doença. Em geral, a prevalência da malária a nível nacional não se alterou significativamente, tendo reduzido uma unidade de 2015 (40%) para 2018 (39%) o que não se verificou analisando província por província, onde duas das onze províncias nomeadamente, Cabo Delgado e Manica, duplicaram a prevalência da malária em crianças menores de cinco anos, que passou de 25.1% e 25.2% em 2015 para 57.3% e 47.6% em 2018, em Cabo Delgado e Manica respetivamente. O controlo da malária baseia-se na luta contra o vetor e na administração de fármacos antimaláricos que têm vindo a alterar a abordagem terapêutica no que concerne aos fármacos usados devido ao surgimento de resistência aos antimaláricos sucessivamente introduzidos. Em Moçambique, os ACTs usados desde 2009 são: tratamento de primeira linha da malária não complicada causada por *P. falciparum*, arteméter (A) + lumenfantrina (L) e de 2ª linha artesunato (AS) + amodiaquina (AQ). Com a emergência e expansão da resistência aos ACTs no sudeste asiático e a recente deteção de casos de resistência em África é crucial a monitorização da expansão dos parasitas resistentes. Por isso o objetivo do trabalho assenta-se estudar a resistência aos ACTs através da caracterização dos marcadores moleculares e avaliação da suscetibilidade do *Plasmodium falciparum* aos fármacos antimaláricos administrados em Moçambique.

Uma das duas partes do estudo será realizado em Marracuene situado na zona norte da província de Maputo, sendo as amostras recolhidas entre novembro e abril. Os isolados que serão usados para os testes de suscetibilidade *in vitro/ex vivo* de *P. falciparum* serão colhidos no Centro de Saúde de Marracuene, Província de Maputo. Para determinar a suscetibilidade de *P. falciparum* aos componentes dos ACTs nomeadamente, A, AS e DHA, será usado o ensaio Ring Stage Susceptibility Assay (RSA) e o IC50 para os fármacos companheiros e derivados de artemisinina, nomeadamente L, DHA e AS. A outra parte consistirá na caracterização da diversidade genética dos marcadores moleculares de resistência de *Plasmodium falciparum* aos ACTs por Reação de Polimerização em Cadeia (PCR) e Next Generation Sequencing (NGS). As amostras serão colhidas nas províncias de Gaza, Inhambane, Manica e Niassa.

Com este estudo pretende-se posteriormente monitorizar a possível emergência de casos de resistência de modo a haver uma resposta rápida (precoce) e eficiente.

PROTEÍNAS DE CHOQUE TÉRMICO HSP20 INFLUENCIAM O PROCESSO DE INFEÇÃO E MULTIPLICAÇÃO DA BACTÉRIA EHRlichia CANIS IN VITRO

Joana Ferrolho (1), José de la Fuente (2, 3), Lesley Bell-Sakyi (4), Ana Domingos (1)

(1) Global Health and Tropical Medicine - Instituto de Higiene e Medicina Tropical - Universidade Nova de Lisboa (GHTM-IHMT-UNL), Lisboa, Portugal.

(2) SaBio, Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos IREC, CSIC-UCLM-JCCM, Ciudad Real, Spain.

(3) Department of Veterinary Pathobiology, Center for Veterinary Health Sciences, Oklahoma State University, Stillwater, USA.

(4) The Tick Cell Biobank, University of Liverpool, Liverpool, UK.

INTRODUÇÃO: Ehrlichia canis é a bactéria responsável pela erliquiose monocítica canina, transmitida pela carrapa Rhipicephalus sanguineus. As infestações e as doenças transmitidas por carrças representam na atualidade um problema para a saúde humana e animal, devido à falta de medidas de prevenção e controlo eficazes. Como tal, torna-se imprescindível investigar e desenvolver novas abordagens que resolvam este problema. A utilização de transcriptómica e proteómica têm permitido identificar e selecionar genes e proteínas presentes em diversos órgãos das carrças durante processos de infeção com interesse para o desenvolvimento de vacinas anticarrças ou anti-transmissão do agente. Um dos grupos mais promissores é o das proteínas de choque térmico, ou proteínas de stress. Estas proteínas altamente conservadas são expressas em todas as células dos organismos procariontes e eucariontes, podendo estar localizadas em diferentes compartimentos celulares. Em termos funcionais, podem atuar como chaperonas moleculares ajudando no dobramento de proteínas, na translocação de outras proteínas através das membranas e no direcionamento de proteínas danificadas para degradação. A sua síntese é desencadeada como resposta a um stress fisiológico ou ambiental, incluindo temperaturas elevadas, toxicidade ou infeção por agentes patogénicos. **Objectivo:** O objetivo deste trabalho foi a determinação da expressão diferencial de genes de duas proteínas de choque, após silenciamento por RNAi, e avaliação do efeito desse silenciamento na capacidade de infeção e multiplicação da bactéria E. canis Spain 105 em células de carrça Ixodes scapularis (IDE8). **Métodos:** As proteínas foram selecionadas a partir do sialoma de R. sanguineus para a realização do silenciamento (hsp20a UniProt L7MEG0 e hsp20b UniProt L7M6Q5). O dsRNA específico foi adicionado ao meio de cultura das células, em três condições experimentais diferentes: não infetadas, infetadas e infetadas 24 h após o RNAi. Às 48, 120 e 148 h após a adição do dsRNA as células foram colhidas. O RNA foi extraído para síntese de cDNA e a expressão génica diferencial foi determinada por qPCR, assim como os níveis de E. canis. **Resultados:** A análise da expressão génica diferencial revelou que os genes que codificam para as proteínas hsp20a e hsp20b quando silenciados afetam a capacidade de infeção e replicação da bactéria E. canis nas células IDE8.

Conclusões: Através dos dados obtidos neste estudo é possível confirmar que as proteínas de choque térmico têm um papel importante em processos infecciosos em células de carrça.

IMMUNOINFORMATICS TOWARDS VACCINE DEVELOPMENT: SIALOPROTEINS AS POTENTIAL ANTI-TICK CANDIDATES

Joana Couto a,b1*, Gonçalo Seixas a,b, Christian Stutzer c, Nicky Olivier d,e, Christine Maritz-Olivier c, Sandra Antunes a,b, Ana Domingos a,b

a) Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Rua da Junqueira, 100, 1349-008 Lisboa, Portugal

b) Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (GHTM-IHMT-UNL), Rua da Junqueira, 100, 1349-008 Lisboa, Portugal

c) Department of Genetics, Faculty of Natural and Agricultural Sciences, University of Pretoria, South A

Tick infestation and tick-borne diseases have a severe impact in animal and human health worldwide. Tick control relies preferentially in acaricides leading to an increase in chemical resistance and environment contamination. As an alternative, reverse vaccinology has been used to search for high antigenic candidates for vaccine development. Such identification has been hampered by the lack of knowledge on tick-pathogen-host molecular interface and also by the numerous features required for a successful host-mediated antibody response. The present study aims to explore the sialome of *Rhipicephalus bursa* during feeding and infection, previously obtained, and select highly immunogenic proteins for evaluation as anti-tick vaccine candidates. Having in mind that for a robust immune response, the antigen must be a unique foreign protein, not present in the mammalian host, be a membrane-associated or secreted homologous between tick species, and be capable of stimulating T and B cells of a mammalian host, *in silico* analysis were performed in publicly available transcriptomic and proteomic data. To identify membrane and signal peptides the TMHMM and SignalP platforms were used. VaxiJen was used to select the peptides with higher antigenicity than the only commercially available anti-tick vaccine, Bm86. The software Geneious R8.1 was used to search for homology (E value, using BLAST) to potential mammalian hosts (*Mus musculus*, *Oryctolagus cuniculus* and *Ovis aries*). In order to select proteins that are localized in the plasma membrane or are extracellular, CELLO, WoLF PSORT and BUSCA online servers were used. Also, using servers such as IEDB, best epitope regions that are recognized by MHCI, MHCII and B-cell receptor were selected and chosen as coincident epitope groups (CEGs). Based on preliminary results, from the 5706 transmembrane proteins, 1125 showed higher antigenicity than Bm86, whereas 859 were non-homologous to the hosts. Cellular localization prediction indicates 41 proteins that are present in the plasma membrane. After exploring CEGs of those proteins, as well as from secreted proteins with biological relevance, immunogenicity will be further evaluated in a pilot mice immunization assays. Combining *in silico* methods with *in vivo* immunogenicity evaluation will enable the screening of candidate peptides prior to field trials using the definitive host animals, still required for final proof-of-concept.

PRIMEIRA DESCRIÇÃO DE FLAVIVÍRUS E DENSOVÍRUS ESPECÍFICOS DE INSETOS EM MOSQUITOS DE ANGOLA: DETECÇÃO DE GENOMA E CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA DE SEQUÊNCIAS VIRAIS

Paulo Morais^{1,2}, João Pinto^{2,3}, Cani Pedro Jorge⁴, Arlete Dina Troco⁴, Filomeno Fortes⁴, Carla Alexandra Sousa^{2,3}, and Ricardo Parreira^{1,2}

1 Unidade de Microbiologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal.

2 Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Lisboa, Portugal.

3 Unidade de Parasitologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal.

4 Programa Nacional de Controlo da Malária, Ministério da Saúde de Angola, Luanda, Angola

Os mosquitos demonstram potencial para transmitir agentes virais potencialmente patogénicos para os humanos, mas diversos estudos têm demonstrado que estes invertebrados também albergam vírus com capacidade de replicação restrita em células de vertebrados. Estes vírus, também designados de vírus específicos de insetos (ISVs), consistem num grupo de vírus de DNA e RNA, geneticamente muito diversificados, que têm sido classificados numa variedade de diferentes taxas.

Este trabalho descreve a deteção e caracterização de sequências genómicas parciais de ISVs, baseado na análise de mosquitos adultos criados em laboratório a partir de formas imaturas colhidas em Angola em 2016. A pesquisa de genomas virais que veio a ser efectuada foi realizada usando diferentes conjuntos de iniciadores de polimerização (primers) direccionados a grupos de arbovírus com um impacto considerável na saúde humana, incluindo flavivírus, alfavírus e flebovírus mas incluiu, igualmente, a deteção de densovírus. As sequências obtidas foram sujeitas a análise filogenética por máxima verossimilhança e análise Bayesiana. A pesquisa da identidade dos mosquitos nos quais vieram a ser detetadas sequências virais foi tentivamente executada por análise de parte da sequência do gene da sub-unidade I da citocromo c oxidase (coi) mitocondrial e à análise dos perfis de migração electroforética de amplicões obtidos usando primers específicos para a sequência codificante da acetilcolinesterase-2 (ace-2) de mosquitos.

Os resultados obtidos não revelaram a presença de arbovírus patogénicos reconhecíveis, mas sim de ISVs (Flavivirus) em cinco pools de mosquitos, três deles correspondentes a *Anopheles* sp. (2 dos quais foram sequenciados) e as restantes duas a *Culex quinquefasciatus* ou a mistura de *Cx. pipiens*, *Cx. pallens* e *Cx. quinquefasciatus*. Por outro lado, foi possível observar um agrupamento monofilético de brevidensovírus, detetado em 15 pools de mosquitos identificados como *Culex* sp. A sua detecção em números equivalentes de espécimes dos dois sexos sugere que estes vírus sejam mantidos naturalmente por transmissão vertical.

FASCIULOSE EM PORTUGAL E NO BRASIL - DIAGNÓSTICO E GENOTIPAGEM NOS HOSPEDEIROS DEFINITIVO E INTERMEDIÁRIO

Samira Carneiro Gomes D'Almeida (1,2); Isabella Vilhena Freire Martins (3); Isabel Larguinho Maurício (1,2)

(1) Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

(2) Global Health and Tropical Medicine

(3) Universidade Federal do Espírito Santo, Espírito Santo, Brasil

A fasciolose é uma helmintose cosmopolita causada por duas espécies de tremátodes: *Fasciola hepatica* e *Fasciola gigantica*. Moluscos limnédeos podem atuar como hospedeiros intermediários na transmissão desta parasitose. O controlo requer métodos de diagnóstico rápidos e precisos para um tratamento eficaz. Recentemente, técnicas de diagnóstico baseadas em biologia molecular têm sido desenvolvidas para implementação em laboratórios com poucos recursos.

O objetivo deste trabalho foi desenvolver e testar a técnica de Amplificação Isotérmica de DNA mediada por Loop (LAMP) no diagnóstico e genotipagem de *Fasciola hepatica* em populações de hospedeiros definitivos e intermediários.

