



**LIVRO DE RESUMOS DAS  
COMUNICAÇÕES LIVRES E PÓSTERES**

# **6.º CONGRESSO NACIONAL DE MEDICINA TROPICAL 2023**

**20 e 21 de abril de 2023**

**Instituto de Higiene e Medicina Tropical - Lisboa**

Patrocinadores:



Apoios:



## Programa 6.º Congresso Nacional de Medicina Tropical – 20 de abril

Atividade	Moderador	Sala	Horário	Palestrante	Tema
<b>Sessão de abertura</b>	Filomeno Fortes (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	09:00 09:40	Filomeno Fortes (IHMT)  Filomena Martins Pereira (IHMT)  Reitor João Sàágua (UNL)	
<b>Conferência</b>	Filomena Martins Pereira (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	09:40 10:00	Dr. Dorothy Fosah-Achu (UCN Cluster World Health Organization Regional Office for Africa)	Role of WHO in containing the spread of vector borne diseases beyond Africa
<b>Mesa-redonda 1: Doenças Tropicais Negligenciadas</b>	Marcelo Ferreira (IHMT)  Silvana Belo (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	10:00 10:20	Silvana Belo (IHMT)	Schistosomoses nos PALOP: progressos e abordagens de investigação para o controlo
			10:20 10:40	Isabel Maurício (IHMT)	Leishmanioses: avanços científicos no controlo, diagnóstico e epidemiologia moleculares
			10:40 11:00	Jahit Sacarial (Universidade Eduardo Modlane)	Doenças fúngicas sistémicas em Moçambique: resultados, limitações e desafios
			11:00 11:20	Deborah Carvalho Malta (Universidade Federal de Minas Gerais)	Como calcular a carga de doença de infeções tropicais negligenciadas?
			11:20 12:00	Discussão	
<b>Coffee break neste horário</b>			<b>10:30 11:00</b>		
<b>Mesa-redonda 2: Síndromes Febris nos Trópicos</b>	Jorge Seixas (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>	10:00 10:20	Nuno Marques (Hospital Garcia de Orta)	Progressos no diagnóstico das síndromes febris em adultos nos trópicos
			10:20 10:40	Luís Varandas (IHMT)	O desafio das síndromes febris agudas em crianças nos trópicos
			10:40 11:00	Lina Antunes (Hospital Geral do Lubango)	Febres entéricas em África
			11:00 11:20	Jorge Seixas (IHMT)	Doença do sono como síndrome febril rara
			11:20 12:00	Discussão	
<b>Almoço livre</b>			<b>12:30 14:00</b>		
<b>Comunicações Oraís 1</b>	Marcelo Ferreira (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	12:00 13:00	+info	+info

<b>Simpósio Universidade Privada de Angola (UPRA) (*)</b>	Luís Tavira (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>	12:00 12:30	António Armando (UPRA, Angola)	Epidemiologia das infeções respiratórias em Angola
			12:30 13:00	Rodrigues Leonardo (UPRA, Angola)	Tuberculose multidroga resistente primária
<b>Testemunho</b>	Noelma Viegas de Abreu (Fundação BAI)	<b>Fraga de Azevedo</b>	13:00 14:00	Filomeno Fortes (IHMT)	Apresentação do livro “Reflexões entre os lusófonos: a vida pós- COVID-19”
<b>Sessão de Pósteres 1</b>		<b>Tenda Exterior</b>	13:00 14:00	+info	+info
<b>Mesa-redonda 3: Doenças Emergentes, Surtos e Epidemias</b>	Jaime Nina (IHMT)  Jorge Seixas (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	14:00 14:30	Jaime Nina (IHMT)	Infeção por VIH-2: da descoberta à situação actual
			14:30 15:00	João Vaz Alves (Hospital Egas Moniz)	A epidemia de infeção pelo vírus Mpx
			15:00 15:30	Filomeno Fortes (IHMT)	O desafio das febres hemorrágicas virais
			15:30 16:00	Discussão	
<b>Mesa-redonda 4: Doenças Não Transmissíveis e Oncológicas</b>	Cláudia Conceição (IHMT)  Maria do Rosário Martins (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>	14:00 14:30	Maria do Céu Teixeira (Universidade de Cabo Verde)	Asma, rinite e eczema em crianças de Cabo Verde
			14:30 15:00	Lúcio Lara Teixeira (Instituto Português de Oncologia)	Situação da doença oncológica nos PALOP
			15:00 15:30	Albano Ferreira (Universidade Katyavala Bwila)	Situação da doença cardiovascular nos PALOP
			15:30 16:00	Discussão	
<b>Comunicações Orais 2</b>	Fernando Cupertino (Universidade Federal de Goiás)	<b>Aula Magna</b>	16:00 17:00	+info	+info
<b>Comunicações Orais 3</b>	Luís Varandas (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>			
<b>Conferência Plenária 1</b>	Luís Sambo (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	17:00 18:00	Fernando Cupertino (Universidade Federal de Goiás)	Medicina Tropical e Desenvolvimento Sustentável

## Programa 6.º Congresso Nacional de Medicina Tropical – 21 de abril

Atividade	Moderador	Sala	Horário	Palestrante	Tema
<b>Conferência Plenária 2</b>	Ana Abecasis (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	09:00 10:00	Nuno Faria (Imperial College London)	SARS-CoV-2 no Brasil
<b>Mesa-redonda 5: VIH-SIDA e Tuberculose</b>	Ana Abecasis (IHMT)/ Miguel Viveiros (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	10:00 10:20	Afrânio Kritski (Universidade Federal do Rio de Janeiro)	Efeito dos aspectos sociais, económicos e do sistema de saúde na cascata diagnóstica e terapêutica da tuberculose multiresistente em pacientes atendidos em Lisboa e no Rio de Janeiro
			10:20 10:40	Margarida Saraiva (Universidade do Porto)	Estudo das bases moleculares associadas à severidade da tuberculose
			10:40 11:00	Daniel Simões (EATG, GAT, Coalition Plus)	Infecção pelo VIH em migrantes
			11:00 11:20	Nuno Taveira (Instituto Universitário Egas Moniz)	Infecção pelo VIH nos PALOP
			11:20 12:00	Discussão	
<b>Coffee break neste horário</b>			10:30 11:00		
<b>Mesa-redonda 6: Medicina Point-of-Care nos Trópicos</b>	Luís Tavira (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>	10:00 10:30	Ana Azevedo (Hospital Egas Moniz)	Medicina Laboratorial e Point-of-Care
			10:30 11:00	Yulia Smal (Europa Miraigenomics)	Diagnóstico molecular rápido em ambulatório
			11:00 11:30	Henrique Cabral (Unidade de Saúde da Ilha do Pico)	Ecografia portátil e diagnóstico Point-of-care
			11:30 12:00	Discussão	
<b>Comunicações Oraís 4</b>	Jaime Nina (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	12:00 13:00	+info	+info
<b>Comunicações Oraís 5</b>	Jorge Seixas (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>			
<b>Almoço livre</b>			12:30 14:00		
<b>Sessão de Pósteres 2</b>		<b>Tenda Exterior</b>	13:00 14:00	+info	+info
<b>Simpósio Takeda: Dengue Beyond the bite (*)</b>	Filomena Pereira (IHMT) / Expedito Luna (USP)	<b>Fraga de Azevedo</b>	13:00 14:00	Jorge Atouguia (IHMT) Maria João Pena (Takeda)	Dengue Overview and Landscape: Clinical Development of Dengue vaccine
<b>Mesa-redonda 7: COVID-19 em 2023: o que mudou?</b>	Kamal Mansinho (IHMT) Cândida Abreu (Hospital Univ. de São João) Marina Caldas (FDC Consulting)	<b>Aula Magna</b>	14:00 14:20	Magda Robalo (Instituto para a Saúde Global e Desenvolvimento Guiné Bissau)	Cuidados primários

			14:20 14:40	Ana Cláudia Miranda (Hospital Egas Moniz)	Cuidados hospitalares
			14:40 15:00	Antero Fernandes (Hospital Garcia de Orta)	Cuidados Intensivos
			15:00 15:20	Expedito Luna (Universidade de São Paulo)	Vigilância e controlo
			15:20 16:00	Discussão	
<b>Mesa-redonda 8: Acidentes Ofídicos</b>	Jorge Seixas (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>	14:00 14:30	Luís Miguel Pires Ceríaco (Museu de História Natural e da Ciência)	O acidente ofídico como doença tropical negligenciada: a visão do herpetologista
			14:30 15:00	Fan Hui Wen (Instituto Butantan)	Progressos no manuseio do acidente ofídico: a experiência brasileira
			15:00 15:30	Paula de Oliveira (Centro Nacional de Investigação Científica, Angola)	Acidentes ofídicos em Angola
			15:30 16:00	Discussão	
<b>Comunicações Oraís 6</b>	Luís Lapão (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	16:00 17:00	+info	+info
<b>Comunicações Oraís 7</b>	Gustavo Capatti (IHMT)	<b>Fraga de Azevedo</b>	16:00 16:40		
<b>Testemunho</b>	Danina Coelho (Gabinete do Primeiro-Ministro de Timor-Leste)	<b>Fraga de Azevedo</b>	16:40 17:00		Pré-Eliminação da Malária – a experiência de Timor-Leste
<b>Conferência Plenária 3</b>	Filomena Pereira (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	17:00 18:00	Marcia C. Castro (Harvard T. H. Chan School of Public Health)	Saúde Global no Antropoceno: Impacto de mudanças ambientais e climáticas nas doenças infecciosas
<b>Cerimónia de Encerramento</b>	Filomeno Fortes (IHMT)	<b>Aula Magna</b>	18:00 19:00		Entrega de Prémios das Comunicações Oraís e Pósteres por Filomeno Fortes e Marcia C. Castro  Filomeno Fortes (IHMT)
<b>Porto de Honra</b>			19:00		

## **Comunicações Orais Livres**

### **Temas**

#### **Comunicações Orais 01 – 20 de abril - 12h00 – Aula Magna:**

- CO 1 - TENDÊNCIA TEMPORAL E DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DAS INTERNAÇÕES POR GASTROENTERITES INFECCIOSAS NO PIAUÍ, BRASIL, 2009 A 2018
- CO 2 - EPIDEMIOLOGY AND CLONALITY OF STAPHYLOCOCCUS AUREUS BACTERAEMIA IN CHILDREN <5 YEARS OF AGE ADMITTED TO THE MANHIÇA DISTRICT HOSPITAL, MOZAMBIQUE, 2001-2019
- CO 3 - DRUG REPURPOSING AS AN APPROACH TO BYPASS EFFLUX-MEDIATED RESISTANCE IN NEISSERIA GONORRHOEAE
- CO 4 - TREPONEMA PALLIDUM INFECTION RATE IN PATIENTS ATTENDING THE GENERAL HOSPITAL OF BENGUELA, ANGOLA
- CO 5 - IMPLEMENTATION OF THE GALLERIA MELLONELLA INFECTION MODEL AT GHTM/IHMT-NOVA
- CO 6 - EXPRESSÃO GÉNICA DA RESPOSTA AO STRESS OXIDATIVO EM MACRÓFAGOS NA BORRELIOSE DE LYME

#### **Comunicações Orais 02 – 20 de abril - 16h00 – Aula Magna:**

- CO 7 - FORMANDO PROFESSORES DE MEDICINA E DE OUTROS CURSOS PARA SISTEMAS DE SAÚDE COMPROMETIDOS COM O DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL
- CO 8 - TENDÊNCIA TEMPORAL DAS INTERNAÇÕES POR TRANSTORNOS MENTAIS E COMPORTAMENTAIS PELO SISTEMA ÚNICO DE SAÚDE (SUS) NOS TERRITÓRIOS DE DESENVOLVIMENTO, PIAUÍ, BRASIL, 2011 A 2020
- CO 9 - QUESTÕES DE ELEVADA RELEVÂNCIA PARA A SAÚDE SUSTENTÁVEL: UM ESTUDO DE VALIDAÇÃO EM PORTUGAL, 2021
- CO 10 - INTERNAÇÕES HOSPITALARES POR CONDIÇÕES SENSÍVEIS À ATENÇÃO PRIMÁRIA EM SERGIPE-BRASIL: UM ESTUDO ECOLÓGICO
- CO 11 - AS DIRETIVAS ANTECIPADAS DE VONTADE NOS PAÍSES DE LÍNGUA PORTUGUESA: O QUE TEMOS EM COMUM E O QUE PODEMOS APRENDER UNS COM OS OUTROS

#### **Comunicações Orais 03 – 20 de abril - 16h00 – Fraga de Azevedo:**

- CO 12 - ADVERSE BIRTH OUTCOMES AND ASSOCIATED FACTORS AMONG NEWBORNS DELIVERED IN SAO TOME & PRINCIPE: A CASE-CONTROL STUDY

- CO 13 - A VIOLÊNCIA OBSTÉTRICA NA COMUNIDADE DOS PAÍSES DE LÍNGUA PORTUGUESA - UMA REVISÃO NARRATIVA
- CO 14 - DESFECHOS MATERNOS EM UMA COORTE DE GESTANTES DE ACORDO COM O STATUS VACINAL CONTRA COVID-19 EM UMA MATERNIDADE DE REFERÊNCIA NO RIO DE JANEIRO, BRASIL
- CO 15 - USING DEMOGRAPHIC AND HEALTH SURVEYS DATA TO EXPLORE TRENDS OF ANTENATAL CARE INDEXES IN MOZAMBIQUE
- CO 16 - IMPACTO DA ESTRATÉGIA DE PLANIFICAÇÃO DA ATENÇÃO À SAÚDE SOBRE INDICADORES MATERNO-INFANTIS NA REGIÃO DE SAÚDE CAXIAS, MARANHÃO, BRASIL: UMA ANÁLISE DE SÉRIE TEMPORAL

**Comunicações Orais 04 – 21 de abril - 12h00 – Aula Magna:**

- CO 17 - CARACTERIZAÇÃO CLÍNICA, SOCIODEMOGRÁFICA, COMPORTAMENTAL E GENÓMICA VIRAL DOS HOMENS QUE TÊM SEXO COM HOMENS (HSH) DIAGNOSTICADOS COM VIH EM PORTUGAL ENTRE 2014 E 2019
- CO 18 - WASTEWATERVIR – VIGILÂNCIA DA DIVERSIDADE GENÉTICA VIRAL EM ÁGUAS RESIDUAIS DE ÁREAS URBANAS
- CO 19 - SOCIO-DEMOGRAPHIC, CLINICAL AND EXPOSURE FACTORS IN A LARGE-SCALE SARS-COV-2 SEROLOGICAL SURVEY AT THE MUNICIPALITY OF CASCAIS, PORTUGAL
- CO 20 - PREVALÊNCIA DE INFECÇÃO POR ROTAVÍRUS EM CRIANÇAS COM GASTROENTERITE AGUDA EM HOSPITAIS DE LUANDA APÓS INTRODUÇÃO DA VACINA ROTARIX EM ANGOLA
- CO 21 - MPOX OUTBREAK IN A LOCAL COMMUNITY: A PERSPECTIVE FROM A PORTUGUESE CITY
- CO 22 - PERFIL EPIDEMIOLÓGICO, COMPORTAMENTAL E MOLECULAR DE INDIVÍDUOS RECÉM-DIAGNOSTICADOS COM VIH – 1 EM CABO VERDE

**Comunicações Orais 05 – 21 de abril - 12h00 – Fraga de Azevedo:**

- CO 23 - TUBERCULOSIS AND LUNG CANCER DATA FORESIGHT: SCIENTIFIC LANDSCAPE OF GLOBAL AND BRAZILIAN HEALTH TECHNOLOGIES
- CO 24 - COMORBIDADE TUBERCULOSE/DIABETES MELITOS NO BRASIL: TENDÊNCIA E DESFECHOS
- CO 25 - UMA PROPOSTA DE APLICATIVO PARA MONITORAMENTO DAS INFORMAÇÕES EM TUBERCULOSE



- CO 26 - PREVALÊNCIA E FATORES DE RISCO DE DIABETES MELLITUS EM PACIENTES COM TUBERCULOSE PULMONAR NA PROVÍNCIA E CIDADE DE MAPUTO, MOÇAMBIQUE, 2021-22
- CO 27 - IMPACTO DA TUBERCULOSE EM IDADE PEDIÁTRICA NA REGIÃO AFRICANA: REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE

**Comunicações Orais 06 – 21 de abril - 16h00 – Aula Magna:**

- CO 28 - INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL APLICADA À VARREDURA DE HORIZONTES PARA DOENÇAS EMERGENTES E REMERGENTES
- CO 29 - A IMPORTÂNCIA DA NOTIFICAÇÃO DE DOENÇAS: UM CASO DE RICKETTSIOSE
- CO 30 - A VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA DA AMADORA DE 2022 EM NÚMEROS
- CO 31 - MORADOR INDESEJADO
- CO 32 - IMPACTO DA PANDEMIA DA COVID19 NA VIGILÂNCIA DE SARAMPO EM MOÇAMBIQUE, 2020

**Comunicações Orais 07 – 21 de abril - 16h00 – Fraga de Azevedo:**

- CO 33 - LOW-DENSITY MALARIA INFECTIONS: ARE THEY IMPORTANT TO SUSTAIN MALARIA IN GUINEA-BISSAU?
- CO 34 - A VIA GLICOLÍTICA DO ERITRÓCITO PODERÁ SER UM ALVO PARA CONTROLAR A INFECÇÃO POR PLASMODIUM FALCIPARUM? – EFEITO DO METABOLITO 2,3-DIFOSFOGLICERATO (2,3-DPG) NO DESENVOLVIMENTO PARASITÁRIO IN VITRO
- CO 35 - PERFIL DOS GENES KIR (KILLER CELL IMMUNOGLOBULIN-LIKE RECEPTORS ) EM PACIENTES COM MALÁRIA EM UMA ÁREA DE GARIMPO DE ITAITUBA/PA.

## Resumos

### Comunicações Oraís 1 20 de abril de 2023 às 12:00

**CO 1** - TENDÊNCIA TEMPORAL E DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DAS INTERNAÇÕES POR GASTROENTERITES INFECCIOSAS NO PIAUÍ, BRASIL, 2009 A 2018

-

Tipo: Comunicação Livre

Roniele Araujo de Sousa<sup>1</sup>, Carla Taís Melo dos Santos<sup>2</sup>, Clara Luisy Duarte Gomes<sup>2</sup>, Dalleth de Alencar Farias Castelo Branco<sup>2</sup>, Débora Lia Almeida Pacífico<sup>2</sup>, Hellena Mireli Nascimento Paz<sup>2</sup>, Jéssica de Oliveira Rocha<sup>2</sup>, Luciana Cardoso dos Santos<sup>2</sup>, Myrelle Crislane da Silva Pereira<sup>2</sup>, Raíssa Amélia Moreno Sousa<sup>2</sup>, Tauani Zampieri Cardoso<sup>3</sup>, Osmar de Oliveira Cardoso<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Instituto de Higiene e Medicina Tropical, <sup>2</sup> Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil, <sup>3</sup> Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil)

**Objetivo:** Analisar a tendência temporal e a distribuição espacial das internações por gastroenterites infecciosas no Piauí, de 2009 a 2018. **Métodos:** Estudo ecológico de séries temporais, utilizando dados do Sistema de Informações Hospitalares do Sistema Único de Saúde (SIH/SUS), sobre as internações por gastroenterites infecciosas em residentes do Piauí. Aplicou-se a regressão de Prais-Winsten. **Resultados:** Foram registradas 190.106 internações, com taxa de internação por 10.000 habitantes de 84,4 em 2009 e 31,3 em 2018. Foi verificado redução significativa da taxa (variação percentual anual [VPA]: -9,8; IC95%:-11,8;-7,8), sendo maior no sexo feminino (VPA: -11,6; IC95%: -12,6%; -10,6), com idade de 40 a 59 anos (VPA: -13,4; IC95%: -14,6;-12,2) e na região de saúde Vale do Canindé (VPA: -17,3; IC95%: -26,3;-7,3). **Conclusões:** A taxa de internação por gastroenterite permanece elevada, sugerindo falhas nas ações e nos serviços da Atenção Primária à Saúde e uma maior vulnerabilidade de população específicas.

