XII JORNADAS CIENTÍFICAS DO IHMT

LIVRO DE RESUMOS

10 DEZEMBRO '21

UNIVERSIDADE NOVA DE LISBOA

SANITATEM QUAERENS IN TROPICOS

INSTITUTO DE HIGIENE E MEDICINA TROPICAL
DESDE 1902

LIVRO DE RESUMOS DAS XII JORNADAS CIENTÍFICAS DO INSTITUTO DE HIGIENE E MEDICINA TROPICAL

Copyright © **Instituto de Higiene e Medicina Tropical**

Título: **Livro de Resumos das XII Jornadas Científicas do Instituto de Higiene e Medicina Tropical**

Comissão Científica

Paulo Almeida
Gabriela Santos-Gomes
Henrique Silveira
Isabel Mauricio
Jorge Seixas
Maria do Rosário O. Martins
Maria Luísa Vieira

Comissão Organizadora

Ana Sofia Calaça
Carlos Rodrigues
Filomena Pereira
Maria Marques
Paulo Almeida
Verônica Zegur Maguela

Moderadores

Ana Armada
Ana Abecassis
Sofia Costa
Patrícia Abrantes

Direção Editorial: Ana Sofia Calaça
Edição e Diagramação: Verônica Zegur Maguela

Dados para catalogação da obra

Livro de Resumos das XII Jornadas Científicas do Instituto de Higiene e Medicina Tropical [recurso eletrónico] – Lisboa, 2021.

1. Educação - Congressos. 2. Ensino Superior. 3. Investigação Científica. 4. Encontro Científico.

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

ÍNDICE

COMUNICAÇÃO ORAL 1

How do health profiles of children in immigrant families compare with native children in the Metropolitan area of Lisbon? Findings from the CRIAS-Amadora cohort study 2

Rotavírus A em Moçambique: desnutrição e fatores de risco em crianças menores de 5 anos com diarreia nos períodos pré e pós-vacinal 3

Padrão da colonização fúngica em unidades de cuidados intensivos de hospitais terciários em Lisboa, Portugal. 4

MORBISCHISTO - Avaliação da morbilidade associada à schistosomiase em indivíduos com idade igual ou superior a 15 anos, no distrito de Chókwè, Moçambique 5

Avaliação da eficácia do repelente ambiental 3-(n-acetyl-n-butyl) aminopropionic acid ethyl ester (IR3535®) como ferramenta para o controlo da malária 6

Deteção de enteroparasitas e caracterização genética de *Cryptosporidium spp*. e *Giardia duodenalis* em crianças até aos 14 anos com diarreia, em Moçambique 7

Tuberculosis in urban setting: a mixed-method case study on a treatment centre in the Lisbon Metropolitan Area, Portugal 8

Adolescent pregnancy in São Tomé e Príncipe: are there different obstetric and perinatal outcomes? 9

FLASH-POSTER 10

Magnitude do VIH pediátrico na era pré-COVID, em Maputo 11

Prevalence of Wolbachia in mosquito (Diptera: Culicidae) species from Cape Verde Islands 12

Avaliação clínica da resposta ao tratamento com Hidroxiureia em crianças com Anemia de Células Falciformes em Angola 13

The Infomóvel - An Information system for managing HIV/AIDS patients in rural areas of Mozambique: A Design Science Research Approach 14

Leishmania infantum e *L. amazonensis* induzem a maturação de células dendríticas e o recrutamento de linfócitos T ativados 15

Frequência e factores de risco da diabetes mellitus em pacientes novos casos de tuberculose pulmonar na cidade e provincia de Maputo, 2021 16

Antimalarial Resistance in Mozambique: Characterization of molecular markers and assessment of susceptibility to *Plasmodium falciparum* 17

Avaliação da política de organização da atividade médica 18

Evidence on tuberculosis in migrants at Brazil's international borders: a scoping review 19

Reavaliação da diversidade genética e taxonomia da família Mesoniviridae, bem como das suas relações com outros nidovírus 20

Prevalência de desnutrição em crianças com malária grave internadas no Hospital Central de Maputo em Moçambique 21

From face-to-face to remote: The telepharmacy in Pharmaceutical Patient Consultations for type 2 diabetes mellitus in community pharmacies in European Union countries 22

Antimicrobial resistance and molecular typing of *Staphylococcus aureus* causing bacteraemia in children aged less than 5 years in Southern Mozambique, 2001-2019 23

Low-density malaria infections: are they important to sustain malaria in Guinea-Bissau? 24

Avaliação das Ações Comunitárias para a Prevenção e Tratamento da Malária na República do Benim 25

High prevalence of K103N in newly diagnosed HIV-1 patients from Cabo Verde suggests that NNRTIs should be withdrawn from first-line ARV regimens 26

Health workforce requirements for effective governance of health systems 27

Avaliação da adesão à terapêutica antirretroviral nas pessoas que vivem com VIH e a sua relação com a qualidade de vida: scoping review 28

Prevalência da infeção assintomática por *Leishmania* em dadores de sangue em Portugal Continental 29

Prevalence of Transmitted Drug Resistance among Late presenters in Europe 30

POSTER 31

Movimento grevista de médicos do sector público em 2013: resultados alcançados decorrentes das negociações com o Ministério da Saúde de Moçambique 32

Planeamento em saúde sustentável: os desafios evidenciados pela pandemia de COVID-19 33

The prevalence of selected modifiable risk factors for non-communicable diseases among refugees and asylum seeekers in Portugal 34

Alinhamento da qualificação de Técnico Auxiliar de Saúde com as recomendações de especialistas para reforço da atividade e treino de Auxiliares de Saúde na União Europeia 35

Solução digital para a prestação complementar de cuidados de saúde a idosos com distúrbios do equilíbrio e risco de queda: Design Science Research Methodology 36

Relação entre o tempo de residência em Portugal e o número de doenças crónicas de imigrantes adultos que participaram no Inquérito Nacional de Saúde 2019 37

Satisfação com a consulta pré-natal à nível de cuidados de saúde primários em Maputo, Moçambique 38

Malaria prevention knowledge, attitudes, and practices in Zambezia Province, Mozambique 39

O impacto da pandemia no financiamento dos ODS. O caso dos países africanos da CPLP 40

Conhecimentos, atitudes e prática sobre o cancro do colo do útero nas estudantes do ensino superior em Cabo-Verde – um estudo transversal 41

Anemia in pregnant women and children aged six to 59 months living in Mozambique and Portugal: a systematic review 42

Avaliação das etapas do Cuidado Contínuo de pacientes com HIV/AIDS residentes em Mato Grosso, Brasil 43

Vesículas extracelulares de *Leishmania*: uma revisão sistemática pré-COVID-19 44

Molecular characterization of *Staphylococcus pseudintermedius* associated with skin and soft tissue infections in pets, Portugal 45

Molecular epidemiology of rotavirus strains in symptomatic and asymptomatic children in Manhiça District, Southern Mozambique 2008-2019 46

Determinantes para internamento prolongado e óbito por COVID-19 em doentes adultos: Resultados do primeiro ano de internamentos na UCIP7 do Hospital Curry Cabral 47

Using genomics to uncover the role of SMR efflux pumps to *Acinetobacter baumannii* drug resistance 48

Caracterização Genética do Vírus do Sarampo Circulante em Angola no período de 2021-2022 ... 49

Screening of Enterobacterales clinical strains from companion animals reveals carbapenemase-producing isolates 50

Caracterização molecular e epidemiológica do protozoário intestinal *Giardia duodenalis*, em crianças menores de 5 anos das 18 províncias de Angola 51

Plasmodium falciparum population structure in southwestern Africa: Initial genome-wide sequence data from Angola 52

Mapeamento das evidências científicas sobre a epidemiologia da tuberculose no sistema prisional: scoping review 53

Ajuda externa ao desenvolvimento para a saúde: uma análise ao financiamento à Guiné-Bissau na área da saúde reprodutiva, materna, neonatal e infantil de 2002 a 2018 54

Cost-effectiveness of rotavirus vaccination in Mozambique 55

Prevalence of tick-borne pathogens and bacteriome composition in wild *Ixodes ricinus* populations from mainland Portugal 56

Optimization of a Real-Time PCR protocol using primers targetting the lipL32 gene for pathogenic *Leptospira* DNA detection in environmental samples 57

Mapping health literacy tools in sub-saharan africa: a scoping review 58

Frequência da febre e malária em Moçambique e fatores associados ao diagnóstico e tratamento 59

Role of muscle in Spondyloarthritis 60

COMUNICAÇÃO ORAL

How do health profiles of children in immigrant families compare with native children in the Metropolitan area of Lisbon? Findings from the CRIAS-Amadora cohort study

Zelia Muggli[1], Thierry Mertens[1], Regina Amado[1], Dora Vaz[2,] Melanie Pires[2], Helena Loureiro[3], Maria Rosário O. Martins[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, IHMT/NOVA

[2] Amadora Primary Care Health Centers Group, Regional Health Administration of Lisbon and Tagus Valley

[3] Paediatrics A&E Department, Fernando Fonseca Hospital - Amadora

Immigrant children tend to present distinct health needs and health outcomes such as in frequency of disease,mental health, nutritional status and vaccination uptake, with inequalities in access and utilization of health services. Knowledge on migrant child health is scarce in Portugal. With a life course approach, this study aims to gain evidence on the health trajectories of immigrant children in the Lisbon area, Portugal. To describe and compare the sociodemographic context and the health profiles of non-EU immigrant and native children from age 4 over time and to analyze factors associated with health, developmental and socio-emotional outcomes. Children born in 2015 were recruited to take part in the cohort study in the 9 Amadora Primary Care Health Centers from June 2019 to March 2020.Two questionnaires were used, one to collect family's sociodemographic characteristics and child health information, other the SDQ to assess behaviour and emotional difficulties; data from medical records was collected on child health surveillance consultations (age 4) and utilization of primary care and on Amadora hospital emergency department attendance. From the 420 children enrolled in the study 217 (51.7%) were immigrant, mainly with a CPLP background, 41 (10%) being 1st generation. Immigrant children lived more frequently in socioeconomically disadvantaged environments. Key outcomes showed the perceived health of the child reported by parents and the number of episodes of illness in the last 3 months did not differ significantly between immigrant and native children. More immigrant children (38%vs28%) were found to have psycho-motor development items in need of monitoring and were more likely to develop socio-emotional difficulties. A low family income (aOR 4.5; 95%CI: 1.43-13.95), low parental education level (aOR 2.5; 95%CI: 1.11- 5.16) and being a 1st generation immigrant child (aOR 2.2; 95%CI: 1.06-4.76) increased significantly the likelihood of developing emotional and behavioural difficulties. Vaccination rates were above 90% for all children. Immigrant children were more likely to attended the emergency department and less likely primary care consultations; 26% (vs 11% native children) did not have an allocated family doctor. Immigrant children grow in contexts and have health profiles with a potential to negatively impact their future outcomes. Early identification of modifiable determinants and evidence based interventions to reduce health inequalities are paramount.

Rotavírus A em Moçambique: desnutrição e fatores de risco em crianças menores de 5 anos com diarreia nos períodos pré e pós-vacinal

Assucênio Chissaque[1,2], Adilson Fernando Loforte Bauhofer[1,2], Esperança Guimarães[1,2], Jerónimo Langa[1], Eva João[3], Benilde Munlela[1], Idalécia Cossa-Moiane[1], Júlia Assiat Abchande[1,2], Carolina Gasparinho[4], Jorfélia Chilaúle[1], Luzia Gonçalves[5,6], Nilsa de Deus[1,7]

[1] Instituto Nacional de Saúde, Maputo, Moçambique
[2] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Lisboa
[3] Centro de Investigação em Saúde da Manhiça
[4] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA
[5] UEI Saúde Pública Internacional e Bioestatística, IHMT/NOVA, Portugal
[6] Centro de Estatística e Aplicações da Universidade de Lisboa, Portugal
[7] Departamento de Ciências Biológicas – UEM

Moçambique introduziu a vacina contra rotavírus (Rotarix®) em setembro de 2015. No entanto, ainda existe escassez de dados sobre a epidemiologia do Rotavírus A (RVA), nomeadamente em grupos e províncias mais vulneráveis que apresentam altas frequências de infecção e circulação de genótipos emergentes. Objetivo: Estudar a epidemiologia do RVA, em crianças com diarreia desnutridas, considerando potenciais factores de risco (sociodemográficos e clínicos) em 4 províncias e a distribuição dos genótipos por estado de vacinação em crianças positivas na província de Nampula. Métodos: Estudos de base hospitalar (Vigilância Nacional de Diarreias) nas províncias de Maputo, Sofala, Zambézia e Nampula, em crianças <5 anos. As medidas antropométricas foram utilizadas para calcular os índices de peso para idade, peso para altura e altura para idade por meio de Z-Scores. As variáveis qualitativas foram descritas através de frequências. Para testar associações usou-se o teste qui-quadrado. Os modelos de regressão logística múltipla foram usados para estimar os odds-ratios ajustados nos períodos pré (2015) e pós-vacinal (2016-2019). Das 842 crianças com diarreia e desnutridas (2015-2017–Estudo 1), 27,2% foram positivas para RVA, sendo 42,7% no período pré e 12,2% no pós-vacinal (p<0,001). Das crianças com diarreia que tinham desnutrição aguda, 33,3% estavam infectadas com RVA. A frequência de infecção foi maior em crianças de 0-11 meses, comparativamente as dos 24-59 meses (p<0,001), residentes em Maputo (p=0,019) e em agregados com ≥5 membros (p=0,029). Uma em cada catorze crianças VIH-positiva e desnutrida estava coinfetada com RVA (7,4%). Em Nampula, 614 amostras (com e sem desnutrição–Estudo 2) foram testadas para a identificação do RVA (2015-2019), das quais 34,9% (67/192) foram positivas no período pré e 21,8% (92/422) no pós-vacinal (p=0,001). No período pré-vacinal, fonte de água para beber, esteve associada à infeção (p<0,001). Entretanto, no período pós-vacinal, a idade (p=0,028), o ano (p=0,004) e o contato com animais (p=0,048) foram associados à infeção pelo RVA. A frequência foi maior em crianças parcialmente vacinadas (40,7%, 11/27) e as combinações genotípicas G1P[8] (29,1%, 16/55) e G9P[4] (18,2%, 10/55) foram as mais comuns em crianças com diarreia vacinadas. A introdução da vacina contribuiu para redução da frequência da infeção por RVA neste grupo vulnerável de crianças. Há necessidade da realização de estudos de seguimento em crianças, por exemplo com tripla condição (RVA, desnutrição e HIV).

Padrão da colonização fúngica em unidades de cuidados intensivos de hospitais terciários em Lisboa, Portugal

Teresa Nascimento[1,2,6], João Inácio[2,3], Patrícia Patrício[4], Priscila Diaz[5], Sofia Freitas[6], Catarina Silva[6], Nádia Timóteo[6] e Helena Barroso[1]

[1] Centro de investigação interdisciplinar Egas Moniz (CiiEM), Instituto Universitário Egas Moniz, Monte de Caparica, Portugal

[2] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal

[3] University of Brighton, Brighton, United Kingdom

[4] Hospital Beatriz Ângelo, Loures, Portugal

[5] Hospital Prof. Doutor Fernando da Fonseca, Amadora, Portugal

[6] Escola Superior de Saúde Egas Moniz

Atualmente, as infeções fúngicas oportunistas representam uma ameaça grave para uma abordagem terapêutica eficaz, particularmente em unidades de cuidados intensivos (UCI). A candidose é a causa mais frequente, e dos diferentes fatores de risco predisponentes para infeção destaca-se a colonização prévia por estirpes da microbiota dos pacientes. Investigar a colonização fúngica, com enfoque especial em *Candida spp*., nos pacientes admitidos em UCI. O estudo teve início em janeiro de 2020, nas UCIs de dois hospitais terciários, na zona de Lisboa, Portugal, após aprovação pelas respetivas comissões de ética. A pesquisa foi realizada no momento da admissão dos pacientes na UCI e após o 5º e 8º dia de internamento por colheita de zaragatoa axilar/inguinal. Como medida da prática de controlo de infeção hospitalar, foram realizados banhos de clorohexidina durante o período de colheita das amostras. A identificação dos isolados foi determinada ao nível de espécie com base em métodos microbiológicos convencionais e moleculares. Foram obtidas 225 amostras no dia da admissão na UCI e 152 amostras durante o tempo de permanência na UCI. Das 377 amostras, 154 (41%) estavam positivas para colonização fúngica. Foram obtidos 165 isolados fúngicos sendo 95% (156/165) de *Candida spp*.. As espécies mais isoladas pertencem aos complexos Candida albicans (51%), *Candida parapsilosis* (30%) e *Candida glabrata* (11%). Nenhuma espécie rara emergente, como *Candida auris*, ou espécies do complexo *Candida haemulonii* foi detetada. Na admissão na UCI, 35% (78/225) dos pacientes já estavam colonizados e 50% (76/152) após admissão no serviço apresentaram resultados positivos. Durante o internamento na UCI, 43% (66/152) dos pacientes ficaram colonizados, mesmo após dois banhos de clorohexidina. A colonização persistente ocorreu em 42% dos pacientes que tiveram três colheitas realizadas; em 34% deles, a colonização persistiu com *C. albicans*. Em 51% dos pacientes observou-se um índice de colonização muito elevado (>104 UFC/mL). Apenas em 6% dos pacientes com 8 dias de permanência na UCI foi observada redução de colonização. A colonização fúngica apresenta-se elevada nos pacientes em UCI, particularmente nos doentes com maior tempo de internamento. A colonização por *Candida spp*. é prevalente com distribuição equitativa entre *C. albicans* e espécies não *albicans*. Estes resultados para além de contribuírem para o conhecimento da epidemiologia regional, podem ditar a gestão de uma potencial infeção fúngica invasiva.