Primers foram desenhados para amplificação por LAMP de uma região do gene mitocondrial NADH desidrogenase subunidade 5, no diagnóstico de *F. hepatica* em fezes de ruminantes e moluscos.

Este novo ensaio LAMP amplificou *F. hepatica* com alta especificidade em relação a *F. gigantica* e outros tremátodes, que foi confirmado por PCR convencional com os primers externos do ensaio LAMP. Contudo, o limiar de deteção por LAMP foi de 0,2ng e por PCR foi de 0,002ng usando amostras de DNA de parasita adulto, e quando na presença de DNA de fezes e moluscos foi de 0,02ng e de 0,002ng, respectivamente. Na avaliação para o diagnóstico em amostras de campo, em 222 moluscos testados confirmou-se infeção natural por *F. hepatica* em 9 amostras usando o ensaio de PCR, dos quais 6 também amplificaram por LAMP. Dos moluscos infetados, 6 são da espécie *Galba truncatula*, 1 da espécie gémea *Galba schirazensis* e 2 pertencem a duas espécies diferentes do género *Radix*. Em amostras de fezes bovinas para identificação de falha terapêutica ao albendazol, foi confirmada a infeção natural em 11 vacas usando o ensaio de PCR, antes da administração do medicamento e nos dias 7, 14, 21 e 28 póstratamento. Mas, com LAMP, a infeção foi confirmada somente em 18% das amostras póstratamento.

Considerando os resultados encontrados e comparando o tempo de duração de cada ensaio, apesar da sua menor sensibilidade, este ensaio de LAMP pode ser uma alternativa aos métodos de diagnóstico convencionais para detetar *F. hepatica* em amostras de moluscos e fezes no campo.

FASCIULOSE EM PORTUGAL E NO BRASIL - DIAGNÓSTICO E GENOTIPAGEM NOS HOSPEDEIROS DEFINITIVO E INTERMEDIÁRIO

Samira Carneiro Gomes D'Almeida (1); Isabella Vilhena Freire Martins (2); Isabel Larguinho Maurício (1)

(1) Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

(2) Universidade Federal do Espírito Santo, Espírito Santo, Brazil

A fasciolose é uma helmintose cosmopolita causada por duas espécies de tremátodes: *Fasciola hepatica* e *Fasciola gigantica*. O hospedeiro intermediário são moluscos do género *Lymnaea*. A doença é considerada re-emergente pela OMS e é um dos fatores limitantes na produção de ruminantes, incluindo Brasil e Portugal. O controlo desta parasitose requer métodos de diagnósticos rápidos e precisos para tratamento eficaz, e conhecimento sobre as populações de moluscos como possíveis focos de transmissão, muitas vezes longe de centros com acesso a tecnologia e equipamento científico. A técnica de LAMP (Amplificação Isotérmica Mediada por Loop) é uma tecnologia relativamente nova que permite a amplificação de DNA alvo com alta sensibilidade e especificidade, sem necessidade de usar termociclador. O objetivo deste trabalho é desenvolver e comparar metodologias de amplificação por LAMP para deteção de *F. hepatica* e de marcadores genéticos em fezes de bovinos e no hospedeiro intermediário em populações naturais de Portugal e do Brasil. Recolheram-se em matadouro, amostras de fezes de bovinos com parasitose confirmada por deteção do parasita no fígado ou de ovos na bília, em Portugal (21) e no Brasil (35). Alguns animais apresentaram co-infecção com *Dicrocoelium dendriticum*. Recolheram-se moluscos de água doce, incluindo a espécie *Lymnaea truncatula*, em diversos habitats, com e sem contacto com ruminantes, incluindo explorações com animais infetados, nos dois países. Nesta pesquisa recolheram-se fezes de ruminantes e está sendo feito um estudo de componentes ambientais e biológicos em Portugal no distrito de Setúbal. Os ovos em fezes e na bília estão a ser concentrados por técnicas de sedimentação, e DNA a ser extraído para todas as amostras. Primers no formato LAMP foram desenhados para diagnóstico específico das duas espécies de *Fasciola* e estão em fase de otimização para aplicação nas amostras. Os resultados preliminares mostram que os novos primers F3 e B3 amplificam por PCR-LAMP com alta sensibilidade e especificidade, ao contrário de primers publicados. Os estudos com a técnica de LAMP serão continuados. Primers para marcadores de base única serão desenhados para avaliar o uso da técnica em estudos de genotipagem em campo, além, da continuação da pesquisa sobre a distribuição ambiental e biológico do hospedeiro intermediário e mapa de risco.

ANÁLISE E CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA PRIMÁRIA AOS ANTI-RETROVIRAIS EM PACIENTES INFETADOS PELO HIV-1 EM CABO VERDE

Silvânia da Veiga Leal (1); Isabel Inês Monteiro de Pina Araújo (2); Perpétua Gomes (3); Ricardo Parreira (4); Nuno Taveira (3, 5); Ana Barroso Abecasis (4)

- 1 - Instituto Nacional de Saúde Pública de Cabo Verde
- 2 - Universidade de Cabo Verde
- 3 - Centro Hospitalar de Lisboa Ocidental e Instituto Superior de Saúde Egas Moniz Sul.
- 4 - Global Health and Tropical Medicine
- 5 - Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa

INTRODUÇÃO: Em Cabo Verde, a terapia antirretroviral teve início em 2004, e até ao ano de 2017 aproximadamente 1800 pacientes beneficiaram do tratamento. Entretanto, alguns indivíduos podem apresentar falha terapêutica devido a vários fatores, entre eles as resistências do VIH-1 a esses fármacos. A monitorização da resistência aos ARV é essencial para estabelecer recomendações de tratamento de 1ª linha e para impedir a propagação de resistências. **OBJETIVOS:** Este estudo tem como objetivo traçar o perfil sociodemográfico e clínico dos indivíduos diagnosticados de novo com HIV-1 nas ilhas de Santiago, Fogo, Boavista e São Vicente nos anos de 2018 e 2019 e identificar mutações de resistência primária aos antirretrovirais e os subtipos do VIH-1 circulantes. Foram aplicados um questionário, consulta da ficha clínica e colheita de amostras de sangue em 100 indivíduos que foram diagnosticados com VIH-1. As amostras de sangue serão submetidas a testes de genotipagem para identificação dos subtipos e de mutações de resistência aos antirretrovirais.

RESULTADOS PRELIMINARES: Foram incluídos 100 indivíduos no estudo. Os dados sociodemográficos e clínicos indicaram que na sua maioria eram do sexo feminino (52,6%), com idade compreendida entre 30 a 35 anos, na sua maioria solteiros (68,7%) e com predominância de residência em zona urbana (72,2%). A via sexual é a principal forma de transmissão, sendo dominante a transmissão heterossexual. 98% destes indivíduos iniciaram tratamento, sendo o esquema terapêutico mais utilizado Zidovudina e Lamivudina e Tenofovir+Efavirenz+ Lamivudina, de acordo com as recomendações de 1ª linha. Dos 79% dos indivíduos com resultados da Contagem de Linfócitos TCD4+, 49,3% apresentavam valores acima de 350 células/mm³. A maioria (73,4%) dos indivíduos eram assintomáticos ao diagnóstico. Dos sintomáticos, as manifestações clínicas relacionadas com VIH mais frequentes foram candidíases oral e herpes de Zoster. **CONCLUSÃO:** Os dados obtidos poderão auxiliar na definição de diretrizes de vigilância e delinear estratégias de prevenção e controlo da epidemia do VIH/SIDA. O conhecimento das resistências aos antirretrovirais e da diversidade genética do VIH-1 será relevante para melhor compreender a epidemia da doença e prever os possíveis impactos para a saúde pública.

BIBLIOGRAFIA:WHO (2019). Update of recommendations on first- and second-line antiretroviral regimens. Geneva, Switzerland: World Health Organization; 2019 (WHO/CDS/HIV/19.15). Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO IMUNOQUÍMICA DE ANTIGÉNIOS DE TRIPANOSOMATÍDEOS ENVOLVIDOS NA REACTIVIDADE SEROLÓGICA ENTRE TRYPANOSOMA CRUZI E LEISHMANIA SPP.

Silvia Tavares Donato /2. Gabriela Santos-Gomes /3. Marcelo Sousa Silva

1. Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT) / Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN)
2. Instituto de Higiene e Medicina tropical (IHMT)
3. Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT) / Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN)

INTRODUÇÃO: A Doença de Chagas (DC) é uma doença tropical negligenciada, causada por

Trypanosoma cruzi. Os protozoários *T. cruzi* e *Leishmania spp.*, são da mesma família e partilham repertórios de epítomos antigênicos com proteínas conservadas que podem ser responsáveis pela reactividade antigénica cruzada. Os tripanosomatídeos *T. cruzi* e *Leishmania infantum* apresentam distribuição geográfica sobreponível em diversas áreas e endemicidade semelhante. O compartilhamento de determinantes antigénicos podem ocasionar reacções serológicas cruzadas, alterando a precisão do diagnóstico laboratorial o que pode gerar distorções em inquéritos serológicos e estudos epidemiológicos. **Objetivos:** Efectuar a caracterização serológica e antigénica cruzada em serotecas de indivíduos infetados com *T. cruzi* e *L. infantum* e detetar proteínas comuns a ambos parasitas que podem causar seroreactividade cruzada no imunodiagnóstico da DC.

Métodos: Foram analisados 782 soros de populações endémicas, dos quais 542 eram positivos para DC e 240 para Leishmaniose Visceral Zoonótica (LVZ). Por ELISA foi testada a reactividade antigénica de extractos de *T. cruzi* e *L. infantum* através da detecção de anticorpos IgG anti-*T. cruzi* e anti-*L. infantum* em soros de DC e LVZ, respectivamente. A pesquisa de reactividade antigénica cruzada foi realizada por ELISA, utilizando extractos antigénicos de *L. infantum* para detectar anticorpos IgG em seroteca de DC e extractos de *T. cruzi* para detectar anticorpos IgG em serotecas de LVZ. Por immunoblotting foram identificadas frações proteicas de *L. infantum* reconhecidas por soros de DC. **Resultados e conclusões:** Antígenos de *T. cruzi* reconheceram 95,8% (230/240) dos soros de doentes com DC e antígenos de *L. infantum* reconheceram 94,6% (227/240) de soros de doentes de LVZ. O extracto antigénico de *L. infantum* reagiu com anticorpos de soros de DC em 78,9% (459/582) dos casos. O extracto de *T. cruzi* reagiu com os anticorpos presentes em 91,2% (219/240) dos soros de LVZ. O immunoblotting revelou que as frações proteicas de *L. infantum* com massa molecular aproximada de 20, 50 e 85 kDa são reconhecidas por anticorpos produzidos por portadores de DC, indicando que essas proteínas podem causar a reactividade cruzada num teste diagnóstico para DC. Conclui-se que os extratos de *T. cruzi* e *L. infantum* reconhecem anticorpos anti-*T. cruzi* e anti-*L. infantum* em soros de LVZ e DC, respectivamente, o que justifica a reactividade serológica cruzada inicialmente observada no presente estudo e que pode ter efeito nefasto no imunodiagnóstico da DC e da LVZ.

CARACTERIZAÇÃO DO MICBIOMA EM UNIDADES DE CUIDADOS INTENSIVOS

Teresa Nascimento (a,b), João Inácio (a,c), Isabel Ferreira (d), Priscila Diaz (d), Paulo Freitas (d), Helena Barroso (b)

- a) Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal.
- b) Instituto Universitário Egas Moniz, Monte de Caparica, Portugal.
- c) Universidade de Brighton, Brighton, Reino Unido.
- d) Hospital Prof. Doutor Fernando da Fonseca, Amadora, Portugal

O micobioma é um componente importante do microbioma Humano. A microbiota fúngica apresenta uma variedade de fungos comensais em equilíbrio com o hospedeiro, muitos dos quais potencialmente patogénicos. Da micobiota, o género *Candida* é um dos principais patogénicos oportunistas não só na pele mas também nos restantes locais.

A candidose é a causa mais frequente de infeção fúngica em todo o mundo e inclui infeções superficiais e doença invasiva. *Candida albicans* continua a ser a espécie mais isolada, embora se observe um desvio na etiologia para espécies de *Candida* não-*albicans* associadas a perfis de multirresistência (Lamoth et al. 2018; *J Antimicrob Chemother* 73, 4-13). Destas, salienta-se *Candida auris*, cuja emergência global tem constituído uma grande preocupação para a comunidade médica e científica (Cortegiani et al. 2019; *Crit Care* 23, 150).