#### Financiamento:

Sem financiamento

#### Referências:

Sousa RA, Borges FM, Silva FRS, Timóteo NLS, Santos RM, Trento SRSS, et al. Internações por condições sensíveis a atenção primária e investimento em saúde, Piauí, Brasil, 2017. An Inst Hig Med Trop (Lisb) [internet]. 2019; 18: 76-82. <https://doi.org/10.25761/anaisihmt.341>.

Alfradique ME, Bonolo PF, Dourado I, Costa MFL, Macinko J, Mendonça CS, et al. Internações por condições sensíveis à atenção primária: a construção da lista brasileira como ferramenta para medir o desempenho do sistema de saúde (Projeto ICSAP - Brasil). Cad Saude Publica [internet]. 2009; 25: 1337-49. <https://doi.org/10.1590/S0102-311X2009000600016>.

Antunes JLF, Cardoso MRA. Uso da análise de séries temporais em estudos epidemiológicos. Epidemiol. Serv. Saúde. 2015; 24(3): 565-576. <https://doi.org/10.5123/S1679-49742015000300024>.

## CO 2 - EPIDEMIOLOGY AND CLONALITY OF STAPHYLOCOCCUS AUREUS BACTERAEMIA IN CHILDREN <5 YEARS OF AGE ADMITTED TO THE MANHIÇA DISTRICT HOSPITAL, MOZAMBIQUE, 2001-2019

Tipo: Comunicação Livre

Marcelino Garrine<sup>1</sup>, Llorenç Quintó<sup>2</sup>, Sofia Santos Costa<sup>3</sup>, Augusto Messa Jr<sup>1</sup>, Arsénia J Massinga<sup>1</sup>, Delfino Vubil<sup>1</sup>, Tacilta Nhampossa<sup>1</sup>, Sérgio Massora<sup>1</sup>, Sozinho Acácio<sup>1</sup>, Anélsio Cossa<sup>1</sup>, Betuel Sigaúque<sup>1</sup>, Quique Bassat<sup>2</sup>, Isabel Couto<sup>3</sup>, Inácio Mandomando<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Centro de Investigação em Saúde de Manhiça (CISM), Maputo, Mozambique, <sup>2</sup> ISGlobal, Hospital Clínic-Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain, <sup>3</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, UNL, Lisbon, Portugal)

### Background

*Staphylococcus aureus* bacteraemia (SAB) is among the most common bloodstream infections globally. Data on the SAB epidemiology and associated genetic lineages in low-income countries are scarce but needed for adequate preventive and management strategies.

### Methods

Blood samples were collected from children <5 years with fever or severe disease admitted to the Manhiça District Hospital. SAB incidence rate was calculated from the demographic surveillance system. *S. aureus* were analysed for antimicrobial susceptibility and molecular typing by *Sma*I-PFGE, *spa* typing, and MLST.

### Results

Between 2001 and 2019, 7.6% (3,197/41,891) of children had bacteraemia, 12.3% of which corresponded to SAB. The overall SAB incidence was 56.1 episodes/100,000 children-years-at-risk (CYAR), predominating among neonates (589.8 episodes/100,000-CYAR). SAB declined significantly between 2001 and 2019 (322.1 to 12.5 episodes/100,000-CYAR). Resistance to penicillin was very common (90%) as well as multidrug-resistance (MDR, 25%, 85/336). On the other hand, methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) frequency remained low (5%). The main *S. aureus* clones found included CC5 and CC8 (17% each), CC15 and CC1 (11% each). Initially detected in 2001, CC152 re-emerged in 2010 and predominated throughout the remaining surveillance period, while other CCs decreased overtime. Infections by MDR/MRSA were significantly associated with mortality compared to infections by non-MDR (14.7% vs. 6.9%,  $p = 0.043$ ) and methicillin-susceptible *S. aureus* (33.3% vs. 7.6%,  $p = 0.006$ ).

### Conclusions

Despite the declining rates of SAB, this disease remains an important cause of children mortality in Manhiça District. Detailed characterization of causative *S. aureus* clones will assist on improved infection control and therapy.

### CO 3 - DRUG REPURPOSING AS AN APPROACH TO BYPASS EFFLUX-MEDIATED RESISTANCE IN NEISSERIA GONORRHOEAE

-

Tipo: Comunicação Livre

Inês Lima Vitor<sup>1</sup>, André Pina<sup>1</sup>, Filomena Pereira<sup>1</sup>, Sofia Santos Costa<sup>1</sup>, [Liliana Rodrigues<sup>1</sup>](#)

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT) - Universidade NOVA de Lisboa)

*Neisseria gonorrhoeae* (Ng) is the etiological agent of gonorrhoea, a sexually transmitted infection. In 2020, the World Health Organization estimated 82 million new cases of gonorrhoea. Recommended treatment for uncomplicated gonorrhoea consists of 3<sup>rd</sup> generation cephalosporins alone or in combination with azithromycin. However, reported cases of treatment failure have highlighted the need for new drugs. Efflux inhibitors may increase the intracellular concentration of currently used antibiotics, thus improving or restoring their activity in resistant strains.

We evaluated the activity of potential repurposed drug candidates that present membrane transporters (including efflux pumps) as predictive targets against Ng.

Minimum inhibitory concentrations (MICs) of the drugs deoxycholic acid, clomipramine, deferoxamine, dequalinium, desipramine, duloxetine and procainamide were determined by the resazurin microtiter assay against Ng. The potential adjuvant effect of the studied drugs on the activity of antibiotics was also assessed. The effect of drugs in Ng efflux activity was evaluated by real-time fluorometry.

Clomipramine (8-32 mg/L), dequalinium (1-8 mg/L), desipramine (32-64 mg/L) and duloxetine (8-16 mg/L) presented lower MIC values for the reference strain and clinical isolates of Ng. In addition, these four drugs, together with deoxycholic acid and deferoxamine, promoted the activity of azithromycin, cefixime, ciprofloxacin, ceftriaxone, gentamicin, kanamycin, spectinomycin and tetracycline in Ng. Finally, clomipramine and dequalinium increased ethidium bromide accumulation, suggesting efflux inhibitory activity in Ng.

This work identified promising compounds that should be further studied, in order to develop new drugs and therapeutic options for Ng infections.

**Funding:** DrugsForNg, exploratory project supported by GHTM (GHTM–UID/04413/2020, FCT, Portugal).

#### CO 4 - TREPONEMA PALLIDUM INFECTION RATE IN PATIENTS ATTENDING THE GENERAL HOSPITAL OF BENGUELA, ANGOLA

-

Tipo: Comunicação Livre

Lesya Yefimenko<sup>1</sup>, Carolina Gasparinho<sup>1</sup>, Ângela Lopes<sup>1</sup>, Rita Castro<sup>1</sup>, Filomena Pereira<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup> IHMT)

Syphilis is a STI caused by *T. pallidum*. It is a cofactor of HIV infection, with a more rapid progression in HIV infected individuals, associated with an increased risk of HIV acquisition.

Syphilis infection is a global concern, the higher burden being in Africa. In Angola, knowledge about *T. pallidum* infection is scarce, with inconsistent data. Therefore, we decided to perform the present study, in view of obtaining some more knowledge on this subject and to analyze if tools used for syphilis diagnosis are correct.

a) To estimate the rate of *T. pallidum* infection and of co-infection with HIV in individuals attending the General Hospital of Benguela (GHB), Angola; b) To verify the Rapid Plasma Reagin (RPR) test performance in this hospital on the diagnosis of this infection, when compared with other RPR tests; c) To compare a rapid treponemal test with the *T. pallidum* hemagglutination assay (TPHA).

This is a cross-sectional study. Informed consent was obtained, 546 individuals who attended the emergency room, or the outpatient service or hospitalized at the GHB were included. All samples were tested at GHB with the routine hospital RPR test and a rapid treponemal test performed by the researcher. Samples were then transported to the Instituto de Higiene e Medicina Tropical, where RPR and TPHA tests were performed.

The rate of *T. pallidum* active infection was 2.9%, of which 81.2% were indeterminate latent syphilis and 18.8% secondary syphilis. HIV co-infection was detected in 62.5% of individuals with syphilis. Past infection was diagnosed in 4.1% of the individuals.

The high rate of syphilis / HIV co-infection emphasizes the urgent requirement for adequate STI screening, prevention and treatment programs. This study also highlights the need for implementation of quality control measures within RPR testing protocols at GHB, including training for laboratory personnel, adequate equipment and introduction of rapid tests.

## CO 5 - IMPLEMENTATION OF THE GALLERIA MELLONELLA INFECTION MODEL AT GHTM/IHMT-NOVA

-

Tipo: Comunicação Livre

Telma Rodrigues<sup>1</sup>, Joana Marques<sup>1</sup>, Mariana Andrade<sup>1</sup>, Henrique Silveira<sup>1</sup>, Isabel Couto<sup>1</sup>, Sofia Santos Costa<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisbon, Portugal)

**Background:** *Galleria mellonella* larvae is a new invertebrate infection model. This is an alternative model which can be employed in several research fields, such as assessment of virulence potential in pathogens, host-pathogen interaction studies, and even pharmaco-toxicological studies. Its usefulness has been proven for several bacterial and fungal species, such as *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae* and *Candida* spp..

**Objective:** To implement a *G. mellonella* colony and optimize *G. mellonella* infection protocols for pathogenicity and drug activity assays at GHTM/IHMT-NOVA.

**Methods:** *G. mellonella* at the last larval stage were acquired from a commercial house specialized in exotic pet food. The larvae were reared, in the dark, at 27-28 °C and 60-80% relative humidity with a high protein diet consisting of corn meal, dried yeast, soy flour, powder milk, honey, glycerol and beeswax blocks. The *G. mellonella* life cycle was followed, and the egg productivity determined. Ongoing infection assays are being conducted with staphylococcal reference strains to compare the survival rate between commercial and in-house reared larvae.

**Results and conclusion:** A *G. mellonella* colony was established. In-house reared *G. mellonella* presents a life cycle of ~34 days (from egg to adult). Each female laid, in average, 2 425 eggs and a rate of egg hatching of ~23% was estimated. Infection assays of commercial *G. mellonella* with *S. aureus* and *Staphylococcus pseudintermedius* reference strains allowed the optimization of infection protocols. Infection assays are underway to compare larvae survival rate between commercial and in-house reared larvae.

**Funding:** DREBI Project Ref. 2022.07931.PTDC (FCT, Portugal)

## CO 6 - EXPRESSÃO GÉNICA DA RESPOSTA AO STRESS OXIDATIVO EM MACRÓFAGOS NA BORRELIOSE DE LYME

-

Tipo: Comunicação Livre

Mónica Franco<sup>1</sup>, Teresa Carreira<sup>2</sup>, Maria Luísa Vieira<sup>2</sup>, Ana Armada<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, UNL, Rua da Junqueira 100, 1349-008 Lisbon, Portugal, <sup>2</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, UNL, Rua da Junqueira 100, 1349-008 Lisbon, Portugal)

A Borreliose de Lyme (BL) é uma doença zoonótica, multissistémica e emergente causada por espiroquetas do complexo *Borrelia burgdorferi* sensu lato (s.l) transmitidas por carraças infetadas (género *Ixodes*). Em humanos, pode apresentar-se com um amplo espetro de sintomas e severidade, podendo afetar a pele, coração, sistema músculo-esquelético e sistema nervoso central (SNC).

Uma vez que a sua patogenicidade está associada à resposta imunitária desencadeada pelo hospedeiro face ao contacto com a bactéria, é crucial realizar mais estudos nesta área.

Os macrófagos (MΦ) desempenham um papel importante na eliminação deste agente, pelo que esta investigação foi conduzida de forma a estudar a resposta imune inata, nomeadamente ao nível da resposta ao *stress* oxidativo, recorrendo à linha celular macrofágica humana THP-1, exposta a duas espécies com virulência distinta: *B. garinii* e *B. lusitaniae*.

Por RT-qPCR, foi analisada a expressão relativa de genes do macrófago: *nfkb1* (NF-κB), *casp-3*, *sod-2*, *nfe2l2* (Nfr2), *gpx-1*, *nox-2* e *gapdh* (gene endógeno) às 3, 24 e 48 horas após infeção.

Resultados preliminares sugerem alterações da expressão génica dos MΦs após infeção, verificando-se a diminuição da expressão dos genes *gpx-1* e *nfe2l2*, promovendo o *stress* oxidativo.

Estes resultados evidenciam que estas espiroquetas têm um efeito modulador no *stress* oxidativo do MΦ, comprometendo a sua homeostasia.

Steere AC *et al.* 2016. Nat Rev Dis primers, 2(1): 1-19

Mantle D *et al.* 2022. Antioxidants, 11(4), 667

**CO 7 - FORMANDO PROFESSORES DE MEDICINA E DE OUTROS CURSOS PARA SISTEMAS DE SAÚDE  
COMPROMETIDOS COM O DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL**

-

Tipo: Comunicação Livre

Marcio José de Almeida<sup>1</sup>, Izabel Coelho<sup>1</sup>, Rosiane Guetter Mello<sup>1</sup>, Elaine Rossi Ribeiro<sup>1</sup>, Willian Bellani<sup>1</sup>, Leide da Conceição Sanches<sup>1</sup>, Livia Sissi Piechnik<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Faculdades Pequeno Príncipe, Curitiba, Brasil)

Durante as décadas de 1970-80, no contexto da redemocratização do Brasil, foi conquistado o Sistema Único de Saúde (SUS). Os princípios e as diretrizes do novo sistema, dentre eles a universalidade e a regionalização, têm sintonia com os objetivos do movimento mundial pelo desenvolvimento sustentável. Iniciativas vêm ocorrendo com vistas a tornar o SUS uma realidade. Não tem sido fácil. O velho sistema e as práticas médicas que o sustentam têm fôlego e capacidade de se reproduzir. Ao mesmo tempo surgem programas voltados a inovar na formação dos profissionais de saúde. O sistema de saúde preconizado depende de inovações, de transformações nas práticas de atenção, de gestão e nos perfis profissionais. Em um país com tantas desigualdades sociais, também na saúde esse desenvolvimento não é homogêneo. O Paraná tem sido um estado com vigoroso movimento de mudanças na saúde. Desde 1983, implantou pioneiramente as Ações Integradas de Saúde (AIS), na vertente da Atenção Primária da Saúde. Desde a última década do século passado, passou a conviver com as experiências e resultados da proposta UNI (Uma nova iniciativa na educação dos profissionais de saúde: união com a comunidade) e da Rede UNIDA. A partir de 2014, uma das unidades do centenário Complexo Pequeno Príncipe (Hospital, Instituto de Pesquisa e Faculdade) de Curitiba, desenvolve as atividades de um inovador Programa de Mestrado no Ensino das Ciências da Saúde (PECS). Estruturado em 3 linhas de pesquisa: Desenvolvimento Curricular; Integração ensino-serviços-comunidade e Gestão em saúde. Sustentado por metodologias ativas de ensino-aprendizagem, já formou 166 mestres, publicou 280 artigos científicos e 115 livros. A partir de 2023 deverá ofertar o Doutorado nessa mesma área. Dessa forma vem contribuindo para que os cursos de medicina e das demais carreiras da área da saúde desenvolvam novos processos formativos, sintonizados com os movimentos nacional e mundial de educação médica por meio da cooperação internacional.



**CO 12 - ADVERSE BIRTH OUTCOMES AND ASSOCIATED FACTORS AMONG NEWBORNS DELIVERED IN SAO TOME & PRINCIPE: A CASE–CONTROL STUDY**

-

Tipo: Comunicação Livre

Alexandra Vasconcelos<sup>1</sup>, Swasilanne Sousa<sup>2</sup>, Nelson Bandeira<sup>2</sup>, Marta Alves<sup>3</sup>, Ana Luísa Papoila<sup>3</sup>, Filomena Pereira<sup>4</sup>, Maria do Céu Machado<sup>5</sup>

(<sup>1</sup> Unidade de Clínica Tropical - Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa. Lisboa -Portugal, <sup>2</sup> Hospital Dr. Ayres de Menezes, São Tomé, República Democrática de São Tomé e Príncipe, <sup>3</sup> CEAUL, NOVA Medical School/Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa - Portugal, <sup>4</sup> Unidade de Clínica Tropical - Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade NOVA de Lisboa. Lisboa - Portugal, <sup>5</sup> Faculdade de Medicina de Lisboa, Universidade de Lisboa. Lisboa - Portugal)

Background: Newborns with one or more adverse birth outcomes (ABOs) are at greater risk of mortality or long-term morbidity with health impacts into adulthood. The aim of this study was to identify factors that are associated with the occurrence of ABOs among babies delivered at the only hospital of Sao Tome & Principe (STP).

Methods: Hospital-based unmatched case–control study conducted in STP among newborns from randomly selected mothers. Newborns with one or more ABO (gestational age <37 weeks, LBW <2.5 kg, BW >4 kg, 5-minute Apgar score <7, major congenital anomalies, and probable sepsis based on clinical criteria) were the cases (ABO group), while healthy newborns without ABO were the controls (no-ABO group). Data were collected by a face-to-face interview and abstracted from antenatal pregnancy cards and medical records. Multivariable logistic regression analysis was performed to identify ABO risk factors considering a level of significance of  $\alpha=0.05$ .

Results: A total of 519 newborns (176 with ABO and 343 with no-ABO) were enrolled. In a multivariable analysis, twin pregnancy [aOR 4.92, 95% CI 2.25–10.74], prolonged rupture of membranes [aOR 3.43, 95% CI 1.69–6.95], meconium-stained amniotic fluid [aOR 1.59, 95% CI 0.97-2.62], and fewer than eight antenatal care (ANC) visits [aOR 0.33, 95% CI 0.18–0.60] were significantly associated with adverse birth outcomes.

Conclusion: Modifiable factors were associated with ABOs in this study and should be considered in cost-effective interventions. Twin pregnancies, PROM and meconium-stained amniotic fluid are red flags that should receive prompt intervention.