MORBISCHISTO - Avaliação da morbilidade associada à schistosomiase em indivíduos com idade igual ou superior a 15 anos, no distrito de Chókwè, Moçambique

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

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical - Universidade NOVA de Lisboa

[2] Faculdade de Medicina da Universidade Eduardo Mondlane

[3] Centro de Investigação e Treino em Saúde de Chókwè

[4] Universidade de Augusta - Geórgia/Estados Unidos da América

Moçambique é dos países do mundo com maior prevalência de schistosomiase. Os dados relativos à prevalência na população adulta são escassos e o impacto da morbilidade associada à infeção é largamente desconhecido. Objetivos: Estimar a prevalência de infeção por *Schistosoma spp.*; descrever e caracterizar a morbilidade associada à schistosomiase; comparar o desempenho de diversos métodos laboratoriais no diagnóstico de schistosomiase; avaliar o uso de ecografia à cabeceira na avaliação da morbilidade estrutural associada à schistosomiase urinária. A população alvo foram os indivíduos com idade igual ou superior a 15 anos, residentes em agregados familiares registados no CITSC de Chókwè. Utilizou-se uma amostragem aleatória por clusters em duas etapas, compreendendo 30 clusters e 570 agregados familiares. A cada participante foi aplicado um questionário de dados sociodemográficos e fatores de risco, solicitada uma amostra de fezes e urina e proposta a realização de uma ecografia abdominal. O trabalho de campo decorreu entre Abril e Outubro de 2018. Foram incluídos 1033 indivíduos com uma idade média de 34 anos, sendo 28,3% do sexo masculino e 71,7% do sexo feminino. Destes 28,8% referiram ter tido hematúria pelo menos uma vez ao longo da vida, do quais 4,3% nos 30 dias anteriores ao questionário. O exame parasitológico das 1033 amostras de urina revelou uma prevalência de infeção por *Schistosoma haematobium* de 3,7%. Detetou-se ainda hematúria em 22,1%, proteinúria em 14,2% e um teste rápido de antigénio catódico circulante positivo em 14 % dos casos. No que respeita às 922 amostras de fezes, apenas 2 foram positivas para *Schistosoma mansoni*, no entanto em 7,5% foram identificados outros parasitas intestinais. A análise molecular revelou DNA de ovos de *Schistosoma haematobium* em 10,2% das amostras de urina. Realizaram-se um total de 912 ecografias, das quais 33,5% revelaram alterações estruturais do trato urinário, havendo 31% com alteração do trato urinário inferior e 78% com alteração do trato urinário superior. Foi concluída a revisão 236 exames ecográficos por um segundo investigador para avaliação do índice de concordância inter-observador na aplicação do score ecográfico. Decorre de momento a análise multivariada dos fatores de risco e marcadores associados a infeção e morbilidade estrutural, bem como a elaboração do primeiro artigo científico.

Avaliação da eficácia do repelente ambiental 3-(n-acetyl-n-butyl) aminopropionic acid ethyl ester (IR3535®) como ferramenta para o controlo da malária

Joaquim Domingos Lequechane[1,2], Falume Azamo Chale[1], Ana Bernardo Duajá[1], Silva Constantino Ildo[1], Luzia Gonsalves[2], Isabel Craveiro[2], Ana Paula Abílio[3], Baltazar Candrinho[4], João Luís Manuel[1], Henrique Silveira[2]

[1] Instituto Nacional de Saúde, Moçambique, Delegação Provincial de Sofala

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[3] Instituto Nacional de Saúde, Moçambique

[4] Ministério da Saúde, Moçambique – Programa Nacional de Controlo da Malária

A malária representa um problema de saúde pública no mundo. Em 2019 foram notificados cerca de 229 milhões de casos e 409 000 mortes por malária no mundo, dos quais 93% ocorreram na Região Africana da OMS. Moçambique, contribuiu com 4% dos casos (WHO, World malaria report 2020). A crescente resistência aos inseticidas e as alterações dos hábitos vetoriais poderão comprometer o controlo e a eliminação da malária globalmente. Assim, existe a necessidade de utilizar abordagens inovadoras, como repelentes ambientais, que quando utilizados a nível comunitário poderão complementar a PIDOM e a utilização das redes mosquiteiras impregnadas, estendendo a proteção ao extradomicilio. Objetivo: Avaliar a eficácia do IR3535 como repelente ambiental. Está a ser realizado um ensaio experimental do tipo Antes-Depois-Controlo-Intervenção na comunidade de Tambai, com um grupo de Intervenção com pulverização com IR3535 no interior e exterior das residências e um grupo Controlo, sem pulverização (ClinicalTrials.gov ID: NCT04419766). O ensaio terá a duração de 2 anos. São indicadores do estudo a prevalência da malária, a distribuição e densidade de mosquitos no interior e exterior das residências. Paralelamente será realizado um estudo para avaliar os Conhecimentos, Atitudes e Práticas (CAP) sobre malária. A prevalência da malária será determinada no início, meio e fim do estudo. Mensalmente serão colhidos mosquitos no interior e exterior das residências para determinar a densidade, diversidade e a taxa esporozoitica. Os dados serão analisados através de SPSS 25.0 e Programa R. Resultados preliminares: Até ao momento foram feitas 5 coletas de mosquitos, 4 pulverizações, um estudo CAP e um estudo de prevalência da malária. Foram entrevistados 154 participantes, destes 83(53,9%) são do sexo masculino e 71(46,1%) são do sexo feminino. A maioria eram camponeses 132(85,7%), tendo feito o ensino primário do primeiro grau 62(40,3%). Na componente de entomologia, foram colectados 1118 espécimes, destes, 507 são do género Anopheles (471 A. funestus, 32 A. gambiae, 4 A. tenebrosus), 605 Culex, 2 Aedes e 4 são de outras espécies. O primeiro estudo CAP mostrou que a maioria possui elevados conhecimentos sobre a doença. O ensaio encontra-se no início não sendo possível ainda tirar conclusões sobre a eficácia do IR3535.

Deteção de enteroparasitas e caracterização genética de *Cryptosporidium spp*. e *Giardia duodenalis* em crianças até aos 14 anos com diarreia, em Moçambique

Ofélia Nhambirre[1,2], Idalécia Cossa-Moiane[2,3], Adilson Bauhofer[2,4], Assucênio Chissaque[2,4], Maria Luisa Lobo[1], Olga Matos[1], Nilsa De Deus[2,5]

[1] Global Health and Tropical Medicine, Medical Parasitology Unit, IHMT/NOVA, Lisbon, Portugal

[2] Instituto Nacional de Saúde (INS), Maputo, Mozambique

[3] Institute of Tropical Medicine Antwerp, Belgium

[4] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal

[5] Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Mozambique

A diarreia continua um problema de saúde pública nos países pobres, incluindo Moçambique, mesmo com as estratégias de controlo em vigor. Objectivos: Determinar a frequência de infeção por parasitas intestinais, os fatores associados e genótipos de *Cryptosporidium spp*. e *Giardia duodenalis* em crianças do sul, centro e norte de Moçambique. Métodos: De maio de 2014 a dezembro de 2019, 1424 amostras de fezes diarreicas foram recolhidas de crianças até 14 anos em seis hospitais de Maputo, Sofala, Zambézia e Nampula e examinadas por microscopia óptica (concentração de Ritchie e Ziehl-Neelsen modificado) para identificação de parasitas intestinais. O diagnóstico molecular foi realizado por nested-PCR para 69 amostras positivas por microscopia óptica e/ou ELISA para *Cryptosporidium spp*. com alvo nos loci SSU-rRNA e gp60 e 79 amostras positivas para o locus β-giardina de *G. duodenalis*. As caraterísticas sociodemográficas foram obtidas por meio de um questionário. Foi igualmente avaliada a ocorrência de parasitas nas estações secas e chuvosas. Para a análise dos dados foram aplicadas tabulações cruzadas (testes de qui-quadrado ou Fisher e Mann-Whitney-U) para identificar fatores associados as infeções. Valores de p <0,05 foram considerados significativos. Resultados: pelo menos uma infeção foi diagnosticada em 19,2% (273/1424) das amostras examinadas. *Cryptosporidium spp*. foi o parasita mais comum com 8,1% (115/1424) e *G. duodenalis* o sétimo 1,3% (19/1424). Poliparasitismo foi observado em 26,0% (71/273), sendo a co-infeção Ascaris lumbricoides e Trichuris trichiura a mais comum 26,8% (19/71). Esta combinação com *Cryptosporidium spp*. foi a terceira mais comum. Crianças com idade igual ou superior a cinco anos e as de Maputo apresentaram as taxas mais elevadas de infeções (30,8%, 20/65; 23,9%, 178/745) respetivamente; valor de p <0,05. Os outros fatores associados foram fonte de água, tipo de alimento, moradia, escolaridade e estado marital da mãe. A maior frequência de parasitas verificou-se no período das chuvas 23,1% (191/828) em comparação com o seco 13,6% (80/588) (p-valor <0,001). No diagnóstico molecular, 26,1% (18/69) e 28,9% (22/69) das amostras foram positivas para SSU-rRNA e gp60 de *Cryptosporidium*, respetivamente. Para *G. duodenalis*, 26,5% (21/79) das amostras foram positivas para β-giardina. As sequências resultantes estão em análise para determinação dos genótipos envolvidos. Estes resultados sugerem que a frequência de parasitas em Moçambique permanece elevada e continua a ser uma preocupação para as autoridades de saúde

Tuberculosis in urban setting: a mixed-method case study on a treatment centre in the Lisbon Metropolitan Area, Portugal

Rafaela M. Ribeiro[1], Luzia Gonçalves[1], Philip J. Havik[1], Isabel Craveiro[1]

[1] Global Health and Tropical Diseases, GHMT, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Tuberculosis (TB) is an air-born infectious disease related to poverty. In 2019, it was responsible for the death of 1.4 million people worldwide. The WHO region of Europe only hosts 2.5% of global TB burden. In European Union countries TB is concentrated in urban settings. These geographical hotspots concentrate varied risk factors for TB, specific for each area. In the case of north Lisbon Metropolitan Area (LMA) being a migrant from high burden country is a risk factor for the disease. To characterise migrant contribution for notified TB cases in a critical urban municipality of the north LMA, through a mixed-method case study focused on one Centre of Pneumological Diagnostic (CDP) serving the area. Quantitatively, we secondarily analysed data from SVIG-TB measuring the foreign-born TB patients´ contribution for this setting, for a ten-year period (2008-2018). The foreign-countries contributing the most to TB burden were analysed by splitting the share of individuals diagnosed of TB within 2 years of arrival in Portugal - recent migrants, from the share of individuals being diagnosed after 2 years following arrival - former migrants. Qualitatively, we further explored recent migrants´ reasons, experiences and perceptions associated with being sick, and with travelling to Portugal, through semi-structured interviews. Most notified TB cases were due to Portuguese-born individuals - autochthonous TB. However, 45.7% of notified TB cases were attributed to foreign-born individuals. The countries contributing the most for notified TB cases were Cabo-Verde, Guinea-Bissau and Angola. Recently arrived migrants diagnosed of TB increased along the years for Angola and Guinea-Bissau, while for Cabo-Verde TB burden concentrated in former migrants. Recent migrants´ reasons to come to Portugal were to study, to live and work, for tourism and seeking better healthcare than in their home countries. Visiting family and friends, historical links and common language were the main drivers in the choice of country. They show economic purchasing power to travel abroad. In the urban study setting, tuberculosis was roughly equally distributed between nationals and foreign-born individuals. Migrant´s pathways to health and care were varied; differentiation between recent migrants and former migrants may assist distinguishing between imported diseases, or diseases associated with local social determinants of health.

Adolescent pregnancy in São Tomé e Príncipe: are there different obstetric and perinatal outcomes?

Alexandra Vasconcelos[1], Nelson Bandeira[2], Swasilanne Sousa[2], Filomena Pereira[1], Maria do Céu Machado[3]

[1] Unidade de Clínica Tropical - Global Health and Tropical Medicine (GHTM), IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Hospital Dr. Ayres de Menezes, São Tomé and Príncipe

[3] Faculdade de Medicina de Lisboa, Universidade de Lisboa

Adolescent childbirth is a major public health problem in São Tomé and Príncipe (STP). This study determines the prevalence of adolescent deliveries in Hospital Ayres de Menezes (HAM) as well as main adverse obstetric and perinatal outcomes. Cohort hospital based study in STP between July 2016 and November 2018. Pregnant women ≤19 years of age (104) were compared to non-adolescent women (414). The obstetric and perinatal outcomes were compared between groups using t test. Odds ratio (OR) were calculated through Cochran's and Mantel-Haenszel statistics test for odds ratio equal to 1, 95% confidence intervals (CI) and p values ($p<0.05$) were considered significant. The prevalence of adolescent pregnancies was 20.1%. The adverse perinatal outcomes imputable to adolescent births were foetal distress with one-minute Apgar score < 7 (OR 1.9, 95% CI =1.18-3.18, p=0.09) and the need of neonatal resuscitation manoeuvres (OR 2.4, 95% CI=1.07-5.38, p=0.03). Episiotomy was the main adverse maternal outcome for adolescents (OR 2.8, 95% CI=1.5–5.4, p=0.002). Compared to older mothers, those who were teenage were likely to have a non-statistical significant three-fold higher risk of having an obstructed labour (OR 3.40, 95% CI =0.89-12.94, p=0.072). Neonatal asphyxia, risk for cerebral palsy, premature birth, early neonatal infection and early neonatal death were identical between groups as well as maternal anaemia, mode of delivery or other obstetrical outcomes. Adolescent pregnancies are prevalent in São Tomé and Príncipe and are associated to adverse maternal and perinatal outcomes. This highlights the need for special focus in adolescent girls and to boost local efforts in the prevention of these pregnancies to make Sustainable Development Goals (SDG) for maternal health a reality by 2030.

FLASH-POSTER

Magnitude do VIH pediátrico na era pré-COVID, em Maputo

Paula A.B. Rodrigues[1], Maria do Rosário Martins[2], Ana Abecasis[2]

[1] Ministério da Saúde, Maputo, Moçambique

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Em 2019, 1,7 milhões de pessoas viviam com VIH, no Mundo, um número gigante em relação a meta estipulada para 2020 (menos de 500 000) e 690 000 Vidas perdidas por doenças relacionadas a SIDA. Em 2014, Moçambique foi considerado um dos 35 Países prioritários na iniciativa Fast-track, para acelerar a resposta ao VIH no controlo da epidemia até 2020 e eliminá-la até 2030. Dez metas foram traçadas, a primeira 90-90-90. A Transmissão vertical é a principal forma de transmissão do VIH Pediátrico. O TARV pediátrico iniciou em Moçambique em 2004. Em 2018, o acesso ao diagnóstico, seguimento, prevenção (PTV) e tratamento expandiu-se pelo País. Os desafios das metas são: a adesão à PTV e ao TARV Pediátrico. É relevante saber se o País, apesar das adversidades (como a COVID 19) conseguiu avançar para as metas. Objetivo Geral: Caracterizar a Magnitude do VIH pediátrico na Era pré-covid em Maputo. Métodos: Estudo retrospetivo, Descritivo. População: Pacientes de VIH /SIDA Pediátricos (0-14 anos), em Maputo, inscritos até dezembro de 2019.Fonte de dados: Estudos, projeções e relatórios produzidos no País. Métodos estatísticos: Estatística descritiva Resultados- Em 2019, em Moçambique, 2 000 000 pessoas adquiriram o VIH (9,8% da Africa Austral). Destes, 6,5% correspondem a população pediátrica (0-14 anos). Em Maputo, 380 000 pessoas adquiriram o VIH, com 5,8% correspondente a população pediátrica. Foram descritos 39 000 óbitos relacionados com a SIDA em Moçambique, 18,5% em pacientes pediátricos, e, 10,6% ocorreram em Maputo. A taxa de transmissão Vertical na África Austral foi de 9%, 14% em Moçambique, e 10% em Maputo. A taxa de cobertura TARV para Moçambique foi de 67%, com 50% de supressão viral, sendo que Maputo teve 82% de cobertura e 67% de supressão viral. Conclusões: Não se pode atingir as metas a nível do VIH pediátrico sem integrar a atenção materna. Recomendações: A taxa de transmissão vertical em Maputo ainda é muito elevada. É necessário realizar estudos que caracterizem melhor a adesão a terapêutica Pediátrica em Maputo.