Neste contexto, o estudo está centrado em determinar a diversidade e perfil de suscetibilidade aos fármacos antifúngicos do micobioma da pele em doentes admitidos no Serviço de Medicina Intensiva (SMI) do Hospital Prof. Doutor Fernando Fonseca (HFF). Para tal foi desenhado um estudo prospetivo de caso-controlo durante um período de dois anos em doentes admitidos no SMI do HFF da região de Lisboa, Portugal. O grupo controlo é composto pelos doentes na data da admissão e o grupo de estudo, pelos doentes ao quinto e oitavo dia de permanência no SMI. A pesquisa terá como foco as características clínicas, mecanismos de virulência e resistência antifúngica. A avaliação micológica compreende uma combinação de técnicas microbiológicas básicas e translacionais com enfoque no género *Candida*.

Os resultados esperados incluem: índice de colonização fúngica superior no grupo de estudo; *C. albicans* e *C. parapsilosis* como principais espécies isoladas em ambos os grupos; obtenção de isolados de *C. auris* no grupo de estudo; fungigrama com sensibilidade dos isolados às equinocandinas e anfotericina B, mas resistência aos azóis.

Em conclusão, os resultados esperados irão destacar-se pela promoção do conhecimento sobre a epidemiologia fúngica local, com destaque para os perfis de multiresistência de *Candida* por forma a melhorar as estratégias de diagnóstico e terapêutica.

COMUNICAÇÕES ORAIS DOUTORAMENTO EM DOENÇAS TROPICAIS E SAÚDE GLOBAL

LEPTOSPIRA SPP. EM ROEDORES E AMOSTRAS AMBIENTAIS: QUAL O IMPACTO PARA A SAÚDE PÚBLICA?

Maria Fernandes^{1,3}, Filipe Delgado^{1,3}, Teresa Carreira^{1,3}, Rosa Teodósio^{2,3}, Maria Luísa Vieira^{1,3}

1) Laboratório de Leptospirose e Borreliose de Lyme, Unidade de Microbiologia Médica; 2) Unidade de Clínica Tropical;

3) Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade NOVA de Lisboa (UNL), Lisboa, Portugal

INTRODUÇÃO: A leptospirose é uma doença infecciosa, com uma importância cada vez maior a nível global, sendo os roedores os reservatórios mais comuns na disseminação dos agentes causais. Estes, quando excretados na urina, conseguem sobreviver por várias semanas ou meses, em condições favoráveis (solo húmido, águas com pH neutro ou ligeiramente alcalino). Assim, a urina de animais portadores de leptospiros torna-se um veículo importante de transmissão para os humanos, os quais podem infetar-se através da penetração destes agentes nas mucosas intactas (nariz, boca, olhos), ou na pele sã ou lesionada. **Objetivo:** Avaliar a presença de *Leptospira* spp. em roedores, solos e coleções de água doce de dois distritos de Portugal continental (Lisboa e Setúbal). **Métodos:** Foram recolhidas amostras ambientais (N=250), das quais 161 foram obtidas de diferentes coleções de água doce e 89 de solos, em nove cidades dos distritos de Lisboa e Setúbal. Paralelamente, foram capturados roedores (N=18) na mesma região para análise de sangue, urina e órgãos (rins, fígado, baço e pulmões). Nos locais de recolha das amostras ambientais avaliaram-se determinados parâmetros químicos e físicos (pH, nitritos, temperatura, entre outros), tendo-se igualmente registado as características geográficas dos locais de captura de roedores. Após a extração do DNA de todas as amostras, foram utilizados dois protocolos de nested-PCR com diferentes primers. Inicialmente, foi aplicado um protocolo de nested-PCR com primers universais do gene *rrs* (16S), para a detecção de *Leptospira* spp.. Cada amostra com amplificação de DNA leptospírico foi submetida a um segundo protocolo de nested-PCR, com primers específicos (direcionados ao gene *lipL32*) para detecção de espécies patogénicas.

Resultados: O protocolo de nested-PCR utilizando primers universais permitiu a detecção de DNA leptospírico em 62% das amostras de água (100+/161), 84% das amostras de solo (75+/89) e 78% dos roedores (14+/18). Após avaliação com os primers "LipL32", foram detetadas leptospiros patogénicas em [38+/100 (38%)] amostras de água; [7+/75 (9%)] amostras de solo e em 14 do total de roedores capturados. **Conclusões:** Estes resultados, ainda preliminares, mostram uma presença inequívoca de leptospiros em mais de metade das amostras ambientais, bem como na maioria dos roedores capturados na mesma região. Esta evidência representa um risco no contexto de saúde pública, principalmente para as populações expostas a estes ambientes, quer em atividades profissionais quanto de lazer.

PATHOGENS HARBORED BY HARD TICKS AND THEIR MICROBIOTA THROUGHOUT PORTUGAL

Leonardo Moreira(a,b); Margarida Santos-Silva(c); Ana Sofia Santos(c); Ana Domingos(a,b); Sandra Antunes(a,b).

(a) Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Rua da Junqueira, 100, 1349-008 Lisboa, Portugal;

(b) Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa (GHTM-IHMT-UNL), Rua da Junqueira, 100, 1349-008 Lisboa, Portugal;

(c) Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Centro de Estudos de Vectores e Doenças Infecciosas Dr. Francisco Cambournac (CEVDI/INSA), Águas de Moura, Portugal.

As carraças são ectoparasitas, hematófagos obrigatórios que possuem uma notável capacidade de transmitir bactérias, vírus e protozoários aos seus hospedeiros vertebrados. Fatores, como mudanças climáticas, demográficas e movimentação animal contribuem para a dispersão destes vetores, bem como dos agentes por estes transmitidos, sendo a sua caracterização fundamental para avaliar o risco de doença e melhorar as medidas de controlo. Assim o presente trabalho visa primeiramente identificar agentes patogénicos capazes de provocar doença em animais e humanos em carraças recolhidas em diferentes localidades de Portugal continental.

Nesse sentido, carraças coletadas na vegetação pelo método de "flagging" serão classificadas ao nível de espécie de acordo com chaves taxonómicas e separados de acordo com: espécie, fase de desenvolvimento, género, data e local da coleta. DNA/RNA serão extraídos utilizando Tri Reagent (Sigma-Aldrich™) e avaliados para integridade e concentração por fluorometria. A ausência de inibidores da PCR será confirmada através da amplificação do gene 16SrRNA de carraça, conforme descrito na literatura. A presença de agentes patogénicos *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp; *Babesia* spp.; *Rickettsia* spp.; *Borrelia* s.l. spp.; *Coxiella* spp. e *Candidatus Neoehrlichia mikurensis* será analisada por PCR e/ou qPCR. As sequências obtidas serão posteriormente utilizadas para caracterização filogenética desses agentes.

Até ao presente momento, 134 carraças das espécies: *Dermacentor marginatus*; *Hyalomma lusitanicum*; *H. punctata*; *Ixodes frontalis*; *I. ricinus*; *Rhipicephalus sanguineus*; *R. pusillus*, foram coletadas nas localidades de Mata Nacional do Choupal; Tapada Nacional de Mafra, Serra de Grândola e Parque Nacional do Gerês. Resultados preliminares indicam a presença de *Babesia* sp. e *Ehrlichia* spp. em 4 e 8 amostras, respetivamente demonstrando a necessidade de uma constante vigilância dos vetores. Este estudo encontra-se a decorrer, e de certo contribuirá para a atualização e caracterização dos agentes patogénicos associados a carraças em circulação em Portugal continental. Uma vez que *I. ricinus* e *R. bursa* são duas das espécies de carraças mais importantes em Portugal com impacto médico e/ou veterinário, futuramente e paralelamente ao presente estudo, os microbiomas destas espécies serão caracterizados de forma a aprofundar o conhecimento das interações entre microbioma – agente patogénico – carraça, bem como avaliar a possibilidade de controlo de transmissão.

POSTERS

DOCTORAMENTO EM DOENÇAS TROPICAIS E SAÚDE GLOBAL

INFOMÓVEL: MELHORIA DO ACESSO UNIVERSAL AO SERVIÇOS DE HIV E TB EM MOÇAMBIQUE

Esmeralda KARAJEANESa, 1, e Luís V. LAPÃO b

- a) Fundação Ariel Glaser contra o SIDA Pediátrico, Maputo, Moçambique
- b) Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

INTRODUÇÃO: A tecnologia em Saúde (e-Saúde) está a revolucionar gradualmente a maneira como os cuidados de saúde têm sido prestados em todo o mundo. Em Moçambique, um país com alta prevalência do vírus da imunodeficiência humana (VIH), onde a cobertura do tratamento antirretroviral (TARV) ainda está abaixo de 60% acompanhada de uma taxa de retenção semelhante, o uso da tecnologia e-Saúde pode impulsionar o programa de tratamento do VIH, através dos cuidados prestados além dos providenciados nas unidades sanitárias.

Objetivos : Apresentar o processo de design, implementação e piloto do desenvolvimento de uma plataforma de S- Saúde (“Infomóvel”), usada pelos agentes comunitários de saúde (ACS), para estabelecer a ligação entre a comunidade e os serviços de saúde para melhorar o acesso, a adesão e a retenção nos serviços de cuidados e tratamento do HIV e TB, com vista a realização da meta 95-95-95.

Métodos: A investigação utilizou a Metodologia de Investigação Científica (DSRM). A metodologia consistiu, em primeiro lugar, na apresentação e validação do problema a ser tratado, caracterizado através de um estudo observacional e entrevistas e, em seguida, na definição dos objetivos da solução a ser adoptada, o desenvolvimento e o design de uma proposta. No final foi feita a avaliação da usabilidade da plataforma web.

Resultados: O servidor da “Infomóvel” é virtualizado na plataforma CommCare baseada na nuvem e as interfaces dos gestores de casos e dos aplicativos dos Agentes Comunitários de Saúde (ACS) interagem através desse servidor. Os gestores de casos especialmente recrutados e treinados organizam o manejo de pacientes tendo em conta as zonas de residência dos ACS, que por sua vez têm acesso à lista dos pacientes índice através do aplicativo “Infomóvel” previamente configurado nos seus telemóveis. Permitindo, que as visitas ao domicílio sejam priorizadas com base no perfil dos pacientes (isto é, mulher grávida/lactante, recém-nascido, crianças em pré-TARV ou em TARV, adulto em TARV, paciente com TB ou TB/HIV).

Conclusão: Os nossos resultados mostram que o uso de soluções e- Saúde são viáveis no contexto moçambicano. A estratégia ‘co-design’ foi bem aceite e permitiu a adopção de uma solução adaptada e o envolvimento de todos os intervenientes. A alta taxa de ligação (>90%) observada sugere que o Infomóvel pode ser um instrumento estratégico para o programa HIV, contribuindo para o alcance das metas 95-95-95

THE ROLE OF A-GAL (GALACTOSE-ALPHA-1,3-GALACTOSE) ON PLASMODIUM BERGHEI SPOROZOITES INTERACTION WITH ANOPHELES STEPHENSI TISSUES

Rocha, Hélio 1,2. Silveira, Henrique 1.

1 - Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Universidade Nova de Lisboa, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT-NOVA, Rua da Junqueira 100, 1349-008 Lisboa, Portugal;

2 - Post- Graduate Science for Development (PGCD), Instituto Gulbenkian de Ciência (IGC), Rua da Quinta Grande 62780-156 Oeiras, Portugal

INTRODUCTION: Understanding Plasmodium mosquito vector interactions is very important to develop strategies to control and eliminate malaria in endemic areas. **Aims:** To understand the role of α -Gal during the invasion of Anopheles spp. salivary glands and to establish a new approach to detect, differentiate and quantify Plasmodium sporozoites (SPZs) by flow cytometry. **Methods:** Using Immunohistochemistry approaches, Plasmodium berghei ANKA-GFP sporozoites (SPZs) were fixed with 4% paraformaldehyde and stained with the mAbs anti- α -Gal and anti-CSP, with secondary anti-mouse IgG conjugated with Alexa647 and the Isolectin BSI-IB4 conjugate with Alexa fluor-647. The α -Gal antigen was detected on mosquitoes' midgut and salivary glands by microscopy and western blots. SPZs from infected An. stephensi midguts expressing α -Gal were detected and quantify using flow cytometry from the 8th to the 23rd days post infection and from salivary glands and hemolymph from day 14th to 23rd. To understand the role of α -Gal on Plasmodium mosquitoes interaction, the mosquitoes' genes UDP-Gal transporter and C-Type lectin (CTL)-galactose-binding were target for RNA interference approached using specific dsRNA injected at the 8th days post infection. Gene silence was confirmed using RT-qPCR and at the 18th dpi, salivary glands and midguts were dissected and SPZs quantified using a haemocytometer. The number of SPZs were compared with the control groups. **Results:** α -Gal was present in mosquito's midgut and salivary glands and on Plasmodium sporozoites. The percentage of sporozoite with α Gal detected by flow cytometry at different day's post-infections showed non-significant difference between them. No-statistically significant difference of Plasmodium SPZs salivary glands invasion was observed when the UDP-Gal transporter gene was silenced, but a reduction on the percentage of Plasmodium SPZ expressing α -Gal was seen when using anti- α -Gal (IgG2b) to detect the SPZs. Silencing the C-Type lectin (CTL)-galactose-binding gene resulted on a significant reduction of salivary gland invasion. **Conclusion:** α -Gal it's present throughout the Plasmodium sporogonic cycle and seems not to play an important role on Plasmodium SPZ invasion of salivary glands. Flow Cytometry proved to be a good approach to differentiate sporozoites from different origins and populations.