AV\_FCT grant:SFRH/BD/117037/2016

**CO 8 - TENDÊNCIA TEMPORAL DAS INTERNAÇÕES POR TRANSTORNOS MENTAIS E COMPORTAMENTAIS PELO SISTEMA ÚNICO DE SAÚDE (SUS) NOS TERRITÓRIOS DE DESENVOLVIMENTO, PIAUÍ, BRASIL, 2011 A 2020**

-

Tipo: Comunicação Livre

Ester Vasconcelos Silva<sup>1</sup>, Roniele Araujo de Sousa<sup>2</sup>, Osmar de Oliveira Cardoso<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil, <sup>2</sup> Instituto de Higiene e Medicina Tropical)

**Objetivo:** Analisar a tendência temporal das internações por transtornos mentais e comportamentais pelo Sistema Único de Saúde (SUS) nos territórios de desenvolvimento, Piauí, Brasil, 2011 a 2020. **Métodos:** Estudo ecológico de séries temporais, utilizando dados do Sistema de Informações Hospitalares do Sistema Único de Saúde (SIH/SUS), sobre as internações por transtornos mentais e comportamentais em residentes do Piauí. Aplicou-se a regressão de Prais-Winsten. **Resultados:** Foram identificadas 27.489 internações, acometendo mais pessoas do sexo masculino (64,5%) e tendo a média de 39 anos de idade. A esquizofrenia, transtornos esquizotípicos e transtornos delirantes foram os grupos de causas que apresentaram maior taxa de internação no estado. Foi verificado tendência decrescente significativa apenas nas internações por esquizofrenia (VPA=-2,29%; IC95% -2,99; -1,59), enquanto as demais apresentam tendência estacionária. Apenas dois territórios tiveram tendência crescente e 5 com tendência decrescente. **Conclusões:** As internações por transtornos mentais e comportamentais apresentaram variações nos territórios do Piauí, reforçando a necessidade de fortalecer as ações e serviços no sistema de saúde, com maior foco para população mais vulnerável.

**Financiamento:**

Sem financiamento

**Referências:**

Antunes JLF, Cardoso MRA. Uso da análise de séries temporais em estudos epidemiológicos. Epidemiol. Serv. Saúde. 2015; 24(3): 565-576. <https://doi.org/10.5123/S1679-49742015000300024>.

SantosVC, AnjosKF, BoeryRNSO, MoreiraRM, CruzDP, Boery EN. Internação e mortalidade hospitalar de idosos por transtornos mentais e comportamentais no Brasil, 2008-2014. Epidemiol. Serv. Saúde. 2017; 26(1): 39-49. <https://doi.org/10.5123/S1679-49742015000300024>.

Melo FCP, Oliveira ASS, Oliveira AKS, Melo Júnior EBM, Campelo LLCR, Ibiapina RS, França LC. Análise das internações psiquiátricas pelo SUS no Piauí, Brasil, de 2008 a 2020. Cogitare Enferm. 2022, 27: e81576. <https://doi.org/10.5380/ce.v27i0.81576>.

**CO 13 - A VIOLÊNCIA OBSTÉTRICA NA COMUNIDADE DOS PAÍSES DE LÍNGUA PORTUGUESA - UMA REVISÃO NARRATIVA**

-

Tipo: Comunicação Livre

William Augusto Gomes de Oliveira Bellani<sup>1</sup>, Renata Burghausen Valença de Souza<sup>1</sup>, Amanda Garanteski<sup>1</sup>, Ana Maria Rivabem<sup>1</sup>, Camile Schuster Franco de Oliveira<sup>1</sup>, Evelin Carolini Salvi<sup>1</sup>, Fernanda Luiza Zanella<sup>1</sup>, Guilherme de Oliveira Fogaça<sup>1</sup>, Isabella Gaiarim de Andrade<sup>1</sup>, Júlia Carolina Costa Lima<sup>1</sup>, Juliana Henriques Nunes<sup>1</sup>, Sabrina Pina Finger<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Faculdades Pequeno Príncipe)

A Comunidade dos Países de Língua Portuguesa (CPLP) é uma organização estabelecida em 1996, cujos Estados-membros são: Angola, Brasil, Cabo Verde, Guiné-Bissau, Guiné Equatorial, Portugal, Moçambique, São Tomé e Príncipe e Timor-Leste. A comunidade visa à cooperação, respeito e promoção do desenvolvimento dos Estados-membros. Trata-se de uma revisão narrativa, realizada em maio de 2022, com o objetivo de verificar a literatura sobre violência obstétrica (VO) nos países da CPLP. Estudos específicos foram desenvolvidos em Moçambique, Angola, Cabo Verde, Brasil e Portugal. Não foram encontrados dados sobre Guiné-Bissau, Guiné-Equatorial, Timor-Leste e São Tomé e Príncipe. No Brasil, 25% das mulheres sofrem algum tipo de VO, além de 12% das queixas relatarem tratamento desrespeitoso, inclui-se relatos de terem sido mal atendidas, não serem ouvidas em suas necessidades e terem sofrido agressões verbais e físicas. Em Moçambique, dentre as queixas mais citadas estão a falta de confidencialidade, serviços sem autorização e abandono. Esse número corresponde a uma taxa elevada de 91% de registros de VO, ainda que semelhante às porcentagens encontradas em outros países do continente. Em Angola o cenário violento contribuiu para que 46% das entrevistadas alegassem medo de perder seu bebê, além de 37% se sentirem inferiores, vulneráveis e inseguras. O quadro complexo é que 42% dessas mulheres responderam que não compreendiam tais atitudes como violência. Em Cabo Verde não há estudos quantitativos sobre o tema, contudo, um livro compila relatos de 14 mulheres que sofreram VO em hospitais do país. Em Portugal foi registrada a maior taxa de VO entre os países europeus, sendo esse número três vezes superior ao da média dos países europeus. A situação serve de alerta ao demonstrar as necessidades em comum. Além disso, requer dos Estados-membros da CPLP o papel de provedores de políticas públicas, de mecanismos de denúncia, de educação permanente e de formação de novos profissionais.

CO 9 - QUESTÕES DE ELEVADA RELEVÂNCIA PARA A SAÚDE SUSTENTÁVEL: UM ESTUDO DE VALIDAÇÃO EM PORTUGAL, 2021

-

Tipo: Comunicação Livre

Ana Cristina Garcia<sup>1</sup>, Pedro Aguiar<sup>2</sup>, Paulo Ferrinho<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> 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, <sup>2</sup> Escola Nacional de Saúde Pública-Universidade Nova de Lisboa (ENSP NOVA), Portugal, <sup>3</sup> Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical-Universidade NOVA de Lisboa (GHTM/IHMT NOVA), Portugal)

**INTRODUÇÃO.** A Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável representou um avanço decisivo para o enquadramento do planeamento e implementação de estratégias de saúde sustentável. Na elaboração do Plano Nacional de Saúde 2021-2030 de Portugal (PNS 2021-2030), foi sentida a necessidade de identificar questões de sustentabilidade relevantes para a saúde. Não sendo conhecido um referencial validado para Portugal, o objetivo deste estudo é avaliar a consistência interna de um referencial de translação dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) em questões relevantes para o alcance de elevados níveis de saúde e bem-estar sustentáveis, adaptado do modelo GAPFRAME. **MATERIAL E MÉTODOS.** Através de um questionário de autopreenchimento aplicado a 127 *stakeholders* do PNS 2021-2030, foram recolhidos dados relativos à perceção quanto a trinta e dois tópicos de sustentabilidade enquanto determinantes ou facilitadores do alcance de saúde e bem-estar, organizados num referencial adaptado do GAPFRAME. A consistência interna foi avaliada através do coeficiente alfa de Cronbach. **RESULTADOS.** Participaram 75 *stakeholders* (59,1 %); 55 (75,3 % das respostas válidas) referiram trabalhar na área da saúde, 64 (85,3 %) no setor público e 55 (em 61 respostas válidas) provinham do setor social. O coeficiente alfa de Cronbach para o referencial no seu todo foi de 0,93, tendo variado entre 0,76 (dimensão: sociedade) e 0,97 (dimensão: planeta), compatível com moderada a excelente consistência interna (0,84 para a dimensão: economia; 0,91 para a dimensão: governação). **CONCLUSÕES.** Neste estudo, o referencial adaptado do GAPFRAME apresentou precisão adequada para o seu uso em Portugal, como instrumento de translação dos ODS em questões relevantes a incluir no planeamento em saúde e bem-estar sustentáveis.

**CO 14 - DESFECHOS MATERNOS EM UMA COORTE DE GESTANTES DE ACORDO COM O STATUS VACINAL CONTRA COVID-19 EM UMA MATERNIDADE DE REFERÊNCIA NO RIO DE JANEIRO, BRASIL**

-

Tipo: Comunicação Livre

Larissa Rangel Lira da Silva<sup>1</sup>, Michelle Brendolin<sup>1</sup>, Trevon Fuller<sup>1</sup>, Patrícia Brasil<sup>1</sup>, Mayumi Duarte Wakimoto<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Fiocruz)

**Introdução:** A covid-19 na gestação tem sido associada ao aumento dos desfechos maternos adversos, inclusive a mortalidade. **Justificativa:** Há dados limitados sobre a proteção das vacinas quanto à infecção e desfechos maternos associados à covid-19 na gestação. **Objetivo:** Estimar a morbimortalidade e a frequência dos desfechos maternos conforme o status vacinal contra covid-19. **Métodos:** Coorte prospectiva e retrospectiva, de Janeiro/2021 a Março/2022, incluindo gestantes suspeitas de covid-19 atendidas no ambulatório ou internadas em trabalho de parto que realizavam coleta de rotina de swabs de nasofaringe para teste de RT-PCR e teste rápido de antígeno. Desfechos de interesse: internação por covid-19, admissão em UTI e óbito materno. **Resultados:** 1683 gestantes incluídas, nos respectivos trimestres gestacionais: 161 (9,60%) no primeiro, 250 (14,80%) no segundo e 1272 (75,60%) no terceiro; sendo 427 (25,37%) positivas e 1256 (74,63%) negativas para covid-19. Das infectadas, 107 (25,10%) foram completamente imunizadas (CI) (duas doses  $\geq$  14 dias ou dose única da Janssen), 50 (11,70%) parcialmente imunizadas (PI) (uma dose  $\geq$  14 dias ou segunda dose  $<$  14 dias) e 270 (63,20%) não imunizadas (NI) contra covid-19. Entre não infectadas, 198 (15,76%) foram CI, 218 (17,36%) PI e outras 840 (66,88%) NI. Houve 132 internações por covid-19, dez (7,60%) CI, dez (7,60%) PI e 112 (84,80%) NI, sendo 25 admissões na UTI (uma CI, duas PI e 22 NI). Todos os 11 óbitos por covid-19 ocorreram entre positivas.

**Palavras-chave:** Covid-19; Gestação; Vacinas.

## CO 15 - USING DEMOGRAPHIC AND HEALTH SURVEYS DATA TO EXPLORE TRENDS OF ANTENATAL CARE INDEXES IN MOZAMBIQUE

-

Tipo: Comunicação Livre

Silvia Panunzi<sup>1</sup>, Janeth Dula<sup>2</sup>, Maria Rosário Oliveira Martins<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> Department of Diagnostics and Public Health, Unit of Epidemiology and Medical Statistics, University of Verona, <sup>2</sup> Health Systems Program, National Institute of Health, Maputo, Mozambique, <sup>3</sup> Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, Portugal)

**Background:** In north provinces of Mozambique, the health system has been weakened by years of protracted socio-political turmoil and conflict. Limited access as well as insufficient workers and services availability might have led to gaps in accessing antenatal care (ANC) primary services with drastic consequences for mothers and newborns. National surveys such as Demographic and Health surveys (DHS) play an important role to document longterm trends in health indicators in LMICs. Recent analyses of household surveys confirmed the destructive effects of armed conflicts on women's and children's health.

**Methods:** Individual woman data have been extracted from the DHS 2011, AIS 2015 and MIS 2018 databases for Mozambique. Province aggregated indicators were computed in R for the 21 substrata areas (province divided by rural and urban areas) for ANC variables (ANC4+ visits, no ANC visit, skilled visit by doctor/nurse) taking the two-stages sample design weights into account. QGIS was used to map percentages of mothers having or not four ANC visits before delivery at cluster-level, comparing data from 2015 (before conflict) to 2018 (post conflict).

**Results and discussion:** From 2015 to 2018 ANC have improved all over the country in the direction to reach WHO health standards. However, there was a substantial worsening, a decrease in the percentage of women with at least four ANC visits, in the following areas: Tete urban and rural, Nampula rural and Cabo Delgado urban and rural areas. Furthermore, in Tete rural and in Nampula urban areas from 2015 to 2018 the percentage of woman with no ANC visits at all has been increased. These areas were, and continue to be, also the ones most affected by the conflict that started in 2017 in North Mozambique.

**Conclusion:** Armed conflict substantially and persistently increases mortality in Africa. This study underscores the importance of developing interventions to improve maternal health services provision in conflict areas in Mozambique.

**CO 10 - INTERNAÇÕES HOSPITALARES POR CONDIÇÕES SENSÍVEIS À ATENÇÃO PRIMÁRIA EM SERGIPE-BRASIL: UM ESTUDO ECOLÓGICO**

-

Tipo: Comunicação Livre

Cátia Maria Justo<sup>1</sup>, Kleyton de Andrade Bastos<sup>1</sup>, Fúlvio Borges Nedel<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Universidade Federal de Sergipe, <sup>2</sup> Universidade Federal de Santa Catarina)

Internações hospitalares por condições sensíveis à atenção primária (ICSAP) é um indicador de saúde. Sugere que internações hospitalares serão evitadas se o atendimento na atenção primária for efetivo e no tempo apropriado. Esta pesquisa tem como objetivo descrever a tendência das ICSAP no Estado de Sergipe, no período de 2008 a 2017. Realizou-se um estudo ecológico de tendência temporal das ICSAP, utilizando dados extraídos das Autorizações de Internações Hospitalares do Sistema de Informações Hospitalares do Sistema Único de Saúde. Os dados foram lidos e analisados pelo programa estatístico R. A pesquisa mostrou que ocorreram 125.497 casos de ICSAP (20,6% das internações), representando uma taxa bruta global de 5,6 ICSAP por mil habitantes (5,7 no sexo masculino e 5,8 no feminino). As taxas padronizadas de ICSAP descreveram uma curva decrescente no período de 2008 a 2011, com pouca oscilação de 2011 a 2014, ascendente de 2014 a 2017. A partir dos 70 anos de idade a taxa foi consideravelmente maior nos homens. Em todo o período, as causas de ICSAP mais frequentes foram: gastroenterites e complicações (15,6%), infecção do rim e trato urinário (9,4%), asma (9,2%), insuficiência cardíaca (8,8%), cerebrovasculares (8,1%), *diabetes mellitus* (7,2%). A melhora que vinha se observando na efetividade da atenção primária é desacelerada e o indicador volta a crescer, chegando ao fim do período com valores próximos ao do início. No período políticas públicas que fortaleceram a atenção primária, podem estar envolvidas com o resultado.

### Referências

BRASIL. Ministério do Planejamento. **PAC**. UBS-Unidade Básica de Saúde- Sergipe. 2019. Disponível em: <http://pac.gov.br/infraestrutura-social-e-urbana/ubs-unidade-basica-desauade/se> Acesso em: 29 out. 2019.

GIOVANELLA, L.; MENDONÇA, M. A. M.; BUSS, P. M. *et al.* De Alma-Ata a Astana. Atenção primária à Saúde e sistemas universais de saúde: compromisso indissociável e direito humano fundamental. **Cad. Saúde Pública**, v. 35, n. 3, p. 1-6, 2019.

## CO 11 - AS DIRETIVAS ANTECIPADAS DE VONTADE NOS PAÍSES DE LÍNGUA PORTUGUESA: O QUE TEMOS EM COMUM E O QUE PODEMOS APRENDER UNS COM OS OUTROS

-

Tipo: Comunicação Livre

Marcio José de Almeida<sup>1</sup>, William Bellani<sup>1</sup>, Maria Vitória Kojo<sup>1</sup>, Rayana Wilmot<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Faculdades Pequeno Príncipe, Curitiba, Brasil)

As Diretivas Antecipadas de Vontade - DAV, também conhecidas como Testamento Vital, são instrumento para garantir ao paciente o direito de decidir sobre seus cuidados de saúde, especialmente relacionados ao fim da vida. A morte e o processo de morrer fazem parte do cotidiano das pessoas, dos serviços de saúde e, talvez, dos tabus sociais mais arraigados que temos, o que afeta a qualidade dos últimos momentos de vida de milhões e transforma o assunto, pela sua gravidade e magnitude, em uma questão de saúde pública. Além disso, o velamento das DAV ocorre também por conta da falta de conhecimento da população e dos profissionais de saúde. O Brasil não dispõe de legislação a respeito, registrando-se até o momento alguns projetos de lei pouco debatidos. O último deles – PLS 149/2018 – foi arquivado no final de 2022. Nos estados, só em São Paulo, Paraná e Minas Gerais existem leis, pouco lembradas e cumpridas. A iniciativa do Conselho Federal de Medicina, que aprovou a Resolução 1995/2012, visando adequar a conduta médica, apesar de importante continua sendo conquista isolada. Na academia, poucas são as pesquisas. Há indícios de que em quase todos os demais países de língua portuguesa a situação seja semelhante. A exceção é Portugal, onde as DAV são uma construção teórico-conceitual fundamentada na bioética, discutida e aprovada pela Lei 25/12. Nesta pesquisa, ainda em desenvolvimento, o objetivo é analisar a situação das DAV nos 9 países membros da Comunidade de Países de Língua Portuguesa. Os resultados parciais que apresentamos neste momento não incluem a compreensão em profundidade dos obstáculos, dos argumentos dos opositores e as principais estratégias utilizadas para a sua superação em Portugal. Contudo, o método utilizado de análise documental de textos e de depoimentos de especialistas permitirá a extração de ensinamentos para alavancar os processos nos outros países, respeitadas as especificidades. Essa etapa da pesquisa está prevista para ser realizada até 2024.



**CO 16 - IMPACTO DA ESTRATÉGIA DE PLANIFICAÇÃO DA ATENÇÃO À SAÚDE SOBRE INDICADORES MATERNO-INFANTIS NA REGIÃO DE SAÚDE CAXIAS, MARANHÃO, BRASIL: UMA ANÁLISE DE SÉRIE TEMPORAL**

-

Tipo: Comunicação Livre

Ana Coelho de Albuquerque<sup>1</sup>, Camila Soares de Vasconcelos<sup>1</sup>, Paulo Germano de Frias<sup>1</sup>, Isabella Samico<sup>1</sup>, Eronildo Felisberto<sup>1</sup>, Pedro Henrique Bandeira de Oliveira Marques<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Instituto de Medicina Integral Prof. Fernando Figueira - IMIP)

A Planificação da Atenção à Saúde (PAS) nasceu como estratégia de articulação entre diferentes níveis de complexidade, com o intuito de reduzir a fragmentação assistencial e melhorar a continuidade do cuidado aos usuários. Com foco no fortalecimento da linha de cuidado materno-infantil, em 2015, a PAS foi implantada na região de Caxias, Maranhão, Brasil. Este estudo teve como objetivo analisar o impacto dessa estratégia por meio de indicadores de saúde. Foi realizado um estudo de série temporal, utilizando o modelo de regressão por pontos de inflexão, que analisou o comportamento de 4 indicadores estratégicos, no período entre 2010 e 2021. A análise da proporção de nascidos vivos (NV) com 7 ou mais consultas de pré-natal demonstrou tendência crescente com percentual de variação anual (PVA) de 8,5%. Houve aumento significativo no percentual de NV prematuros, entre 2010 e 2016 (PVA 29,1%), com tendência estacionária nos anos seguintes. A taxa de mortalidade neonatal apresentou redução significativa, principalmente no componente neonatal precoce que, entre os anos de 2014 e 2017, obteve um PVA de -23,52%, mantendo-se com tendência estacionária nos anos seguintes. A taxa de internações por Doença Diarréica Aguda mostrou crescimento entre 2010 e 2014 (PVA 26,1%), com importante queda entre 2015 e 2021 (PVA - 27,9%). Intervenções em saúde que visem à organização de processos de trabalho, minimização dos erros, otimização de recursos e implementação de atividades não realizadas, são agentes transformadores da realidade nos serviços, podendo refletir na forma como os indicadores se apresentam ou até em mudanças no processo de saúde-doença.

