data de 1973, porém continuou sem registo até 2013. O objectivo do presente estudo foi, avaliar a consideração da probabilidade da infecção pelo vírus da dengue pela equipa de médicos, a frequência da infecção, o perfil sócio-demográfico, referente a idade, sexo, e os principais sintomas relacionados a infecção pela dengue, no período de Abril à Julho de 2022, para a produção de evidências científicas que possam mostrar a necessidade de colocar a dengue dentro da importância, no quadro nosológico de doenças transmissíveis em Angola.

Métodos: Após assinatura de um documento de consentimento livre e esclarecido, foram analisadas clinicamente 140 pacientes adultos com síndromes febril e laboratorialmente as respectivas amostras de soro, colhidas em consultas, nas secções de Medicina Interna dos Hospitais dos Cajueiros e Américo Boavida, localizados em áreas sub-urbanas de Luanda. O diagnóstico laboratorial foi feito por testes seroimunológicos imunocromatográficos de diagnóstico rápido (TDRs), da marca SD Bioline, para a pesquisa de antigénios NS1, e paralelamente outro teste da presença de anticorpos IgM/IgG específicos contra o vírus da Dengue.

Resultados: No total de 140 pacientes avaliados nas consultas, a dengue não foi considerada como hipótese diagnóstica, 35% (49/140) apresentaram infecções pelo vírus da dengue, detectada em indivíduos nas idades de 18 à 58 anos, tendo se constatado maior predominância de infecção em indivíduos mais jovens, de 18 à 28 anos, representando 40.81% (20/49) anos dos indivíduos, 57% e 43% foram do sexo masculino e feminino, respectivamente. Os sintomas mais frequentes, da dengue foram: febre (100% (49/49), dor retro-orbitrária (90% (44/49), cefaleias (100% (49/49), artralgias (100% (49/49), geralmente nos membros superiores, mialgias (41% (20/49).

Conclusão: O vírus da dengue, pode ser o agente etiológico de inúmeros síndromes febris, que desafiam diariamente os médicos. O estudo epidemiológico da Dengue, envolvendo um maior é um necessidade prioritária para colocar a dengue na devida importância no quadro de doenças das doenças transmissíveis em Luanda, Angola.

Palavras-chave: Síndrome Febril Dengue Angola

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103447

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE VÍRUS SINCICIAL RESPIRATÓRIO HUMANO EM CASOS DE INFECÇÃO RESPIRATÓRIA AGUDA NO ESTADO DO AMAPÁ, BRASIL, DURANTE O ANO DE 2023

Luana Soares Barbagelata[a,*], Amanda Mendes Silva Cruz[a], Edivaldo Costa Sousa Júnior[a], Wanderley Dias das Chagas Júnior[a], Delana Andreza Melo Bezerra[a], Agatha Monike Silva Nunes[a], Edvaldo Tavares da Penha Júnior[a], Edna Maria Acunã de Souza[a], Alessandra Alves Polaro Lima[a], Andreia Santos Costa[b], Márcia Socorro Pereira Cavalcante[b], Fernando Neto Tavares[a], Mirleide Cordeiro dos Santos[a]

[a] *Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil;*
[b] *Laboratório Central de Saúde Pública do Amapá, Macapá, AP, Brasil*

Introdução/Objetivos: As infecções respiratórias agudas (IRA) constituem um importante problema em saúde pública, especialmente aquelas desencadeadas pelo Vírus Sincicial Respiratório (VSR), um dos principais agentes virais associados à doença grave na população pediátrica em todo o mundo. O VSR pertence à família Pneumoviridae, gênero Orthopneumovirus e baseado em suas características antigênicas é classificado em dois subgrupos, VSRA e VSRB. Deste modo, este estudo objetivou identificar o subgrupo mais frequente e caracterizar geneticamente cepas de VSR em amostras oriundas de um surto de IRA, em pacientes de zero a dois anos de idade, ocorrido no Estado do Amapá, no período de março a maio de 2023.