LITERACIA EM SAÚDE NA POPULAÇÃO ANGOLANA: ANÁLISE DO INQUÉRITO DE INDICADORES MÚLTIPLOS E DE SAÚDE DE 2015/2016

Neida Neto Vicente Ramos¹, Maria do Rosário Martins ¹)

1) Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa

Introdução - A baixa literacia em saúde é um fator de risco para a saúde e uma fonte de prejuízos económicos. Apesar da sua comprovada importância, a investigação sobre literacia em saúde em África permanece escassa. Países em desenvolvimento, como Angola devem reforçar o seu nível de literacia em saúde, através de políticas que visem melhorar o nível de escolaridade das comunidades, o seu rendimento, e o tipo de informações que são veiculadas pelos mass media. **Objetivo** - Determinar o grau de literacia em saúde na população angolana, através da análise dos dados e microdados produzidos pelo Inquérito de indicadores múltiplos de saúde de 2015.

Metodologia - Estudo observacional analítico e transversal de base populacional. Os dados (n=20063) foram recolhidos do primeiro inquérito demográfico de saúde, denominado Inquérito de Indicadores Múltiplos e de Saúde 2015, realizado no período entre Outubro de 2015 e Março de 2016 em Angola. Será calculado um Indicador de Literacia em Saúde com base nas seguintes variáveis: escolaridade; habilidades de leitura e escrita; membros do agregado com acesso a revistas, jornais, rádio ou televisão; compreensão de mensagens sobre saúde veiculadas de forma oral ou escrita; uso dos serviços de saúde; contraceção e formas de transmissão do VIH. **Resultados** - A amostra total é de 20063 indivíduos, dos quais 72% são mulheres. A maioria reside em áreas urbanas (70%), são jovens (70%) com uma média de idade de 28 anos, solteiros (41%) ou que vivem maritalmente (39,1%), com escolaridade inferior ou igual ao ensino secundário (79%). As províncias mais representadas em ambos os géneros foram Luanda (40,1%), Benguela (8%), Huíla (8%), Cuanza Sul (7%) e Huambo (6%). Verificou-se que as mulheres angolanas apresentaram menor nível de escolaridade (mulheres 7% e homens 11%), menor capacidade de acesso a recursos tecnológicos e de informação como telemóvel (mulheres 51,2% e homens 70,2%), jornal (mulheres 19,4% e homens 36,9%), televisão (mulheres 17,9% e homens 23,9%), ou rádio (mulheres 30% e homens 33%), quando comparadas com homens. Porém, maior conhecimento sobre métodos contraceptivos e o local onde encontra-los (mulheres 41,1% e homens 35,5%).

Conclusões - A realização deste estudo evidencia o panorama atual da literacia em saúde nas dezoito províncias de Angola, também comprova que os inquéritos demográficos podem ser úteis para aferir e comparar estados sociais e a aplicação do conhecimento sobre saúde em todos os grupos etários.

CARACTERIZAÇÃO DE COORTE DE CRIANÇAS COM ANEMIA DE CÉLULAS FALCIFORMES EM ANGOLA

Brígida Santos^{1,2, 5}, Ilda Jeremias², Miguel Panzo², Lucas Catumbela², Graciete Salvador², Félix Zagi², Isabel Valentim², Isabel Germano³, Paula Faustino^{3,4}, Ana Paula Arez⁵, Mariana Delgadinho⁶, Miguel Brito ^{2,6}

1 Hospital Pediátrico David Bernardino;

2 Centro de Investigação de Saúde em Angola;

3 Instituto Nacional Doutor Ricardo Jorge, Portugal;

4 Instituto de Saúde Ambiental, Faculdade de Medicina de Lisboa, Portugal;

5 Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Portugal;

6 Health and Technology Research Center, Instituto Politécnico de Lisboa/Escola Superior de Tecnologia da Saúde, Portugal

INTRODUÇÃO: a anemia de células falciformes (ACF) é uma doença genética de transmissão autossómica recessiva que resulta de uma mutação na posição 6 da cadeia de β -globina com substituição de um ácido glutâmico por uma valina (β 6Glu \rightarrow Val), originando a hemoglobina de tipo S (HbS). É endémica nas regiões em que a malária é ou foi prevalente, devido à natureza protectora do genótipo heterozigótico dos portadores do traço falciforme (alelo S). Caracteriza-se por hemólise crónica e isquémia recorrente. As suas manifestações clínicas são muito heterogéneas, com gravidade variável entre os pacientes, devido por um lado a factores como o estado nutricional, a carga de doenças infecciosas (nomeadamente a malária) e por outro lado a existência de importantes modificadores genéticos. Estimou-se que em 2010, globalmente, nasceram 312.000 (294.000-330.000) crianças com ACF e que na África subsariana nasçam anualmente cerca de 240.000 crianças com esta doença. Em Angola, das 36.453 crianças rastreadas no período neonatal 1,5% são portadoras de ACF sendo registado como primeiras consultas no Hospital Pediátrico David Bernardino (HPDB) cerca de 1000 casos novos por ano, desde 2010. O Hospital Geral do Bengo (HGB) segue uma coorte de cerca de 200 crianças com ACF desde 2014, com o apoio do Centro de Investigação em Saúde de Angola (CISA). Objectivo: identificar marcadores de severidade e de resposta à Hidroxiureia numa coorte de crianças com Anemia de Células Falciformes em Angola. Métodos: na primeira fase do projecto, correspondendo ao primeiro ano de tese, foi feita a selecção e caracterização da coorte. Crianças dos 3 aos 12 anos de idade com o diagnóstico laboratorial (eletroforese da hemoglobina ou focagem isoeléctrica) de anemia de células falciformes seguidas no HPDB em Luanda e no HGB, em Caxito foram convidadas a participar. De cada criança, que aceitou participar e que os responsáveis legais assinaram o consentimento informado, foram obtidos dados clínicos e colhida amostra de sangue para a caracterização genética, avaliação hematológica, bioquímica, pesquisa de HIV e de infecção por Plasmodium. Resultados: estão inseridas no estudo 200 crianças das quais 134 seguidas no HPDB em Luanda e 66 seguidas no HGB. Foram obtidos dados como circunstância do diagnóstico, número e causas de internamento, dados antropométricos, particularidades do exame físico e foi avaliado o perfil hematológico. Também foram determinadas as fracções de hemoglobina fetal bem como determinada a deleção 3.7 da hemoglobina alfa. Os resultados da coorte serão apresentados e discutidos.

POSTERS

DOUTORAMENTO EM GENÉTICA HUMANA E DOENÇAS INFECCIOSAS

EPIDEMIC HISTORY OF HEPATITIS B VIRUS GENOTYPES IN PORTUGAL

Rute Marcelino 1, Ifeanyi Jude Ezeonwumelu 2, Rui Tato Marinho 3, José Marcelino 4,5, Ana Abecasis 1

1 Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa, Portugal. 2 IrsiCaixa - Institute for AIDS Research Germans Trias i Pujol Research Institute, IGTP, Badalona, Spain. 3 Department of Gastroenterology and Hepatology, Hospital Santa Maria, Universidade de Lisboa, Portugal. 4 Egas Moniz, CRL, Caparica, Portugal. 5 Research Institute for Medicines (iMed.Ulisboa), Faculdade de Farmácia, Univ. de Lisboa, Portugal.

INTRODUCTION: Successful strategies to prevent and control Hepatitis B virus (HBV) infection require an understanding of the epidemic behaviour among the different genotypes. The epidemiological history of the HBV in Portugal is still obscure because of the scarcity of these studies.

AIM: To perform the first characterization of the epidemic history and transmission dynamics of HBV genotypes in Portugal through the reconstruction of the spatial-temporal evolutionary dynamics of the virus using a Bayesian framework.

METHODOLOGY: HBV pol gene was direct sequencing from viral genomes of 130 patients followed in Hospital Santa Maria in Lisbon. Sequences were aligned with ClustalX 2.1, manually edited in SeaView v. 4. Mega v. 6 was used to build a neighbor-joining phylogenetic tree with 1000 bootstrap replicates. Likelihood mapping was used to analyze phylogenetic signal using TreePuzzle. Timescaled phylogeny, evolutionary rates, demographic model and phylogeography were estimated using a Bayesian Markov Chain Monte Carlo (MCMC) method implemented in the BEAST v1.10.4, using an uncorrelated relaxed clock, with a log normal rate of distribution under a Bayesian skyline plot (a non-parametric piecewise-constant model) as coalescent priors. This approach was performed over continuous sampling locations analyzed with a Cauchy RRW model. The MCMC chains were ran for 250 million generations, and sampled every 25,000 steps. **RESULTS:** Phylogenetic analyses revealed that in this study there are five statistically supported clusters being 26,2% (n=34) of genotype A1, followed by 24,6% (n=32) of genotype E, 22,3% (n=29) of genotype D4, 15,4% (n=20) of genotype A2 and 11,5% (n=15) genotype D3. TreePuzzle showed that most of the randomly chosen quartets fell in the corners, of the likelihood map, thus indicating that the alignment contained phylogenetic information. The time-scaled phylogeny, evolutionary rates, demographic model and phylogeography are still under analysis on BEAST. **CONCLUSIONS:** With the results from BEAST analysis, we expect to clarify the evolutionary history of the genotype E and sub-genotypes A1, A2, D3 and D4 in Portugal and to understand how these viral strains spread in the country.

COMUNICAÇÕES ORAIS

DOUTORAMENTO EM MEDICINA TROPICAL

WHY, WHEN AND WHERE DO NEWBORNS NOT ONLY GET SICK BUT ALSO DIE IN SÃO TOMÉ AND PRÍNCIPE? – A CASE-CONTROL STUDY

Alexandra Vasconcelos¹, Swasilanne Sousa², Nelson Bandeira², João Luís Baptista³, Maria do Céu Machado⁴, Filomena Pereira⁵

^{1,5} Unidade de Clínica Tropical - Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa

² Serviço de Pediatria do Hospital Dr. Ayres de Menezes, República Democrática de São Tomé e Príncipe

³ Professor Convidado da Faculdade Ciências da Saúde, Universidade da Beira Interior

Background: Neonatal deaths in São Tomé and Príncipe account for about 43% of all under-5 deaths, but major gaps exist in its understanding. Objectives: To identify ante-intra-postpartum risk factors and to analyse characteristics of neonatal morbi-mortality. Methodology: stillbirths and sick newborns (NB) with ≥ 32 week's gestation or ≥ 1500 g were eligible cases, while controls were healthy newborns ≥ 28 days. The study is still underway and more data will be still available. The results presented here are from a questionnaire applied by the investigator 2016-2018 and from mothers' and NB medical records. The SPSS 23 statistical program was used for data analysis. Informed consent was obtained from every mother included in the study. Results: Five hundred and sixteen mothers, corresponding to 536 NB (20 twins) were enrolled. One hundred and thirty nine cases and 397 controls NB were followed-up. Pregnant women medium age was 22 years, 18% were adolescents and 17% without antenatal care. Primary education was attended by 57%, secondary by 63%, 7% never attended school. Presence of maternal medical disease (e.g. chronic hypertension, diabetes mellitus and asthma) was identified in 38% of the study subjects. Anaemia during pregnancy was noted in 17.6% and 62.6% pregnant women experienced intercurrent clinical conditions at any point during pregnancy, such as intestinal parasitosis (30%) and urinary infections (21.5%). Syphilis was detected in five pregnant women, HIV infection in five, malaria in three and 11 were infected with HBV. Over 79% of the deliveries were normal vaginal vertex and 13% of the mothers had caesarean sections. Vacuum extraction was used in 2.3% and forceps delivery in 2%. From the 536 NB enrolled, 52% were female with a mean birth weight of 3106g, 18% were LBW (<2500g). Newborns morbi-mortality: 13 (3%) stillbirths, 62 (14.2%) preterm, 25 (6%) birth asphyxia, 83 (19.4%) risk of neonatal and 13 (2.9%) invasive infections, 17 (3.9%) fetal growth restriction, 7 (1.6%) microcephaly, 8 (1.6%) congenital anomalies and three deaths in the first 24h of life. Conclusions: In this study morbidity of NB is moderate (31,8%). When this study is completed we hope to be able to design an intervention algorithm in order to achieve peri-neonatal morbi-mortality reduction.