**CO 23 - TUBERCULOSIS AND LUNG CANCER DATA FORESIGHT: SCIENTIFIC LANDSCAPE OF GLOBAL AND BRAZILIAN HEALTH TECHNOLOGIES**

-

Tipo: Comunicação Livre

Jorge Lima de Magalhães<sup>1</sup>, Zulmira Hartz<sup>2</sup>, Carla Cristina de Freitas da Silveira<sup>3</sup>, Bruno Eduardo Cândido<sup>4</sup>, Henrique Koch Chaves<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), IHMT, Universidade NOVA de Lisboa; Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Farmanguinhos, Centro de Inovação Tecnológica; Plataforma de Internacional em Ciência, Tecnologia e Inovação em Saúde (PICTIS), Aveiro), <sup>2</sup> Independent Researcher, <sup>3</sup> Fiocruz, Farmanguinhos, Centro de Inovação Tecnológica, <sup>4</sup> Engineering and Industrial Management at University of Aveiro)

Pulmonary tuberculosis and lung cancer has been described in the literature in several case series and case-control studies. This fact occurs in the same patient, simultaneously or not. A preliminary bibliometric study was carried out on scientific production data published in journals indexed in the Web of Science (WoS) databases between 2002 and 2022. The search strategy was "(tuberculosis\* OR TB OR "mycobacterium tuberculosis" OR "extensively drug-resistant tuberculosis" OR XDR-TB OR "multidrug-resistant tuberculosis" OR MDR-TB) AND (neoplasm OR "lung cancer" OR carcinoma)", with the "Title" filters " and "Summary" and Boolean operator "OR", linking these fields. Identified 2,309 papers. There was a continuous growing trend in the number of publications, highlighting China with a total of 638 articles. Data mining was performed on the data exported from WoS, using the VOSviewer® program. The bibliometric map showed the most co-cited authors such as "Liang, Hi", with a total of 38 co-citations and a total link strength (ftl) of 793. The paper with the greatest bibliographic coupling was that of the author Seibert (1947), of the journal Journal of Clinical Investigation, with 328 citations and ftl equal to 5. There was even greater co-occurrence of the keyword's "tuberculosis" (134), "lung cancer" (109) and "pulmonary tuberculosis" (69) in the analyzed articles. The second stage is expected to cross these results with data from PubMed, Scopus and Science Direct and obtain the intersection and real state of the art. The third stage will be technological data mining (patents) and the identification of opportunities and challenges for diagnosis, treatment, and health policies (technological roadmap and foresight).

Acknowledgments: Fiotec, Farmanguinhos FIOCRUZ/Ministry of Health.

Reference: Huang Y et al. A systematic method to create search strategies for emerging technologies based on the Web of Science: illustrated for 'Big Data'. Scientometrics. 2015;105(3):2005–22.

**CO 17 - CARACTERIZAÇÃO CLÍNICA, SOCIODEMOGRÁFICA, COMPORTAMENTAL E GENÓMICA VIRAL DOS HOMENS QUE TÊM SEXO COM HOMENS (HSH) DIAGNOSTICADOS COM VIH EM PORTUGAL ENTRE 2014 E 2019**

Tipo: Comunicação Livre

Ricardo Abrantes<sup>1</sup>, Victor Pimentel<sup>1</sup>, Mafalda N.S. Miranda<sup>1</sup>, Ana Rita Silva<sup>2</sup>, António Diniz<sup>3</sup>, Bianca Ascenção<sup>4</sup>, Carmela Piñero<sup>5</sup>, Carmo Koch<sup>6</sup>, Catarina Rodrigues<sup>7</sup>, Cátia Caldas<sup>5</sup>, Célia Morais<sup>8</sup>, Domitília Faria<sup>9</sup>, Elisabete Gomes da Silva<sup>10</sup>, Eugénio Teófilo<sup>11</sup>, Fátima Monteiro<sup>6</sup>, Fausto Roxo<sup>12</sup>, Fernando Maltez<sup>13</sup>, Fernando Rodrigues<sup>8</sup>, Guilhermina Gaião<sup>14</sup>, Helena Ramos<sup>15</sup>, Inês Costa<sup>16</sup>, Isabel Germano<sup>7</sup>, Joana Simões<sup>7</sup>, Joaquim Oliveira<sup>17</sup>, José Ferreira<sup>18</sup>, José Poças<sup>4</sup>, José Saraiva da Cunha<sup>17</sup>, Jorge Soares<sup>5</sup>, Júlia Henriques<sup>16</sup>, Kamal Mansinho<sup>19</sup>, Liliana Pedro<sup>9</sup>, M<sup>a</sup> João Aleixo<sup>20</sup>, M<sup>a</sup> João Gonçalves<sup>21</sup>, M<sup>a</sup> José Manata<sup>13</sup>, Margarida Mouro<sup>22</sup>, Margarida Serrado<sup>3</sup>, Micaela Caixeiro<sup>23</sup>, Nuno Marques<sup>20</sup>, Olga Costa<sup>24</sup>, Patrícia Pacheco<sup>23</sup>, Paula Proença<sup>25</sup>, Paulo Rodrigues<sup>2</sup>, Raquel Pinho<sup>9</sup>, Raquel Tavares<sup>2</sup>, Ricardo Correia de Abreu<sup>26</sup>, Rita Côrte-Real<sup>24</sup>, Rosário Serrão<sup>5</sup>, Rui Sarmento e Castro<sup>21</sup>, Sofia Nunes<sup>22</sup>, Telo Faria<sup>10</sup>, Teresa Baptista<sup>19</sup>, Daniel Simões<sup>27</sup>, Luis Mendão<sup>27</sup>, M. Rosário O. Martins<sup>1</sup>, Perpétua Gomes<sup>28</sup>, Marta Pingarilho<sup>1</sup>, Ana Abecasis<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical/Universidade Nova de Lisboa (IHMT/UNL), Lisboa, Portugal, <sup>2</sup> Serviço de Infeciologia, Hospital Beatriz Ângelo, Loures, Portugal, <sup>3</sup> U. Imunodeficiência, Hospital Pulido Valente, Centro Hospitalar Universitário de Lisboa Norte, Portugal, <sup>4</sup> Serviço de Infeciologia, Centro Hospitalar de Setúbal, Setúbal, Portugal, <sup>5</sup> Serviço de Doenças Infeciosas, Centro Hospitalar Universitário de São João, Porto, Portugal, <sup>6</sup> Centro de Biologia Molecular, Serviço de Imunohemoterapia do Centro Hospitalar Universitário de São João, Porto, Portugal, <sup>7</sup> Serviço de Medicina 1.4, Hospital de São José, Centro Hospitalar Universitário de Lisboa Central, Lisboa, Portugal, <sup>8</sup> Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal, <sup>9</sup> Serviço de Medicina 3, Hospital de Portimão, Centro Hospitalar do Algarve, Portimão, Portugal, <sup>10</sup> Unidade Local de Saúde do Baixo Alentejo, Hospital José Joaquim Fernandes, Beja, Portugal, <sup>11</sup> Serviço de Medicina 2.3, Hospital de Santo António dos Capuchos, Centro Hospitalar de Lisboa Central, Lisboa, Portugal, <sup>12</sup> Hospital de Dia de Doenças Infeciosas, Hospital Distrital de Santarém, Santarém, Portugal, <sup>13</sup> Serviço de Doenças Infeciosas, Hospital Curry Cabral, Centro Hospitalar de Lisboa, Lisboa, Portugal, <sup>14</sup> Serviço de Patologia Clínica, Hospital de Sta Maria, Centro Hospitalar Universitário de Lisboa Norte, Portugal, <sup>15</sup> Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar do Porto, Porto, Portugal, <sup>16</sup> Laboratório de Biologia Molecular (LMCBM, SPC, CHLO-HEM), Lisboa, Portugal, <sup>17</sup> Serviço de Infeciologia, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal, <sup>18</sup> Serviço de Medicina 2, Hospital de Faro, Centro Hospitalar do Algarve, Faro, Portugal, <sup>19</sup> Serviço de Doenças Infeciosas, Hospital de Egas Moniz, Centro Hospitalar de Lisboa Ocidental, Lisboa, Portugal, <sup>20</sup> Serviço de Infeciologia, Hospital Garcia da Orta, Almada, Portugal, <sup>21</sup> Serviço de Infeciologia, Centro Hospitalar do Porto, Porto, Portugal, <sup>22</sup> Serviço de Infeciologia, Hospital de Aveiro, Centro Hospitalar Baixo Vouga, Aveiro, Portugal, <sup>23</sup> Serviço de Infeciologia, Hospital Dr. Fernando da Fonseca, Amadora, Portugal, <sup>24</sup> Serviço de Patologia Clínica, Biologia Molecular, Centro Hospitalar Universitário de Lisboa Central, Lisboa, Portugal, <sup>25</sup> Serviço de Infeciologia, Hospital de Faro, Centro Hospitalar do Algarve, Faro, Portugal, <sup>26</sup> Serviço de Infeciologia, Unidade de Local de Saúde de Matosinhos, Hospital Pedro Hispano, Matosinhos, Portugal, <sup>27</sup> Grupo de Ativistas em Tratamentos (GAT), Lisboa, Portugal, <sup>28</sup> Centro de Investigação Interdisciplinar Egas Moniz (CiiEM), Instituto Superior de Ciências da Saúde Egas Moniz, Caparica, Portugal)

**Introdução:** Em Portugal, em 2020/2021, 40,2% dos diagnósticos VIH/SIDA ocorreram em HSH, sendo que 50,9% destes apresentava diagnóstico tardio. Além disso, a transmissão de resistências aos antirretrovirais (TDR) tem vindo a aumentar em Portugal (7,9% em 2003 para 13,1% em 2017).

**Objetivos:** Identificar características sociodemográficas, comportamentais, clínicas e genómicas virais da população de HSH diagnosticada em Portugal entre 2014 e 2019, bem como analisar as características associadas ao diagnóstico tardio e à TDR.

**Metodologia:** Analisaram-se os dados de 391 HSH recolhidos no projeto BESTHOPE de 17 hospitais portugueses. Os dados recolhidos incluem características clínicas, sociocomportamentais e sequência genómica viral obtida no teste de resistências antes de iniciar ARVs. Determinaram-se os subtipos de VIH-1 e mutações de vigilância epidemiológica. Usaram-se modelos de regressão logística para estimar a associação entre as variáveis preditoras relativamente ao diagnóstico tardio (DT), diagnóstico tardio com doença avançada (DTDA) e presença de TDR.

**Resultados:** A população estudada apresentou uma mediana de idade de 31 anos, 28% dos quais eram migrantes. 21% desta população nunca tinha sido testada para o VIH antes do diagnóstico, com 35% da população DT e 7,3% DTDA. 59% foram infetados com estirpes do subtipo B e 8,2% apresentava TDR. Na regressão multivariada, ano de diagnóstico, idade, origem, rendimento, frequência de rastreio, ISTs e carga viral apresentaram associação com DT; idade e frequência de rastreio com DTDA. Apenas o subtipo C apresentou associação à presença TDR.

**Conclusões:** O diagnóstico tardio associa-se a características sociodemográficas e comportamentais, enquanto a presença de TDR às características virais.

**CO 24 - COMORBIDADE TUBERCULOSE/DIABETES MELITOS NO BRASIL: TENDÊNCIA E DESFECHOS**

-

Tipo: Comunicação Livre

Marco Aurélio de Oliveira Góes<sup>1</sup>, Cátia Maria Justo<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Universidade Federal de Sergipe, <sup>2</sup> Universidade Federal de Sergipe)

A carga de tuberculose (TB) e diabetes melitos (DM) é importante no Brasil. Indivíduos com DM têm três vezes mais risco de desenvolver TB e atualmente há mais indivíduos com comorbidade TB/DM do que TB/HIV. As taxas de cura de TB, a evolução para resistência, bem como o número de recaídas podem ser influenciadas pela resposta microbiológica retardada pela DM. O objetivo deste estudo foi descrever a magnitude e tendência da DM entre os casos novos de TB registrados no Brasil entre 2007 e 2021. Trata-se de um estudo observacional, utilizando dados do Sistema de Informações de Agravos de Notificação, de todos os casos novos de TB que possuíam DM como comorbidade. Para análise da tendência temporal do período foi calculada a Variação Percentual Anual Média (AAPC) com IC 95%. Durante o período avaliado foram registrados 91.889 casos de DM (6,9%) entre os 1.319.708 casos novos de TB notificados no Brasil, dos quais 62,6% eram do sexo masculino e 50,5% na faixa etária de 40 a 49 anos. Houve tendência crescente dos casos de comorbidade TB/DM (AAPC = 4,1). Quanto aos desfechos em 68,8% foram curados, 11% morreram e 7,4% abandonaram o tratamento. O estudo da comorbidade TB/DM é importante, principalmente nos países de baixa e média renda, onde ambas infecções são prevalentes. Além da tendência de aumento dessa comorbidade no Brasil, verifica-se uma alta letalidade, apesar do tratamento tanto da TB como da DM ser distribuído de forma gratuita pelo sistema de saúde brasileiro.

Financiamento próprio.

**CO 18 - WASTEWATERVIR – VIGILÂNCIA DA DIVERSIDADE GENÉTICA VIRAL EM ÁGUAS RESIDUAIS DE ÁREAS URBANAS**

-

Tipo: Comunicação Livre

Sofia G. Seabra<sup>1</sup>, Mónica Nunes<sup>2</sup>, Victor Pimentel<sup>1</sup>, Marta Pingarilho<sup>1</sup>, Francisco Merca<sup>3</sup>, Pieter Libin<sup>4</sup>, Ana Abecasis<sup>1</sup>, Ricardo Parreira<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Rua da Junqueira 100, Lisboa 1349-008, Portugal, <sup>2</sup> Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa, Campo Grande, 1749-016 Lisboa, Portugal, <sup>3</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Rua da Junqueira 100, Lisboa 1349-008, Portugal / Department of Computer Science, Artificial Intelligence Lab, Vrije Universiteit Brussel, Brussels 1050, Belgium, <sup>4</sup> Department of Computer Science, Artificial Intelligence Lab, Vrije Universiteit Brussel, Brussels 1050, Belgium)

A vigilância viral de águas residuais permite informar sobre infeções que afetam a população existente na área de captação do esgoto<sup>1</sup>. Tem sido essencialmente utilizada como meio de deteção precoce de agentes patogénicos virais conhecidos, com abordagens dirigidas (por exemplo, poliovírus, SARS-CoV-2 e outros<sup>2</sup>). Uma abordagem metagenómica de sequenciação do viroma permite, por outro lado, a deteção e vigilância de vírus patogénicos emergentes, incluindo os de origem zoonótica. No entanto, vários desafios técnicos laboratoriais e bioinformáticos se colocam neste tipo de amostras complexas. O projeto WasteWaterVir pretende utilizar e otimizar uma estratégia de enriquecimento viral e amplificação não dirigida (SISPA)<sup>3</sup>, seguida de sequenciação de fragmentos longos, de modo a caracterizar o metaviroma de águas residuais de estações de tratamento da região de Lisboa e Alentejo. Neste projeto exploratório está também a ser desenvolvido um modelo probabilístico baseado em dados de mobilidade de viajantes oriundos de países tropicais e dados de incidência de doenças nesses países, que possa orientar a amostragem em águas residuais num futuro plano de vigilância.

*Financiamento:* Projeto exploratório interno GHTM - UID/04413/2020 WasteWaterVir (Fundação para a Ciência e Tecnologia, Portugal). Contrato-programa 1567 (CEECINST/00102/2018, FCT, Portugal).

*Bibliografia:*<sup>1</sup>Fernandez-Cassi X et al. 2018. Metagenomics for the study of viruses in urban sewage as a tool for public health surveillance. *Science of the Total Environment*, 618, 870–880.<sup>2</sup>Cavadas, J., Parreira, R., Leonardo, I., Barreto Crespo, M. T., & Nunes, M. (2022). Mastadenovirus Molecular Diversity in Waste and Environmental Waters from the Lisbon Metropolitan Area. *Microorganisms*, 10(12), 2443.<sup>3</sup>Parreira R 2018. Laboratory methods in molecular epidemiology: viral infections. *Microbiology Spectrum*, 6: AME- 0003-2018.

**CO 25 - UMA PROPOSTA DE APLICATIVO PARA MONITORAMENTO DAS INFORMAÇÕES EM TUBERCULOSE**

-

Tipo: Comunicação Livre

Joaquim Teixeira Netto<sup>1</sup>, Monica Kramer de Noronha<sup>1</sup>, Nádia Cristina Pinheiro Rodrigues<sup>1</sup>, Jorge Lima de Magalhães<sup>2</sup>, Cláudia Alendra da Cunha Penencar ICNOVA/NOVA FCSH<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> Fiocruz/Ensp/Csegsf, <sup>2</sup> Fiocruz/Farmanguinhos, <sup>3</sup> ICNOVA/NOVA FCSH)

A utilização de aplicativos com foco na saúde é uma potente ferramenta no dia-a-dia da população, em geral, agrega importantes contributos de diferentes áreas do conhecimento. Na saúde, são inúmeras as contribuições e dentre estas podemos destacar acesso aos dados, à informação e ao sistema de saúde, da mesma forma que fortalece a inter-relação unidades de saúde e pacientes proporcionando a possibilidade de ações/atividades de monitoramento em tempo real, para o controle de doenças e promoção de saúde e bem-estar. Segundo a Organização das Nações Unidas (ONU), a Tuberculose (TB) é uma das principais causas de morte em todo o mundo.

O objectivo deste projeto é avaliar a utilização de um aplicativo como facilitador na melhoria o controle da TB possibilitando diminuir o abandono do tratamento e aumentando a taxa de cura da doença.

A metodologia utilizada será qualitativa, com através da triangulação de métodos que integram outras áreas de conhecimento como Saúde e tecnologia da informação (app, websites e outras ferramentas digitais) e saúde (vigilância, promoção e cuidado integral), numa unidade de saúde pública no RJ, Brasil, de atenção primária com aproximadamente 40.000 pacientes com alta prevalência de TB.

A construção da experiência da aplicação prevê a utilização da metodologia de Design Thinking para a Saúde, possibilitando o desenvolvimento de soluções que possam propiciar a inovação, através do trabalho colaborativo e criativo, num processo interativo que envolve 4 ciclos: Identificação do problema, definição da ideia, prototipação e testes.

Neste projeto, será customizado o aplicativo "VigSaúde", desenvolvido inicialmente para a COVID-19 e adaptado neste projeto para TB. Os diferentes profissionais de saúde envolvidos neste tratamento serão convidados a participarem da pesquisa, através de reuniões periódicas para a simulação e validação da utilização da aplicação.