Métodos: Para tal, o Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Amapá enviou 188 amostras de secreção respiratória para a pesquisa de etiologia viral ao Laboratório de Vírus Respiratórios do Instituto Evandro Chagas (LVR-IEC), Laboratório de Referência junto a Rede Nacional de Vigilância de Influenza e outros vírus respiratórios do Ministério da Saúde. A análise das amostras envolveu a extração do ácido nucleico viral utilizando kit comercial, detecção e definição do subgrupo de VSR por Reação em Cadeia mediada pela Polimerase em tempo real precedida de Transcrição Reversa (RT-qPCR) e sequenciamento do genoma completo pela abordagem de metagenômica shotgun, na plataforma NextSeq 500 Illumina.

Resultados: Das 188 amostras analisadas, 96 (51,06%) foram positivas para VSR, destas 61 (63,54%) pertencem ao subgrupo A e 16 (16,66%) ao B, em 19 amostras não foi possível identificar o subgrupo. O sequenciamento genômico foi realizado em duas cepas do subgrupo A e quatro do B. A análise genômica demonstrou que as cepas de VSRA agruparam no clado GA2.3.5 e as do subgrupo VSRB no clado GB5.0.5a.

Conclusão: Nossos dados corroboram o importante papel do VSR na indução de IRA em pacientes pediátricos, com o VSRA sendo predominante na população investigada. A análise genética não evidenciou mudanças que possam conferir maior virulência, patogenicidade e/ou transmissibilidade das cepas detectadas no Amapá. Acredita-se que as medidas de proteção adotadas durante a pandemia de COVID-19 afetaram a circulação de outros vírus respiratórios, como o VSR, criando, desta forma, grupos suscetíveis à infecção. Nossos dados reforçam a importância do monitoramento constante do VSR, para auxiliar no melhor manejo clínico e controle de infecções por esse patógeno em crianças.

Palavras-chave: Vigilância Infecção respiratória aguda Vírus Sincicial Respiratório

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103448

DETERMINAÇÃO DO PERFIL DE MIRNAS RESPONSIVOS A INFECÇÃO PELO VÍRUS MAYARO EM CÉLULAS VERO

Juliana Santana de Curcio*, Lívia do Carmo Silva, Isabela Pavanelli de Souza, Luiz Henrique Alves Costa, Elisangela de Paula Silveira Lacerda

Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, GO, Brasil

Introdução/objetivo: Arboviroses são uma classe de doenças transmitidas por vetores hematófagos infectados por vírus. O Brasil, por ser um país tropical, possui características que permitem o desenvolvimento tanto de vetores quanto de vírus patogênicos. Para o sucesso dessas infecções, é necessária a capacidade desses vírus de sobreviver no vetor e, consequentemente, infectar um hospedeiro humano. Nesse processo, vários mecanismos de interação patógeno e hospedeiro estão envolvidos. Entretanto, alguns dados da literatura têm demonstrado que a expressão de pequenos RNAs regulatórios denominados microRNAs pode regular genes do hospedeiro para inibir a replicação viral ou ainda ter como alvos regiões do genoma desses vírus. Portanto, o presente trabalho visa descrever o perfil de expressão de miRNAs em células Vero após a infecção com o vírus Mayaro (MAYV).

Métodos: As células VERO (ATCC n° CCL-81) foram infectadas com a cepa de MAYV (GenBank KT818520.1) em um MOI de 5:1 em diferentes tempos (0, 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 24 horas) é os ensaios de MTT, azul de tripan e imagens de campo claro com microscópio foram realizados. Análises in silico com miRNAs de células do hospedeiro, caracterizados como responsivos à infecção pelos arbovírus Dengue, Zika e Chikungunya, foram analisadas quanto à complementariedade a regiões UTR do genoma de diferentes isolados de MAYV, por meio de ferramentas de bioinformática como RNAhybrid, miRBase e BLAST.

Resultados: No ensaio de MTT, a viabilidade média das amostras nos tempos de infecção de 3, 4, 6 e 24 horas foi de 95%, 87%, 81% e 80%, respectivamente. Na contagem por azul de tripan, a porcentagem de células viáveis entre os tempos permaneceu em torno de 90% até as 3 horas iniciais pós-infecção, e posteriormente, nos tempos de 4, 5, 6 e 24 horas, a viabilidade permaneceu em torno de 85%, sendo que em 24 horas tivemos a menor taxa, com 82%. O efeito citopático começou a ser detectado após 6 horas de infecção. Com relação às análises in silico, vários miRNAs, como mir-744-5p, mmu-mir-27b-5p, mmu-mir-423-5p e mmu-mir-193b-3p, apresentaram homologia com regiões do genoma do MAYV que codificam proteínas, como NSP1, 2, 3 e 4, e glicoproteínas.