POSTERS

DOUTORAMENTO EM MEDICINA TROPICAL

AVALIAÇÃO DA MORBILIDADE ASSOCIADA À SCHISTOSOMÍASE EM INDIVÍDUOS COM IDADE IGUAL OU SUPERIOR A 15 ANOS, NO DISTRITO DE CHÓKWÈ, MOÇAMBIQUE

João Tiago Serra 1; Mohsin Sidat 2; Silvana Belo 1; Ricardo Thompson 3; Luzia Gonçalves 1; Daniel Kaminstein 4; Cláudia Conceição 1

- 1 - Instituto de Higiene e Medicina Tropical - Universidade NOVA de Lisboa
- 2 - Faculdade de Medicina da Universidade Eduardo Mondlane
- 3 - Centro de Investigação e Treino em Saúde de Chókwè
- 4 - Universidade de Augusta - Geórgia/Estados Unidos da América

Introdução: Moçambique é dos países do mundo com maior prevalência de schistosomíase. Os dados relativos à prevalência na população adulta são escassos e o impacto da morbilidade associada à infeção é largamente desconhecido. **Objetivos:** Estimar a prevalência de infeção por *Schistosoma* spp.; descrever e caracterizar a morbilidade associada à schistosomíase; comparar o desempenho de diversos métodos laboratoriais no diagnóstico de schistosomíase; avaliar o uso de ecografia à cabeceira na avaliação da morbilidade estrutural associada à schistosomíase urinária. **Métodos:** A população alvo foram os indivíduos com idade igual ou superior a 15 anos, residentes em agregados familiares registados no CITSC de Chókwè. Utilizou-se uma amostragem aleatória por clusters em duas etapas, compreendendo 30 clusters e 570 agregados familiares. A cada participante foi aplicado um questionário de dados sociodemográficos e fatores de risco, solicitada uma amostra de fezes e urina e proposta a realização de uma ecografia abdominal.

Resultados: O trabalho de campo decorreu entre Abril e Outubro de 2018. Foram incluídos 1033 indivíduos com uma idade média de 37,6 anos, sendo 28,3% do sexo masculino e 71,7% do sexo feminino. O exame parasitológico das 1033 amostras de urina revelou uma prevalência de infeção por *Schistosoma haematobium* de 3,7%. Detetou-se ainda hematuria em 22,1%, proteinúria em 14,2% e um teste rápido de antigénio catódico circulante positivo em 14 % dos casos. No que respeita às 922 amostras de fezes, apenas 2 foram positivas para *Schistosoma mansoni*, no entanto em 7,5% foram identificados outros parasitas intestinais. Realizaram-se um total de 912 ecografias, das quais 37,9% revelaram alterações estruturais do trato urinário.

Conclusão: Decorre de momento a análise dos fatores (questionários) associados a infeção (exames parasitológicos) e a revisão por um segundo investigador de uma amostra das ecografias realizadas para controlo de qualidade. Aguarda-se a realização no IHMT das técnicas moleculares nas amostras recolhidas.

SÍFILIS E INFEÇÃO PELOS VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA (HIV) E DA HEPATITE B (HBV) EM BENGUELA, ANGOLA

Yefimenko Lesya, Rita Castro, João Piedade, Filomena Pereira

Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL)

Introdução - As IST têm uma distribuição mundial, sendo mais prevalentes nos países em desenvolvimento. De entre as IST, encontram-se a hepatite B (HBV), a infeção pelo vírus da imunodeficiência humana (HIV) e por *Treponema pallidum* (TP), as quais têm os mesmos mecanismos de transmissão. Estas infeções apresentam complicações importantes que representam grande morbidade e mortalidade, sendo que em Angola o conhecimento sobre estas infeções é limitado ou quase nulo. No entanto, os poucos estudos efetuados demonstram a existência de prevalências elevadas destas infeções.

Objetivos - 1) Caracterizar as infeções por TP, HIV e HBV e analisar os fatores de risco, abordagem diagnóstica e terapêutica para estas infeções. 2) Determinar a taxa de indivíduos seroreativos para sífilis, HIV e HBV, a taxa de co-infeção e a prevalência da infeção resolvida e oculta por HBV;

Resultados - Participaram 300 indivíduos, 62,3% (187) sexo feminino e 37,7% (113) sexo masculino. O grupo etário mais representado foi o dos 20 aos 39 anos, 62,3% frequentaram o ensino primário, 21,3% secundário, 49% viviam maritalmente, 17,3% solteiros, 81% viviam em zona urbana. No que diz respeito a fatores de risco, 91% tinham iniciado a sua vida sexual. Em relação aos parceiros sexuais nos últimos seis meses, 12,1% (33/273) tiveram apenas um, 33% (90/273) dois e 23,8% (65/273) três. A partilha de material de manicure/pédicure, material de barbear ou escova de dentes foi referida por 15,7%, 10,7% apresentavam piercings, 9% tatuagens. Abortos provocados, submissão a intervenções cirúrgicas, contacto com feridas e tratamento com cortes foram relatados por 6,5%, 8%, 7% e 14,7%, respetivamente. A medicina tradicional foi mencionada por 11,3%.

A taxa de infeção por TP foi de 2%, 1,7% (5/300) para infeção por TP tratada, 10,3% pelo HIV, 8,3% (25/300) por HBV. O DNA de HBV foi identificado em 68/300 (22,7%) amostras nas quais não tinha sido detetado o AgHBs [(hepatite B oculta (HBO)]. A infeção pelo HIV foi diagnosticada em 15/68 (22,1%) indivíduos com HBO. A co-infeção mais frequentemente encontrada foi HIV/HBV (7,7%), 2,7% com AgHbs e os restantes (5%) com HBO, HIV/TP (0,7%) e HIV-1 e 2 (1/300). Não foi diagnosticada nenhuma co-infeção HBV/TP.

Conclusões - As elevadas prevalências de Sífilis, de HIV e vírus de hepatite B requerem programas de prevenção baseados na vacinação contra hepatite B e diagnóstico precoce dessas infeções em serviços de saúde.

POSTERS

DOCTORAMENTO EM SAÚDE PÚBLICA GLOBAL

THE ROLE OF WOMEN ON HIV-1 TRANSMISSION IN EUROPE: A MOLECULAR EPIDEMIOLOGICAL PERSPECTIVE MORBISCHISTO

Mafalda Miranda (1), Victor Pimentel, Marta Pingarilho, Ana Abecasis (1)

Human Immunodeficiency Virus (HIV), the etiologic agent of Acquired Immunodeficiency Syndrome (AIDS), continues to be one of the main public health issues. Phylogenetic analysis of HIV-1 and related viruses from African nonhuman primates suggests that four independent transmission events early in the 20th century spawned four HIV-1 groups. Group M originated the global pandemic and diverged into 9 subtypes (A-K) and 98 Circulating Recombinant Forms (CRFs)

[1].

The HIV distribution between genders and specific populations, in Europe, is heterogeneous. Currently, it is well described that in Europe men who have sex with men (MSM) and heterosexuals are at higher risk of being infected with the virus. Particularly, in Western Europe, women account for one-third of the new HIV infections. Usually, women in Europe are in vulnerable situations and in general they are underrepresented in clinical trials and in scientific literature related to HIV. The representation and data on the HIV-1 female infected population is still scarce [2].

This project aims to characterize HIV-1 infection in women in Europe. By analyzing data from the EuResist database, regarding sociodemographic, clinical and epidemiologic data we will be able to characterize the role of women in transmission clusters of HIV-1 in Europe. By mapping these clusters, we will be able to predict the likelihood of new HIV transmissions and identify those at highest risk for transmitting and being infected with the virus. Then we will compare those results with the transmission clusters of HIV in Africa. The structure and dynamics of HIV transmission clusters allows to identify and characterize 'hot spots' of transmission and the likelihood of specific risk groups transmitting the infection to others. There are clusters of active disease transmission and other where transmission is not ongoing anymore. We will also can use this information to trace the most recent common ancestor (MRCA) of the virus sequences in clusters and map migration of the HIV-1 strains infecting women. With this approach, we will contribute to HIV-1 public health and prevention strategies.

[1] B. Korber et al., "Timing the Ancestor of the HIV-1 Pandemic Strains," *Science* (80-.), vol. 288, no. June, pp. 1789–1796, 2000.

[2] B. Bertisch, B. Grinsztejn, and A. Calmy, "HIV-infected women in Europe: Gender-specific needs and challenges," *Antivir. Ther.*, vol. 18, no. 4, pp. 549–551, 2013.

COMUNICAÇÕES ORAIS

DOUTORAMENTO EM SAÚDE INTERNACIONAL

QUALIFICAÇÃO DA FORÇA DE TRABALHO DA SAÚDE: CONTRIBUTO PARA O ESTUDO DA EVOLUÇÃO DO PERFIL, FORMAÇÃO E ATIVIDADE DOS AUXILIARES DE SAÚDE EM PORTUGAL ENTRE 1971 E 2017

André Beja*; Tiago Correia*; Isabel Craveiro*; Paulo Ferrinho*

*GHTM, IHMT-NOVA, Centro Colaborador da Organização Mundial de Saúde (OMS) para as Políticas e Planeamento da Força de Trabalho em Saúde.

Auxiliares de Saúde (AS) são trabalhadores com funções de suporte ou apoio direto a profissionais mais qualificados nos cuidados a utentes. A sua atuação é determinante na sustentabilidade dos sistemas de saúde da Europa, carecendo da atenção de investigadores, gestores e decisores políticos (1). Os AS são parte considerável da força de trabalho da saúde em Portugal, existindo pouca evidência sobre o seu perfil, formação e atividade. Criado em 2010, o curso de Técnico Auxiliar de Saúde (TAS) levou ao aparecimento de mão de obra com uma qualificação de base até aí inexistente e a mudanças ainda por estudar, por exemplo, na qualidade dos cuidados, nas dinâmicas do mercado de trabalho ou na mobilidade dos AS no espaço europeu (1,2). Integrado numa investigação sobre qualificação da força de trabalho da saúde numa perspetiva de análise de políticas (3), o objetivo deste estudo é descrever a evolução do perfil e da formação dos AS em Portugal desde o lançamento das bases fundacionais do Serviço Nacional de Saúde ao presente (1971-2017). Recorrendo a entrevistas, análise documental e revisão de literatura estabeleceu-se uma linha do tempo contendo elementos sobre o perfil e formação destes trabalhadores. Verificaram-se, neste período, mudanças na designação e perfil dos AS que refletem a evolução do seu estatuto nos serviços, bem como iniciativas para a sua qualificação que, até 2010, não se traduziram em práticas formativas generalizadas. Apesar de perspetivar melhorias na força de trabalho e de facilitar mobilidade no espaço europeu, o curso de TAS não resultou em maior reconhecimento dos AS em Portugal ou na obrigatoriedade de ser detentor de certificado para entrar no mercado de trabalho (1-3). Como noutros países europeus, em Portugal a atividade dos AS tem sido marcada por uma invisibilidade (1,2) que este estudo evidencia. Além de descrever história recente dos AS, os resultados contribuem para contextualizar e compreender os impactos do curso de TAS na força de trabalho e no sistema de saúde.