**CO 19 - SOCIO-DEMOGRAPHIC, CLINICAL AND EXPOSURE FACTORS IN A LARGE-SCALE SARS-COV-2 SEROLOGICAL SURVEY AT THE MUNICIPALITY OF CASCAIS, PORTUGAL**

-

Tipo: Comunicação Livre

Francisco Merca<sup>1</sup>, Sofia Seabra<sup>2</sup>, Bernardo Pereira<sup>3</sup>, Ivo Fonseca<sup>2</sup>, Ana Cláudia Carvalho<sup>4</sup>, Vera Brito<sup>4</sup>, Daniela Alves<sup>2</sup>, M. Rosário O. Martins<sup>2</sup>, Marta Pingarilho<sup>2</sup>, Mafalda Miranda<sup>2</sup>, Victor Pimentel<sup>2</sup>, Ana B. Abecasis<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Department of Computer Science, Artificial Intelligence Lab, Vrije Universiteit Brussel, Brussels, Belgium; Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal;; <sup>2</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal;; <sup>3</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal;; <sup>4</sup> Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa;; <sup>4</sup> Câmara Municipal de Cascais;)

**Introduction:** Numerous studies across the world have been conducted since early in the pandemic to assess seroprevalence in the general community or in target populations. In May 2020, Cascais Municipality offer its entire population the possibility of performing serological testing to detect antibodies to SARS-CoV-2, together with a questionnaire to gather socio-demographic, clinical and behavioral data.

**Methodology:** In this cross-sectional study, with non-probabilistic volunteer sampling, we analyzed a total of 19608 serological questionnaires obtained from May 2020 to February 2021 and studied the association between serological test outcome and the investigated factors.

**Results:** In a first period, from May to October 2020, during the relief stages after the first wave of the pandemic, estimated seroprevalence was of 1.39% (95% confidence interval CI: 1.23 – 1.58%). In the second period, from October 2020 to February 2021, during the second and third waves, estimated seroprevalence was of 9.44% (95% CI: 8.31 – 10.70). Sociodemographic factors that showed association with the outcome of the serological test included the residence locality and the size of the household. In general, seroprevalence did not differ significantly between chronically ill and non-ill. About a quarter of those reporting previous confirmed infection (by RT-PCR) did not have detectable anti-SARS-CoV-2 antibodies. From those with a reactive serological test, 30.6% (95% CI: 26.5 – 39.9%) reported not having had any symptom.

**Conclusion:** Identifying the sociodemographic factors most associated to SARS-CoV-2 infection may help to fit policies to minimize the impact of the disease.

**Funding:** This work was funded by the Câmara Municipal de Cascais, by the Fundação para a Ciência e Tecnologia (FCT) through funds GHTM-UID/04413/2020 and through Contrato-programa 1567 (CEECINST/00102/2018, FCT Portugal).



## CO 20 - PREVALÊNCIA DE INFECÇÃO POR ROTAVÍRUS EM CRIANÇAS COM GASTROENTERITE AGUDA EM HOSPITAIS DE LUANDA APÓS INTRODUÇÃO DA VACINA ROTARIX EM ANGOLA

-

Tipo: Comunicação Livre

Dikudila Vita<sup>1</sup>, Celso Cunha<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Faculdade de Medicina da Universidade agostinho Neto, <sup>2</sup> IHMT)

### **Prevalência de infecção por rotavírus em crianças com gastroenterite aguda em hospitais de Luanda após introdução da vacina Rotarix em Angola**

A vacinação contra Rotavírus (RV) é uma das estratégias mais eficazes para prevenir a infecção e reduzir a gravidade da doença, incluindo a mortalidade. A vacina oral RV Rotarix® (GSK) está implementada no calendário de vacinação infantil em Angola desde 2014, não existindo ainda dados sobre o seu impacto e eficácia. O objetivo deste estudo foi estimar a prevalência da infecção por RV e a gravidade da doença após a introdução da vacina em Luanda.

**Métodos:** De abril 2021 a maio 2022 colheram-se 1.251 amostras fecais de crianças. As amostras positivas foram detectadas pelo teste rápido SB Bioline e a gravidade da doença avaliada pelo Vesikari Clinical Severity Scoring System. Obtiveram-se dados sobre o estado nutricional, aleitamento materno, consumo de água, saneamento e situação vacinal contra RV. O estado nutricional foi avaliado com índices antropométricos usando o ANTHRO v. 3.2.2.

**Resultados:** A prevalência de RV foi de 57,8% destacando-se nas meninas (53,1%) e na faixa etária de 1 a 6 meses (74,7%). As crianças mais afetadas encontravam-se vacinadas (54,4%) com duas doses (39,7%). Identificaram-se maiores prevalências relacionadas com aleitamento materno complementar (42,1%), água de beber conservada em tanque (38,01%), tratamento da água com lixívia (29,4%) e instalações sanitárias privadas com água corrente (51,1%). Cerca de 80% das crianças apresentavam doença grave.

**Conclusão:** Prevalência elevada de infecção por RV, reforça a necessidade de melhorar o sistema de vigilância epidemiológica. Necessidade de aumento da cobertura vacinal (se a vacina atual for adequada à estirpe circulante) e concluir estudo de genotipagem do RV.

**Palavras-chave:** Rotavírus, Diarreia associada ao rotavírus, Crianças, Vacina contra o rotavírus, Luanda-Angola

**CO 26 - PREVALÊNCIA E FATORES DE RISCO DE DIABETES MELLITUS EM PACIENTES COM TUBERCULOSE PULMONAR NA PROVÍNCIA E CIDADE DE MAPUTO, MOÇAMBIQUE, 2021-22**

-

Tipo: Comunicação Livre

Anett Belo<sup>1</sup>, Jahit Sacarlal<sup>1</sup>, Izilda Matimbe<sup>1</sup>, Elisa Nhantumbo<sup>1</sup>, Armando Saide<sup>2</sup>, Benedita José<sup>3</sup>, Maria de Rosário Martins<sup>4</sup>, Tufária Mussá<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Faculdade de Medicina, Universidade Eduardo Mondlane, <sup>2</sup> Faculdade de Ciências de Saúde, Universidade Lurio, <sup>3</sup> PNCT, Ministério de Saúde, <sup>4</sup> Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa)

A Tuberculose (TB) e a Diabetes Mellitus (DM) são doenças com grande importância na saúde pública. Em África Subsaariana, a prevalência da comorbidade TB-DM é de 9%. Em Moçambique, existe uma alta prevalência de TB e uma carga crescente da DM, o que causa preocupações sobre as duas co-epidemias emergentes. **OBJECTIVOS.** Determinar a prevalência da DM em pacientes com TB e descrever os factores de risco (FR) associados. **MÉTODOS.** O estudo transversal decorreu em 4 unidades sanitárias, de Março de 2021 à Julho de 2022. Todos os casos novos de tuberculose pulmonar confirmados por baciloscopia (BK) ou GenExpert, foram recrutados e testados para DM, através da medição da hemoglobina glicosilada (HbA1c). As variáveis sócio-demográficas foram obtidas através de um questionário com perguntas fechadas. A informação foi digitada na plataforma REDcap e analisada no pacote SPSS versão 20. **RESULTADOS.** Dos 402 pacientes 62,2% (n250) eram do sexo masculino sendo a média das idades, 38 anos. A prevalência de DM (HbA1c > 6,5%) nos pacientes com TB foi de 12,7% (n51). Destes, 52,9% (n27) eram HIV positivos, 39,2% (n20) tinha história familiar de TB, 11,7% (6/51) tinha história familiar de DM, 50% (n26) tinha hábitos alcoólicos, 17,6% (n9) tinha hábitos tabágicos, 78,4% (n40) não praticavam actividade física. Dos HIV positivos em TARV, 16,9% eram Diabéticos. **CONCLUSÃO:** A prevalência de DM em pacientes com Tuberculose Pulmonar em Moçambique é alta quando comparada com a de África Subsaariana. Nesse sentido seria importante fazer a integração da triagem da diabetes nos pacientes com Tuberculose Pulmonar.

## CO 27 - IMPACTO DA TUBERCULOSE EM IDADE PEDIÁTRICA NA REGIÃO AFRICANA: REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE

-

Tipo: Comunicação Livre

Joana Valente Dias<sup>1</sup>, Luís Varandas<sup>2</sup>, Luzia Gonçalves<sup>3</sup>, Benjamin Kagina<sup>4</sup>

(<sup>1</sup> Serviço de Pediatria, Hospital Beatriz Ângelo, <sup>2</sup> Unidade de Ensino e Investigação de Clínica das Doenças Tropicais , Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa; Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Nova de Lisboa; Hospital Dona Estefânia, Centro Hospitalar Universitário de Lisboa Central, <sup>3</sup> Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa; Centro de Estatística e Aplicações da Universidade de Lisboa; ZStat4life, <sup>4</sup> Vaccines for Africa Initiative, School of Public Health and Family Medicine, University of Cape Town)

**Introdução:** A tuberculose continua a representar um importante problema de saúde pública, nomeadamente na região africana onde se localizam 17 dos 30 países com maior carga de doença. Contudo, lacunas como o subdiagnóstico e subnotificação limitam o conhecimento do seu verdadeiro impacto em idade pediátrica.

**Métodos:** Revisão sistemática, recorrendo à pesquisa de bases de dados (PubMed, Web of Science e SciELO) e seleção de artigos, publicados entre 2000 e 2020, contendo dados relativos ao impacto da tuberculose em crianças entre os 0 e os 14 anos, em países que vacinam universalmente com a BCG. Meta-análise para obtenção dos parâmetros de interesse realizada no pacote Meta do Programa R®, com recurso a um modelo de efeitos aleatórios.

**Resultados:** Das 1806 referências bibliográficas identificadas foram selecionados 35 artigos, 17 provenientes de países africanos. Considerando os dados relativos à região africana, a proporção de crianças com tuberculose que apresentaram desfechos desfavoráveis foi 21,44% (95% IC 16.36-27.57%), sendo a taxa de letalidade 6,89% (95% CI 4,64-10,11%). A proporção de crianças com tuberculose testadas para o vírus da imunodeficiência humana (VIH) foi de 86,41% (95% CI 65,80-95,46%) e a prevalência de VIH nas crianças testadas 31,45% (95% CI 23,34-40,88%). As crianças com tuberculose e VIH apresentaram maior taxa de letalidade (14,67%; 95% CI 6,63-29,39%) quando comparadas com as crianças com tuberculose que testaram negativo para VIH (4,59; 95% CI 2,06-9,89%).

**Conclusão:** Perante a significativa proporção de desfechos desfavoráveis e elevada prevalência de coinfeção tuberculose/VIH na região africana, é essencial intensificar estratégias para limitar o impacto da tuberculose nesta vulnerável população pediátrica.

**CO 21 - MPOX OUTBREAK IN A LOCAL COMMUNITY: A PERSPECTIVE FROM A PORTUGUESE CITY**

-

Tipo: Comunicação Livre

Diogo Cortes Lopes<sup>1</sup>, Ana Abecasis<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Unidade de Saúde Pública da Amadora, <sup>2</sup> Instituto de Higiene e Medicina Tropical)

In May 2022, Portugal reported its first Mpox, formerly known as monkeypox, case as part of the global outbreak. Mpox is a rare, viral disease usually associated with rural areas of West Africa. However, early in May 2022, cases started to be reported in geographic areas where the disease is not endemic, such as Europe and North America. The disease is spread to humans through bites from infected animals, such as rodents or primates, and through close contact with infected individuals<sup>1</sup>. This study aimed to describe an outbreak of Mpox in a Portuguese city.

Methods:

37 clinical reports of Mpox were reported to the city's public health team, of which 32 were confirmed. Data were collected from the national epidemiological surveillance system (SINAVE).

Results:

Most cases occurred in young adults, aged 36 on average, who were all male and Men who have Sex with Men (MSM). Half of the cases were in patients born in Portugal. All cases but one reported sexual intercourse with men 21 days prior to infection. However, only 9% reported known contact with confirmed cases. 37% declared having been diagnosed with at least one Sexually Transmitted Disease (STD) in the past year and 50% were co-infected with HIV. Of the remaining half, 50% were on PrEP. The most common symptoms reported were fever (69%), ulcers (63%), and inguinal lymphadenopathy (66%). No cases required hospitalization.

Conclusion:

This outbreak was part of the larger European Mpox outbreak that occurred in the spring and summer of 2022. There is a high co-prevalence with other STDs, particularly HIV.

1- Narendra Kumar, Arpan Acharya, Howard E. Gendelman, Siddappa N. Byrareddy,

The 2022 outbreak and the pathobiology of the monkeypox virus,

Journal of Autoimmunity, Volume 131,2022, 102855,ISSN 0896-8411,

<https://doi.org/10.1016/j.jaut.2022.102855>.

## CO 22 - PERFIL EPIDEMIOLÓGICO, COMPORTAMENTAL E MOLECULAR DE INDIVÍDUOS RECÉM-DIAGNOSTICADOS COM VIH – 1 EM CABO VERDE

-

Tipo: Comunicação Livre

Silvânia da Veiga Leal<sup>1</sup>, Victor Pimentel<sup>2</sup>, Marta Pingarilho<sup>2</sup>, Paloma Gonçalves<sup>3</sup>, Nuno Taveira<sup>3</sup>, Isabel Inês Monteiro de Pina Araújo<sup>4</sup>, Ricardo Parreira<sup>2</sup>, Ana Barroso Abecasis<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Instituto Nacional de Saúde Pública de Cabo Verde, <sup>2</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical/Universidade Nova de Lisboa (IHMT/UNL), Lisboa, Portugal, <sup>3</sup> Research Institute for Medicines (iMed.Ulisboa), Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa, Avenida Professor Gama Pinto, 1649-003, Lisboa, Portugal., <sup>4</sup> Universidade de Cabo Verde)

As Mutações de Resistência Transmitida (TDR) limitam as opções dos antirretrovirais e, conseqüentemente complica a gestão dos casos HIV-1. O objetivo do estudo foi descrever o perfil epidemiológico molecular e TDR do VIH-1 em indivíduos diagnosticados de novo com VIH-1 e *drug-naïve*, no período de 2018 a 2020. O gene *pol* VIH-1 foi amplificado e sequenciado pelo método Sanger. A detecção TDR foi realizada utilizando a ferramenta de *Stanford Calibrated Population Resistance* e os níveis de resistência aos diferentes fármacos foram analisados com base no algoritmo Stanford HIVdb Program. Os dados epidemiológicos e comportamentais foram obtidos através de questionários. Dos 176 participantes com VIH-1 e *naïve*, 52,3% eram masculinos e 47,7% feminino, e a maioria pertencia à faixa etária dos 35 a 64 anos. O contacto heterossexual foi o modo de transmissão da maioria dos casos (92,6 %). 73 sequências foram genotipadas com sucesso. O CRF02 (A/G) (41%) foi o subtipo mais prevalente seguido por G (37%) e B (10%). TDR foi de 9,6% (n=7). A mutação associada aos Inibidores da Nucleosídeos Transcriptase Reversa foi de 2.75% e as associadas aos Inibidores Não Nucleosídeos da Transcriptase Reversa foi de 9.6% (n=7). K103N (5.5%) e M184V (2.7%) foram as mutações mais prevalentes. Não foram identificadas mutações associadas a protease e a integrase. A maioria das mutações foram detetadas no subtipo CRF02\_AG (57.1%). A elevada resistência aos NNRTI, demonstra a necessidade da utilização de um inibidor da integrase (Dolutegravir) na 1ª linha de tratamento e a sua vigilância para garantir a sua eficácia e durabilidade.

### Bibliografia:

HIV drug resistance report 2021. Geneva: World Health Organization; 2021. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.

Ministério da Saúde e Segurança Social. Protocolo de terapêutica antirretroviral. Serviço de luta contra as doenças prioritárias programa de prevenção das doenças de transmissão sexual incluindo vih/sida. Praia,Ministério da Saúde de Cabo Verde,2019.

CO 33 - LOW-DENSITY MALARIA INFECTIONS: ARE THEY IMPORTANT TO SUSTAIN MALARIA IN GUINEA-BISSAU?

-

Tipo: Comunicação Livre

Ronise Silva<sup>1</sup>, Amabélia Rodrigues<sup>2</sup>, Ana Paula Arez<sup>1</sup>, Márcia M. Medeiros<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHMT, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, <sup>2</sup> Bandim Health Project, Apartado 861, 1004 Bissau Codex, Bissau, Guinea-Bissau)

Although endemic for malaria and with previously reported cases of infections not detected by optical microscope (OM), or low-density infection (LDI)<sup>1</sup>, data of molecular epidemiology of malaria in Guinea-Bissau is scarce. To estimate the frequency of *Plasmodium falciparum* LDI and their potential impact on malaria transmission, DNA was obtained from 578 samples on filter paper collected in 2017 during the Malaria Indicator Survey (MIS) in Guinea-Bissau and *Plasmodium falciparum* was identified by nested 18S PCR (nPCR)<sup>2</sup>. Beta-globin gene (HBB) was genotyped<sup>3</sup> as a control for DNA extraction. Data were analysed using IBM SPSS Statistics version 26. nPCR confirmed the presence of *P. falciparum* in 76/98 samples included in the study, from which 21 were positive only by nPCR. Most of the infections were asymptomatic and sickle cell trait carriage was more frequent among uninfected individuals. Our results confirm the presence of frequent asymptomatic LDI and suggest an association between sickle cell trait carriage with less infection with *P. falciparum*.

**Funding:** Fundação para a Ciência e Tecnologia (FCT)-(UI/BD/151069/2021)

**References:**

1. McGregor, D. *et al.* The Epidemiology of Plasmodium falciparum Malaria in the Bijagos Islands of Guinea-Bissau. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* **104**, 2117–2122 (2021).
2. Snounou, G. & Singh, B. Nested PCR analysis of Plasmodium parasites. *Methods Mol. Med.* **72**, 189–203 (2002).
3. Waterfall, C. M. & Cobb, B. D. Single tube genotyping of sickle cell anaemia using PCR-based SNP analysis. *Nucleic Acids Res.* **29**, e119 (2001).

**CO 28 - INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL APLICADA À VARREDURA DE HORIZONTES PARA DOENÇAS EMERGENTES E REMERGENTES**

-

Tipo: Comunicação Livre

Mayumi Duarte Wakimoto<sup>1</sup>, Valdir Ermida<sup>1</sup>, Valdilea Veloso<sup>1</sup>, Daniela Polessa Paula<sup>2</sup>, Leonardo Gargano<sup>1</sup>, Bruno Rosa<sup>1</sup>, Fernanda Salvador<sup>1</sup>, Wagner Meira<sup>3</sup>, Ian Miles<sup>4</sup>

(<sup>1</sup> Fiocruz, <sup>2</sup> IBGE, <sup>3</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, <sup>4</sup> Manchester University)

A pandemia de Covid-19 evidenciou a limitação da vigilância em saúde para a detecção e identificação precoce das ameaças relacionadas a agravos de importância para a Saúde Pública, essenciais para o desenvolvimento de medidas de prevenção e controle, bem como de preparação e resposta. A Varredura de Horizontes (VH), definida como a sistemática identificação e investigação de questões emergentes poderia apoiar e potencializar a vigilância em saúde, indicando tendências e direcionadores de mudança, de maneira plausível no futuro (MILES, 2021). A utilização da Inteligência Artificial (IA) para as atividades de vigilância tem sido demonstrada na literatura (Santillana 2015), e indica o aumento do uso de sistemas híbridos combinando informações de vigilância tradicional e fontes de big data. O projeto busca responder se a Inteligência Artificial aplicada à VH para doenças e agravos emergentes e reemergentes potencializará a capacidade da vigilância em saúde para a preparação e resposta a emergências em Saúde Pública. Foi elaborado um questionário Delphi para realização de um painel com especialistas de instituições de referência em pesquisa, do Ministério da Saúde e de sociedades científicas para definição de potenciais doenças emergentes e reemergentes e padrões associados para utilização na VH. Um formulário eletrônico foi estruturado no Redcap para envio aos especialistas em três rodadas visando ao consenso e realizado um teste piloto. Os resultados apoiarão a escolha da doença que será objeto da VH e que constituirá a prova de conceito para o uso da IA.