Prevalence of Wolbachia in mosquito (Diptera: Culicidae) species from Cape Verde Islands

Aires da Moura1, Carla Sousa[1], João Pinto[1]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Wolbachia pipientis (*Alphaproteobacteria, Rickettsiales*) is an endosymbiont bacterium present in a wide variety of invertebrates and it has been used as a tool in the control of mosquito vectors due to its ability to induce cytoplasmic incompatibility and inhibition of arboviral replication (Flores & O'Neill, 2018). Currently, there is no data on the prevalence and genetic diversity of Wolbachia in mosquitoes from Cape Verde Islands. This knowledge would be important for the implementation of paratransgenic-based population replacement or suppression vector control programs. This study aimed at estimating the prevalence of Wolbachia in different species of Culicidae from Cape Verde.

Adult and larval mosquito samples were collected in six islands (Santiago, Brava, Fogo, Maio, Santo Antão, and Boavista) using BG-sentinel and CDC light traps, dorsal aspirators, and pipettes. Mosquitoes were identified to species/complex and stored individually in microtubes containing silica gel (adults) and 80% ethanol (larvae) until DNA extraction. DNA extraction was performed using CTAB 2% and proteinase K (Weeks et al. 2000). Species identification of *Anopheles gambiae* and *Culex pipiens* complexes were performed by PCR according to Scott et al. (1993) and Smith & Fonseca (2004), respectively. The detection of Wolbachia in mosquito samples was performed by amplifying a 610 bp region of the Wolbachia Surface Protein gene (wsp) according to Zhou et al. (1998). In total, 1648 mosquitoes were collected, identified as *Aedes aegypti* (40.2%), *Aedes caspius* (2.4%), *An. arabiensis* (3.0%), *An. pretoriensis* (16.7%), *Culex bitaeniorhynchus* (0.4%), *Cx. pipiens s.l* (35.3%), *Cx. tigripes* (0.2%), and *Culiseta longiareolata* (1.8%). Ae. aegypti was the most prevalent mosquito and Santiago was the island with the greatest species richness. Regarding the detection of Wolbachia, 1061 individuals have been so far analysed for wsp, with the gene fragment being found in *Cx. tigripes* (100% prevalence), *Cx. pipiens s.l* (98.7%), and *Aedes aegypti* (0.18%). This is the first record of Wolbachia in *Cx. tigripes*, and regarding *Aedes aegypti*, due to the low prevalence detected, further genotyping studies will have to be carried out to identify the strain and exclude the presence of Wolbachia of nematode origin. Wolbachia occurring naturally in Aedes aegypti could have strong implications in control programs that use the bacteria, so it is essential to precisely assess its significance in Aedes aegypti populations.

Avaliação clínica da resposta ao tratamento com Hidroxiureia em crianças com Anemia de Células Falciformes em Angola

Brígida Santos[1,2,3], Armandina Miranda[4], Catarina Ginete[5], Ana Paula Arez[1], Paula Faustino[4], Miguel Brito[5]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Lisboa, Portugal
[2] Centro de Investigação de Saúde em Angola (CISA), Bengo, Angola
[3] Hospital Pediátrico David Bernardino (HPDB), Luanda, Angola
[4] Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), Lisboa, Portugal
[5] Escola Superior de Tecnologia de Saúde, Instituto Politécnico de Lisboa (ESTeSL/IP), Portugal

A Anemia de Células Falciformes (ACF) é uma doença genética causada por uma mutação na cadeia beta globina da hemoglobina, dando origem à hemoglobina S. É caracterizada por fenómenos vaso-oclusivos e hemólise crónica. A hemoglobina fetal (HbF) é o modificador central da doença e é passível de manipulação terapêutica. A Hidroxiureia (HU) é o único fármaco aprovado para indução de HbF em pacientes com ACF. Contudo, alguns estudos mostraram que as respostas individuais ao tratamento com HU são muito variáveis. O objectivo deste estudo é a avaliação da eficácia do tratamento com HU em crianças angolanas com ACF. Será feita a apresentação preliminar de dados de 6 meses de tratamento com HU. O estudo incluiu 143 crianças dos 3 aos 12 anos de idade, com o diagnóstico de ACF medicadas com HU na dose de 20mg/kg/dia. O seguimento clínico foi feito mensalmente e incluiu o registo de intercorrências, exame físico, avaliação hematológica e dos parâmetros bioquímicos para estudo da hemólise e da toxicidade atribuída à HU. A HbF foi quantificada em estado basal e ao 6º mês de tratamento. Comparativamente à fase antes do tratamento e a avaliação feita ao 6º mês de tratamento houve redução de: (1) frequência de episódios de crises dolorosas (59 vs 25), (2) número de transfusões (16 vs 4), (3) número de internamentos (12 vs 3). Uma criança teve recorrência de AVC no 2ºmês e outra teve necrose asséptica da cabeça do fémur ao 5º mês de tratamento. O valor médio da hemoglobina (g/dl) variou de 7,5 para 8,1 (valor mínimo 5,2 e máximo 10,1 vs valor mínimo 5,8 e máximo 10,7). Em 56,1% dos pacientes houve aumento da HbF com valores médios de 5,7% em estado basal e 12,4% ao 6º mês de tratamento. Contudo em 12,9% dos pacientes não houve variação da % da HbF e em 30,9% das crianças o aumento da HbF foi inferior a 3% do valor da HbF basal. Na análise dos parâmetros de hemólise o valor percentual médio dos reticulócitos decresceu de 10,1 para 6,57%, a bilirrubina indirecta (mg/dl) variou de 1,19 para 0,52. A desidrogenase láctea (U/L) não teve variação nos valores médios embora o valor máximo tenha decrescido de 1230 para 1067 e o valor mínimo de 115,1 para 106,3U/L. Não foram registados efeitos secundários importantes relacionados à HU. A HU teve eficácia clínica na maioria dos pacientes evidenciada pelos parâmetros clínicos e laboratoriais. Para além disso, foi demonstrada variabilidade na resposta à terapêutica pelo que está em curso a identificação de polimorfismos associados a essa variabilidade.

The Infomóvel - An Information system for managing HIV/AIDS patients in rural areas of Mozambique: A Design Science Research Approach

Esmeralda Karajeanes[1,2], Fernando Comolo[2], Dulce Bila[2], Mildrad Luis[2], Milagre Tovela[2], Custódio dos-Anjos[2], Nehaben Ramanlal[2], Paula Vaz[2], Luís V. Lapão[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Fundação Ariel Glaser contra o SIDA pediátrico, Maputo, Mozambique

In Mozambique, a country with a high human immunodeficiency virus (HIV) prevalence where antiretroviral treatment (ART) coverage is still below 77% accompanied by 67% of retention rate, the use of mHealth technology may boost the HIV treatment program, by delivering care beyond health facilities and reaching underrepresented groups in the cascade. Leveraging new technologies is crucial to reach the 95-95-95 UN target by 20230. Here we describe the design, implementation and piloting phase of development of a mobile health platform (the "Infomóvel") whose intended use is coupled to community health workers (CHW) and aims at improving access, adherence and retention to HIV care services. Infomóvel was designed, developed and implemented using the Design Science Research Methodology (DSRM). Demonstration phase was carried out in one region of Mozambique, before the usability evaluation of the web platform was carried out to made adjustment on the platform. Objectivos: Describe the design, implementation and piloting phase of development of a mobile health platform (the "Infomóvel") whose intended use is coupled to community health workers (CHW) and aims at improving access, adherence and retention to HIV care services. The Infomóvel flowchart and physical process architecture start with ART patients registered in patients tracking system who have accepted home. The case manager checks the file and through the website www.commcarehq.org, imports the file into the database of Infomóvel set I the cloud server. Case manager application, performs synchronization with Infomóvel Server database, allowing to import recent data and to access to the list of CHW and the list of new patients. The CHW with his phone accesses in his application the list of patients allocated to him according to the visit priority. The platform provides three types of visits, namely the First Patient visit, Follow-up visit and lost follow up visit. Located at the CHW home, the application records the geographical coordinates. Based on the pilot result of Infomóvel we can conclude that there is a growing body of evidence that supports the use of mHealth approaches in Mozambique, and it can be scale up and better exploited in to manage patients with chronic diseases such as hypertension and others, if the patients are stable. However, additional studies should be conducted after this pilot in order to quantify the resources needed to implement the approach on a larger scale.

Leishmania infantum e *L. amazonensis* induzem a maturação de células dendríticas e o recrutamento de linfócitos T ativados

Ana Valério-Bolas[1], Mafalda Meunier[1], Rosa Direito[1], Joana Palma-Marques[1], Lis Lobo[1], Armanda Rodrigues[1], Rui Ferreira[2], Inês Cardoso[2], Graça Alexandre-Pires[3], Isabel Pereira da Fonseca[3], Gabriela Santos-Gomes[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] BSA, Banco de Sangue Animal, Porto, Portugal

[3] CIISA - Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

A leishmaniose canina (CanL) é uma zoonose global, endémica em mais de 70 países, estando presente nas regiões do sul da Europa, África, Ásia, América do Sul e Central. Os recetores de reconhecimento de padrões (RRPs) fazem parte da imunidade inata e são um dos primeiros sistemas de defesa contra agentes patogénicos. Após o reconhecimento dos antigénios pelos RRPs das células dendríticas (CD) é desencadeado o mecanismo de ação do fator de transcrição nuclear κB (NF-κB), um complexo proteico de transcrição nuclear, e a sua translocação para o núcleo onde promove a síntese de citocinas pró-inflamatórias, desencadeando a ativação funcional das CDs. Uma vez ativadas, as CD podem produzir a quimiocina CXCL16 que fica localizada na membrana celular. Em resposta a estímulos pró-inflamatórios, como o interferão gama e o fator de necrose tumoral a ligação à membrana celular é clivada pela ação da metaloprotease ADAM10, sendo libertado na sua forma solúvel no espaço extracelular. Esta quimiocina interage com o recetor BONZO (ou CXCR16), promovendo a adesão e migração dos linfócitos T e das células natural killer (NK). O presente estudo teve como objetivo promover a maturação de CD derivadas de monócitos de cão (moCD) na presença de *Leishmania* ou antigénios derivados destes parasitas e analisar a capacidade de moCD induzirem a migração de leucócitos. Durante 24h, moCD foram expostas a promastigotas de *L. infantum* e *L. amazonesis*, e estimuladas por vesículas extracelulares (VEs), extratos ou antigénios parasitários específicos, como por exemplo a proteína recombinante de L. infantum superóxido dismutase (rLiSOD). A morfologia das moCD foi examinada por microscopia eletrónica de varrimento e a expressão e translocação de NF-κB para o núcleo e a produção de CXCL16 foram analisadas por ELISAs comerciais. Após exposição aos promastigotas de *L. infantum* e *L. amazonensis* e estimulação com as respetivas VEs e rLiSOD, as moCD diferenciaram múltiplas dendrites, desencadearam a constituição e translocação do NF-κB para o núcleo, após reconhecimento por recetores Toll-like e NOD-like, libertando CXCL16. A maturação in vitro das moCD por espécies de *Leishmania* causadoras de leishmaniose visceral ou cutânea, VEs ou antigénio parasitário especifico associado à libertação da quimiocina que induz a migração de linfócitos T ativados, entreabre um conjunto de novas possibilidades para o desenvolvimento e aplicação da medicina personalizada.

Frequência e factores de risco da diabetes mellitus em pacientes novos casos de tuberculose pulmonar na cidade e província de Maputo, 2021

Anett Belo[1,2], Izilda Matimbe[3], Elisa Nhantumbo[3], Vitória Lobo[4], Jahit Sacarlal[4], Tufária Mussá[4], Maria do Rosário Martins[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Portugal

[2] Faculdade de Ciências de Saúde, FCS, Universidade Lúrio, Unilúrio, Moçambique

[3] Faculdade de Ciências, Universidade Eduardo Mondlane, UEM, Moçambique; 4-Faculdade de Medicina, Universidade Eduardo Mondlane, UEM, Moçambique

Estudos mostram crescentes evidências da comorbidade Tuberculose e Diabetes no Mundo. Moçambique sofre com uma tripla carga de Tuberculose devido a alta incidência, altas taxas de co-infecção Tuberculose/HIV. Não obstante, o país está em transição epidemiológica de saúde, resultado da urbanização, introdução de maus estilos de vida, na qual leva a um aumento de casos de diabetes, sendo este último um dos factores de risco para infecção de Tuberculose Pulmonar. Objetivos: Determinar a frequência de diabetes e pré-diabetes e os factores de risco associados nos casos-novos de tuberculose pulmonar na Cidade e Província de Maputo. O estudo decorre em 2 unidades sanitárias, de Março à Outubro de 2021. Todos os casos novos de tuberculose confirmados por baciloscopia (BK) ou GenExpert, foram testados para diabetes, através da medição da hemoglobina glicosilada. As variáveis sócio-demográficas foram obtidas mediante um questionário de perguntas fechadas e as variáveis clínicas extraídas dos processos clínicos. A informação foi digitada na plataforma REDcap e analisada no pacote SPSS versão 20. Fez-se análises estatísticas dos dados, para analisar as associações entre Diabetes, Tuberculose e fatores de risco associados. Dos 102 pacientes casos novos de Tuberculose 70,6% (72/102) eram do sexo Masculino. A idade variou de 12-78 anos sendo a média, de 37 anos. Destes, 22,8% (23/102) dos pacientes eram diabéticos (HbA1c ≥6,5%),21,8% (22/102) eram Pré-diabéticos (HbA1c 6-6.4%) e 55,4% (56/102) não eram diabéticos (HbA1c < 6,0%). Nos diabéticos, 52,1% (12/23) era HIV positivo, 47,8% (13/23) reportaram hábitos alcoólicos, 4,3% (1/23) referiram história familiar de DM, 43,4% (10/23) referiram história familiar de TP, 13% (3/23) afirmaram ser fumadores e 39,1% (9/23) afirmou praticar atividade física. Dos Pré-diabéticos, 59% (13/22) era HIV positivo, 59% (13/22) referiram hábitos tabágicos, 13,6% (3/22) tinha história familiar de DM, 45,4% (10/22) tinha história familiar de TP, 22,7% (5/22) afirmaram ser fumadores e 45,4% (10/22) referiu praticar atividade física. Feita análise estatística observou-se que ainda não há evidencia de associação entre o estado de pré-diabetes e diabetes e os fatores de risco associados (p>0,05). Uma alta frequência de pré-diabetes e diabetes foi detetada nos pacientes novos casos de tuberculose pulmonar. Observou-se também que não há evidencia estatística de associação entre o estado de pré-diabetes e diabetes e os fatores de risco associados (p>0,05).

Antimalarial Resistance in Mozambique: Characterization of molecular markers and assessment of susceptibility to *Plasmodium falciparum*

Clemente da Silva[1,2], B. Dias[1], B. Câncio[1], D. Matias[1], S. Enosse[2], F. Nogueira[1]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT/NOVA)

[2] Instituto Nacional de Saúde de Moçambique (INS)

Mozambique is the 5th country with the largest contribution to malaria burden worldwide, with about 10 million confirmed cases, and 15.000 deaths/year from the disease. With the emergence and expansion of frontline antimalarial drugs (artemisinin combined therapies; ACT) resistance in Southeast Asia, and the recent detection of drug resistance cases in Africa, monitoring the expansion of resistant parasites is crucial. We will assess the susceptibility of *P. falciparum* to the component drugs of ACTs using standardised in vitro assays (RSA and IC50). PCR and NGS will be used to characterise the genetic diversity of the parasites to monitor the spread of resistance. Samples are being collected from 8 provinces, 4 of which the sample collection is complete, namely, Maputo, Inhambane, Manica e Niassa. This study, is complementary to others coordinated and on-going at INS, hereafter contributing to a full-country coverage of drug-resistant malaria parasites monitoring aiming at an early detection of possible emergence of resistance hence supporting the INS on the outlining of an early and efficient response.