1. Kroezen M, Van Hoegaerden M, Batenburg R. The Joint Action on Health Workforce Planning and Forecasting: Results of a European programme to improve health workforce policies. *Health Policy*. 2018;122(2):87-93 // 2. Baptista C, Rando B, Guerreiro J. Estudo Representações Identitárias e Contrato Psicológico Dos Trabalhadores Exercendo Funções de Auxiliares de Saúde No SNS Português. Lisboa: Instituto Nacional de Administração;

Ministério da Saúde; 2011 // 3. Buse K, Mays N, Walt G. *Making Health Policy*. 2nd ed. Berkshire: Open University Press/McGraw-Hill; 2012

SAMPLING METHODS TO REACH HARD POPULATIONS: APPRAISING AND COMPARING DIFFERENT STATISTICAL METHODS WITH AN APPLICATION TO AN HIV PREVALENCE STUDY

Ana Belinda de Barros Teixeira, Maria do Rosário Oliveira Martins

Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Introduction: Accurate estimates of HIV on Hard-to-Reach populations (HRP) are essential to assess future healthcare needs, track the course of the epidemics and to evaluate the success of past intervention plans. However, data obtained for HIV prevalence on these populations tend to be underestimated. Public Health surveillance has a key role on identifying risk groups and to provide understanding how the HIV epidemics affect them. However HRP do not have a sampling frame because their members are 'hidden' hence are hard to identify. In the absence of using probabilistic methods to survey such populations, several nonprobability sampling methods and semi-probabilistic sampling methods have been used. One of those methods is the Timelocation-sampling (TLS). **Objectives:** The general objective of this study is to assess the (empirical) validation of a new calibration method, called CARES, that improves the accuracy of HIV prevalence estimates obtained when Time- Location Sampling method is used. **Methods:** We start by a literature review of all methods used to screen hard to reach populations of Men who Have Sex with Men and Sex Workers in the last ten years. In the second part we developed a method, called CARES, that improves the HIV prevalence estimated results through TLS, using a computationally intensive simulation. In the third part we compared the performance of CARES method between two populations of MSM from different countries. **Results:** The systematic literature review identified eleven methods used to sample Men who have Sex with Men and Female Sex Workers. CARES improved the estimated HIV prevalence obtained by the TLS method. Results also showed that there were no significant differences in using Deviance or Pearson residuals to assign the CARES weights. Unweighted TLS HIV prevalence was more accurate than the weighted TLS HIV prevalence for both countries. CARES weights performed equally well in both countries' database for both weighted and unweighted estimates.

Conclusions: There was an association between the type of sampling method and the population being studied. The method CARES provides a means to obtain more accurate results when surveying key populations. This method makes use of logistic regression by assigning different weights to individuals considering their residuals' percentile. We have demonstrated by simulation that the CARES method improves TLS HIV estimates considering populations with different HIV prevalence levels and when using a PPS sampling approach.

ANÁLISE DAS TENDÊNCIAS DOS DADOS DE VIGILÂNCIA DO VIH EM PORTUGAL, 2005-2017

Gonçalo Figueiredo Augusto^{1*}, Helena Cortes Martins², Isabel Aldir³, Sónia Dias⁴, Alexandre Abrantes⁴, Maria Rosário Oliveira Martins¹

1. Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisboa, Portugal
2. Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal
3. Programa Nacional para a Infecção VIH e SIDA, Direção-Geral da Saúde, Lisboa, Portugal
4. Escola Nacional de Saúde Pública, ENSP, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisboa, Portugal

Introdução: Portugal é um dos países da UE/EEA com maior incidência de VIH. A vigilância do VIH foi instituída em 1985 e, desde 2005, é uma doença de notificação obrigatória. Objectivo: Analisar os dados de vigilância epidemiológica do VIH/SIDA entre 2005 e 2017, de modo a identificar tendências e oportunidades para intervenção. Métodos: Foi conduzida análise descritiva dos novos diagnósticos de VIH e SIDA, segundo modo de transmissão, grupo etário e país de provável aquisição da infecção VIH. Foram utilizados modelos de regressão linear para testar tendências. Resultados: Entre 2005 e 2017, o número de novos diagnósticos de VIH diminuiu significativamente entre pessoas que injectam drogas e casos com transmissão heterossexual. Porém, existe um ligeiro aumento, não significativo, do número de novos diagnósticos VIH nos homens que têm sexo com homens (HSH). O número de novos casos de SIDA também mostra uma diminuição significativa em todos os grupos de transmissão, com excepção das mulheres nascidas no estrangeiro infectadas por via heterossexual e dos HSH nascidos no estrangeiro. O diagnóstico tardio ainda é frequente em todos os grupos de transmissão, excepto nos HSH. A aquisição da infecção VIH fora de Portugal é relevante entre os indivíduos nascidos no estrangeiro, excepto entre as pessoas que injectam drogas. Conclusão: As estratégias de prevenção e testagem necessitam de ser reforçadas de forma a manter a redução do número de novas infecções VIH e o diagnóstico tardio, particularmente em HSH, pessoas heterossexuais acima dos 50 anos e indivíduos nascidos fora de Portugal.

POSTERS

DOUTORAMENTO EM SAÚDE INTERNACIONAL

PLANEAMENTO SUSTENTÁVEL EM SAÚDE: PERCEÇÕES SOBRE TERMOS, CONCEITOS E CARACTERÍSTICAS PROCESSUAIS E METODOLÓGICAS

Ana Cristina Garcia^{*1}, André Beja^{*}, Fernando Passos Cupertino de Barros["], António Pedro Delgado^{*}, Paulo Ferrinho^{*}

^{*}Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical-Universidade

NOVA de Lisboa (GHTM/IHMT NOVA), Portugal; [']Departamento de Epidemiologia/Instituto

Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (DEP/INSA), Portugal; ["]Universidade Federal de Goiás, Brasil

planeamento em saúde no quadro dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS), este

estudo, de carácter exploratório, tem por objetivo contribuir para a compreensão de conceitos e características processuais e metodológicas do planeamento sustentável em saúde, com base nas principais mensagens recolhidas num painel de discussão realizado durante o 5º Congresso Nacional de Medicina Tropical em abril de 2019. Material e Métodos: As apresentações dos oradores convidados para o painel e as transcrições das intervenções no debate foram submetidas a análise de conteúdo. Adicionalmente, foi conduzida uma análise documental de fontes documentais resultantes de uma revisão da literatura de tipo narrativa, que permitiu uma recolha de elementos para complementar e enquadrar os achados da análise de conteúdo e a discussão da temática. Resultados e discussão: Emergiram 4 temas principais: i) perceções do planeamento sustentável, II) planeamento sustentável e participação dos cidadãos, III) planeamento sustentável e articulação intersectorial, e IV) planeamento sustentável e condições de implementação. As perceções do planeamento sustentável foram das mais diversas, por exemplo, o planeamento que garante a implementação ou a continuidade do ciclo de planeamento, e só uma minoria dos participantes enquadrou o planeamento sustentável como sendo aquele que contribui para a consecução dos ODS. As abordagens participativas do planeamento em saúde, que integram a participação dos cidadãos e a articulação intersectorial, com particular enfoque na redução das iniquidades em saúde e no alcance da cobertura universal, foram consideradas entre as mais efetivas para o alcance de objetivos de saúde e de bem-estar alinhados com os princípios do desenvolvimento sustentável. Conclusão: A mobilização social e das comunidades no processo de planeamento em saúde parece ser facilitador da seleção e implementação de estratégias de saúde no contexto do desenvolvimento sustentável.

PERTINÊNCIA E CONSTRANGIMENTO DO EHEALTH NA PRESTAÇÃO DE CUIDADOS DE SAÚDE AO IDOSO COM RISCO DE QUEDA POR DISTÚRBIOS DE EQUILÍBRIO

Andréa Gomes Martins Gaspar^{1,2}, Luís Velez Lapão¹

1- Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade NOVA de Lisboa 2- Hospital Beatriz Ângelo

INTRODUÇÃO: O risco de queda do idoso por alterações do equilíbrio pode motivar despesas significativas com avaliações, exames e medicamentos. O deficiente acesso à informação sobre os cuidados prestados pode reforçar este cenário. A utilização adequada dos Sistemas e Tecnologias de Informação (STI) pode mitigar o esforço e custos. O conhecimento dos seus constrangimentos poderá orientar decisões com investimento em sensibilização e formação tecnológica em saúde. **OBJETIVOS:** Identificar necessidades e constrangimentos dos médicos quanto à utilização de eHealth e conhecer a sua satisfação quanto aos dados relativos à prestação de cuidados de saúde ao idoso com risco de queda por alterações do equilíbrio.

MATERIAL E MÉTODOS: Com a colaboração da Ordem dos Médicos-Portugal, entre 25/6 a 28/8/2019, foi disponibilizado no site desta o link do questionário “A contribuição do eHealth na prestação de cuidados de saúde ao idoso com risco de queda por distúrbios do equilíbrio”, com 18 perguntas fechadas. As informações foram tratadas confidencial e anonimamente.

RESULTADOS: Foram obtidas 118 respostas, a maior parte constituída pelo género feminino (61%) e ≤50 anos (74%). 39% eram especialistas em Medicina Interna e 38% em ORL. 82% trabalhavam numa unidade de saúde de prestação pública. Sobre STI, 60% dos participantes referiram despende mais da metade do tempo de consulta com o seu uso. A utilidade dos dados que tinham acesso foi considerada boa/muito boa/ou excelente por 80% dos médicos. Dos inqueridos, 43% revelaram necessidade de acesso a dados relativos a prestações anteriores de cuidados ao idoso com distúrbios do equilíbrio com risco de queda. 84% tiveram acesso a estas informações através do STI, sendo a sua disponibilidade pertinente na prestação de cuidados para 86% dos participantes. Entretanto, houve insatisfação ou muita insatisfação quanto ao tempo despendido para aceder a estas informações (61%), à disponibilidade de dados suficientes e compreensíveis (55%) e ao tempo para preenchimento de novos dados (61%). 50% dos participantes revelaram insatisfação ou muita insatisfação com o uso de STI. A utilização de soluções digitais à distância neste âmbito foi considerada pertinente ou muito pertinente por 76% dos médicos. **CONCLUSÕES:** A importância do eHealth nesta temática foi destacada pela maioria dos participantes. No entanto, há necessidade de investimento em recursos tecnológicos com boa usabilidade, qualificação de recursos humanos e sensibilização da sua pertinência.

ACULTURAÇÃO, ESTILOS DE VIDA E SAÚDE DE IMIGRANTES DA COMUNIDADE DE PAÍSES DE LÍNGUA PORTUGUESA NA ÁREA METROPOLITANA DE LISBOA E NO PAÍS BASCO (ESPANHA) – O MODELO CONCEPTUAL E ESTRATÉGICO

Daniela Alves (1), Isabel Craveiro (1), Nekane Basabe (2), Luzia Gonçalves (1,3)

(1) Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade

Nova de Lisboa, Rua da Junqueira 100, 1349-008 Lisboa, Portugal; (2) Departamento de Psicología Social y Metodología de las Ciencias del Comportamiento; Facultad de Farmacia de la Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea, Paseo de la Universidad, nº 7, 01006 Vitoria-Gasteiz; (3) Centro de Estatística e Aplicações da Universidade de Lisboa, 1749016 Lisboa.

A aculturação é um processo de adaptação sociocultural multidimensional, dinâmico e multifatorial onde intervém tanto a cultura do grupo migrante como a cultura autóctone. De acordo Berry (1997), podem ser adotadas uma das quatro estratégias de aculturação: 1) Assimilação, em que o indivíduo ou grupo aceita e absorve os valores culturais de acolhimento; 2) Separação, quando o indivíduo ou grupo adere aos valores da sua cultura de origem, em detrimento de aceitação da cultura de acolhimento; 3) Integração, se o indivíduo ou grupo aceita e adere aos valores e normas culturais de ambas as culturas; e 4) Marginalização, em que o indivíduo ou grupo não aceita nem adere aos valores de nenhuma das culturas (origem e acolhimento). A aculturação dietética é um outro conceito, que se refere à adoção, pelos membros de um grupo minoritário, de alimentos/padrões alimentares do país de acolhimento. O processo de aculturação está associado com os estilos de vida, o estado nutricional e com a saúde dos imigrantes. De acordo com a literatura os resultados sobre o efeito da aculturação na saúde são contraditórios. Em Portugal e Espanha, o estudo desta temática é ainda escasso. Este trabalho tem como objetivo estudar a influência do processo de aculturação nos estilos de vida, no estado nutricional e na saúde dos imigrantes com origem num país da Comunidade de Países de Língua Portuguesa na Área metropolitana de Lisboa e na Comunidade Autónoma do País Basco. Nos dois contextos ibéricos as doenças cardiovasculares são a principal causa de morte. Além disso apresentam similaridades no que respeita: à demografia, aos estilos de vida e à prevalência de excesso de peso (pré-obesidade e obesidade). Será adotada uma metodologia mista implementada através de um desenho Quantitativo-Qualitativo, utilizando estudos transversais (questionário, sujeito a pré-teste, e realização da avaliação da composição corporal por bioimpedância) e entrevistas semiestruturadas.