Palavras chave: Vigilância, doenças reemergentes, Inteligência artificial, Varredura de Horizontes

Financiamento: Programa INOVA/Fiocruz/MS

Bibliografia: MILES, I.; SARITAS, O.; SOKOLOV, A. **Prospectiva para Ciência, Tecnologia e Inovação** – Ed FIOCRUZ, 2021.

SANTILLANA, M. et al. Combining Search, Social Media, and Traditional Data Sources to Improve Influenza Surveillance. **PLOS Computational Biology**, v. 11, n. 10, 2015.

## CO 29 - A IMPORTÂNCIA DA NOTIFICAÇÃO DE DOENÇAS: UM CASO DE RICKETTSIOSE.

-

Tipo: Comunicação Livre

Diogo Cortes Lopes<sup>1</sup>, Francisca Pulido Valente<sup>1</sup>, Catarina Moura Ramalho<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Unidade de Saúde Pública da Amadora)

Em Portugal há 65 doenças transmissíveis de notificação obrigatória (DNO) através do Sistema Nacional de Vigilância Epidemiológica (SINAVE). Esta notificação, que deve ser feita quando um diagnóstico é feito pelo clínico e, se aplicável, o laboratório, é recebida pelas Unidades de Saúde Pública. Estas têm o dever de investigar o possível caso e atuar apropriadamente para prevenir a transmissão e proteger a saúde da comunidade. Contudo, há uma subnotificação por parte dos clínicos. Apesar da investigação neste assunto ser limitada, os motivos apontados são excesso de trabalho, formulários complexos e sensação de inutilidade do processo<sup>1</sup>. Porém, a utilidade da notificação revela-se no caso de uma Rickettsiose, DNO que, se não tratada, tem uma mortalidade de até 60%<sup>2</sup>. Com apenas notificação laboratorial e na ausência de notificação clínica, a equipa de saúde pública que recebeu este caso tentou obter mais informações no Registo de Saúde Eletrónico do doente, onde constatou que a medicação prescrita em consulta de urgência há 7 dias não era a indicada. Após várias tentativas de contacto com o médico prescriptor, o doente e a instituição, foi possível alterar esta prescrição, mas mesmo assim falhou a notificação clínica. Este caso revela a necessidade de sensibilização dos profissionais para a importância de uma notificação atempada das DNO. Mais ainda, deve haver investigação nas causas de subnotificação que englobe todos os parceiros para melhorar este processo, indispensável à Saúde Pública.

Financiamento: nenhum.

### Bibliografia

1. Benson FG, Levin J, Rispel LC (2018) Health care providers' compliance with the notifiable diseases surveillance system in South Africa. PLOS ONE 13(4): e0195194. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195194>
2. Davis K, Ahmado A, Warrell CE, Downs LO, Furneaux J, Sithamparanathan K. Mediterranean spotted fever with multiorgan involvement. BMJ Case Rep. 2022 Dec 21;15(12):e249426. doi: 10.1136/bcr-2022-249426. PMID: 36543366; PMCID: PMC9772677



**CO 34 - A VIA GLICOLÍTICA DO ERITRÓCITO PODERÁ SER UM ALVO PARA CONTROLAR A INFECÇÃO POR PLASMODIUM FALCIPARUM? – EFEITO DO METABOLITO 2,3-DIFOSFOGLICERATO (2,3-DPG) NO DESENVOLVIMENTO PARASITÁRIO IN VITRO**

-

Tipo: Comunicação Livre

Maria Carvalho<sup>1</sup>, Márcia M. Medeiros<sup>2</sup>, Inês Morais<sup>2</sup>, Catarina S. Lopes<sup>3</sup>, Judit Morello<sup>4</sup>, Sara M. Teixeira<sup>5</sup>, Ana Balau<sup>2</sup>, Nuno C. Santos<sup>6</sup>, Alexandra M. M. Antunes<sup>5</sup>, Filomena A. Carvalho<sup>6</sup>, Ana Paula Arez<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade NOVA de Lisboa (UNL), <sup>2</sup> GHTM, IHMT-UNL, <sup>3</sup> Instituto de Medicina Molecular (iMM), Faculdade de Medicina, Universidade de Lisboa, <sup>4</sup> Centro de Química Estrutural, Instituto Superior Técnico (IST), Universidade de Lisboa, <sup>5</sup> Centro de Química Estrutural, IST, Universidade de Lisboa, <sup>6</sup> iMM, Faculdade de Medicina, Universidade de Lisboa)

É urgente desenvolver ferramentas novas e eficientes contra a malária. Os mecanismos de interação entre o parasita e o eritrócito hospedeiro representam potenciais alvos para terapias inovadoras dirigidas ao hospedeiro humano. A deficiência em piruvato quinase (PKD) é uma enzimopatia associada a resistência contra a malária, caracterizada por um declínio em ATP e aumento da concentração de 2,3-difosfoglicerato (2,3-DPG) em eritrócitos de mamíferos. Níveis elevados deste metabolito inibem a glicólise, e sugeriu-se que a sua acumulação participe na proteção conferida pela PKD.

Examinámos o efeito do 2,3-DPG *in vitro* no ciclo intra-eritrocitário de *Plasmodium falciparum*. Os resultados mostram que o desenvolvimento do parasita é comprometido na presença do composto, resultando na diminuição da progenia, e que o perfil metabólico dos eritrócitos infetados se aproxima das células não-infetadas<sup>1</sup>. Para avaliar o impacto do aumento de 2,3-DPG na membrana do eritrócito e na capacidade de invasão do parasita, estudámos modificações na membrana, morfologia e propriedades biomecânicas da célula<sup>2</sup>. Células infetadas com *P. falciparum* são mais rígidas e apresentam um rácio de área:volume reduzido. A adição extracelular de 2,3-DPG afetou ligeiramente a altura e rigidez dos eritrócitos não-infetados, assemelhando-se aos da célula infetada. Adicionalmente, a carga superficial da membrana é mais negativa em eritrócitos tratados com 2,3-DPG.

Os resultados indicam que o tratamento com 2,3-DPG tem um efeito moderado na membrana do eritrócito em comparação com a presença do parasita na célula hospedeira. Sendo um metabolito endógeno, o 2,3-DPG poderá estar na origem de uma ferramenta antimalárica com poucos efeitos adversos nas células saudáveis.

**Bibliografia:**

1. Morais et al 2022. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 12:840968. doi: 10.3389/fcimb.2022.840968

2. Carvalho et al 2023. *Int. J. Mol. Sci.* 24, 1336. doi: 10.3390/ijms24021336

**Financiamento:** PTDC\_BIA-CEL\_28456\_2017 and GHTM—UID/04413/2020

**CO 30 - A VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA DA AMADORA DE 2022 EM NÚMEROS**

-

Tipo: Comunicação Livre

Diogo Cortes Lopes<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Unidade de Saúde Pública da Amadora)

Em Portugal, a vigilância epidemiológica é operacionalizada através do Sistema Nacional de Vigilância Epidemiológica (SINAVE). Através deste, os clínicos e laboratórios notificam diagnósticos de uma das 66 doenças de notificação obrigatória (DNO). Estas são recebidas e investigadas pelas Unidades de Saúde Pública (USP) da jurisdição territorialmente competente, que têm a capacidade e o dever de agir para prevenir a transmissão da doença e proteger a saúde da comunidade, caso necessário.

O objetivo deste trabalho é apresentar o relatório da Vigilância Epidemiológica da Amadora em 2022. A Amadora é uma cidade portuguesa no concelho homónimo mais densamente povoado do país, contando com cerca de 170 000 habitantes. Em 2022, a USP da Amadora recebeu 612 notificações clínicas correspondentes a 25 doenças, cerca de 1,5 por dia, das quais 513 foram classificadas como casos confirmados. A doença com mais notificações foi o Vírus da Imunodeficiência Humana (VIH), seguida da Gonorreia e a Sífilis. A destacar ainda a notificação de casos importados de Malária e de Doença de Hansen, mostrando as fortes comunidades migrantes no concelho. Importa ainda realçar o surgimento de 32 casos confirmados de Mpox, uma nova doença na lista de DNO.

Contudo, esta USP recebeu também 136 notificações laboratoriais sem notificação clínica, fundamentais para classificar o caso e para uma correta prática em Saúde Pública. Neste conjunto destacam-se a Hepatite C e a Tuberculose, doenças de importante impacto epidemiológico e ainda 8 presumíveis casos importados de febre tifoide.

Concluindo, estes dados realçam a importância da Vigilância Epidemiológica e da notificação por parte dos clínicos. Mais investigação dos motivos dos clínicos para não notificarem é essencial para melhorar a prática da Saúde Pública em Portugal.

Sem financiamento recebido.

**CO 35 - PERFIL DOS GENES KIR (KILLER CELL IMMUNOGLOBULIN-LIKE RECEPTORS ) EM PACIENTES COM MALÁRIA EM UMA ÁREA DE GARIMPO DE ITAITUBA/PA.**

-

Tipo: Comunicação Livre

Andréa Luciana Soares da Silva<sup>1</sup>, Giselle Maria Rachid Viana<sup>2</sup>, Marinete Marins Póvoa<sup>3</sup>, Rebecca Chucre de Sousa<sup>1</sup>, Marcos Henrique Damasceno Cantanhede<sup>1</sup>, Eduardo José Melo dos Santos<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Universidade Federal do Pará, <sup>2</sup> Instituto Evando Chagas, <sup>3</sup> Instituto Evandro Chagas)

A resposta imune contra a malária é complexa, havendo participação de uma série de células e citocinas, incluindo as células *Natural Killer (NK)*, com função citotóxica, que são reguladas pelos seus receptores, incluindo os *Killer cell immunoglobulin-like receptors (KIR)*. O estudo teve como objetivo descrever a variabilidade genética de 15 genes do complexo KIR em pacientes infectados com malária por *Plasmodium falciparum* e *P. vivax* e pessoas sem malária, investigando a associação do perfil imunogenético dos pacientes maláricos com os seus parâmetros de infecção. Foi realizado PCR-SSP dos 15 genes com intuito de formar o perfil imunogenético e os genótipos, além de analisar as frequências nas 50 amostras de pacientes maláricos e nas 30 de pessoas não-maláricas. Analisou-se a associação da doença com os genes estudados através de dois testes estatísticos: o teste exato de Fisher e o teste de Mann-Whitney, usados para analisar se algum gene ou genótipo deixavam os indivíduos mais vulneráveis ou protegidos a malária e se os genes possuíam alguma influência na parasitemia dos pacientes. A frequência dos genes *KIR* não variou entre o grupo malárico e não-malárico, apesar de apenas *KIR2DL3* e *KIR3DL3* terem sido os mais frequentes no grupo não-malárico. A análise realizada com os genes encontrou associação dos genes *KIR2DL2* ( $p=0,0062$ ) e *KIR2DS2* ( $p=0,03$ ) com a diminuição da parasitemia e *KIR2DL3* ( $p=0,0049$ ) com o aumento da parasitemia. Das 80 amostras utilizadas, foram encontrados 53 perfis diferentes, as amostras foram divididas nos genótipos AA ou Bx, no qual a análise realizada não encontrou associação de nenhum genótipo com a doença ( $p>0,05$ ). Logo, os genes e os genótipos não possuem relação direta com a suscetibilidade ou proteção contra a malária, porém alguns genes possuem relação com a parasitemia.

BASHIROVA, A.A.; et al. The killer immunoglobulin-like receptor gene cluster: turning the genome for defense. **Ann Rev of Gen and Hum Gen, 7: 277-300a, 2016.**

## **CO 31 - MORADOR INDESEJADO**

-

Tipo: Comunicação Livre

Filipa de Oliveira Nunes<sup>1</sup>, Raquel Tavares<sup>1</sup>, Paulo Rodrigues<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Hospital Beatriz Ângelo)

### **Introdução**

A *Taenia solium* é um parasita que infecta o ser humano, sendo prevalente a nível mundial, mas com maior transmissão nos países em desenvolvimento, muito devido a hábitos culturais de consumo de carnes cruas e a piores condições de saneamento. É responsável por dois tipos de infeção (teníase e cisticercose), sendo que a invasão do sistema nervoso central (SNC) constitui uma das formas de maior gravidade.

Apresentamos o caso de um paciente que hospedou durante vários anos este parasita no seu sistema nervoso central, até ao diagnóstico e respectivo tratamento.

### **Caso clínico**

Homem de 35 anos, natural da Guiné-Bissau, recorre ao serviço de urgência recém-chegado a Portugal por cefaleias, já habituais e com anos de evolução. Cefaleia de predomínio frontal e occipital, bilateralmente, com foto e fonobia associadas, sem agravamento matinal ou náuseas/vómitos. Na anamnese apuram-se vários episódios de perda de consciência no passado, o primeiro em 2015, e cuja descrição é compatível com crises convulsivas.

Sem alterações de relevo à observação, nomeadamente no exame neurológico, assim como na avaliação analítica realizada à admissão. Por cefaleia e história de crises convulsivas realizou TC-CE que mostrou mais de 30 lesões bi-hemisféricas cerebrais, superficiais e profundas, compatíveis com parasitose do SNC.

### **Discussão**

A neurocisticercose constitui uma das principais causas de epilepsia a nível mundial e deve ser considerada no diagnóstico diferencial, principalmente nos doentes provenientes de áreas onde a infeção é endémica.

Tipo: Comunicação Livre

Thebora Sultane<sup>1</sup>, Imelda Chelene<sup>1</sup>, Zainabo Langa<sup>1</sup>, Carla Madeira<sup>1</sup>, Elda Anapakala<sup>1</sup>, Nadia Siteo<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Instituto Nacional de Saúde)

### Impacto da Pandemia da COVID19 na Vigilância de Sarampo em Moçambique, 2020

Thebora C. R. A. Sultane\*<sup>1</sup>, I. R. Chelene<sup>1</sup>, Z. Langa<sup>1</sup>, Carla Madeira<sup>1</sup>, Elda Anapakala<sup>1</sup>, N. Siteo<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Saúde, Mozambique

<sup>2</sup> FHI, Mozambique

E-mail\*: thebora.sultane@ins.gov.mz

Contactos: +258847685463/+2587885463

**Introdução:** Sarampo é um problema de saúde pública em Moçambique. Em Março de 2020, Moçambique declarou o primeiro caso de Covid-19 e, observaram-se mudanças significativas no fluxo de utentes às unidades sanitárias incluindo nos serviços de vacinação infantil. A falta ou vacinação incompleta levou a surtos de sarampo. Este estudo avaliou o impacto da pandemia da Covid-19 no número de casos de sarampo.

**Metodologia:** Estudo retrospectivo descritivo, que analisou os registos da vigilância de sarampo no Instituto Nacional de Saúde, em 2019 e 2020 (período anterior e durante a pandemia). As taxas de positividade para sarampo bem como a frequência de casos positivos em crianças vacinadas foram determinadas e comparadas usando o teste chi-quadrado, considerando um CI de 95%. Os dados foram analisados no *Excel* e *epiInfo*, versão 3.5.4.

**Resultados:** Em 2019, 2987 amostras foram recebidas, onde 53% (1587/2987) eram do sexo masculino, com mediana de idade de 3 anos. A taxa de positividade foi de 2,8% (84/2987) para o Sarampo. Em 2020 foram recebidos 2862, dos quais 50,9% (1457/2862) eram do sexo masculino com mediana de 3 anos. A taxa de positividade foi de 19,7% (565/2862) para sarampo. Verificou-se uma redução de 4,2% na notificação de casos e aumento de 16,5% em casos positivos, p-valor < 0,0001. A taxa de vacinação para casos positivos foi de 36,3% (37/102) e de 25,3% (143/565) para 2019 e 2020.

**Conclusão:** Estes resultados mostram uma redução significativa dos casos reportados e um aumento significativo dos casos positivos, demonstrando que a pandemia teve um impacto negativo na vigilância de sarampo.

Palavras-chave: Vigilância de Sarampo, COVID-19.

## Posters

### Temas

#### **POSTERS 1 – 20 de abril - 13h00 – Atrium:**

- PO 1 - UTILIZAÇÃO DE BIOSSENSORES NA DETEÇÃO RÁPIDA DE SNPS ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA AOS ANTIMALÁRICOS COM BASE NA ESTRATÉGIA DE AMPLIFICAÇÃO ISOTÉRMICA
- PO 2 - GENOMIC DIVERSITY OF MYCOBACTERIUM ABSCESSUS ISOLATES IN PORTUGAL
- PO 3 - EFEITO PROTETOR DA DEFICIÊNCIA EM PIRUVATO CINASE CONTRA A MALÁRIA – ANÁLISE TRANSCRIPTÓMICA DO PARASITA PLASMODIUM FALCIPARUM SOB AÇÃO DO COMPOSTO 2,3-DIFOSFOGLICERATO (2,3-DPG)
- PO 4 - A NEW CHIMERIC RECOMBINANT PROTEIN FROM THE SCHISTOSOMA MANSONI TO BE USED AS TARGET FOR THE SEROLOGICAL DIAGNOSIS OF THE DISEASE
- PO 5 - LONG-TERM HEALTH STATUS FOLLOWING MADEIRA DENGUE OUTBREAK
- PO 6 - RELEVÂNCIA DO DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE MALÁRIA NUM SERVIÇO DE INFECIOLOGIA
- PO 13 - RESISTÊNCIA PRIMÁRIA AOS INIBIDORES DA INTEGRASE NO VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA TIPO 1 (HIV-1) NA PROVÍNCIA DE BENGUELA (ANGOLA)

#### **POSTERS 2 – 21 de abril - 13h00 – Atrium:**

- PO 7 - GENOMIC DIVERSITY AND RESISTANCE PROFILE OF MYCOBACTERIUM AVIUM STRAINS CIRCULATING IN PORTUGAL OVER THE LAST 5 YEARS
- PO 8 - HIGH ANTIMICROBIAL RESISTANCE AND GENETIC DIVERSITY IN S. PSEUDINTERMEDIUS ASSOCIATED WITH SKIN AND SOFT-TISSUE INFECTIONS IN COMPANION ANIMALS IN LISBON, PORTUGAL
- PO 9 - A IMIGRAÇÃO COMO DETERMINANTE DA TESTAGEM CONTRA A COVID-19 EM CRIANÇAS – UM ESTUDO DE COORTE PARA O MUNICÍPIO DA AMADORA, ÁREA METROPOLITANA DE LISBOA, PORTUGAL
- PO 10 - EFFLUX AS A RESISTANCE MECHANISM IN THE VETERINARY PATHOGEN STAPHYLOCOCCUS PSEUDINTERMEDIUS
- PO 11 - DRUG REPURPOSING FOR IDENTIFICATION OF NEW EFFLUX INHIBITORS AND/OR ANTIBIOFILM AGENTS AGAINST STAPHYLOCOCCUS AUREUS AND STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS
- PO 12 - DOENÇA DE HANSEN, UM CASO NO ACES ALTO AVE EM 2023
- PO 14 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE MOSQUITOS AFROTROPICAIS, POTENCIAIS VETORES DE ARBOVÍRUS

## Resumos

Sessão de Pósteres 1  
20 de abril de 2023 às 13:00

**PO 1 - UTILIZAÇÃO DE BIOSSENSORES NA DETEÇÃO RÁPIDA DE SNPS ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA AOS ANTIMALÁRICOS COM BASE NA ESTRATÉGIA DE AMPLIFICAÇÃO ISOTÉRMICA**

-

Tipo: Poster

Ana Tavares<sup>1</sup>, Mayreli Ortiz<sup>2</sup>, Miriam Jauset-Rubio<sup>2</sup>, Marcelo Urbano Ferreira<sup>1</sup>, Diana Machado<sup>1</sup>, Miguel Viveiros<sup>1</sup>, Ana Paula Arez<sup>1</sup>, Ciara O'Sullivan<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisboa, Portugal, <sup>2</sup> Departament d'Enginyeria Química, Universitat Rovira i Virgili, Avinguda Països Catalans 26, 43007 Tarragona, Espanha)

Apesar do esforço global para reduzir a transmissão da malária, poucos avanços têm sido registados durante a última década. A resistência aos medicamentos é reconhecida como um dos obstáculos no controlo da malária e a falta de tecnologias de diagnóstico rápidas, económicas e simples para detetar a resistência aos medicamentos antimaláricos é uma das principais causas da disseminação de parasitas resistentes.