Avaliação da política de organização da atividade médica

Mário Bernardino[1], Ana Abecasis[2], Isabel Craveiro[3]

[1] Administrador Hospitalar, Doutorando em Saúde Internacional do IHMT/NOVA, Lisboa
[2] Professora Auxiliar da Unidade de Saúde Pública e Bioestatística do IHMT/NOVA, Lisboa
[3] Professora Auxiliar da Unidade de Saúde Pública e Bioestatística do IHMT/NOVA, Lisboa

A organização da atividade médica, enquanto intervenção em saúde, visa implementar estratégias e ações para dispor de apoio médico contínuo, por forma a garantir cuidados de saúde disponíveis e acessíveis. Sendo o papel do médico insubstituível nos serviços de saúde, a relação entre a organização do trabalho e eventuais efeitos, constitui o grande dilema desta política de saúde basilar para o fortalecimento dos sistemas de saúde que assumem os desafios da acessibilidade, eficácia e resiliência. Com o objetivo geral de reforçar o conhecimento sobre a política de organização da atividade médica, propomo-nos alcançar os seguintes objetivos específicos: 1) rever a literatura e construir uma base documental; 2) avaliar a coerência entre o problema e os objetivos da intervenção; 3) analisar a intervenção e o seu contexto, para apreciar o modo como provoca mudanças, circunscrevendo os fatores que facilitam ou comprometem a sua implementação. Esta tese está suportada num conjunto de quatro trabalhos desenvolvidos com abordagem metodológica qualitativa: um estudo de revisão narrativa da literatura; uma pesquisa de natureza empírica com análise das tendências teórico-metodológicas e conceptuais da intervenção em Portugal; um estudo da avaliabilidade para esclarecer os objetivos da intervenção e determinar se há fundamento para a avaliação; uma análise de implementação para explicar a diferença entre a intervenção planeada e a implementada. Foi possível obter acordo sobre o modelo lógico da intervenção e formular perguntas avaliativas úteis para a sua implementação. Evidências de incompatibilidade do regime de trabalho médico com o período de funcionamento dos serviços foram observadas no sistema de saúde português. Foram reconhecidos aspetos relevantes para a racionalidade e a lógica da intervenção: o planeamento de recursos humanos; o regime de trabalho compatível com o funcionamento dos serviços de saúde e com o trabalho em equipa; e a distribuição geográfica dos médicos. Foram, também, identificados fatores contextuais determinantes: práticas generalizadas de longas jornadas de trabalho diário; a institucionalização das horas extraordinárias como trabalho programado; a carga horária semanal superior aos limites admissíveis; e a subutilização do regime de prevenção. Estas hipóteses, bem como outras que poderão surgir em avaliações futuras, visam fornecer informação para melhorar a política atual e determinar os seus efeitos para decidir se deve ser mantida, transformada ou interrompida.

Evidence on tuberculosis in migrants at Brazil's international borders: a scoping review

Débora Soares[1,2], Aline Ferreira Placeres[1,2], Ricardo Alexandre Arcêncio[2], Inês Fronteira[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Escola de Enfermagem em Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Brasil

International migrants are considered particularly vulnerable to tuberculosis (TB). During the displacement process, it is common for migrants to be subject to high stress situations such as food shortages, housing with poor health and crowding and lack of access to health services, which can induce the dissemination and maintenance of high loads of TB. Brazil borders with a total of 10 countries is among the 22 countries with the highest burden of TB, with around 80,000 new cases and 5,000 deaths per year (WHO, 2019). It is the only country in South America to have an universal, free at point-of-delivery public health system. Objective: To map scientific evidence on tuberculosis in migrants from the international borders between Brazil and the countries of South America. Method: Scoping review. Quantitative, qualitative and mixed publications were considered according to the following inclusion criteria: migrant, tuberculosis, international borders of Brazil. Pubmed Central, LILACS (Scientific and technical literature of Latin America and the Caribbean/BVS - Biblioteca Virtual em Saúde), Scopus (Elsevier) and Scielo (Scientific Electronic Library Online). The research was conducted from February to April 2021. CAPES thesis database was searched for grey literature. Documents were identified, assessed by eligibility by two reviewers and data extracted one of the reviewers. A total of 705 articles were extracted from the databases chosen for the search, 04 master's dissertations and 01 doctoral theses. After application of eligibility criteria, 18 studies were included in the scoping review: 15 articles, 2 master's dissertations and 01 doctoral theses, published between 2002 and 2021. This study presented evidence on tuberculosis at the international borders of Brazil and on access of immigrants with tuberculosis to health services in Brazil. The results show a greater concentration of studies aimed at the immigrant Bolivian population, which can serve as a methodological and scientific basis for future research on the subject. Besides the results found of present evidence of tuberculosis in Venezuelan immigrants crossing the border to Brazil, we also found the lack of current studies that strengthen the need for an international effort to act on the borders for effective tuberculosis control in these territories.

Reavaliação da diversidade genética e taxonomia da família Mesoniviridae, bem como das suas relações com outros nidovírus

Paulo Morais[1], Nídia Trovão[2], Ana Abecasis[3], Ricardo Parreira[1]

[1] Unidade de Microbiologia Médica, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Division of International Epidemiology and Population Studies, Fogarty International Center, National Institutes of Health, Bethesda, MD, USA

[3] Unidade de Saúde Pública Internacional e Bioestatística, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Estudos sobre a família Mesoniviridae (Ordem Nidovirales), que inclui vírus com genoma de RNA identificados em diversas espécies de mosquitos e com capacidade de replicação restrita em células de vertebrados, têm crescido continuamente na última década. No entanto, a última reavaliação genética desta família ocorreu em 2014 e, desde então, diversas novas sequências virais têm sido identificadas, incluindo algumas que apesar de apresentarem características típicas dos mesonívirus, foram descritas em espécies diferentes daquelas que normalmente lhes servem de hospedeiras (aqui descritos como meso-like viruses, ou seja, genomas virais semelhantes aos que caracterizam os mesonivírus "clássicos"). Assim, neste trabalho procedemos à caracterização destes dois tipos de genomas virais, bem como das proteínas que codificam. Adicionalmente, procedemos à análise de relações filogenéticas de todas as sequências de mesonivírus disponíveis em bases de dados públicas, comparando-as, inclusive, com outros vírus da mesma Ordem. De entre os resultados obtidos, destacamos o facto de que enquanto a sequência codificante de proteínas essenciais à replicação viral são semelhantes, o mesmo não se sucede com as restantes regiões codificantes, que teoricamente codificarão, por exemplo, proteínas estruturais, sendo que estas não são caracterizadas pela presença de qualquer domínio funcional que as caracterize de forma não-ambígua. Fruto de análises de relações filogenéticas e distâncias genéticas, foi proposta uma revisão taxonómica da família Mesoniviridae. A classificação taxonómica dos potenciais vírus semelhantes a mesonivírus continua em aberto, fruto da elevada distância genética que os separa dos outros mesonívirus bem como dos outros vírus da mesma Ordem. Os resultados obtidos ao longo desta análise sugerem a possibilidade de que sequências destes últimos possam ter resultado numa evolução e adaptação de mesonivírus de mosquitos a novos hospedeiros. Esta hipótese deverá ser avaliada no futuro à medida que novas sequências vão sendo identificadas.

Prevalência de desnutrição em crianças com malária grave internadas no Hospital Central de Maputo em Moçambique

Valéria Chicamba[1,2,3], Natércia Fernandes[3], Fátima Nogueira[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Hospital central de Maputo, HCM, Moçambique

[3] Universidade Eduardo Mondlane, UEM, Moçambique

A malária e desnutrição são duas das principais causas da mortalidade infantil na Africa subsaariana. No mundo a desnutrição contribui em quase 50% de todas as mortes anuais em crianças menores de 5 anos de idade. As crianças desnutridas são mais vulneráveis aos patogénos infeciosos e têm maior probabilidade de morrer por doenças infeciosas. Embora em todo mundo tem-se registado progressos na redução da prevalência da desnutrição infantil, o wasting e o nanismo permanecem agregados nas regiões mais pobres da Ásia e da África, mantendo assim uma maior carga de morbilidade e mortalidade associada com a desnutrição. Em Moçambique, a desnutrição e a malaria em menores de cinco anos, continua sendo um grave problema de saúde pública. A malária por sua vez, globalmente, estima-se em cerca de 228 milhões de casos e 405 mil mortes (67% em crianças menores de 5 anos de idade) e 94% das mortes verificaram-se em África, sendo o *Plasmodium falciparum* o parasita mais prevalente. Esta parte de estudo pretende avaliar e descrever o impacto da desnutrição na morbilidade e mortalidade em criança menores de 15 anos internados no hospital central de Maputo com malaria grave. Para amostra serão selecionados os pacientes que se apresentem no departamento de pediatria do HCM e que cumpram os critérios de inclusão (malaria grave e idade <15 anos). Metodologia: Estudo prospetivo comparando o estado nutricional em crianças menores de 15 anos internadas com malária grave no hospital central de Maputo no período de agosto-novembro de 2021, usando um questionário estruturado para a coleta de dados clínicos, sociodemográficos e instrumentos de avaliação antropométrica. Análise descritiva inicial das variáveis (análise univariada), com elaboração de tabelas e gráficos recorrendo a procedimentos da estatística descritiva (cálculo da média, mediana, desvio padrão, coeficiente de variação e amplitudes mínima e máxima). Resultados: Até a data incluídos (apenas) 25 pacientes dos quais 15 (60%) sexo feminino e 10 (40%) sexo masculino, idades compreendidas entre 1 - 14 anos media 5.9 (± 4.08). A prevalência da desnutrição crónica foi de 12% (3/25) e desnutrição aguda moderada 4% (1/25), 1 caso (4%) de obesidade e 2 com sobrepeso (8%). Embora preliminares, devido ao facto de a casuística reunida até ao momento ser muito baixa, estes resultados apontam para um aumento da prevalência da desnutrição grave em zona urbana em Moçambique.

From face-to-face to remote: The telepharmacy in Pharmaceutical Patient Consultations for type 2 diabetes mellitus in community pharmacies in European Union countries

Ângela Pizarro[1], Maria do Rosário O. Martins[2], Jorge Simões[2]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal
[2] Global Health and Tropical Medicine (GHTM), IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Worldwide, one in eleven people has diabetes mellitus, and about 374 million people are at increased risk of acquiring the most common and severe form of diabetes, type 2 diabetes mellitus. Europe is one of the world's regions with the highest burden of diabetes, including type 2, although endowed with entities that provide diabetes care, from diagnosis to treatment. The community pharmacy provides this care through telepharmacy, i.e., face-to-face (at the pharmacy) or remotely (by telephone or video call). However, since 2020, with the Covid-19 worldwide pandemic, the need to provide remote care has increased exponentially and led to restructuring the predominantly face-to-face service model. The present study sought to investigate which European Union countries have developed a remote pharmaceutical consultation model for diabetes, implementing it with evidence and normative guidance over the past year. The research was carried out through a scoping review of the literature , published over the last year in Scholar Google, on pharmaceutical patient care consultations provided remotely in the European Union's community pharmacies, using the following keywords: pharmaceutical care, pharmaceutical patient consultation, e-Health, tele-Health, tele-Pharmacy, diabetes management, digital consultation, virtual consultation, online consultations, remote consultations, community pharmacy, diabetes mellitus type 2, patient follow-up, health outcomes monitoring, pharmacotherapeutic management, reference pharmacist. From 206 articles, 9 matched the inclusion criteria: Italy Germany (4), The Netherlands (3), Bulgaria (2), Belgium (1), Italy (1), Spain (1). The reviews found no evidence for the effectiveness of remote pharmaceutical patient consultations already implemented but rather for pharmaceutical care in the digital transformation. Among the countries studied, during the last year, only The Netherlands implemented a remote consultation model supported by a regulatory framework following the face-to-face pharmaceutical consultation model and based on the traditional "Calgary-Cambridge" guide for medical consultations. The need to create versatile consultation models that include face-to-face and remote has been emerging and global. However, further studies on the feasibility of implementation are needed, considering the legal limits and the impact on the patient's health and well-being, which this implies.

Antimicrobial resistance and molecular typing of *Staphylococcus aureus* causing bacteraemia in children aged less than 5 years in Southern Mozambique, 2001-2019

Marcelino Garrine[1,2], Sofia Santos Costa[2], Inácio Mandomando[1,3], Isabel Couto[2]

[1] Centro de Investigação em Saúde de Manhiça (CISM), Maputo, Mozambique

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisbon, Portugal

[3] Instituto Nacional de Saúde (INS), Ministério da Saúde, Maputo, Mozambique

Staphylococcus aureus is one of the main causes of bacteremia, associated with high mortality rates, mainly due to the failure of empirical antibiotic therapy. Data on antibiotic susceptibility in bacteremic *S. aureus* are still scarce in Mozambique. Objectives: To describe the antibiotic susceptibility and clonality of *S. aureus* isolated from blood cultures of children aged < 5 years, admitted at the Manhiça District Hospital, between 2001 and 2019. A total of 340 *S. aureus* isolated from blood cultures were analyzed for antibiotic susceptibility by disk diffusion and E-test, and for the presence of resistance determinants, by conventional PCR. The clonality of the isolates was evaluated by SmaI-PFGE, spa typing and MLST. The majority (94%, 321/340) of the isolates were resistant to at least one class of antibiotics, including 26% (88/340) with multi-resistance phenotype. We detected high rates of resistance to penicillin (91%) and tetracycline (49%); followed by erythromycin/clindamycin (25%/22%), cotrimoxazole (11%) and low resistance rates for methicillin (MRSA strains, 5%). All the isolates were susceptible to vancomycin, daptomycin and linezolid. The blaZ gene was detected in 99.4% of penicillin resistant isolates; while mecA gene was detected among all MRSA isolates. The frequency of determinants associated with resistance to tetracycline (tetK), erythromycin (ermC), cotrimoxazole (dfrG), and gentamicin (aacA-aphD) was 77%, 91%, 56% and 100%, respectively. The analysis of clonality revealed high diversity of circulating strains, with 30 pulse types, 110 subtypes and 38 single pulse types by SmaI-PFGE; 35 distinct STs by MLST and 79 spa types. Isolates belonging to the same pulse type often had the same ST/spa types. The clonality pattern and the resistance profile revealed a high degree of heterogeneity, with clones showing either similar or distinct resistance profiles. Some clones were detected exclusively in certain age groups, while others were homogeneously distributed among all age groups. Additionally, we observed the circulation of identical clones within the same year, or for a period of up to eleven years. Our findings revealed: (i) the presence of *S. aureus* with high rates of resistance to antibiotics commonly used in Manhiça; (ii) the circulation of diverse *S. aureus* clones; (iii) presence of genetically related *S. aureus* strains with similar or distinct resistance phenotypes; (iv) *S. aureus* strains exclusive to certain age groups and circulating for a period of up to eleven years.

Low-density malaria infections: are they important to sustain malaria in Guinea-Bissau?

Ronise Silva[1], Amabélia Rodrigues[2], Ana Paula Arez[1], Márcia Medeiros[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Bandim Health Project, Bissau, Guinea-Bissau

The decreasing trend in the number of malaria cases worldwide in most recent years has raised the question, if low-density malaria infections (LDIs, <50 parasites/µl of blood) may compromise malaria elimination efforts. LDIs may act as parasite reservoirs, harbouring gametocidal forms capable of infecting mosquitoes and ensuring the persistence of transmission. In high transmission areas, LDIs are observed mainly in individuals >5 years old, suggesting that acquired immunity favours their occurrence. We assessed a subgroup of blood samples on filter paper, randomly selected and stratified by age group and health districts, collected in the malaria indicator survey (MIS) carried out in 2017 over the 11 health districts in Guinea-Bissau, as part of the Roll Back Malaria initiatives, to answer the following objectives: 1) to estimate the frequency of LDIs by *Plasmodium falciparum* and; 2) to estimate the contribution of LDIs to malaria transmission within households. The applied methods involved DNA extraction using Chelex®-100 resin and detection of Plasmodium species by nested PCR (nPCR). Primer pairs for *P. falciparum* microsatellite markers (MS), PfPK2, TAA42, TAA60, TAA109, Pfg377, TAA87 and TAA81 were tested for their ability to amplify DNA fragments from 3D7 and Dd2 laboratorial clones and field isolates. IBM Statistic SPSS 26th version program and Microsoft 365 Excel software were used for statistical analysis. Results: 147 samples from the 932 initially proposed was analysed. The nPCR detected *P. falciparum* in 53.7% of samples in contrast to 47.6% of positivity using OM, and coinfections with Plasmodium malariae were detected in 2.0% of them. Plasmodium vivax and Plasmodium ovale were not identified. LDIs, i.e., missed infections by optical microscope (OM) identified by nPCR were present in 6.1% of blood samples from individuals between 15-60 years, 66.6% female and 5.4% from Gabu, the region with the highest intensity of malaria transmission in the country. They were detected in both individuals reporting fever 14 days prior to blood collection (7.3%) and asymptomatic ones (5.7%). MS primers successfully amplified the corresponding fragments in the selected samples. The nPCR allowed detecting 6.1% of *P. falciparum* infections missed by OM (LDIs). Capillary electrophoresis analysis of MS fragments will contribute to elucidate the role of LDIs in malaria transmission. PhD fellowship (UI/BD/151069/2021) supported by Fundação para a Ciência e a Tecnologia (FCT), Portugal.