TRANSMISSÃO VERTICAL DO VHB EM RECÉM-NASCIDOS DA MATERNIDADE IRENE NETO, LUBANGO, ANGOLA

Dinamene Oliveira¹; João Piedade²; Ângela Lopes²; Rita Castro²; Maria do Rosário Martins²; Filomena Martins Pereira²

- 1 - Clínica Girassol, Angola
- 2 - GHM, IHMT-UNL, Lisboa

Introdução: As infeções sexualmente transmissíveis (IST) contam-se entre as infeções mais frequentes em mulheres grávidas, destacando-se as seguintes: sífilis, gonorreia, tricomoníase, clamídiase, hepatite B, infeção pelo vírus da imunodeficiência humana, pelos vírus herpes simplex 1/2 e papilomavírus humano¹. Quando uma infeção ocorre durante a gravidez, um aspeto particular a ter em conta é a sua possível transmissão vertical (TV). Estima-se que o risco de TV do vírus da hepatite B (VHB) é de pelo menos 10-40%². Em Angola, estudos sobre IST durante a gravidez e sua TV são escassos. O Lubango é a capital da província da Huíla, a segunda província mais populosa de Angola, e a Maternidade Irene Neto (MIN) é a maternidade provincial de referência. **Objetivos:** Caracterizar a TV do VHB em recém-nascidos da MIN e analisar a associação entre a mesma e a deteção do HBeAg. **Métodos:** Estudo observacional, transversal e analítico. A TV do VHB foi avaliada em 41 recém-nascidos de 38 parturientes HBsAg-positivas. A deteção do HBeAg foi realizada em 33 das 38 parturientes. Foi colhida uma amostra de sangue capilar de cada recém-nascido por punção do calcanhar e conservada em papel de filtro para deteção molecular do DNA do VHB por nested PCR³. Amplicões das amostras positivas foram sequenciados pelo método de Sanger para posterior identificação do genótipo viral por pesquisa de semelhança local entre sequências nucleotídicas (análise BLAST). Para analisar a associação entre a presença do HBeAg nas parturientes e a transmissão do VHB aos recém-nascidos foi usado o teste exacto de Fisher, para um nível de significância de 5%. **Resultados e Conclusões:** O genótipo E do VHB foi detetado em 3/41 (7,3%) recém-nascidos de mães HBsAg-positivas. Apenas uma das referidas mães tinha conhecimento prévio da infeção pelo VHB, mas a carga viral não foi avaliada, nem recebeu terapia antiviral durante a gravidez. O HBeAg foi detetado em 2/33 (6,1%) mães HBsAg-positivas. As duas mães HBeAg-positivas transmitiram a infeção aos seus recém-nascidos (100%), enquanto apenas uma das 31 mães HBeAg-negativas transmitiu a infeção ao seu recém-nascido (3,2%). Existe uma associação entre a presença do HBeAg nas parturientes e a transmissão do VHB aos recém-nascidos ($p=0,006$). Para combater a TV do VHB em Angola é necessário um compromisso multisetorial integrado com foco no rastreio pré-natal universal do VHB, na deteção de outros marcadores do VHB (carga viral e/ou HBeAg), na terapia antiviral das mães com alto risco de TV e na imunoprofilaxia passiva dos recém-nascidos (imunoglobulina).

ANÁLISE DE POLÍTICAS DE CONTROLO DA TUBERCULOSE E PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA INFECÇÃO EM MOÇAMBIQUE (2009-2017)

Germano Pires¹, Maria Rosário² & Inês Fronteira²

- 1 - Instituto Nacional de Saúde - Ministério da Saúde de Moçambique,
- 2 - Instituto de Higiene e Medicina Tropical - Universidade Nova de Lisboa

Introdução: A análise das políticas do Programa Nacional de Controlo da Tuberculose (PNCT) é de extrema importância, pois permite monitorar e avaliar as suas operações e resultados, com o objectivo de as tornar mais efectivas, em relação à cobertura universal dos cuidados de saúde. **Objectivo:** descrever as políticas de controlo de tuberculose a partir de uma pesquisa documental e relacionar com o perfil epidemiológico da doença entre 2009-2017. **Métodos:** foi feito um estudo qualitativo descritivo de análise de políticas do PNCT em Moçambique, utilizado se a técnica da análise documental para identificar as políticas relevantes e análise de conteúdo para colher a informação relevante, organizá-la e analisá-la. Em seguida, foi feito um sub-estudo qualitativo para aprofundar a análise dos achados documentais. Sequencialmente foi feito um estudo transversal sobre o perfil epidemiológico da tuberculose, com base em dados secundários de notificação e de avaliação dos casos de 2009-2017. Para relacionar as políticas com o perfil epidemiológico da doença, fez-se uma análise dos marcos políticos ao longo dos anos, relacionando-os com os resultados dos indicadores, em função das metas preconizadas no plano estratégico e operacional do PNCT. **Resultados:** as estratégias de palestras dadas sobre a TB, influenciaram em grande parte na adesão ao rastreio da doença. A introdução de DOTS e

Agentes Polivalentes Elementares de Saúde, permitiu maior cobertura dos serviços do programa.

Foram notificados no total 83558 casos novos de TB com BK+ nas três províncias entre 2009-2017, sendo 2261 (2.7%) novos casos em menores de 15 anos e 81297 (97.3%) casos, em maiores de 15 anos. Em geral, verificou-se em média uma tendência de redução de mortes por TB em 28.7%, nas três províncias entre 2009 a 2016.

Relacionando as políticas com o perfil epidemiológico, constatou-se que com a expansão de DOTS em 2009, a taxa de abandono para Sofala e Maputo esteve dentro dos limites estabelecidos pela OMS (<5%)

entre 2009 a 2016, enquanto que Nampula apresentou taxas dentro dos parâmetros recomendados apenas em 2012 e 2013. A taxa de sucesso de TB MDR em 2017 foi de 47%, contra os 60% preconizados. **Conclusão:** Em geral a morte por tuberculose reduziu, como resultado de integração de várias estratégias de controlo da doença. A relação das políticas do programa com o perfil epidemiológico da doença, permitiu chegar-se à conclusão que, não basta apenas a formulação das políticas, mas também uma implementação efectiva das mesmas, em função do contexto em que foram formuladas.

HEALTH WORKFORCE REQUIREMENTS FOR EFFECTIVE GOVERNANCE OF HEALTH SYSTEMS

Giorgio Cometto, James Buchan, Gilles Dussault

GC: World Health Organization, Geneva JB, GD: IHMT

Introduction. The performance of health systems depends to a large extent on the capacity for effective stewardship and management; strengthening this capacity is therefore considered of utmost importance to attaining health sector goals. **Objective.** “To identify and analyse the institutional, organizational and individual determinants of the performance of health workers who have a leadership, planning, governance, management, supervision, oversight role on the health system”. **Methods.** The thesis adopts and adapts an established framework to explore capacity building in the health sector; it will be used to explore the relevant literature and conduct quantitative and qualitative case studies. **Results.** The literature review led to adaptation of the conceptual framework and confirmed its relevance; over 90 articles have been found to be eligible for inclusion and data extraction is ongoing. On the basis of this conceptual approach, a policy and practice paper identifying relevant examples of effective health workforce governance interventions was developed and is in press. Further, an analysis of HRH units in one of the WHO regions was conducted, identifying capacity gaps and required approaches to strengthen institutional capacity for health workforce governance in the public sector. **Conclusions.** The capacity for health system and health workforce governance in countries varies substantially across countries; the identification of relevant policy options and effective strategies to strengthen that capacity has the potential for a catalytic effect on the stewardship function and the wider performance of health systems.

EPIDEMIOLOGIA, DETERMINANTES E SAÚDE: CONTRIBUTOS PARA A ELIMINAÇÃO DA MALÁRIA EM CABO VERDE

Júlio Monteiro Rodrigues (1); Nuno Sepúlveda (2); Luzia Gonçalves (3)

(1) Instituto Nacional de Saúde Pública de Cabo Verde; (2) CEaul/LSHTM - Londres; (3) Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Rua da Junqueira 100, 1349-008 Lisboa; Centro de Estatística e Aplicações da Universidade de Lisboa, 1749-016 Lisboa.

Transmissão e ocorrência de casos de malária. Cabo Verde tem conseguido progressos significativos na redução do fardo da doença na população, estando numa fase de pré-eliminação desde 1989, com uma incidência anual inferior a um caso por mil habitantes em risco. No entanto, acredita-se que o longo período nessa fase passando por períodos de surtos esporádicos e localizados deve-se a ação de fatores específicos que, sendo identificados e posteriormente colmatados, podem contribuir decisivamente para a eliminação efetiva da doença no país. Por exemplo, é sabido que, com a diminuição da intensidade da transmissão, torna-se mais difícil a deteção de casos infetados em amostragens clássicas de vigilância (baseadas em medidas epidemiológicas com a infeção propriamente dita). No contexto de pré-eliminação ou eliminação torna-se imperativo o uso de estratégias alternativas de vigilância tais como o uso de marcadores serológicos para inferir o verdadeiro grau de exposição da população ao parasita da malária. O presente trabalho tem como objetivo analisar a epidemiologia e os determinantes implicados na exposição ou infeção por parasita da malária. Com este fim, realizou-se um estudo transversal na Cidade da Praia (n=1,400) e na Ilha da Boavista (n=200) onde se tem registado casos autóctones de malária nos últimos anos, sendo a área urbana da Praia com mais de 90% de todos os casos de malária autóctone do país nos últimos 10 anos. O objetivo deste estudo consistiu em estimar o grau de exposição ao parasita da malária usando estimativas da seroprevalência para diferentes tipos de antigénios. A compilação e respetiva análise de dados estão neste momento em curso. Para complementar este estudo, foram também recolhidos dados dos casos reportados entre 2010 e 2017 ao serviço de vigilância da Direção Nacional de Saúde, nos relatórios do Programa Nacional de Luta Contra a Malária e nas estruturas de saúde. A respetiva análise estatística está também em curso. Como resultado destes estudos, espera-se identificar as potenciais lacunas do Programa Nacional de Luta Contra a Malária e encontrar determinantes chaves de transmissão de forma a informar estratégias futuras para a eliminação da malária em Cabo Verde.

40 YEARS OF IMMUNIZATION IN MOZAMBIQUE: ACCOMPLISHMENTS AND PERSPECTIVES: A NARRATIVE REVIEW OF LITERATURE

Marta Cassocera 1,2; Assucênio Chissaque 1,2; Maria R O Martins 2 & Nilsa de Deus 1

1. Instituto Nacional de Saúde - Moçambique 2. Instituto de Higiene e Medicina Tropical - Universidade Nova de Lisboa

Introduction: Children immunization is considered one of the most cost-effective strategies to reduce morbidity and mortality in children over the world. In Mozambique, the Expanded Program of Immunization (EPI) was implemented in 1979 with the commitment to reduce child mortality and morbidity through the provision of immunization services at all levels. **Objective:** The main objective of the present study was to provide a temporal trend of the available data related to vaccination in Mozambique since EPI implementation and describe the accomplishments, the challenges, and perspectives. **Methods:** A narrative review of literature was performed by accessing primary source of information such as Demographic Health Surveys reports carried out in country, Ministry of Health, international reports and other relevant sources for the review. Bibliographic databases namely: Pubmed, Google Scholar and Web of Science were used to access the articles using keywords such as: child; immunization; vaccine coverage; vaccine; Mozambique. **Results:** According to surveys, the immunization coverage improved from 47% (1997) to 66% (2015). However, this is below the goal of 90% expected to countries to achieve according and Global Vaccine Action Plan (GVAP) 2011-2020. Only 5 provinces (Maputo city, Maputo province, Gaza, Inhambane and Cabo Delgado) could reach the 80% goal at the provincial level and none of them belongs to the central region of the country. Additionally the provinces of Zambézia, Nampula, and Tete have been continuously reporting low coverage over the years and Cabo Delgado reports coverage oscillation. The BCG, DPT3, Polio, and measles have reached 80% of coverage from 1997-2015. The PCV introduced in 2013 has 59% of coverage and polio vaccine has decreased its dropout from 28% to 18.5%. The coverage of the tetanus toxoid vaccine increased from 34% (1997) to 67% (2008), and then decreased 11 percentage points in 2011. **Conclusion:** Our review showed important improvements in national immunization, characterized by an overall increase in the national and provincial coverage. However, this is not standardized as some areas continue to report low coverage, so that national coverage remains below the WHO recommendations. The determinants of vaccination status and vaccine dropout need to be better understood to retain children and provide full and timely immunization.