O objetivo do presente estudo é o de desenvolver uma ferramenta rápida e económica a ser implementada em *point-of-care*, para deteção de polimorfismos de nucleótido único (*Single Nucleotide Polymorphisms*, SNPs) associados à resistência a sulfadoxina-pirimetamina, combinação terapêutica ainda utilizada em muitas áreas endémicas, no Tratamento Preventivo Intermitente de gestantes (IPTp) - genes diidropteroato sintetase (*pfdhps*) e diidrofolato redutase (*pfdhfr*), respetivamente.

O teste baseia-se na deteção ótica da extensão isotérmica de *primers* em fase sólida. Para cada SNP a ser detetado, *primers* tiolados na extremidade 5' são imobilizados na superfície de placas de microtitulação ativadas por maleimida para deteção colorimétrica <sup>(1)</sup>. Os *primers* hibridam com o DNA genómico, hibridando a última base do *primer* com o SNP em teste. Os *primers* são idênticos, com exceção da base terminal 3'OH e a extensão do *primer* com nucleótidos marcados com peroxidase (*Horseradish peroxidase*, HRP) só ocorrerá com o *primer* que tem a base complementar à base do SNP. Os ensaios de otimização estão a ser realizados utilizando DNA de clones de parasitas com sequências conhecidas, após o que se validarão os resultados com amostras biológicas.

No final do projeto, antecipamos o desenvolvimento de uma plataforma portátil, de baixo custo, sem a necessidade de utilização de estratégias de amplificação prévias, o que constitui um grande benefício para implementação em áreas endémicas de malária.

(1) DOI: 10.1021/acs.analchem.1c03419

**Financiamento:** GHTM IHMT NOVA (UIDB/04413/2020/RESMALDETECT)

## PO 2 - GENOMIC DIVERSITY OF MYCOBACTERIUM ABSCESSUS ISOLATES IN PORTUGAL

-

Tipo: Poster

Sofia Carneiro<sup>1</sup>, Miguel Pinto<sup>2</sup>, Andrea Santos<sup>3</sup>, Sónia Silva<sup>3</sup>, Irene Rodrigues<sup>3</sup>, João Paulo Gomes<sup>2</sup>, Rita Macedo<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> National Reference Laboratory for Mycobacteria, Dept of Infectious Diseases, National Institute of Health, Lisbon, Portugal; Department of Life Sciences, NOVA School of Science and Technology, NOVA University Lisbon, Caparica, Portugal, <sup>2</sup> Genomics and Bioinformatics Unit, Department of Infectious Diseases, National Institute of Health (INSA), Lisbon, Portugal, <sup>3</sup> National Reference Laboratory for Mycobacteria, Dept of Infectious Diseases, National Institute of Health, Lisbon, Portugal)

*Mycobacterium abscessus complex* (Mab) is an emerging multidrug-resistant nontuberculous mycobacteria, responsible for a wide spectrum of infections. Recently, dominant circulating clones (DCC) have been identified as clusters of strains associated with increased virulence, worse clinical outcomes and higher levels of antimicrobial resistance (AMR). To implement a genomic based surveillance system for Mab, we adapted the recently published SeqSphere+ cgMLST and agMLST schemas into a dynamic wgMLST schema for chewBBACA. Thirty Mab Portuguese strains were integrated into a public dataset of 6974 genomes and stability analysis was performed using ReporTree. DCC classification could be obtained at 250 allelic differences and was able to classify 12 Portuguese isolates as belonging to distinct DCC. Dynamic wgMLST analysis of 7003 genomes revealed that, at a 100 AD threshold, 24 Portuguese genomes were integrated in eleven distinct clusters, two of which were composed exclusively by Portuguese isolates. AMR results showed that most isolates presented resistance to at least two antibiotics (23/30). Twenty eight of the thirty isolates presented the macrolide AMR-associated mutation T28 in *erm41*, while just one isolate had the aminoglycoside AMR-associated mutation A1408G in *rrs*. Whole genome analysis allowed us to screen for additional known AMR markers, thus allowing a more complete resistance profile of the strains. This study highlights the genetic diversity of circulating MAB isolates in Portugal and their association with AMR, while standing as the first step towards the implementation of a genomic-based surveillance system for MAB at the Portuguese National Institute of Health.



**PO 3 - EFEITO PROTETOR DA DEFICIÊNCIA EM PIRUVATO CINASE CONTRA A MALÁRIA - ANÁLISE TRANSCRIPTÓMICA DO PARASITA PLASMODIUM FALCIPARUM SOB AÇÃO DO COMPOSTO 2,3-DIFOSFOGLICERATO (2,3-DPG)**

-

Tipo: Poster

Ana Balau<sup>1</sup>, Inês Santos<sup>1</sup>, Inês Morais<sup>1</sup>, Sandra Antunes<sup>1</sup>, Ana Paula Arez<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa)

**Efeito protetor da deficiência em piruvato cinase contra a malária – análise transcriptómica do parasita *Plasmodium falciparum* sob acção do composto 2,3-difosfoglicerato (2,3-DPG)**

Ana Balau<sup>1</sup>, Inês Santos<sup>1</sup>, Inês Morais<sup>1</sup>, Sandra Antunes<sup>1</sup>, Ana Paula Arez<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, Portugal

A resistência aos antimaláricos, especialmente do parasita *Plasmodium falciparum*, contribui para que o tratamento continue a ser um grande desafio para o combate à malária, continuando esta doença a ser um grave problema de saúde pública, principalmente nos países de baixa renda. No entanto, apesar de causar milhões de infeções e milhares de mortes anualmente, a malária tem vindo a selecionar variantes genéticas humanas, que se revelam como protetores contra a doença e contribuem para uma maior sobrevivência do hospedeiro humano.

O aumento da concentração do metabolito 2,3-DPG poderá estar envolvido no mecanismo de proteção conferido pela deficiência em piruvato cinase (PK) eritrocitária. Para compreender o efeito da adição do composto sintético 2,3-DPG no desenvolvimento parasitário em culturas *in vitro* de *P. falciparum* foi analisada a maturação e resposta transcriptómica do parasita. A maturação parasitária em culturas tratadas e não tratadas com 2,3-DPG foi monitorizada através de citometria de fluxo, ao longo do ciclo eritrocitário completo e a expressão génica foi analisada através da sequenciação de RNA por nanoporos (Oxford Nanopore Technologies) de bibliotecas de cDNA do estadió de trofozoító.

O composto afetou a maturação do parasita e a sua progenia. O estudo da resposta transcricional mostrou um efeito na resposta do parasita relacionada com a sua sobrevivência num ambiente hostil.

O estudo mais aprofundado da deficiência em PK, especialmente o efeito de 2,3-DPG, poderá contribuir para o aparecimento de novos agentes antimaláricos.

**Financiamento:** PTDC\_BIA-CEL\_28456\_2017 and GHTM—UID/04413/2020

**PO 4 - A NEW CHIMERIC RECOMBINANT PROTEIN FROM THE SCHISTOSOMA MANSONI TO BE USED AS TARGET FOR THE SEROLOGICAL DIAGNOSIS OF THE DISEASE**

-

Tipo: Poster

PACÍFICO, Lucila Grossi Gonçalves<sup>1</sup>, FERNANDES, Mariana de Andrade<sup>1</sup>, CARVALHO, Gardênia Braz Figueiredo<sup>1</sup>, BERNARDES, Wilma Patrícia de Oliveira Santos<sup>1</sup>, PEREIRA, Rosiane Aparecida da Silva<sup>1</sup>, FONSECA, Cristina Toscano<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> CPqRR/FIOCRUZ)

Schistosomiasis is a neglected parasitic disease prevalent in 78 countries worldwide in tropical and subtropical areas, especially in poor communities. The Kato-Katz test has low sensitivity for the diagnosis of mild infections. The ELISA assay is more sensitive but presents the possibility of cross-reactivity and false-positive results after treatment. So, an accurate diagnostic test is needed to detect low parasite loads. A diagnostic test using exclusive immunodominant epitopes of the parasite as a target in the ELISA assay will provide the precision needed for the epidemiological scenario of schistosomiasis. We previously identified immunogenic epitopes in *S. mansoni* proteins using *in silico* analysis. The sensibility and specificity values observed in ELISA assays performed previously by our group were also considered to select the most promising epitopes to be used to construct the chimeric protein. The DNA sequence coding the chimeric protein was analyzed and optimizations were done. The epitopes and the proteins in which they were identified were analyzed again in the updated version of the genome annotation database. One epitope presented similarity with proteins from other parasites and two others did not discriminate non-infected and infected individuals in an ELISA assay and were not used. Therefore, 5 epitopes were selected to compose the chimeric protein. Moreover, the order of the peptides in the sequence were considered to obtain the best sequence and a duplicated sequence of itself could facilitate the protein expression. It was successfully obtained through the pET21a vector and the BL21DE3Star strain of *E. coli*. The expectation is that we can develop a more sensitive and specific diagnostic test, based on ELISA assay, using the chimeric protein as a target to collaborate for eliminating schistosomiasis as a public health problem. Financial support: CNPq, Fapemig and IRR/Fiocruz Minas

## PO 5 - LONG-TERM HEALTH STATUS FOLLOWING MADEIRA DENGUE OUTBREAK

-

Tipo: Poster

Paulo Henriques<sup>1</sup>, Helena Caldeira-Araújo<sup>2</sup>, Maria da Luz Brazão<sup>3</sup>, Ana Maria Abreu<sup>4</sup>, Ana Margarida Vigário<sup>5</sup>, [Alexandra Rosa](#)<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Projecto Medicina, Faculdade de Ciências da Vida, Universidade da Madeira, <sup>2</sup> Projecto Medicina, Faculdade de Ciências da Vida, Universidade da Madeira; CQM-Centro de Química da Madeira, Universidade da Madeira, <sup>3</sup> Serviço de Medicina Interna do Hospital Central do Funchal, SESARAM-EPERAM, Funchal, Madeira, Portugal, <sup>4</sup> Departamento de Matemática, Faculdade de Ciências Exatas e da Engenharia, Universidade da Madeira; Centro de Investigação em Matemática e Aplicações, Portugal, <sup>5</sup> Projecto Medicina, Faculdade de Ciências da Vida, Universidade da Madeira; Instituto de Medicina Molecular, Faculdade de Medicina, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal)

The incidence of Dengue has increased tremendously, with new countries being affected, therefore representing a major and rising health concern. Although the acute manifestations of dengue are well studied, little is known about the real mid-long-term impact of the infection on the population's health status. Madeira Island experienced a single outbreak of dengue, in 2012, caused by DENV-1 serotype, with more than 2000 cases assisted in the public healthcare system.

To extend our knowledge about the clinical impact of this outbreak, on a naïve population, we applied an online questionnaire to 168 adult individuals diagnosed with dengue fever at the time, to retrospectively characterize their symptoms during the entire infection period and to identify possible long-term manifestations.

The most frequently reported symptoms referring to the entire clinical period, were fever (92.5%), myalgia (85.7%), extreme tiredness (78.0%), and headache (76.8%), while arthralgia, nausea, vomits, pruritus, retro-orbital pain, and petechiae occurred in 50 to 40% of participants. Eight years following dengue infection, 61.5% of participants reported at least one recurrent, previously non-existing symptom, leading to the requirement of medical assistance in about 70% of them. The most frequent persistent symptoms were headache (35.5%), followed by abundant hair loss, extreme tiredness, arthralgia, and myalgia (30 to 25%). Nearly 20% referred to persistent ophthalmological signs as blurred vision and/or retroorbital pain in the years following dengue.

Our results suggest that the occurrence of persistent symptoms, following a primary dengue infection, may be more frequent than previously thought and may persist for several years, having an impact on the health status of a considerable proportion of the infected population.

This work was supported by FCT (Ref. PTDC/SAU-INF/30440/2017).

## PO 6 - RELEVÂNCIA DO DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE MALÁRIA NUM SERVIÇO DE INFECIOLOGIA

-

Tipo: Poster

Frederico Gonçalves<sup>1</sup>, João Lourinho<sup>1</sup>, Vanessa Leite<sup>2</sup>, Maria Miguel<sup>1</sup>, Helena Pires<sup>1</sup>, Tomás Robalo Nunes<sup>1</sup>, Luís Duque<sup>1</sup>, Líliliana Alves<sup>1</sup>, André Gomes<sup>1</sup>, Paula Brito<sup>1</sup>, Susana Boavida<sup>1</sup>, Cláudia Franco<sup>1</sup>, Catarina Guerra<sup>1</sup>, Francisco Vale<sup>1</sup>, Rita Magano<sup>1</sup>, Virginia Moneti<sup>1</sup>, Maria João Aleixo<sup>1</sup>, Júlio Botas<sup>1</sup>, Nuno Marques<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Serviço de Infeciologia, Hospital Garcia de Orta, EPE, <sup>2</sup> Serviço de Medicina Interna, Hospital Garcia de Orta, EPE)

No período de Janeiro de 2018 a julho de 2022 foram diagnosticados 27 casos de Malária no Serviço de Infeciologia do Hospital Garcia de Orta, EPE. A pesquisa de *Plasmodium* foi realizada por observação direta de esfregaço sanguíneo (ESP), complementado na maioria com teste imunológico.

Em 12 casos foi requisitado o diagnóstico molecular por reação em cadeia da polimerase, pelo que se pretendeu analisar a relevância deste método no diagnóstico e tratamento da Malária.

Após revisão dos casos, a reação em cadeia da polimerase foi útil no diagnóstico nos casos em que se verificou: 1) discrepância entre a data de regresso do país endémico e o tempo de incubação característico do agente identificado por microscopia ótica e/ou teste imunológico; 2) discrepância entre as espécies endémicas mais frequentes dos países de proveniência e aquelas identificadas por ESP e/ou teste imunológico; 3) dissociação entre os diagnósticos após realização de ESP e de teste imunológico; 4) impossibilidade de identificação do agente por ESP e/ou teste imunológico; 5) doentes com diagnóstico e tratamento prévio de malária que apresentavam clínica sugestiva e 6) doentes com quadro muito sugestivo de malária e persistência de pesquisa de *Plasmodium* (por ESP e teste imunológico) negativa.

Em 44% dos casos de Malária diagnosticados no período temporal analisado, a pesquisa de *Plasmodium* por método molecular foi decisiva para o diagnóstico definitivo e consequente orientação / tratamento, pelo que fica assim demonstrada a sua relevância, particularmente em casos selecionados.

### Bibliografia:

1. Zheng Z, Cheng Z. Advances in Molecular Diagnosis of Malaria. Adv Clin Chem. 2017;80:155-192
2. Pradhan N, Rath A, Panda BB, Mohanty I, Somalkar NM, Hazra RK. Implementation of molecular method in routine malaria diagnosis and entomological studies. J Vector Borne Dis. 2020 Oct-Dec;57(4):314-324
3. Zimmerman PA, Howes RE. Malaria diagnosis for malaria elimination. Curr Opin Infect Dis. 2015 Oct;28(5):446-54

**PO 13 - RESISTÊNCIA PRIMÁRIA AOS INIBIDORES DA INTEGRASE NO VÍRUS DA IMUNODEFICIÊNCIA HUMANA TIPO 1 (HIV-1) NA PROVÍNCIA DE BENGUELA (ANGOLA).**

-

Tipo: Poster

Isabel S. Godinho<sup>1</sup>, Raquel Quitéria<sup>1</sup>, Lesya Yefimenko<sup>2</sup>, Filomena M. Pereira<sup>3</sup>, João Piedade<sup>4</sup>

(<sup>1</sup> Unidade de Microbiologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, <sup>2</sup> Unidade de Microbiologia Médica e Unidade de Clínica Tropical, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, <sup>3</sup> Unidade de Clínica Tropical, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, <sup>4</sup> Unidade de Microbiologia Médica, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa)

No final de 2021, aproximadamente 38,4 milhões de pessoas viviam com HIV-1 no mundo. A terapia antirretroviral combinada permitiu, ao longo dos tempos, uma redução significativa da mortalidade, morbidade e transmissibilidade viral. Contudo, devido às elevadas taxas de mutação, o HIV-1 adquire facilmente resistência aos antirretrovirais (ARVs). Os inibidores de transferência de cadeia da integrase (INSTI) são o grupo de ARVs mais recentemente aprovados, com o primeiro (Raltegravir), em 2007, nos EUA. Mais recentemente, em 2019, o Dolutegravir (DTG), pertencente a esta mesma classe, foi recomendado pela OMS para tratamento de primeira e segunda linha, em todos os indivíduos infetados pelo HIV-1. Em Angola, face à recente introdução do DTG no esquema preferencial de tratamento da infeção por HIV-1 (2021), reveste-se de elevada importância o estudo da resistência primária a esta classe de fármacos. O trabalho em curso insere-se num estudo mais geral realizado, em 2016/2017, no Hospital Geral de Benguela e inclui 226 amostras de sangue de indivíduos infetados com HIV-1 colhidas em cartões FTA<sup>®</sup>. O DNA proviral será utilizado como matriz para realização de um protocolo de *nested* PCR [1] para amplificação da região codificante da integrase. Os amplicões obtidos serão submetidos a sequenciação nucleotídica de Sanger e, a partir das sequências, será feita genotipagem e pesquisa de mutações de resistência aos inibidores da integrase. Este trabalho concorre para a monitorização da emergência de mutações associadas a resistência aos diferentes ARVs e sua transmissão em Angola, considerando o seu impacto direto na efetividade terapêutica e controlo da infeção.