Conclusão: Nesse sentido, os dados demonstram a capacidade de infecção do vírus em células Vero. Além disso, as análises in silico indicam que miRNAs produzidos por células de mamíferos também podem ser complementar a regiões UTR de proteínas do MAYV.

Palavras-chave: miRNAs MAYV infecção Vero patógenos

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103449

DIAGNÓSTICO DE ZIKA VÍRUS NO NORDESTE DO BRASIL DE 2016 A 2021: UM ESTUDO ECOLÓGICO

Jully Cristina Vilar Barboza[a,*], Luana Dias Xavier[b], Mariana Sprakel dos Santos[a], Yvnna Santos Lima[a], Renata Feitosa Galindo[a], Meyling Eng de Almeida Duarte[a], Ana Carolina Matiotti Mendonça[a], Fernanda Menezes Schneider[a], Aynoa Cristianne Lima Macedo[b], Lucas Vinícius Andrade dos Santos[b], Íris Caroline Almeida Santos[c]

[a] *Universidade Tiradentes (UNIT), Aracaju, SE, Brasil;*
[b] *Universidade Federal de Sergipe (UFS), São Cristóvão, SE, Brasil;*
[c] *Faculdade Tiradentes de Jaboatão dos Guararapes (FITS), Jaboatão dos Guararapes, PE, Brasil*

Introdução: O vírus Zika (ZIKV) é um arbovírus, do gênero Flavivírus, transmitido pela picada da fêmea do mosquito Aedes Aegypti, sendo o mesmo vetor responsável pela transmissão da Dengue e Chikungunya. Além disso, também é possível a transmissão vertical e sexual. No ano de 2015, na Bahia, foram descobertos os primeiros casos da doença no Brasil, ativando um estado de alarme, devido à sua alta virulência, que possibilitou uma maior disseminação da doença. De modo geral, a doença é autolimitada, entretanto, quando contraída na gestação, pode acarretar prejuízos ao feto, como anomalias congênitas, a exemplo da microcefalia. Dessa forma, esse estudo tem o propósito de determinar e comparar as taxas de notificação do Zika Vírus, no período de 2016 a 2021, no Nordeste do Brasil.

Métodos: Estudo ecológico quantitativo de série temporal, com dados referentes ao Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde, especificamente do Sistema de Informações de Agravos de Notificação (SINAN) - Zika Vírus. Foram determinadas as opções de busca: ano de diagnóstico, região Nordeste e Unidade de Federação (UF) da Notificação. As taxas foram calculadas com base no Estudo de Estimativas Populacionais.

Resultados: No decorrer do período analisado (2016-2021), foram notificados 144.394 casos de Zika Vírus na Região Nordeste, correspondendo a 35% dos casos totais do Brasil. Foi observado uma variação das taxas anuais, obtendo valor máximo de 162,34/100.000 habitantes em 2016, e valor mínimo de 9,9/100.000 habitantes, em 2018. Dos estados da região Nordeste, a Bahia revelou maior taxa de prevalência, representando mais da metade dos casos totais (51%). O Ceará ocupou o segundo lugar, correspondendo a 11% do total. Já o Piauí, teve a menor taxa de todas UF, contabilizando 1% das notificações totais.

Conclusão: Nos anos averiguados, observou-se um pico no ano de 2016, acompanhado de uma queda dos números até 2018. Em seguida, foi constatado um aumento das taxas de notificação. Revisões de literatura evidenciaram que o pico epidêmico ocorreu entre 2015 a 2016, sendo compatível com o presente estudo. A visualização desses números, permite o planejamento de controle da doença e redução da morbimortalidade. Dentre as medidas adotadas, destaca-se ações voltadas ao controle do mosquito, eliminando os criadouros do vetor e definir áreas de vulnerabilidade de transmissão, priorizando locais onde há concentração de pessoas.

Palavras-chave: Zika vírus Epidemiologia Notificação de Doenças

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103450