A MOBILIDADE DOS PROFISSIONAIS E SAÚDE EM PAÍSES DA UNIÃO EUROPEIA E SEUS EFEITOS NO DESEMPENHO DOS SERVIÇOS DE SAÚDE

Paula Maria Simões Costa Caldinhas; Orientador: Professor Jorge Simões

Instituto de Higiene e Medicina Tropical - IHMT - Universidade Nova de Lisboa -UNL

Introdução: A mobilidade de profissionais de saúde entre regiões ou países da comunidade europeia cria a maior região de livre circulação para profissionais de saúde, colocando também novos desafios à integração e regulação de sistemas e serviços de saúde, numa perspetiva de promoção e harmonização de práticas profissionais e criação de padrões comuns. Objetivos: Pretende-se analisar os efeitos da mobilidade dos profissionais de saúde, em países europeus, em três dimensões principais: no desenvolvimento e formação dos profissionais, no desempenho das instituições de saúde e respetiva cultura organizacional. Metodologia: Foi realizado um estudo de investigação, em três vertentes e através diferentes metodologias (metodologia qualitativa recorrendo a dados primários, metodologia quantitativa recorrendo a dados primários, um estudo de metodologia quantitativa recorrendo a dados secundários), para além de uma revisão sistemática de literatura. A população do estudo foi constituída por profissionais de saúde, a exercer a profissão em Portugal ou noutros países europeus. Resultados: A mobilidade de profissionais de saúde é percebida como uma experiência positiva, que contribui para o desenvolvimento e aprendizagem pessoal e profissional e para a diversificação de conhecimento. Aspetos de acesso a recursos, remuneração e de autonomia e criatividade foram reportados como percebidos de forma negativa, passíveis de intervenção, como forma de melhoria da satisfação profissional. Recomenda-se o estabelecimento de iniciativas destinadas a melhorar a integração dos profissionais migrantes e a retenção de recursos humanos em saúde. Conclusão: As normas de atuação e “guidelines” internacionais já estabelecidos para a prática clínica e hospitalar, permitem o desenvolvimento de uma prática profissional padronizada, parecendo haver maior disparidade a nível de cultura organizacional e profissional das instituições. Parece não haver diferenças a nível de desempenho, nas instituições estudadas resultantes da mobilidade de profissionais e do recurso à contratação de profissionais e serviços exteriores à instituição de saúde. Mais investigação é necessária para “aprofundar o conhecimento sobre formas de adaptação a um ambiente de trabalho cada vez mais globalizado, e sua influência na dinâmica intercultural e no comportamento organizacional”.

IMPLEMENTING ADVANCED PRACTICE NURSE IN PORTUGAL - AN ANALYSIS OF THE ACCEPTABILITY BY SPECIALIST NURSES

Patrícia Nunes

Inês Fronteira

GHTM, IHMT, UNL

Background: The implementation of Advanced Practice Nursing (APN), with the purpose to guarantee and promote the sustainability of the healthcare system, increase the accessibility and satisfaction of both patients and professionals, has been up to debate and gaining particular relevance in Portugal, since the health care workforce has been described as an inefficient combination of resources, with consequences in productivity and access to healthcare services. For these reason, many stakeholders have advocated the revision of the scoop of professional practice for nurses, claiming that expanding nurse roles and task shifting certain chores from doctors to nurses can be an efficient and cost effective way to deal with demographic challenges and the constrains that the NHS faces. The subject is, however, controversial since different parties take dissimilar positions in what it comes to expanding nurse's professional practice and there seems to be strong reluctance to the implementation of this practice by portuguese nurses. **Aim:** To determine the acceptibility of APN in Portugal by specialist nurses. **Methods:** Scooping review on APN practice by specialist nurses (SN) and survey application to Portuguese SN, practicing within the country, regarding the implementation of APN in Portugal **Results:** 372 respondents, 32% unaware of the term APN, 79% believe task shifting shores from doctors to nurses is possible but actual workload could prevent it, 65% claim to need additional training to practice APN. Although 88% would accept to perform APN, only 71% believe it to be feasible. **Conclusion:** Knowing the position of determinant stakeholders, such as the SN, regarding the implemetation of APN in Portugal is essential to provide evidence that allows taking a conscious political decision regarding the implementation of APN in Portugal. It seems consensual among this sample of SN that APN implementation in Portugal is desirable and feasible and that SN are willing to accept the performance of such practice. **Key Words:** Advanced Practice Nursing, Specialist Nurse, Workforce

OS CIRCUITOS DA TUBERCULOSE: AVALIAÇÃO DA COORDENAÇÃO DOS CUIDADOS NA LÓGICA DO PACIENTE

Rafaela Miranda Ribeiro, Zulmira Hartz, Luzia Gonçalves, Isabel Craveiro

IHMT

Introdução: a tuberculose mata milhões de pessoas em todo o mundo. Portugal, assim como outros países da Europa, apresenta incidências cada vez mais baixas da doença, no entanto a prevalência em núcleos urbanos é moderada situando-se aproximadamente entre 30 e 40 casos por 100.000 habitantes(ref.1) e está associada a determinantes sociais de saúde. Para atingir as metas de eliminação da doença é necessário entender quem são essas pessoas doentes e quais são as suas necessidades (de forma a desenhar um sistema de saúde à sua medida). Desde uma abordagem centrada na pessoa e com o foco na coordenação dos cuidados de saúde, este projeto debruça-se sobre os circuitos pré-diagnósticos dos doentes de tuberculose na procura de cuidados de saúde. Objetivos: compreender os circuitos realizados pelos utentes doentes de tuberculose até o diagnóstico da doença e relacionar os atrasos no diagnóstico com fatores do sistema de saúde e fatores socioeconómicos dos utentes. Métodos: este projeto divide-se em 3 estudos: a) revisão realista da literatura sobre a intervenção do rastreio de contactos na tuberculose, teorização sobre a importância do contexto nas intervenções; b) estudo de caso num centro de diagnóstico pneumológico da periferia de Lisboa - CDP Amadora - onde a prevalência da tuberculose é elevada(ref.2), inclui b.1) entrevistas com utentes doentes de tuberculose e b.2) análise quantitativa de dados do sistema de vigilância para o caso; c) estudo qualitativo com migrantes doentes de tuberculose com entrada em Portugal no ano de 2018. Resultados e Conclusões: o projeto encontra-se em execução. O trabalho de campo já foi realizado. Os resultados estão a ser trabalhados. 1. Franco, I. et al. Social profile of the highest tuberculosis incidence areas in Portugal. *Rev. Port. Pneumol.* 22, 50–56 (2016). 2. Couceiro, L., Santana, P. & Nunes, C. Pulmonary tuberculosis and risk factors in Portugal: a spatial analysis. *Int. J. Tuberc. Lung Dis.* 15, 1445–1455 (2011).

PRONTIDÃO DOS SERVIÇOS DE CUIDADOS OBSTÉTRICO-NEONATAIS DE PRIMEIRA REFERÊNCIA, MOÇAMBIQUE, 2018

Sergio Chicumbe (1,2,3) Grupo Técnico do MZ-SARA2018 (2), Maria do Rosário Oliveira Martins

(3)

1- Instituto Nacional de Saúde, Programa de Políticas e Sistemas de Saúde, Moçambique 2- Instituto Nacional de Saúde, Ministério da Saúde, Organização Mundial de Saúde,

Moçambique 3-Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Introdução: Várias iniciativas e programas são implementados para o fortalecimento da disponibilidade e prontidão dos clínicos para a mulher e criança. Um pressuposto para alcançar uma grande fasquia de potenciais beneficiários, e por vias disso melhorar a morbi-mortalidade materno-neonatal, é a melhoria contínua da prontidão das maternidades para prestar cuidados obstétrico e neonatal de emergência. O objectivo deste trabalho foi caracterizar a disponibilidade e prontidão de maternidades de hospitais distritais e rurais de Moçambique em 2018. Métodos: Censo à hospitais de primeira referência em Moçambique, que decorreu entre os meses de Abril e Agosto de 2018. Responsáveis dos serviços foram entrevistados e inquiridores treinados observaram a existência e funcionalidade de equipamentos, medicamentos e insumos médicos pré-definidos e indicativos de prestação de cuidados obstétricos e neonatais de qualidade nos países de baixa renda (protocolo Service Availability and Readiness Assessment da Organização Mundial da Saúde). O índice de disponibilidade é a pontuação percentual da existência de itens medicamentosos e médico-cirúrgicos indicativos e o índice de prontidão corresponde a média de índice de disponibilidade de recursos humanos, medicamentos, testes diagnósticos e materiais. A computação dos índices e a estatística descritiva desagregada por localização das unidades sanitárias (US) foi feita em SPSS versão 23. Resultados: O índice de disponibilidade de condições infra-estruturais básicas foi de 85 pontos percentuais (n=54 US). As US de zonas mais distantes de sedes distritais tiveram -18% neste índice. O índice de disponibilidade de cuidados obstétricos e neonatais foi de 63%, sendo 87% na disponibilidade para sinais funcionais de emergência obstétrica e 70% para emergências de neonatos. A prontidão de cuidados obstétricos e neonatais teve 83% com variação em 13 pontos por localização. Conclusão: Sendo a excelência o desejado no atendimento à emergências, persiste lacuna na prontidão para prestar cuidados adequados à emergência obstétrica e neonatal nos hospitais de primeira referência de Moçambique. Investimentos adicionais são certamente necessários, especialmente quando a maior parte das emergências obstétriconeonatais são resolvidas por cuidados de qualidade e oportunos na primeira referência, e melhorar é crítico para incrementar a sobrevivência materno-neonatal.

IMPACTO DA IMIGRAÇÃO NO PERFIL DE SAÚDE DAS CRIANÇAS DO CONCELHO DA AMADORA

Zélia Muggli , Maria do Rosário Oliveira Martins

IHTM, UNL

As crianças imigrantes apresentam vulnerabilidade em saúde acrescida, têm necessidades de saúde distintas, padrões de doença diferenciados, com determinantes de desigualdades em saúde complexos e multidisciplinares. Em Portugal existem lacunas no conhecimento sobre o estado de saúde das crianças imigrantes e muitos dos estudos sobre a saúde dos imigrantes em geral foram realizados há 5 ou mais anos, não incorporando uma realidade sociodemográfica mais recente, com maior diversidade cultural e maior fluxo migratório. Torna-se assim uma prioridade desenvolver estudos nesta área para informar políticas “migrant- sensitive” que tornem os serviços de saúde mais adequados às necessidades atuais. Ao analisar o perfil de saúde, acesso e padrões de utilização dos serviços de saúde da criança imigrante Nacional de Países Terceiros (NPT), com início no período crucial antes da entrada no ensino básico, este estudo pretende gerar mais conhecimento sobre como a imigração impacta a saúde das crianças e contribuir no desenho de estratégias de intervenção precoce de modo a garantir equidade em saúde . Para isso foram desenhados 4 estudos com uma abordagem de métodos mistos. O primeiro estudo assenta num estudo prospetivo de coorte que tem como objetivo descrever e comparar os perfis sociodemográficos e de saúde e o padrão de utilização do ACES da Amadora entre as crianças imigrantes Nacionais de Países Terceiros (NPT) e autóctones aos 4 e 5 anos, e identificar determinantes de desigualdades em saúde. A amostra terá um máximo de 800 crianças utilizadoras do ACES da Amadora, recrutadas nas 9 unidades de saúde, com um primeiro levantamento de dados entre junho de 2019 e maio de 2020 e o segundo um ano após o primeiro. O segundo estudo, transversal, visa caracterizar o padrão de utilização dos serviços de urgência hospitalares do Hospital Fernando Fonseca pelas crianças recrutadas no estudo 1 e identificar fatores que o influenciam. O terceiro e o quarto estudos têm uma abordagem qualitativa e pretendem explorar respetivamente as experiências dos cuidadores no acesso aos cuidados primários pelas crianças imigrantes NPT utilizadoras e não utilizadoras do ACES da Amadora. As crianças não utilizadoras serão recrutadas em coordenação com o grupo de saúde escolar do ACES, ONGs ou Serviço de Pediatria do HFF. O estudo de coorte foi iniciado em junho de 2019, estando a decorrer o primeiro levantamento de dados. Está planeada a inclusão no poster para as Jornadas dos resultados preliminares de 100 crianças recrutadas.