Avaliação das Ações Comunitárias para a Prevenção e Tratamento da Malária na República do Benim

Gabriel Kpadonou Hounsa[1], Isabel Craveiro[2], Marly Marques da Cruz[3]

[1] Doutorando do Programa de Saúde Internacional do IHMT/UNL

[2] Investigadora e docente no Departamento de Saúde Pública e Bioestatística do IHMT/UNL

[3] Pesquisadora titular do Laboratório de Avaliação de Situações Endêmicas Regionais do Departamento de Endemias Samuel Pessoal da Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca/ Fiocruz

Benim é um país da Africa Ocidental com área de 112.600 Km e população de 11 milhões em 2019 (Banco Mundial, 2020). O país possui clima tropical que favorece o desenvolvimento dos vetores do *Plasmodium*, parasita responsável pela malária. O Programa Nacional de Luta contra o *Plasmodium* (PNLP) reúne diferentes ações organizadas para o enfrentamento da malária. A incidência de malária em 2019 foi de 21,2% para a população em geral e 48,0% para as crianças menores de 5 anos (PNLP, 2021). Nos últimos quatro anos, a incidência continuou a aumentar, passando de 14,5% em 2016 para 21,2% em 2019 (PNLP, 2021). A pesquisa avaliativa se justifica pela necessidade de se aprofundar as razões pelas quais o PNLP tem falhado na prevenção e controle. Objetivo: é avaliar a implementação do Programa Nacional de Luta contra a Malária na República do Benim de forma a considerar a eliminação da doença até 2030. A pesquisa avaliativa é composta por uma parte normativa do PNLP usando questionários (grupos focais) entrevistas semiestruturadas que foram aplicados aos principais atores (pessoal de saúde, voluntários comunitários, autoridade de saúde e locais, chefes de família) e observações diretas no campo. Os dados foram analisados de acordo com os critérios e parâmetros estabelecidos. Os resultados preliminares demonstram que as ações prevenção e tratamento do PNLP não têm possibilitado o controlo da malária no Benin, porque o sistema de distribuição de mosquiteiros é restrita; o PNLP não disponibiliza mosquiteiros nos centros de saúde privados e nas escolas públicas; muitas famílias que receberam os mosquiteiros impregnados com inseticidas de longa duração não os usam por várias razões; o período de tomada do Sulfadoxina Pirimetamina (SP) como profilaxia da malária não é respeitado pelas mulheres grávidas; faltam materiais de comunicação em quantidade suficiente. Outras causas de falha do PNLP incluem a falta de atividade anti-larval; há indisponibilidade permanente das SP e da combinação terapêutica a base de Atemicina; falta de motivação dos voluntários e as dificuldades destes em cobrir grandes áreas geográficas sem meios de deslocação; o número de voluntários muito menor que o Padrão Esfera requer para atingir os objetivos do PNLP. As recomendações são de melhoria da capacidade dos voluntários comunitários de realizar ações de mobilização em massa da comunidade como ações de saneamento ambiental para a eliminação dos mosquitos e os conflitos de liderança no pessoal do PNLP no terreno.

High prevalence of K103N in newly diagnosed HIV-1 patients from Cabo Verde suggests that NNRTIs should be withdrawn from first-line ARV regimens

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

[1] Instituto Nacional de Saúde Pública de Cabo Verde, Cabo Verde

[2] Universidade de Cabo Verde, Cabo Verde

[3] Global Health and Tropical Medicine (GHTM), IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[4] Research Institute for Medicines (iMed.ULisboa), Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

Surveillance of HIV-1 primary drug resistance (PDR) and subtype diversity (SD) are public health strategies to assess effectiveness of antiretroviral therapy (ART) regimens guidelines for treatment of HIV-1 patients. In Cabo Verde the information related to PDR and SD is scarce. Objective: To investigate ARV drug resistance mutations (DRMs) and SD in HIV-1 positive drug-naïve individuals diagnosed between 2018 and 2019 in Cabo Verde. Methods: 58 HIV-1 newly diagnosed individuals were included. HIV pol gene sequences were amplified from RNA extracted from plasma and sequenced based on Sanger approach. The consensus of genomic sequences was assembled using Geneious Prime (version?) software. Subtyping was performed using REGA v.3.0 and Comet software. Detection of PDR mutations was performed using the Stanford Calibrated Population Resistance tool according to the latest update 2009. Molecular subtyping analyses detected the following genotypic distribution: G (52%, 30 of 58), CRF02_AG (24%, 14 of 58), B (10%, 6 of 58), F1 (7%, 4 of 58), A1 (3%, 2 of 58), C (2%, 1 of 58) and U (2%, 1 of 58). Overall, 10 % (n=6) of individuals had at least one ARV drug resistance mutation. The highest prevalence of resistance (10%) was detected to non-nucleoside reverse transcriptase inhibitors, followed by 3% to nucleoside reverse transcriptase inhibitors and 0% to protease inhibitors. K103N and M184V were the most frequently identified mutations (7% and 2% respectively). The prevalence of singleton was 5%. According to our results, subtype G is dominant in Cabo Verde. The high prevalence of K103N in DN patients suggests that NNRTIs should be abandoned in first line regimens. Our results contribute to a more effective surveillance of the HIV-1 epidemic and better clinical management of HIV-1 patients.

Health workforce requirements for effective governance of health systems

Giorgio Cometto[1], James Buchan[2], Gilles Dussault[2]

[1] World Health Organization, Geneva, Italia

[2] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Health system performance depends on the capacity for effective stewardship and management; strengthening this capacity is therefore critical to attaining health sector goals. Objective: “To identify and analyze the institutional, organizational and individual determinants of the performance of health workers who have a leadership, planning, governance, management, supervision, oversight role on the health system”. The thesis adopts and adapts an established framework to explore capacity building in the health sector; it will be used to explore the relevant literature and conduct quantitative and qualitative case studies applying it to different health workforce governance and policy domains. A scoping review of the literature led to adaptation of the conceptual framework and confirmed its relevance. On the basis of this conceptual approach, a policy and practice paper identifying relevant examples of effective health workforce governance interventions was published.1 Further, an analysis of HRH units in one of the WHO regions was conducted, identifying capacity gaps and required approaches to strengthen institutional capacity for health workforce governance in the public sector.2 The framework identified was also used as the basis for the development of WHO guidance on health workforce policy and management for the COVID-19 pandemic response,3 and on policy and governance interventions to enhance health workers’ capacity to provide compassionate and respectful health care. The capacity for health system and health workforce governance varies substantially across countries; the identification of relevant policy options and effective strategies to strengthen that capacity has the potential for a catalytic effect on the stewardship function and the wider performance of health systems.

Avaliação da adesão à terapêutica antirretroviral nas pessoas que vivem com VIH e a sua relação com a qualidade de vida: scoping review

Sílvio Almeida do Espírito Santo[1], Telma Maria Evangelista de Araújo[2], Inês Fronteira[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Universidade Federal do Piauí, Piauí, Brasil

A infeção por vírus da imunodeficiência humana (VIH) e a síndrome da imunodeficiência adquirida (sida) constituem, ainda hoje, um enorme problema e desafio ao nível de saúde pública global, sobretudo em alguns países de África. A terapêutica antirretroviral (TARV) demonstrou ser útil na redução da morbilidade e mortalidade em pessoas que vivem com o VIH (PVVIH). O sucesso da TARV depende do nível de adesão dos pacientes, sendo que o nível de adesão exigido para a efetividade da supressão viral sustentada e contínua dever ser igual ou superior a 95%. Objetivo: descrever as evidências disponíveis sobre a adesão à TARV em PVVIH e a sua relação com a qualidade de vida, na África Subsariana e, em particular, em Países Africanos de Língua Oficial Portuguesa (PALOP), incluindo a descrição dos possíveis fatores que influenciam a adesão, bem como os níveis de adesão nestes países. A scoping review foi conduzida de acordo com orientação estrutural metodológica, Joanna Briggs Institute. As pesquisas foram realizadas nas bases de dados: JBI Evidence Synthesis; MedLine (via PubMed); SciELO; e Google Académico. As palavras-chaves: “Adesão à TARV”; “VIH em África Subsariana”; “fatores associados”; “PVVIH em PALOP”; “Qualidade de vida”foram usadas. Foram considerados os estudos publicados em inglês, espanhol e português, sem qualquer restrição referente ao período de publicação. O título e resumo e, posteriormente, o texto integral dos estudos foram avaliados por 2 revisores. Foi elaborado um formulário tabular para extração de informação. O conteúdo foi analisado por temas e foi elaborado um resumo narrativo dos resultados relevantes. A pesquisa resultou em 228 artigos potencialmente relevantes. Do total, 179 artigos permaneceram após a retirada dos duplicados. Após a leitura de título e resumo, foram excluídos 112 artigos e incluídos 67 artigos para revisão de texto completo. Destes, apenas 13 atenderam a todos os critérios de elegibilidade para análise e 54 artigos foram excluídos, após leitura de texto completo. Assim sendo, 13 artigos foram incluídos na scoping review. Estudos revelam que a adesão à TARV depende de vários fatores como, efeitos adversos dos medicamentos, nível educacional dos pacientes, situação financeira, falta de sigilo, estigmatização e fatores ocupacionais. Além disso, destacam que o conhecimento relacionado ao VIH é um fator determinante para a adesão ideal à TARV e melhoria da qualidade de vida.

Prevalência da infeção assintomática por *Leishmania* em dadores de sangue em Portugal Continental

Rafael Rocha[1], Cláudia Conceição[1], Luzia Gonçalves[1], Jorge Condeço[2], Beatriz Delgado[2], Cristina Caeiro[2], Tetyana Kuzmenko[2], Eugénia Vasconcelos[2], Maria Antónia Escoval[2], Carla Maia[1]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal

[2] Instituto Português do Sangue e da Transplantação, Portugal

A investigação da infeção assintomática por *Leishmania* em humanos tem sido ampla em alguns países mediterrânicos, endémicos para *L. infantum*, como em Espanha, onde estudos usando técnicas serológicas em amostras de sangue de dadores mostraram prevalências entre 1 e 8%. Em Portugal, no entanto, a investigação nesta área é escassa, com apenas 2 estudos regionais realizados. Por outro lado, poucos estudos avaliaram os conhecimentos, perceções e práticas (CPP) da população residente em Portugal e foram todos dirigidos a tutores de animais. De igual modo, é limitada a investigação da associação entre estes CPP e fatores sociodemográficos e o risco de infeção assintomática, em contexto português e mediterrânico. Objetivos: Estimar a prevalência de infeção assintomática por *Leishmania* em dadores de sangue em Portugal Continental e estudar a associação da presença de anticorpos contra *Leishmania* com vários fatores sociodemográficos nesta população, bem como com os CPP dos indivíduos envolvidos relativamente à leishmaniose. Trata-se de um estudo transversal dirigido à população de pessoas que fazem dádiva(s) de sangue em Portugal Continental através do IPST (Instituto Português do Sangue e da Transplantação) e/ou através dos Serviços de Sangue (SSs) dos Hospitais do Alentejo e do Algarve. A dimensão amostral será de 3200 indivíduos, distribuídos proporcionalmente pelos concelhos de Portugal Continental, com idades entre os 18 e 65 anos. Serão selecionados aleatoriamente nos postos fixos e brigadas móveis do IPST e SSs. O estudo inclui a autoaplicação de um questionário estruturado, em papel, para colheita de dados sociodemográficos e de informação sobre CPP relativos à leishmaniose. Será analisada uma amostra de soro do participante, com pesquisa de anticorpos anti-*Leishmania* pela técnica de ELISA, utilizando kits comerciais e seguindo integralmente as recomendações do fabricante. Os resultados positivos e indeterminados serão confirmados por IFI. Será feita a análise estatística dos dados do questionário e da serologia utilizando o software SPSS. Para execução deste projeto, foi já estabelecido um protocolo de colaboração com o IPST e foram desenvolvidos os materiais de colheita de dados, nomeadamente o questionário e o consentimento informado, bem como os guiões de procedimentos para os colaboradores do IPST, após visita a cada Centro e verificação destes materiais pelo responsável. Neste sentido, está prevista a implementação no terreno deste projeto no primeiro semestre de 2022.

Prevalence of Transmitted Drug Resistance among Late presenters in Europe

Mafalda Miranda[1], Marta Pingarilho[1], Victor Pimentel[1], Maria do Rosário O. Martins[1], Maurizio Zazzi[2], Carole Seguin-Devaux[3], Rolf Kaiser[4], Roger Paredes[5], Francesca Incardona[6,7], Ana Abecasis[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa

[2] University of Siena, Siena, Italy

[3] Luxembourg Institute of Health, Luxembourg

[4] University of Cologne, Cologne, Germany

[5] Irsicaixa, Spain

[6] IPRO-InformaPRO S.r.l., Rome, Italy

[7] EuResist Network, Rome, Italy

At the end of 2020, 37.7 million people were living with HIV. The increased use of antiretroviral therapy (ART) decreased mortality and morbidity of HIV-1 infected people. On another hand, HIV drug resistance had been increasing, threatening the success of first-line regimens. Another problem is late presentation that can also have impact on health costs and treatment outcomes. The aim was to describe the patterns of TDR in HIV-1 infected patients followed in Europe, as well as in late presenters (LP) population and to analyze the most prevalent drug resistance mutations among HIV-1 subtypes. Our study includes clinical, socio-demographic and genotypic information from 26973 HIV-1 infected patients from the EuResist Integrated Database (EIDB) between 1981 and 2019. Among the 26973 HIV-1 infected patients included in the analysis, 11581 (42.9%) were ART-naïve patients. For this population, the median age was 37 (IQR: 30.0-45.0) years old and 76.8% were males. The main transmission route was through homosexual contact (46.3%) and 78.6% of patients were originated from Western Europe. 69.5% of patients were infected by subtype B and 52.8% of patients were classified as LP (CD4<350 cells/mm3). The overall prevalence of TDR was 12.8% and presented an overall decreasing trend between 1995-2019 (p for trend<0.001). For LP and NLP, TDR was 12.3% and 12.6%, respectively. The most prevalent drug resistance mutations, in both LP and NLP, were K103N/S, T215 revert, M184I/V, M41I/L, M46I/L and L90M. The analysis of mutations per subtype, in both LP and NLP patients, showed that the most prevalent subtype among all mutations was subtype B and the mutation with the higher prevalence of this subtype was M41L. Concerning the non-B subtypes, K103N/S mutation was the one that carried more of them. Our study showed that the overall TDR (12.8%) presented a decreasing trend in the study time period. For LP, the overall TDR was slightly lower than the overall TDR for NLP (12.3% vs 12.6%, respectively). This study highlights the patterns of TDR and drug resistance mutations in the LP population.

