

tardio, evoluindo com complicações neurológicas graves e extensas.

**Descrição do caso:** Em 21/05/2022 L.A.T., 5 meses, sexo masculino, foi internado em um hospital geral, sendo diagnosticado com sepse de foco urinário. Durante o internamento, cursou com convulsão, sendo evidenciada atrofia cerebral e hidrocefalia. Evoluiu com regressão dos marcos de desenvolvimento, perda de sustentação da cabeça e hipotonia. Recebeu alta em 12/07/22 e, três dias após, cursou com febre, sendo admitido no hospital da criança (HC), onde foi diagnosticado com nova infecção do trato urinário. Após tratamento, recebeu alta com melhora. Em 29/07/22, evoluiu com novo quadro febril e foi readmitido no HC e, em 11/08/22 foi transferido para o Hospital Universitário (HU). Na admissão foi observado estrabismo convergente em olho esquerdo e hipotonia da musculatura cervical, sendo solicitada avaliação da equipe de infectologia, sorologias para infecções congênitas (TORCHS) e tomografia (TC) de crânio. A TC evidenciou um aumento do espaço liquorico, periencefálico, junto aos lobos frontal, temporal e parietal bilateral, redução volumétrica dos lobos temporal e frontal. O resultado das sorologias demonstrou CMV IgG 176,9ui/mL e IgM 2,05ui/mL. Diante do quadro foi instituído tratamento com Ganciclovir parenteral durante 21 dias, evoluindo com melhora clínica e recebendo alta para acompanhamento ambulatorial multidisciplinar.

**Comentários:** O caso relatado evidencia a importância e a complexidade da citomegalovirose congênita. É fundamental o amplo conhecimento de informações acerca do seu rastreamento, diagnóstico, repercussões clínicas e tratamento, visando a detecção precoce e prevenção.

**Palavras-chave:** Infecções por citomegalovírus Exposição transplacentária Efeitos tardios da exposição pré-natal

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103445>

### CONHECIMENTO SOBRE A INFECÇÃO POR PAPILOMAVÍRUS HUMANO EM ESTUDANTES DA REDE PÚBLICA DE ENSINO EM CAMPO GRANDE-MS

Maria Luisa Beraldi Mestriner\*,  
Cacilda Tezelli Junqueira Padovani, Greizelle Barroso,  
Ines Aparecida Tozetti, Alda Maria Teixeira Ferreira,  
Bruno Uratani da Silva, Vanessa Maruyama,  
Khaunna Stragliotto Schiavo,  
Brenda Karoline Paco Salerno

Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campo Grande, MS, Brasil

**Introdução/objetivo:** O Papilomavírus humano (HPV) é causador de infecção sexualmente transmissível, a qual pode evoluir para o câncer, a depender do potencial de oncogenicidade viral. O início sexual cada vez mais precoce propicia alta vulnerabilidade das adolescentes às ISTs. O déficit do conhecimento entre os adolescentes acerca da infecção por HPV apresenta relevância e deve ser analisado. A vacinação é o método de prevenção mais eficaz e a cobertura vacinal ainda está abaixo da meta preconizada. A pesquisa teve como

objetivo analisar o conhecimento sobre o HPV em estudantes da rede pública e promover ação educativa.

**Métodos:** Trata-se de uma pesquisa descritiva, transversal, quantitativa, com coleta de dados primários, mediante entrevista estruturada com aplicação de questionário e atividades educativas (palestras, rodas de conversa, distribuição de cartilha e folders) a 194 estudantes do 6º ao 9º ano das escolas municipais Professor Luiz Cavallon e Domingos Gonçalves Gomes, no município de Campo Grande – MS (CEP/UFMS, Paracer n.: 5.596.389, 22/agosto/2022).

**Resultados:** Os estudantes estavam na faixa etária de 10 a 15 anos, sendo a maioria do sexo feminino (63,4%). A maioria já ouviu falar sobre o HPV (70,1%; 136/194), no entanto, somente 38,1% (74/194) afirmaram que o HPV é um vírus que causa câncer e 11,3% (22/194) responderam que é um vírus que causa verrugas. Alguns deles (17,5%; 34/194) afirmaram que o HPV se referia diretamente ao termo câncer e 16,5% (32/194) apontaram que o HPV é a vacina. Cerca de um terço (61/194) demonstrou não ter conhecimento algum sobre o significado da sigla HPV e 10,8% (21/194) fizeram associação com o vírus herpes. Quando questionados sobre o que é o colo do útero, a maioria (73,2%; 142/194) respondeu que não sabia. A maioria 84,5% (164/194) sabem da existência da vacina contra o HPV e 57,7% (112/194) sabiam que a vacina está disponível de forma gratuita. Entre os participantes, 49% (95/194) afirmaram ter tomado a vacina, no entanto, quando consultados os dados referentes à vacinação no sistema e-SUS encontrou-se uma cobertura vacinal superior ao informado, onde 62,3% (121/194) dos alunos estavam vacinados e 40,7% (79/194) com esquema completo.

**Conclusão:** Concluiu-se que há um déficit de conhecimento entre os participantes sobre a infecção por HPV, principalmente sobre a sua relação com o desenvolvimento do câncer e que há necessidade de intensificação de ações educativas e promoção da vacina

**Palavras-chave:** papillomaviridae câncer de colo de útero conhecimento vacinas saúde da família

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103446>

### DENGUE EM LUANDA, ANGOLA: DIAGNÓSTICO E ASPECTOS SÓCIO- DEMOGRÁFICOS 49 ANOS APÓS A DESCOBERTA DA CIRCULAÇÃO DO AGENTE ETIOLÓGICO

Rosa de Fátima Costa Ferreira da Silva<sup>a,\*</sup>,  
Ema Fernandes<sup>a</sup>, Zoraima Neto<sup>a</sup>,  
Ricardo Manuel Soares Parreira<sup>b</sup>

<sup>a</sup> Faculdade de Medicina da Universidade Agostinho Neto, Luanda, Angola;

<sup>b</sup> Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal

**Introdução:** Luanda é a capital de Angola, um país, que se situa no sudoeste africano. Os médicos, enfrentavam o problema do atendimento de inúmeros casos de síndromes febris de uma série de potenciais etiologias. O pacote de testes laboratorial, não incluía a avaliação de rotina da presença do vírus da dengue. A descoberta da circulação do vírus em Angola

data de 1973, porém continuou sem registo até 2013. O objetivo 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 antígenos 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-orbitária (90% (44/49), cefaleias (100% (49/49), artralguas (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 uma 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<sup>a,\*</sup>,  
Amanda Mendes Silva Cruz<sup>a</sup>,  
Edivaldo Costa Sousa Júnior<sup>a</sup>,  
Wanderley Dias das Chagas Júnior<sup>a</sup>,  
Delana Andreza Melo Bezerra<sup>a</sup>,  
Agatha Monike Silva Nunes<sup>a</sup>,  
Edvaldo Tavares da Penha Júnior<sup>a</sup>,  
Edna Maria Acunã de Souza<sup>a</sup>,  
Alessandra Alves Polaro Lima<sup>a</sup>, Andreia Santos Costa<sup>b</sup>,  
Márcia Socorro Pereira Cavalcante<sup>b</sup>,  
Fernando Neto Tavares<sup>a</sup>,  
Mirleide Cordeiro dos Santos<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil;

<sup>b</sup> 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<sup>\*</sup>, Lívia do Carmo Silva,  
Isabela Pavanelli de Souza, Luiz Henrique Alves Costa,  
Elisângela de Paula Silveira Lacerda

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