

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 inúmeras 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^{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,
Elisângela de Paula Silveira Lacerda

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