POSTER

Movimento grevista de médicos do sector público em 2013: resultados alcançados decorrentes das negociações com o Ministério da Saúde de Moçambique

Alexandre Manguele[1,2], Mohsin Sidat[1,3], Isabel Craveiro[2], Jorge Cabral[2] (aposentado), Paulo Ferrinho[2]

[1] Instituto Superior de Ciencias da Saúde, Moçambique

[2] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, UNL, Portugal

[3] Universidade Eduardo Mondlane, Moçambique

Em 2013 houve uma greve de médicos. Ao fim de vinte e nove dias de impasse em que grevistas e o Ministério da Saúde (MISAU) debateram um caderno reivindicativo centrado no salário e estatuto do médico na função pública, a greve terminou. Decorridos 8 anos, não aconteceram mais greves de médicos. É importante compreender que fatores daquela negociação terão pesado e contribuíram para a acalmia que se vive. Foi realizada uma entrevista de episódio com o doutorando-investigador-ex-ministro (AM), antes do início da recolha de dados e antes ainda do processo de releitura e análise dos documentos por ele redigidos aquando da ocorrência da greve, de forma a reduzir ao máximo as influências sobre a forma como vivenciou o processo do caso em estudo. A entrevista teve a duração de 2 horas e 30 minutos. Foi conduzida por uma investigadora (IC) completamente alheia ao contexto em que decorreu a greve. O guião foi desenvolvido pela equipa de orientação e pela comissão tutorial sem conhecimento prévio do doutorando. Foi gravada e vai ser transcrita verbatim. De forma de garantir a qualidade na análise de conteúdo e uma elevada confiabilidade intercodificadores vão estar envolvidas 2 equipas de codificadores que seguirão uma abordagem indutiva e dedutiva, e farão a codificação de forma independente. Conseguiremos verificar se os codificadores independentes tomam as mesmas decisões ao aplicar o mesmo esquema de codificação a estes dados. Da entrevista de episódio, espera obter-se uma visão menos enviesada de como decorreu a greve, o que a motivou, quem esteve envolvido, os processos negociais que foram seguidos e os resultados obtidos, de uma forma menos enviesada do que se fosse uma narrativa do doutorando ex-ministro da saúde na altura da greve. A entrevista de episódio está também a ser considerada como pré-teste do guião que será utilizado nas entrevistas a conduzir com os stakeholders da greve, depois da devida adaptação ao perfil de diferentes grupos de stakeholders. Destas entrevistas espera-se (i) perceber a evolução do movimento grevista de médicos em 2013 em Moçambique, (ii) O que determinou a greve de médicos em 2013, (iii) O impacto que aquela greve teve na sociedade moçambicana e para os profissionais de saúde.

Planeamento em saúde sustentável: os desafios evidenciados pela pandemia de COVID-19

Ana Cristina Garcia[1,2], André Beja[1], Fernando Passos Cupertino de Barros[3], António Pedro Delgado[1,4], Paulo Ferrinho[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, IHMT/NOVA, Portugal

[2] Department of Epidemiology / National Institute of Health Doutor Ricardo Jorge, Portugal

[3] Faculty of Medicine, Federal University of Goiás, Brazil

[4] Universidade de Cabo Verde, Praia, Cabo Verde

A Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável reforçou a atenção sobre a necessidade de adequar os processos de planeamento à seleção e implementação de estratégias de desenvolvimento sustentável. A pandemia de COVID-19 em curso veio revigorar o debate quanto às especificidades de modelos de planeamento em saúde sustentável e instrumentos de apoio à sua aplicação. Integrado num projeto de investigação mais vasto com a finalidade de contribuir para o desenvolvimento de um modelo de planeamento em saúde no quadro da Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável, este estudo tem por objetivo contribuir para a reflexão sobre conceitos, instrumentos e características processuais e metodológicas de um modelo de planeamento em saúde sustentável evidenciados pela pandemia de COVID-19. Foi efetuada uma nova leitura das principais mensagens recolhidas no debate da messa redonda sobre "planeamento sustentável" que decorreu no 5º Congresso Nacional de Medicina Tropical (5CNMT) (Portugal, 2019) sob a estratégia de observação participativa, enquadrada pelos resultados de uma revisão da literatura segundo a abordagem "síntese da melhor evidência", cruzada com reflexões de diferentes autores e especialistas sobre o ímpeto criado pela pandemia de COVID-19. A participação dos cidadãos, a mobilização social e a articulação intersectorial, consideradas no debate do 5CNMT como características importantes dos modelos de planeamento em saúde sustentável, e destacadas na literatura consultada como imperativos para o alcance, em geral, de objetivos de saúde sustentável, têm sido, também, evidenciados como relevantes em situação de pandemia. A pandemia de COVID-19 veio mostrar a inadequação das abordagens metodológicas correntes na resposta aos desafios globais da saúde. Relançou, igualmente, o debate sobre instrumentos já existentes que potenciam a implementação de estratégias de saúde alinhadas com o desenvolvimento sustentável, de que são exemplo o modelo Gap Frame, de Katrin Muff e colaboradores; a análise da materialidade aplicada ao planeamento estratégico; e o roteiro da Organização Mundial de Saúde para a implementação da Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável. A pandemia de COVID-19 veio reforçar a relevância das abordagens participativas no planeamento em saúde sustentável, expondo a sua necessidade em contexto de pandemia. Representa, também, uma oportunidade para dinamizar a utilização de instrumentos de apoio ao planeamento em saúde sustentável à data disponíveis.

The prevalence of selected modifiable risk factors for non-communicable diseases among refugees and asylum seeekers in Portugal

Ana Pinto de Oliveira[1,2], Cláudia Conceição[2], Inês Fronteira[2]

[1] Faculty of Medicine and Biomedical Sciences Universidade do Algarve, Portugal

[2] Institute of Hygiene and Tropical Medicine, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Since the beginning of the 2015 migrant's "crisis", Portugal has hosted asylum seekers and refugees which poses challenges to local health system. The countries of origin are low and middle-income countries that not only experience the largest burden of humani-tarian emergencies but are also disproportionately affected by noncommunicable diseases (NCD). The refugee journey increases susceptibility to a wide range of medical issues includ-ing NCD. Also, the time living in the host country may affect NCD in refugees and asylum seekers. The scarcity of evidence-based research on NCD among asylum seekers and refugees has hampered efforts to address the high burden of these diseases in host countries. The objective of this study is to examine published research on NCD among refu-gees and asylum seekers to inform future research, practice, programs, and policy, as well as to estimate the prevalence of common risk factors for noncommunicable diseases in Portugal among refugees and asylum seekers aged 18 or above and that have arrived between 2015 and 2020. First a scoping review will be performed to map existing evidence on NCD among refugees and asylum seekers. Then we will survey refugees and asylum seekers adults using the World Health Organization (WHO) prescribed STEPwise approach to NCD surveillance (STEPS). A thorough assessment of the health status of asylum seekers and refugees would help identifying unmet needs and adapt the health systems to deal with the specific health conditions of migrants arriving in Portugal.

Alinhamento da qualificação de Técnico Auxiliar de Saúde com as recomendações de especialistas para reforço da atividade e treino de Auxiliares de Saúde na União Europeia

André Beja[1,5], Tiago Correia[2,5], Isabel Craveiro[3,5], Paulo Ferrinho[4]

[1] Doutorando em Saúde Internacional, GHTM, IHMT/NOVA, Portugal
[2] Professor Associado, GHTM, IHMT/NOVA, Portugal
[3] Professora Auxiliar, GHTM, IHMT/NOVA, Portugal
[4] Professor Catedrático, GHTM, IHMT/NOVA, Portugal
[5] WHO Collaborating Centre on Health Workforce Policy and Planning

A formação dos Auxiliares de Saúde (AS) e o reforço do seu papel nas equipas são apontados como parte da resposta aos desafios demográficos e epidemiológicos que, num cenário de escassez de profissionais qualificados e de recursos, os sistemas de saúde europeus enfrentam. Com a adoção da qualificação de Técnico Auxiliar de Saúde (TAS) em 2010, Portugal estabeleceu um quadro de referência nacional para a atividade e formação dos AS, introduzindo mudanças com impacto ao nível do planeamento e gestão deste segmento da força de trabalho que importa compreender. Objetivo: Contribuir para a compreensão dos resultados da política de qualificação de AS adotada em Portugal, através da sua leitura à luz das recomendações para promoção e alinhamento da formação e atividade dos AS na União Europeia. Com recurso a análise documental, procedeu-se à comparação da qualificação de TAS com as recomendações para reforço dos padrões educacionais e de atuação dos AS na União Europeia, formuladas por especialistas no âmbito do projeto europeu "Creating a Pilot Network of Nurse Educators and Regulators" (DG SANCO 2009 -2014). Verificou-se um alinhamento total ou quase total da qualificação de TAS com 29 das 37 recomendações para formação e utilização de AS na Europa e um alinhamento parcial com outras seis, com distanciamento em matérias como a organização do currículo da formação inicial, a disponibilidade de oportunidades de desenvolvimento e progressão profissional ou a regulação do acesso ao mercado de trabalho e da atividade. Duas recomendações não têm tradução no contexto português dada a inexistência de registo obrigatório de AS ou de enquadramento legal para a sua atuação autónoma. Estes resultados mostram que, com as suas particularidades, o perfil profissional, o quadro de competências e os procedimentos de formação e certificação de TAS são claros, orientados para apoio à prestação de cuidados com elevados padrões de qualidade, promotores da segurança e proteção dos utentes e que, por garantirem condições para reconhecimento da qualificação noutros países, possibilitam a livre circulação. Portugal dispõe de um quadro de referência para atividade e formação de AS que vai ao encontro das necessidades e desafios que os sistemas de saúde da Europa enfrentam, podendo esta convergência ser consolidada pelo reforço de medidas para regulação do acesso à atividade e da prática destes trabalhadores e para o seu desenvolvimento profissional.

Solução digital para a prestação complementar de cuidados de saúde a idosos com distúrbios do equilíbrio e risco de queda: Design Science Research Methodology

Andréa G. Martins Gaspar[1,2], Luís Velez Lapão[1]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

[2] Assistente Hospitalar Graduado em Otorrinolaringologia, Hospital Beatriz Ângelo, Portugal

O envelhecimento global tem sido apontado como um relevante desafio para a sustentabilidade dos sistemas de saúde. Uma das recomendações para mitigar esta pressão é a utilização de dispositivos e sistemas suportados por Sistemas e Tecnologias de Informação. Várias são as pesquisas neste contexto, porém a aplicabilidade clínica necessita ainda ser estudada. Objetivo: Desenvolvimento de um artefato digital para prestação complementar de cuidados de saúde a idosos com distúrbios do equilíbrio e risco de queda, permitindo interação remota médico-doente e motivando uma participação ativa dos doentes e cuidadores. Usando Design Science Research Methodology (DSRM), os autores realizaram um estudo de métodos mistos com estratégia explanatória sequencial para desenhar e desenvolver um artefato chamado "Equilíbrio". Este artefato foi adicionado, como uma nova funcionalidade, à plataforma digital METHIS (Multimorbidity Management Health Information System), recentemente testada no contexto de monitorização remota de doentes com patologias crónicas. Consoante o perfil médico ou do doente, "Equilíbrio" apresenta um conjunto de opções interativas, desenvolvidas de acordo com a abordagem clínica dos distúrbios do equilíbrio. Foram também elaborados e adicionados oito vídeos nos quais a pesquisadora principal, colaborou como modelo, realizando os exercícios de equilíbrio. "Equilíbrio" permite ao médico aceder e acrescentar dados clínicos de acordo com o modelo SOAP (Subjetive, Objective, Assessment, Plan). O doente ou cuidador pode introduzir informações sobre o equilíbrio, inclusive queda, permitindo uma monitorização médica remota e identificação precoce de alguma deterioração da condição clínica. O doente pode assistir aos vídeos dos exercícios prescritos e, também, enviar as suas gravações para o médico. O preenchimento do questionário pré e pós exercícios é outra ferramenta disponível para o seguimento clínico, uma vez que a pontuação final, automaticamente calculada, permite comparar o impacto dos exercícios na melhoria do equilíbrio. Foi elaborado e desenvolvido um serviço de prestação de cuidados à distância para idosos com distúrbios do equilíbrio e risco de queda, utilizando DSRM. Este tem o potencial para ser usado na monitorização complementar e deteção precoce da deterioração clínica, inclusive em países com maiores constrangimentos nos sistemas de saúde como os PALOP. A sua implementação e a exploração da satisfação dos utilizadores permitirão conhecer as estratégias necessárias para ajustá-lo.

Relação entre o tempo de residência em Portugal e o número de doenças crónicas de imigrantes adultos que participaram no Inquérito Nacional de Saúde 2019

Daniela Alves[1,2], Isabel Craveiro[1,2], Nekane Basabe[3], Luzia Gonçalves[1,2,4]

[1] Unidade de Saúde Pública Internacional e Bioestatística, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHMT, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[3] Departamento de Psicología Social y Metodología de las Ciencias del Comportamiento de la Universidad del País Vasco/Euskal Herrico Unibertsitatea, Vitoria-Gasteiz, España

[4] Centro de Estatística e Aplicações da Universidade de Lisboa, UL, Portugal

O tempo de residência no país de acolhimento constitui uma medida proxy de aculturação e é considerado um determinante da saúde dos imigrantes (da Costa et al., 2017; Gimeno-Feliu et al., 2017). Os estudos sobre o efeito do tempo de residência de acordo com o país de origem são ainda escassos e com resultados contraditórios. Objetivos: Analisar a relação entre o tempo de residência em Portugal e o número de doenças crónicas reportadas, segundo o grupo de país de nascimento dos imigrantes que participaram no Inquérito Nacional de Saúde do ano 2019 (INS 2019). O INS 2019 reporta o país de nascimento reagrupado em: 1) Portugal (n=13069), 2) outro estado membro da União Europeia (UE) (n=237) e 3) outro país fora da UE (FUE) (n=793). Para os participantes adultos, o número de doenças crónicas foi calculado pelo somatório de respostas afirmativas de uma lista de dezasseis patologias. Foram realizados modelos de regressão de Poisson, para amostras complexas, para explorar a correlação entre o tempo de residência e número de doenças crónicas reportadas nos dois grupos de imigrantes (UE e FUE), ajustando para outras variáveis sociodemográficas, através da utilização do package survey do programa R. Dos participantes nascidos fora de Portugal, 23,3% são imigrantes da UE e 76,7% são imigrantes FUE. 75,6% dos imigrantes UE e 53,8% dos imigrantes FUE residem em Portugal há 20 ou mais anos. A mediana do número de doenças crónicas reportadas nos imigrantes UE e nos imigrantes FUE foi de 1,0 doença (P25-P75:0,0 – 2,0). Nos dois grupos de imigrantes, o número de doenças crónicas reportadas aumentou com o aumento dos anos de residência em Portugal. Ajustando para o sexo, grupo etário, nível de escolaridade, situação profissional e nível de rendimentos, os modelos de regressão de Poisson para cada grupo de imigrantes sugerem que o relato de maior número de doenças crónicas aumenta significativamente (p=0,003) com os anos de residência em Portugal apenas no grupo de imigrantes FUE ($\beta i = 0,009$; OR: 1,01; IC 95%: 1,0-1,02). O estado de saúde dos imigrantes FUE vai piorando ao longo do tempo de permanência em Portugal, ajustando para outras variáveis sociodemográficas. Estes resultados podem contribuir para o desenvolvimento de programas e políticas de saúde pública, tendo em conta, nomeadamente, a origem e os anos de residência dos imigrantes. Agradecimentos: Ao Instituto Nacional de Estatística pela cedência da base de dados do INS 2019. Bolsa FCT (SFRH/BD/115382/2016).

Satisfação com a consulta pré-natal à nível de cuidados de saúde primários em Maputo, Moçambique

Janeth Dula[1,2], Sérgio Chicumbe[1], Maria do Rosário O. Martins[2]

[1] Programa de Políticas e Sistemas de Saúde, Instituto Nacional de Saúde

[2] Saúde Global e Medicina Tropical, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

A satisfação de utentes da consulta pré-natal tem impactos imediatos e de longo prazo na saúde materno-infantil. A satisfação com os serviços pode determinar que as gestantes utilizem o contínuo de serviços de saúde. A identificação dos níveis de, e factores associados à satisfação de utentes é importante para orientar a melhoria de serviços prestados. Há poucos dados sobre a satisfação das mulheres grávidas com a consulta pré-natal (CPN) em Moçambique. Objetivo: Estimar o nível de satisfação de gestantes com as consultas pré-natais e factores associados. Métodos: Estudo observacional, quantitativo e de corte transversal, implementado em centros de saúde da cidade e província de Maputo, sul de Moçambique. Entrevistas estruturadas foram realizadas à uma amostra sistemática de gestantes utentes à saída da consulta pré-natal (CPN). A satisfação é variável composta e binária, com base em resposta das utentes relativas a atendimento conveniente e responsividade dos serviços de saúde às suas necessidades. Computou-se no SPSS versão 24.0 as estatísticas descritivas das características sociais-demográficas e dos serviços recebidos pelas gestantes, e análises de regressão logística simples e multivariável foram empregues para analisar fatores associados à satisfação das gestantes com a CPN. Foram incluídas 838 gestantes, a idade média de 26 anos (CV 0.21), 65% (95%IC:62-69%) tinham educação básica ou maior, 78% (95%IC:75-81%) eram casadas ou viviam maritalmente e 23% (95%IC:20-26%) desenvolviam atividade assalariada. Os exames clínicos de rotina da CPN foram providos à 87% (95%IC:85-89%) das gestantes, e informações e aconselhamentos providos à 6% (95%IC:4-7%). Gestantes satisfeitas com a CPN correspondem a 29% (95%IC:26-32%). A comunicação e aconselhamento do profissional é o único factor associado a satisfação (aOR= 2,7; 95% IC= 1,1-6,5). Um quarto das gestantes estava satisfeito com a CPN. Embora a exames de rotina abrange cerca de 9 em cada 10 utentes, a informação e aconselhamento sobre a gravidez é provida à apenas 1 em cada 10 utentes. Esta última dimensão é preditora significativa do nível de satisfação. Esforços adicionais são necessários para a melhoria da prestação CPN que possam atender as necessidades das gestantes, principalmente no que concerne a informação e aconselhamento sobre o parto, cuidados durante a gestação e sinais de perigo e complicações.