[1] ANRS (France) AC43 HIV Resistance Study Group

**PO 7 - GENOMIC DIVERSITY AND RESISTANCE PROFILE OF MYCOBACTERIUM AVIUM STRAINS CIRCULATING IN PORTUGAL OVER THE LAST 5 YEARS**

-

Tipo: Poster

Joana Rodrigues<sup>1</sup>, Sofia Carneiro<sup>2</sup>, Andrea Santos<sup>3</sup>, Irene Rodrigues<sup>4</sup>, Sónia Silva<sup>4</sup>, Rita Macedo<sup>4</sup>

(<sup>1</sup> NOVA Institute of Hygiene and Tropical Medicine, NOVA University Lisbon - Lisboa (Portugal); National Reference Laboratory for Mycobacteria, National Institute of Health Dr. Ricardo Jorge - Lisboa (Portugal), <sup>2</sup> National Reference Laboratory for Mycobacteria, National Institute of Health Dr. Ricardo Jorge - Lisboa (Portugal); Department of Life Sciences, NOVA School of Science and Technology, NOVA University Lisbon, Caparica, Portugal - Lisbon (Portugal), <sup>3</sup> National Reference Laboratory for Mycobacteria, National Institute of Health Dr. Ricardo Jorge - Lisboa (Portugal), <sup>4</sup> National Reference Laboratory for Mycobacteria, National Institute of Health Dr. Ricardo Jorge - Lisboa (Portugal))

Infections caused by nontuberculous mycobacteria (NTM) are increasing worldwide. In Portugal, a recent study published by our research group showed that, in the last decade, strains belonging to the *Mycobacterium avium complex* (MAC) were responsible for the majority of the cases (40.8%) of NTM disease. MAC species are ubiquitous in the environment and *Mycobacterium avium spp. avium* (*M. avium*) is the most human pathogenic subspecies of this complex. Between 2018 and 2022, the National Reference Laboratory for Mycobacteria of INSA received 103 *M. avium* isolates. Of these, a subset of 58 strains was further studied for genotyping purposes using MIRU-VNTR. Additional phenotypic susceptibility testing (pDST) to clarithromycin, moxifloxacin and linezolid was performed for 36 (62%) strains and molecular drug susceptibility testing (mDST), by screening for mutations in *rrs* and *rrl* genes, for 53 (91%) strains. Using 1-locus difference and 2-loci difference thresholds, MIRU-VNTR allowed the detection of two molecular clusters and 49 singletons and 10 clusters and 30 singletons, respectively. There was a high correlation between pDST and mDST, and all strains were susceptible to macrolides by both techniques. Additional screening for mutations in *rrs* gene showed that 46 strains (87%) were susceptible to aminoglycosides. In six strains, we identified a double mutation in *rrs* gene. pDST allowed the detection of 10 resistant strains to either moxifloxacin or linezolid and nine to both antibiotics. This study highlights the genetic diversity of *M. avium* strains circulating in Portugal and their association with possible resistance markers for early antibiotic molecular resistance prediction.

**PO 8 - HIGH ANTIMICROBIAL RESISTANCE AND GENETIC DIVERSITY IN *S. PSEUDINTERMEDIUS* ASSOCIATED WITH SKIN AND SOFT-TISSUE INFECTIONS IN COMPANION ANIMALS IN LISBON, PORTUGAL**

-

Tipo: Poster

Catarina Morais<sup>1</sup>, Sofia Santos Costa<sup>1</sup>, Marta Leal<sup>1</sup>, Bárbara Ramos<sup>1</sup>, Mariana Andrade<sup>1</sup>, Carolina Ferreira<sup>1</sup>, Patrícia Abrantes<sup>1</sup>, Constança Pomba<sup>2</sup>, Isabel Couto<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, NOVA, Lisbon, Portugal, <sup>2</sup> Laboratory of Antibiotic Resistance, CIISA, Faculty of Veterinary Medicine, University of Lisbon; GeneVet, Lisbon, Portugal;)

**Background:** *Staphylococcus pseudintermedius* is the agent of skin and soft-tissue infections (SSTIs) in companion animals, for which antimicrobial resistance is a public health concern.

**Objective:** To characterize a collection of *S. pseudintermedius* causing SSTIs in companion animals, establishing the main clonal lineages and antimicrobial resistance traits.

**Methods:** The collection corresponded to all *S. pseudintermedius* (n=155) causing SSTIs in companion animals (dogs, cats and one rabbit) collected over five years at two laboratories in Lisbon, Portugal. Susceptibility patterns were established by disk diffusion for 28 antimicrobials from 15 classes. All isolates were typed by PFGE-*Sma*I typing and representative isolates further typed by MLST.

**Results:** Forty-eight isolates (31.0%) were methicillin-resistant (*mecA*<sup>+</sup>, MRSP). Multidrug-resistant (MDR) phenotypes were detected for 95.8% of the MRSP isolates and 22.4% methicillin-susceptible *S. pseudintermedius* (MSSP) isolates. Only 12.3% isolates were susceptible to all antimicrobials tested. In total, we detected 43 different antimicrobial resistance profiles. The 155 isolates were distributed within 129 PFGE clusters, grouped by MLST in 42 clonal lineages, 25 of which corresponding to new STs. ST71 was the most frequently lineage found, but other relevant lineages, including ST258, are described for the first time in Portugal.

**Conclusions:** This study evidence high rates of MDR profiles and MRSP associated with SSTIs in companion animals. The high clonal diversity of this collection linked to a significant antimicrobial resistance burden reinforces the need for a continuous surveillance of this pathogen.

**Funding:** Project BIOSAFE funded by FEDER/FCT (Portugal), Grant LISBOA-01-0145-FEDER-030713, PTDC/CAL-EST/30713/2017. Further support by FCT to GHTM (UID/04413/2020), CM and CF (Grants UI/BD/151061/2021 and 2021.05063.BD).

**PO 9 - A IMIGRAÇÃO COMO DETERMINANTE DA TESTAGEM CONTRA A COVID-19 EM CRIANÇAS – UM ESTUDO DE COORTE PARA O MUNICÍPIO DA AMADORA, ÁREA METROPOLITANA DE LISBOA, PORTUGAL**

-

Tipo: Poster

Iolanda Alves<sup>1</sup>, Silvia Panunzi<sup>2</sup>, Regina Loesch<sup>1</sup>, Maria do Rosário Martins<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Universidade Nova de Lisboa (UNL), Lisboa, Portugal, <sup>2</sup> Unit of Epidemiology and Medical Statistics, Department of Diagnostics and Public Health, University of Verona, Italy)

Populações vulneráveis, como os imigrantes, estão proporcionalmente sobrerrepresentadas nos casos e sub-representadas nas taxas de testagem à COVID-19. Crianças imigrantes (nascidas fora ou com pelo menos um dos cuidadores nascido fora da UE) estão sujeitas a determinantes sociais de saúde adversos e como resultado tendem a utilizar com menor frequência cuidados primários e com maior, serviços de urgência. Este estudo teve como objetivo analisar a imigração como determinante da testagem à COVID-19 entre crianças do Município da Amadora, Portugal.

Ligámos os dados de um estudo de coorte prospetivo, decorrido em 2019, com 420 crianças nativas e imigrantes nascidas em 2015, residentes na Amadora, com os dados COVID-19. Entre março de 2020 e outubro de 2022, os dados de testagem foram utilizados para estimar associações entre fatores de risco e a probabilidade de já ter realizado o teste (sim/não), através da regressão robusta de Poisson; para estimar possíveis determinantes do número de testes realizados foi utilizado um modelo de regressão de Poisson.

A amostra está equilibrada entre crianças imigrantes (52%) e nativas (48%). Ao todo, 356 (85%) crianças foram testadas para COVID-19 durante o período considerado, entre o grupo não testado, 84% eram imigrantes. A mediana de testes realizados foi de 3 testes por criança (3 para nativos e 2 para imigrantes). Modelos ajustados para sexo e peso ao nascer das crianças, sexo do cuidador, idade, nível educacional, situação profissional e renda familiar mensal mostraram consistentemente taxas de prevalência mais altas de testes para COVID-19 em nativos. Resultados análogos foram obtidos para o número de testes COVID-19.

Este é o primeiro estudo em Portugal a sugerir que o estatuto de imigrante é uma barreira no acesso ao teste contra a COVID-19 em crianças. Os resultados informam estratégias para reduzir disparidades no acesso a cuidados de saúde da população imigrante, particularmente durante uma pandemia.



**PO 10 - EFFLUX AS A RESISTANCE MECHANISM IN THE VETERINARY PATHOGEN STAPHYLOCOCCUS PSEUDINTERMEDIUS**

-

Tipo: Poster

Marta Leal<sup>1</sup>, Catarina Morais<sup>1</sup>, Bárbara Ramos<sup>1</sup>, Patrícia Abrantes<sup>1</sup>, Constança Pomba<sup>2</sup>, Sofia Santos Costa<sup>1</sup>, Isabel Couto<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisbon, Portugal, <sup>2</sup> Laboratory of Antibiotic Resistance, CIISA, Faculty of Veterinary Medicine, University of Lisbon; GeneVet, Lisbon, Portugal;)

**Background:** *Staphylococcus pseudintermedius* is the main bacterial cause of skin and soft tissue (SSTI) infections in companion animals, particularly dogs. The emergence of methicillin-resistant strains (MRSP), many times associated with a multidrug resistance phenotype is a public health concern.

**Objective:** To evaluate efflux, a resistance mechanism still poorly characterized in *S. pseudintermedius*, as a contributor to biocide and fluoroquinolone resistance.

**Methods:** Susceptibility to the efflux pump substrates ethidium bromide (EtBr), tetraphenylphosphonium bromide (TPP) and ciprofloxacin (CIP) was evaluated by MIC determination for 155 SSTI-related *S. pseudintermedius* isolated from companion animals. EtBr and TPP MIC distributions were analyzed and used to estimate cut-off (CO<sub>WT</sub>) values. The effect of the efflux inhibitors (EIs) thioridazine and verapamil on MICs was assessed. Real-time fluorometric EtBr accumulation assays were performed with/without glucose and/or EIs.

**Results:** Applying the estimated CO<sub>WT</sub> value for TPP revealed the presence of a non-wild type population towards TPP with increased efflux. Characterization of this efflux activity showed that it is strain-specific and glucose-dependent. Resistance to fluoroquinolones was mainly linked to target gene mutations, yet a contribution of efflux to ciprofloxacin resistance levels could not be ruled out.

**Conclusion:** This study describes the relevance of efflux-mediated resistance in *S. pseudintermedius*, particularly to biocides, and provides the methodological basis for further studies on efflux activity in this important veterinary pathogen.

Funding: Project BIOSAFE funded by FEDER/FCT (Portugal), Grant LISBOA-01-0145- FEDER-030713, PTDC/CAL-EST/30713/2017. Further support by FCT to GHTM (UID/04413/2020) and (CM) UI/BD/151061/2021.

**PO 11 - DRUG REPURPOSING FOR IDENTIFICATION OF NEW EFFLUX INHIBITORS AND/OR ANTIBIOFILM AGENTS AGAINST STAPHYLOCOCCUS AUREUS AND STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS**

-

Tipo: Poster

Joana Neves<sup>1</sup>, Carolina Antunes<sup>1</sup>, Mariana Andrade<sup>1</sup>, Isabel Couto<sup>1</sup>, Liliana Rodrigues<sup>1</sup>, Sofia Santos Costa<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisbon, Portugal)

**Background:** *Staphylococcus aureus* (SA) and *Staphylococcus epidermidis* (SE) are frequent nosocomial pathogens for which efflux-mediated resistance and biofilm formation may contribute to the emergence of antimicrobial resistance.

**Objective:** Identify drugs that target efflux and biofilm formation by an *in silico* drug repurposing strategy and assess their efflux inhibitory and/or antibiofilm activities.

**Methods:** The set of all SA and SE membrane transporters and biofilm-associated proteins was used to interrogate DrugBank and generate a list of approved drugs targeting these proteins or their homologues. Seven representative candidate drugs were evaluated in an experimental model based on isogenic strains differing in the expression of the efflux pump gene *norA*. Each drug was tested at ¼ MIC for its ability to reduce antimicrobial MICs. Drugs with significant effect were further tested for synergism with antimicrobials by checkerboard assays and their potential to inhibit biofilm formation by the crystal violet method.

**Results:** We identified over 200 drugs that potentially target SA and/or SE membrane transporters or biofilm-associated proteins. Of these, we tested desipramine, chloroquine, atovaquone, topiramate, amlodipine, tariquidar and sulpiride. Tariquidar, amlodipine, desipramine and chloroquine reduced the MICs of NorA substrates in *norA*-overexpressing strains and presented significant synergism with NorA substrates, suggesting them as potential efflux inhibitors. Amlodipine was able to abolish biofilm formation in SA whereas desipramine and chloroquine were more effective against biofilm formation in SE.

**Conclusions:** Amlodipine and desipramine are new potential dual target drugs and tariquidar is a potent efflux inhibitor in staphylococci. These drugs may, in the future, be included in the fight against antimicrobial-resistant SA and SE infections.

**Funding:** DREBI Project Ref. 2022.07931.PTDC (FCT, Portugal)

## PO 12 - DOENÇA DE HANSEN, UM CASO NO ACES ALTO AVE EM 2023

-

Tipo: Poster

Catarina Marques<sup>1</sup>, Marília Ribeiro<sup>1</sup>, Tiago Carvalho<sup>1</sup>, Maria Mercedes Pardo<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> ACES Alto Ave)

**Introdução:** A doença de Hansen, conhecida por lepra, é uma doença transmissível causada pelo *Mycobacterium leprae*. Apresenta um período de incubação médio entre 3 a 30 anos. Será transmitida por gotículas de secreções nasais ou salivares em situações de contacto próximo com uma pessoa infetada. Afeta predominantemente o tegumento cutâneo e os nervos periféricos, podendo causar deformidades nas extremidades. **Objetivo:** Abordagem da investigação epidemiológica de um caso de lepra importado.

**Métodos:** Revisão bibliográfica e análise descritiva a propósito de um caso de lepra.

**Resultados:** Mulher de 65 anos, angolana, residente em Portugal há 15 dias, recorreu aos cuidados de saúde primários por agravamento de uma lesão ulcerativa no pé direito. Referiu estar a fazer tratamento antibacilar para a lepra, conduzindo à notificação SINAVE da doença. No SU foi elaborado o diagnóstico de lepra tuberculóide (paucibacilar), com indicação de realização de cuidados de penso e de tratamento com rifampicina e dapsona no Centro de Diagnóstico Pneumológico. Foram identificados 9 contactos de risco, que foram informados da necessidade de realizarem o rastreio da tuberculose e posterior quimioprofilaxia. Foram desenvolvidas diligências entre várias entidades para assegurar a manutenção do tratamento e recomendadas várias medidas de prevenção da doença.

**Discussão e conclusão:** A lepra, considerada pela OMS uma doença tropical negligenciada, implica uma abordagem comunitária da doença, para que se atinja a meta de eliminação proposta pela OMS para 2030.

**Bibliografia:** WHO, Ending the neglect to attain the Sustainable Development Goals: a road map for neglected tropical diseases 2021–2030, 2020; American Public Health Association, Control of Communicable Diseases Manual, 21st Edition, junho 2022

**Palavras chave:** Doença de Hansen, lepra, saúde pública, epidemiologia

## PO 14 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE MOSQUITOS AFROTROPICAIS, POTENCIAIS VETORES DE ARBOVÍRUS

-

Tipo: Poster

Eddyson Montalvo-Sabino<sup>1</sup>, Ana Paula Abílio<sup>2</sup>, Milehna Mara Guarido<sup>3</sup>, Vera Valadas<sup>4</sup>, Maria Teresa Novo<sup>4</sup>, Ayubo Kampango<sup>2</sup>, Carla Alexandra Sousa<sup>4</sup>, José Fafetine<sup>5</sup>, Marietjie Venter<sup>6</sup>, Peter N. Thompson<sup>3</sup>, Leo Braack<sup>7</sup>, Anthony John Cornel<sup>8</sup>, Ricardo Parreira<sup>4</sup>, António Paulo Gouveia de Almeida<sup>4</sup>

(<sup>1</sup> Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Hermilio Valdizán, Huanuco, Peru, <sup>2</sup> Instituto Nacional de Saúde, Mozambique, <sup>3</sup> Faculty of Veterinary Science, University of Pretoria, South Africa, <sup>4</sup> GHTM, Institute of Hygiene and Tropical Medicine, NOVA University Lisbon, Portugal, <sup>5</sup> Centro de Biotecnologia, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Mozambique, <sup>6</sup> Department Medical Virology, Faculty of Health Sciences, University of Pretoria, South Africa, <sup>7</sup> Malaria Consortium, Mahidol University, Bangkok, Thailand, <sup>8</sup> Department of Entomology and Nematology, University of California Davis, USA)

Com o objetivo de caracterizar de mosquitos Afrotropicais, foi utilizando uma abordagem complementar de análise morfológica da genitália e análise de sequências de código de barras CoxI, utilizando métodos de máxima verossimilhança, inferência filogenética bayesiana, complementada por análise Median-Joining Network e PCOORD. Foram analisados 800 mosquitos da África do Sul, Moçambique e Angola, dos quais 55 espécies foram identificadas através da disseção da genitália. Foram obtidas 247 sequências do gene CoxI, correspondendo a 65 espécies, 11 das quais, *Aedes capensis*, *Ae. mucidus*, *Culex andersoni*, *Cx. telesilla*, *Cx. inconspicuus*, *Eretmapodites subsimplicipes*, *Er. quinquevittatus*, *Ficalbia uniformis*, *Mimomyia hispida*, *Uranotaenia alboabdominalis* e *Ur. mashonaensis*, foram obtidos pela primeira vez. Os ecótipos molestus, pipiens e seus híbridos, bem como *Cx. infula*, foi relatada na região Afrotropical. A análise filogenética revelou que, com exceção do subgênero *Eumelanomyia* de *Culex*, havia suporte para as tribos *Aedini*, *Culicini*, *Ficalbiini* e *Mansoniini*. No gênero *Aedes*, os subgêneros *Neomelaniconion*, *Stegomyia*, *Catageiomyia*, *Fredwardsius*, *Ochlerotatus* e *Mucidus* formaram clados monofiléticos, mas *Diceromyia*, *Aedimorphus* e *Albuginosus* não; no gênero *Culex*, os subgêneros *Eumelanomyia*, *Oculeomyia* e *Culiciomyia* formaram clados monofiléticos, ao contrário do subgênero *Culex*. Uma divergência >2% foi observada em sequências coespecíficas, por exemplo, *Aedeomyia africana*, *Ae. cumminsii*, *Ae. unilineatus*, *Ae. metallicus*, *Ae. furcifer*, *Ae. caballus*, e *Mansonia uniformis*. Por outro lado, sequências de grupos e complexos de espécies de: *Ae. simpsoni*, *Ae. mcintoshii*, *Cx. bitaeniorhynchus*, *Cx. simpsoni* e *Cx. pipiens* foram insuficientemente separados.

### Financiamento

Eddyson Montalvo-Sabino was recipient of a grant from “Programa Nacional de Becas y Crédito Educativo” (PRONABEC), 2019, from the “Ministerio de Educación” of Peru.

GHTM.