Malaria prevention knowledge, attitudes, and practices in Zambezia Province, Mozambique

Liliana de Sousa Pinto[1], Jorge A. H. Arroz, Nuria Negrao[2], Victor Muchanga[3], Amadeu Cossa[4], Rose Zulliger[5], Zulmira Hartz[6], Maria do Rosário O. Martins[7]

[1] Mozambique Medical Coucil, Maputo, Mozambique

[2] Cactus Communications, A/603, Satellite Gazebo, Mumbai, Maharashtra, India

[3] Guru Hargovindji Marg, Andheri East, Mumbai, Maharashtra, India

[4] Plataforma Inter-Religiosa de Comunicação para Saúde–PIRCOM, Maputo, Mozambique

[5] Independent Consultant, Maputo, Mozambique

[6] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

In Mozambique, socio-economic and cultural factors infuence the wide adoption of disease preventive measures that are relevant for malaria control strategies to promote early recognition of disease, prompt seeking of medical care, sleeping under insecticide-treated nets (ITNs), and taking intermittent preventive treatment for pregnant women. However, there is a critical information gap regarding previous and ongoing malaria social and behavioural change (SBC) interventions. The aim of this study is to assess the knowledge, attitudes, practices of benefciaries of SBC interventions. A descriptive cross-sectional survey was undertaken in 2018 in two rural districts of Zambezia Province, Mozambique. A structured questionnaire was administered to 773 randomly selected households. Respondents were the adult heads of the households. Descriptive statistics were done. The main results show that 96.4% of respondents recalled hearing about malaria in the previous 6 months, 90.0% had knowledge of malaria prevention, and 70.0% of preventive measures. Of the 97.7% respondents that had received ITNs through a mass ITN distribution campaign, 81.7% had slept under an ITN the night before the survey. In terms of source of health information, 70.5% mentioned the role of community volunteers in dissemination of malaria prevention messages, 76.1% of respondents considered worship places (churches and mosques) to be the main places where they heard key malaria prevention messages, and 79.1% asserted that community dialogue sessions helped them better understand how to prevent malaria. Results show that volunteers/activists/teachers played an important role in dissemination of key malaria prevention messages, which brought the following successes: community actors are recognized and people have knowledge of malaria transmission, signs and symptoms, preventive measures, and where to get treatment. There is, however, room for improvement on SBC messaging regarding some malaria symptoms (anaemia and convulsions) and operational research is needed to ascertain the drivers of malaria prevalence and inform the SBC approach.

O impacto da pandemia no financiamento dos ODS. O caso dos países africanos da CPLP

Manuel Clarote Lapão[1], Paulo Ferrinho[2]

[1] Doutorando em Saúde Internacional, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

A pandemia COVID-19 mudou o quadro de financiamento global ao exacerbar necessidades e desafios. Em 2021 permanecem em aberto muitas questões sobre as diferentes componentes do ecossistema de financiamento para o desenvolvimento e como estas podem ser melhoradas para mobilizar financiamento adicional e ajudar a alcançar os ODS à escala global e nos países africanos da CPLP. Objetivos: Compreender a evolução das disponibilidades de financiamento dos organismos multilaterais de desenvolvimento para a promoção dos ODS nos países africanos da CPLP, particularmente no contexto pós COVID e do ODS 3. Métodos: Revisão narrativa da literatura. Será utilizada uma abordagem de "síntese das melhores evidências", de acordo com a proposta de Bart Green. Em 2020, o que era inicialmente uma crise de saúde transformou-se rapidamente numa “crise de desenvolvimento”. Os seus efeitos prejudicaram anos e talvez até décadas de progresso no Sul Global. O Relatório de 2021 das NU sobre os ODS e o Relatório de 2021 do Banco Mundial, indicam que a pandemia COVID-19 empurrou cerca de 100 milhões de pessoas foram para a pobreza extrema. O relatório da CNUCED de 2021 “Os países menos desenvolvidos no mundo pós-COVID: Aprendendo com 50 anos de experiência”, apresenta cálculos de diferentes organismos que confirmam um défice de cerca de 2,4 “Triliões” para financiamento dos ODS nesses países. Os países africanos da CPLP não fogem a este impacto global, considerando que, à exceção de Cabo Verde e Moçambique, todos se situam nesse grupo de desenvolvimento. Caso o paradigma previsto pela Agenda 2030 tivesse sido cumprido nos últimos seis anos, o mundo estaria mais bem preparado para enfrentar a crise provocada pelo COVID 19. As agências multilaterais continuam a apelar para um aumento dos recursos destinados à concretização dos ODS. São necessárias coligações globais para mitigar os efeitos da crise e melhor preparar o futuro. Muitas organizações, como FMI, advogam a necessidade de sistemas inovadores para o financiamento dos ODS. As estratégias preconizadas pela CPLP aparentam produzir efeitos positivos no alargamento da cooperação e geração de novas parcerias para programas e projetos "ODS" e poderão configurar uma estratégia inovadora.

Conhecimentos, atitudes e prática sobre o cancro do colo do útero nas estudantes do ensino superior em Cabo-Verde – um estudo transversal

Natalina Rocha[1], Clara M. Bicho[2], Hirondina Borges[3], Maria do Rosário Martins[1]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

[2] Faculdade de Medicina, Universidade de Lisboa, Portugal

[3] Hospital Agostinho Neto, Praia, Cabo Verde

O cancro do colo de útero é uma das neoplasias mais frequentes em mulheres na idade fértil em todo mundo. É o quarto tipo de cancro mais comum no mundo e o segundo em África. Estima-se que no 2020, o número de novos casos de cancro do colo de útero diagnosticados foi de 604127. Desses resultaram em aproximadamente 341.831 mortes por CCU, aproximadamente 87% em África. Em Cabo Verde é uma das principais causas de morte em mulheres adultas, com uma incidência de 17 casos por cada 100.000 mulheres e uma taxa de mortalidade de 10,5%. Constitui a primeira causa de evacuações para tratamentos no exterior. O objetivo deste estudo é determinar os conhecimentos, atitudes e práticas sobre o cancro do colo do útero das mulheres estudantes do Ensino Superior em Cabo Verde. Realizou-se um estudo observacional, quantitativo e transversal. Os dados foram recolhidos a partir de um questionário adaptado do instrumento Cervical-Cancer-Knowledge-Prevention-64. O questionário foi aplicado a 640 alunas de seis estabelecimentos de ensino superior em Cabo verde, durante os meses de novembro e dezembro de 2020. O modelo de regressão logístico binomial foi usado para descrever os fatores associados aos Conhecimentos atitudes e praticas sobre o cancro do colo do útero nas estudantes. Estimados os odds ratio e os respetivos I.C. Usou-se o software SPSS v. 27. De acordo com o estudo, apesar de quase todas as alunas (94,6%) já ouviam falar do cancro do colo de útero, somente 13,8% possuem bons conhecimentos sobre o cancro do colo de útero; menos de metade das estudantes, 32,7% possuem atitude positiva em relação ao cancro do colo do útero e apenas 9,1% possuem boas práticas em relação ao CCU. Estabelecimentos de ensino superior (p=0,255), ano de inscrição (p=0,515) e idade (p=0,087), não estão associados ao nível de conhecimento do cancro e colo de útero nas estudantes. Estabelecimento de ensino superior e idade estão associados a boas atitudes em relação ao CCU (p<0,001). As estudantes da universidade de Cabo Verde (AOR=2,198 IC 95% 1,022 4,726) e as da Universidade do Mindelo (AOR=3,076 IC 95% 1,350 7,009) tem mais chances de terem boas atitudes em relação ao CCU quando comparadas com as estudantes das outras instituições. O nível de conhecimento sobre o cancro das estudantes do ensino superior em Cabo Verde é bastante insatisfatório, alertando para a necessidade da elaboração de políticas de saúde direcionadas para a promoção e prevenção do cancro do colo do útero nas mulheres em Cabo Verde.

Anemia in pregnant women and children aged six to 59 months living in Mozambique and Portugal: a systematic review

Réka Maulide Cane[1,2], José Braz Chidassicua[4], Luís Varandas[3,5], Isabel Craveiro[2]

[1] Instituto Nacional de Saúde, Ministério da Saúde, Maputo, Mozambique

[2] UEI Saúde Pública Internacional e Bioestatística, Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[3] UEI de Clínica das Doenças Tropicais, Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[4] South African University, Cape Town, South Africa

[5] Hospital Dona Estefânia, Centro Hospitalar Universitário Lisboa Central, Lisboa, Portugal

Globally, anemia is still a public health issue faced by people in low and high-income countries and is a concern for adolescent girls, women of reproductive age, and children in the first years of life. This study gives an overview of published scientific articles related to the prevalence, nutritional indicators, and social determinants of anemia in pregnant women and children aged six to 59 months living in Mozambique and Portugal. We performed a systematic review of scientific literature in April 2021, searching for published indexed articles in the last 15 years (2003-2018) on anemia in pregnant women and children aged six to 59 months living in Mozambique or Portugal. We searched at PubMed, GoogleScholar, ScienceDirect, Cochrane, Scielo, and Lilacs databases, using Boolean operators. We used STROBE and CARE checklist to perform the quality assessment of the articles. Subsequently, data extraction and content analysis were performed. We identified 22 relevant publications. Unsurprisingly, anemia plays a relevant role in disability and life imbalances for these subgroups in Mozambique compared to Portugal. Independent of the country, iron deficiency anemia (54.5%; 12/22) and prevalence of anemia (32.8%; 7/22) were the most mentioned, while maternal and infant anemia was the least mentioned (9.0%; 2/22). Few articles mentioned maternal nutritional indicators that are related to supplementation with folic acid during pregnancy (9.1%; 2/22) and the use of micronutrients for home fortification (4.5%; 1/22). Studies on social determinant and anemia are still scarce for both countries. Age and sex were the social determinants more commonly studied while the possible influence of years of schooling or wealth index on anemia was barely studied. Conclusions: A gap of information on anemia, other nutritional indicators, and social determinants in pregnant women and children between six and 59 months of age living in Mozambique and Portugal is highly observed in this study overview. Best performances in health indicators are clearly observed for Portugal compared to Mozambique where major health, food insecurity, sanitation, and hygiene, access to health facilities problems still prevail. A huge opportunity raises for the strengthening of network collaborations between these two Community of Portuguese Language Country-members focused on anemia research that can contribute to achieving the goals established by the World Assembly and by the Sustainable Development Goals.

Avaliação das etapas do Cuidado Contínuo de pacientes com HIV/AIDS residentes em Mato Grosso, Brasil

Simone D.A.V. Freitas[1], Inês Dourado[2], Inês Fronteira[1]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, UNL, Portugal

[2] Instituto de Saúde Coletiva, ISC, Universidade Federal da Bahia, UFBA, Bahia, Brasil

Apesar dos avanços técnico-científicos e políticos voltados para prevenção, diagnóstico e tratamento do HIV/aids, estima-se que em 2020 no mundo, havia quase 38 milhões de Pessoas Vivendo com HIV (PVHIV) e mais de 12 milhões de pessoas ainda não tinham acesso a TARV (UNAIDS, 2020). Na perspectiva de reduzir e controlar a infecção pelo HIV, a Organização Mundial da Saúde (OMS) recomendou o modelo da Cascata do Cuidado Contínuo. Avaliar cada etapa do Cuidado Contínuo é visto como uma ferramenta confiável de se avaliar o programa, bem como o impacto da TARV sob as PVHIV (Miranda et al., 2018). Objetivos: Avaliar as etapas do Cuidado Contínuo das PVHIV residentes em Mato Grosso. Referencial metodológico quantitativo. Estudo observacional, ecológico de desenho misto exploratório. A recolha de dados secundários, extraídos das bases de dados oficiais do SUS do Ministério da Saúde, teve início em 18 de novembro de 2021 e compreendeu o período de 2015 e 2020. Ao analisarmos as etapas do Cuidado Contínuo das PVHIV em Mato Grosso, observamos que o indicador relativo ao diagnóstico do HIV, correspondia em 2020 a 89%. Em relação ao diagnóstico tardio do HIV, observa-se um pequeno aumento percentual em 2020 quando comparado a 2015, embora se verifique um aumento no número e na proporção de pessoas diagnosticadas. Verificou-se um aumento importante na proporção de PVHIV que começaram TARV em menos de um mês após realização do CD4, de 35% para 64%. Em 2020, cerca de 88% das PVHIV diagnosticadas estavam em TARV. Relativamente aos indicadores de vínculo e retenção aos Cuidados de Saúde, observa-se que ambos estavam abaixo de 90% em 2020. Conclui-se que o estado de Mato Grosso não conseguiu alcançar as metas propostas pela UNAIDS para o ano de 2020. Este estudo sugere a necessidade de aprimoramento da “Cascata de Cuidados”, através de sua expansão assim como a implementação de ações e estratégias no combate ao HIV/aids para alcançar as metas propostas pela UNAIDS para o ano de 2025.

Vesículas extracelulares de *Leishmania*: uma revisão sistemática pré-COVID-19

Áurea Gabriel[1], Joana Palma-Marques[1], Gabriela Santos-Gomes[1]

[1] Saúde Global e Medicina Tropical, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Leishmanioses são doenças parasitárias negligenciadas de grande impacto para a saúde pública, sobretudo pela alta letalidade da forma visceral. Pesquisas recentes têm-se focado na identificação, composição e produção de vesículas extracelulares (EVs) de *Leishmania* (LEVs) e na interação das LEVs com o hospedeiro mamífero. Em paralelo, o estudo das EVs de procariotas e eucariotas têm despertado considerável interesse na comunidade científica, pelo possível potencial para o desenvolvimento de abordagens diagnósticas e terapêuticas eficazes. Apesar dos avanços nos estudos de *Leishmania*, o papel das LEVs ainda é pouco compreendido e não há consenso sobre biomarcadores ou a biogénese. O presente estudo tem como objetivo rever os conhecimentos existentes sobre o processo de segregação de LEVs que clarifique os processos de libertação das EVs utilizadas pelas formas evolutivas de espécies viscerais e cutâneas de *Leishmania*. Foi aplicada a metodologia de revisão sistemática na base de dados eletrónica do Pubmed Central para a busca das palavras-chave secretion, exosome e *Leishmania*. Foram usados como filtros de análise a leitura do título, resumo e palavras-chaves dos artigos e, eliminados os que não apresentavam resultados referentes a produção e caracterização dos exossomas de *Leishmania*. Foram selecionados artigos com maior fator de impacto no ranking do Thomson Reuters e que foram comparados pela escala JADAD. Foram selecionados 12 artigos, que foram publicados no Canadá, Alemanha, França e Inglaterra. Nestes trabalhos, não se encontrou nenhum artigo que analise as EVs das espécies *L. infantum*, *L. amazonensis, L. guyanensis* ou *L. shawi*. Apesar dos efeitos da pandemia COVID-19, outros estudos foram sendo desenvolvidos no âmbito da Parasitologia Médica, mas permanecem lacunas importantes do conhecimento que necessitam de ser elucidadas, sobretudo no que respeita ao processo de biogénese das LEVs. Apesar da pertinência do conhecimento baseado na revisão da literatura e da sua aplicabilidade na investigação experimental de LEVs e aos avanços tecnológicos mais recentes, ainda é limitado o conhecimento dos mecanismos biológicos e das condições funcionais envolvidas na libertação de LEVs, e como eles afetam a interação parasita-hospedeiro. Futuras investigações neste campo, sobretudo ao nível molecular terão impacto positivo no eventual controle da leishmaniose em todo o mundo.

Molecular characterization of *Staphylococcus pseudintermedius* associated with skin and soft tissue infections in pets, Portugal

Catarina Morais[1], Sofia Santos Costa[1], Constança Pomba[2,3], Isabel Couto[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisbon, Portugal

[2] Laboratory of Antibiotic Resistance, CIISA, Faculty of Veterinary Medicine, University of Lisbon, Lisbon, Portugal

[3] GeneVet, Laboratório de Diagnóstico Molecular Veterinário, Carnaxide, Portugal

Staphylococcus pseudintermedius is the main bacterial pathogen responsible for skin and soft-tissue infections (SSTIs) in pets. Antibiotic resistance in this species is a growing public health concern. Objectives: This study characterized a collection of *S. pseudintermedius* causing SSTIs in pets, establishing the main clonal lineages and antimicrobial resistance traits. The collection corresponded to all *S. pseudintermedius* (n=155) causing SSTIs in pets (dogs, cats and one rabbit) collected between 2014 and 2018 at two laboratories in Lisbon, Portugal (Lab1: 90 isolates, from 2014-2018; Lab2: 65 isolates, from 2018). All the isolates were subjected to PFGE-SmaI typing, with PFGE clusters defined by >= 93% similarity (Bionumerics). Isolates representative of PFGE cluster were further typed by MLST. New alleles and STs were submitted to the PubMLST database. Susceptibility patterns were established by disk-diffusion for 30 antibiotics, corresponding to 15 classes. Among the 155 *S. pseudintermedius*, 48 isolates (31.0%) were methicillin-resistant (mecA+, MRSP). Multidrug-resistant (MDR) phenotypes were detected for 95.8% of the MRSP isolates and 23.4% MSSP isolates. Of particular concern, over a third of the isolates were resistant to, at least, five distinct classes of antibiotics. In total, forty different antibiotic resistance profiles were detected. The 155 isolates were distributed within 130 PFGE clusters (A-DY) and MLST identified over 30 clonal lineages within 68 isolates analyzed. ST71 was the lineage most frequently detected, comprising only MRSP with MDR profile. This undergoing study revealed a high frequency of MRSP associated with SSTIs in pets and high rates of MDR profiles within both MRSP and MSSP. Additionally, several clonal lineages with different resistance profiles were described, evidencing the importance of a correct diagnostic of SSTIs agents. Although *S. pseudintermedius* is rarely associated with human infections, the increasing resistant traits observed justify the need to adopt a One Health approach in the characterization of these bacteria. Funding: Project BIOSAFE funded by FEDER through the Programa Operacional Factores de Competitividade - COMPETE and Fundação para a Ciência e a Tecnologia (FCT, Portugal), Grant LISBOA-01-0145-FEDER-030713, PTDC/CAL-EST/30713/2017. Further support by FCT to GHTM (UID/04413/2020) and CIISA-UID/CVT/00276/2020. Grant UI/BD/151061/2021 awarded by FCT to CM.

Molecular epidemiology of rotavirus strains in symptomatic and asymptomatic children in Manhiça District, Southern Mozambique 2008-2019

Filomena Manjate[1,2], Eva João[1], Percina Chirinda[1], Marcelino Garrine[1,2], Delfino Vubil[1], Tacilta Nhampossa[1,3], Sozinho Acácio[1,3], Jacqueline E. Tate[4], Umesh Parashar[4], Martin Nyaga[5], Inácio Mandomando[1,3], Celso Cunha[2]

[1] Centro de Investigação em Saúde de Manhiça (CISM), Maputo, Mozambique

[2] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT/NOVA, Lisbon, Portugal

[3] Instituto Nacional de Saúde (INS), Maputo, Mozambique

[4] Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Atlanta, GA, USA

[5] Next Generation Sequencing Unit and Division of Virology, Faculty of Health Sciences, University of the Free State, Bloemfontein 9300, South Africa

Group A rotaviruses (RVA) remains the leading cause of diarrhea in children <5 years old, with the highest death toll in Asia and sub-Saharan Africa, including Mozambique. Mozambique introduced the monovalent (Rotarix®) rotavirus vaccine in September 2015 and data on the epidemiology of RVA in the pre- and post-vaccination periods remain scarce in the country. This study aims to describe rotavirus genotypes circulating among children with diarrhea and healthy community controls in Manhiça District, Southern Mozambique, pre- and post-vaccine introduction periods. Stool samples were previously collected from enrolled children in two case-control studies, conducted in the District of Manhiça, the first entitled "Global Enteric Multicenter Study, from December 2007 to November 2012 (before vaccine introduction)'' and the second entitled "Surveillance of Rotavirus and Other Enteropathogens in Children <5 Years of Age, from October 2015 to December 2019 (after vaccine introduction)'', screened for rotavirus by Enzyme-immuno-sorbent assay. Positive specimens were genotyped for VP7 protein encoding genetic segment 9 (G-genotypes) and VP4 protein encoding genetic segment 4 (P-genotypes) fragments by conventional reverse transcriptase polymerase chain reaction using protocols previously described. Cases were considered children with moderate-to-severe and mild diarrhea, and controls were considered children from community without diarrhea, matched by sex, age and neighborhood. Data were analyzed using the statistical program STATA version 14. The combination G12P[8] was more frequently observed in pre-vaccine than in post-vaccine introduction period in moderate-to-severe diarrhea (34%, 61/177 vs. 0, $p < 0.0001$) and controls (23%, 26/113 vs. 0, $p = 0.0013$). Mixed genotypes (36%, 24/67 vs. 7% 4/58, $p = 0.0003$) and G12P[6] (24%, 16/67 vs. 2%, 1/58, $p = 0.0008$) were more frequently detected in less severe diarrhea. Furthermore, we observed changes in the post-vaccine compared to pre-vaccine introduction period, where G3P[4] and G3P[8] were more prevalent in moderate-to-severe diarrhea (10%, 5/49 vs. 0, $p = 0.0002$; and 14%, 7/49 vs. 1%, 1/177, $p < 0.0001$; respectively), and in less severe diarrhea (21%, 12/58 vs. 0, $p = 0.003$; and 24%, 14/58 vs. 0, $p < 0.0001$; respectively). These results show the circulation of similar genotypes contemporaneously among cases and controls, as well as a switching in the post-vaccine introduction period. Continuous surveillance is needed to evaluate the dynamics of the genotypes and its impact on the burden of diarrhea after vaccination.

Determinantes para internamento prolongado e óbito por COVID-19 em doentes adultos: Resultados do primeiro ano de internamentos na UCIP7 do Hospital Curry Cabral

Inês Domingos[1,3], César Vieira[2], Carla Damásio[1], Ana Abecasis[3]

[1] Escola Superior de Saúde do Instituto Politécnico de Leiria, Leiria, Portugal
[2] Hospital Curry Cabral - Centro Hospitalar Universitário Lisboa Central, Lisboa, Portugal
[3] Global Health & Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

O surgimento do novo coronavírus associado à síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV-2) no final de 2019, lançou um enorme desafio à sociedade e aos sistemas de saúde. Os casos sintomáticos da doença variam desde manifestações ligeiras até situações de doença grave que necessitam de internamentos prolongados em unidades de medicina intensiva. Vários têm sido os fatores de risco associados a pior prognóstico e ao desfecho fatal da doença. O objetivo deste estudo retrospetivo foi identificar os fatores associados ao desfecho fatal da doença em adultos, e ao tempo de internamento hospitalar. Foram incluídos no estudo todos os doentes adultos, com idade igual ou superior a 18 anos, com diagnóstico confirmado de infeção pelo SARS-CoV-2, que necessitaram de internamento na unidade de medicina intensiva polivalente 7 do Hospital Curry Cabral - Centro Hospitalar Universitário Lisboa Central, entre Março de 2020 e Fevereiro de 2021. Os dados demográficos e clínicos foram recolhidos retrospetivamente do processo e registo clínico eletrónico do doente, e registados numa base de dados especificamente desenvolvida para este estudo. Foi utilizado o software estatístico Statistical Package for Social Sciences®, versão 26.0 (SPSS Inc., Chicago, IL, USA) para Windows, para tratamento dos dados. O tempo de internamento hospitalar mostrou-se significativamente superior nos doentes com maior número de comorbilidades prévias. A obesidade, isoladamente, ou associada à diabetes mellitus e a hipertensão associaram-se a maior tempo de internamento hospitalar. Nesta amostra, a mortalidade associou-se apenas à idade.

Using genomics to uncover the role of SMR efflux pumps to *Acinetobacter baumannii* drug resistance

Jessica Antunes[1], Marta Martins[2], Teresa Pacheco[3], Judite Batista[3], Cristina Toscano[3], Miguel Viveiros[1], Diana Machado[1]

[1] Laboratório de Micobactérias, Unidade de Microbiologia Médica, GHMT, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Department of Microbiology, Moyne Institute of Preventive Medicine, School of Genetics and Microbiology, Trinity College Dublin, Ireland

[3] Serviço de Patologia Clínica, Laboratórios de Microbiologia Clínica e Biologia Molecular – Hospital de Egas Moniz – Centro Hospitalar de Lisboa Ocidental, Lisboa, Portugal

Acinetobacter baumannii (Ab) drug resistant is an emergent threat limiting the range of therapeutic alternatives. These strains pose a threat to clinical patient care and public health as they can disseminate mobile resistance genes increasing the risk of acquired resistance. Objective: Study the contribution of efflux pumps (EPs) of the small multidrug resistant (SMR) family to carbapenem resistance in Ab through comparative genomics. Strains were typed by ERIC-PCR and MLST. The presence of carbapenemases was initially screened by PCR. Active efflux was studied by synergism assays between carbapenems, ethidium bromide (EtBr) and efflux inhibitors (EIs), EtBr-real-time fluorometry and the expression analysis of efflux pumps (EP) genes in response to imipenem. Screening of candidate proteins and the corresponding orthologous on other bacteria was done using NCBI and KEGG databases. BLASTP analysis was conducted to compare predicted proteins and quantify the similarity between amino acid sequences. The genomic arrangement of orthologue genes was analyzed using SyntTax. Subsystem functional categorization of the predicted CDS and visualization was done using SEED viewer and multi-genome comparison using SEED. Whole-genome circular representations were obtained with GCView. From the 74 strains studied, 72 were multidrug resistant with additional resistance to carbapenems. Two strains were susceptible to carbapenems and were further used as controls. Synergistic interactions between carbapenems, EtBr and EIs were noted as well as the presence of active efflux. EP genes adeB, adeJ, adeG, craA, amvA, abeS and abeM were found overexpressed in response to imipenem. Genomic analysis detected three chromosomally encoded SMR EP (AbeS, EmrE, SugE) and three encoded in plasmids or class 1 integrons (QacF, QacE, QacEΔ1) were identified. Chromosomal EPs are present in all clonal groups, whereas only some harbor SMR EPs encoded in mobile elements. We found high level of similarity (> 70%) at protein level with the same EPs in other bacterial species. Their role on Ab drug resistance is being studied using SMR EP mutants. Conclusions and impact of the study: EPs of the SMR family are poorly characterized in Ab. The presence of several SMR EP in Ab genome might explain its high predisposition to survive in the presence of antimicrobials such as antibiotics, detergents, and biocides. This genomic approach will be helpful to predict important physiological responses aiming the development of new antimicrobials against drug-resistant Ab.

Caracterização Genética do Vírus do Sarampo Circulante em Angola no período de 2021-2022

Joana Paula Mendes da Paixão[1,2], Celso Cunha[1], Ngiambudulu M. Francisco[2], Ana Abecasis[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine (GHTM), IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Grupo de Investigação Microbiana e Imunológica, Instituto Nacional de Investigação (National Institute for Health Research), Luanda, Angola

Em Angola o sarampo é endémico com picos epidémicos periódicos que atingem principalmente crianças menores de 5 anos. Ocorrem picos epidémicos a cada 2-3 anos, com cerca de 6.000 a 10.000 casos relatados por ano, entre as crianças de 9 meses a 15 anos. Existem dados de Angola de 2003 e 2011, que reportam a circulação do genótipo B2 do vírus do sarampo, mas que representavam apenas alguns casos de amostras de vigilância para a confirmação do sarampo. Estes dados eram apenas da província de Luanda, o que não é representativo para nos dar uma visão mais abrangente da distribuição de genótipos do vírus do sarampo no país. Neste contexto, é importante conhecer os genótipos circulantes em Angola para melhor compreender a sua transmissão e disseminação. Objectivos: Caracterizar a diversidade genética do vírus do sarampo circulante em Angola e vias de transmissão no período de 2021-2022. Um estudo observacional analítico transversal será realizado nas 18 províncias de Angola. A população em estudo serão os pacientes com idades compreendidas entre os 0 aos 15 anos de idade que se apresentarem nas consultas externas e ou no banco de urgência das unidades sanitárias de referência do país. Serão colhidas amostras nasofaríngeas para deteção de RNA viral por RT-PCR e posterior sequenciação para genotipagem. Será obtido um consentimento informado por parte dos tutores dos menores para a recolha das amostras e autorização pelo Comité de Ética do Ministério da Saúde de Angola. Elaboramos um plano de sustentabilidade no caso de não ser possível realizar o estudo nas 18 províncias do país, devido a algumas limitações como a falta de financiamento. Neste sentido, selecionámos 5 províncias nomeadamente: Luanda, Lunda Sul, Lunda Norte por registarem o maior número de casos de sarampo nos últimos dois anos (2019 e 2020) e as províncias do Huambo e Huíla por apresentam melhores condições sanitárias e que apoiam as províncias mais próximas com deficiências nas suas unidades. Com os resultados encontrados esperamos poder identificar o genótipo ou genótipos circulantes no país, sendo que uma co-circulação poderá estar na base dos surtos recorrentes que se vem observando em várias províncias do país. Com isto poderão diminuir o número de casos internados, reduzir a morbilidade e mortalidade, bem como apoiar para a interrupção da transmissão endémica. Consideramos que com este esforço a faixa etária, mas afetada estará, mas protegida e o sistema de saúde poderá também reduzir os custos no combate a doença.

Screening of Enterobacterales clinical strains from companion animals reveals carbapenemase-producing isolates

Joana Moreira da Silva[1,2], Juliana Menezes[1], Andreia J. Amaral[1], Sofia Santos Costa[3], Constança Pomba[1,4]

[1] Antibiotic Resistance Lab, CIISA – Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal, Faculty of Veterinary Medicine, Universidade de Lisboa, Portugal

[2] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[3] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, Instituto de Higiene e Medicina Tropical IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[4] Genevet, Carnaxide, Portugal

Carbapenems are High Priority Critically Important Antimicrobials and not approved for veterinary medicine use according to EMA. Yet, Carbapenemase-producing Enterobacterales strains (CPEs) are increasingly being reported in Companion Animals (CAs). A retrospective study (January-December 2020) was developed aiming to detect CPEs among CAs Enterobacterales clinical strains from urinary tract infections (UTI), soft skin and tissue infection (SSTI), upper respiratory tract infection (URTI) and otitis externa. A total of nine hundred and seventy-seven Enterobacterales clinical isolates were studied. Susceptibility testing was done by the disc diffusion and MICs methods. Isolates were divided in two groups: extended-spectrum beta-lactamases (ESBL) producing Enterobacterales and isolates resistant to amoxicillin-clavulanic acid (AMC) but susceptible to cefoxitin (FOX). Afterwards, these isolates were screened for the presence of carbapenemase by multiplex PCR and sequenced. Positive isolates were characterized by WGS (Illumina NovaSeq), producing pair-end libraries with 150 bp. De novo genomes were assembled using SPAdes v3.14.1, following two round of polishing with Pilon v1.24. Assemblies were then used to screen for antimicrobial resistance genes and mobile genetic elements were identified using ResFinder 4.1 and Mobile Element Finder v1.0.3, respectively. MLST was performed. A high prevalence of ESBL-producing Enterobacterales was found (n=227; 23,2%) among isolates, in comparison to those resistant to AMC but susceptible to FOX isolates (n= 34; 3.5%). Two ESBL-producing Klebsiella pneumoniae strains had carbapenemase genes: one K. pneumoniae ST273 isolated from a cat with SSTI harboured the blaOXA-181, being only resistant to ertapenem (MIC> 1 mg/L) and also the blaCTX-M-15 and blaSHV-1 genes A K. pneumoniae ST392 strain, causing a URTI in a dog, was resistant to meropenem and imipenem (MIC> 8 mg/L), harbouring the blaKPC-3 (IncN plasmid Tn4401), blaCTX-M-15 and blaSHV-11 genes. One Escherichia coli ST127 strain was found to only harbour the blaOXA-48 gene being susceptible to 3rd generation cephalosporins and carbapenems. This isolate was the causative agent of a UTI in a cat. To the best of our knowledge, this is the first report of a KPC-3 producing K. pneumoniae ST392 strain in companion animals. This study highlights the requirement of carbapenemase detection in routine Veterinary Microbiology.

Caracterização molecular e epidemiológica do protozoário intestinal *Giardia duodenalis*, em crianças menores de 5 anos das 18 províncias de Angola

Manuela Silva[1], I. Maurício[1], M. Brito[2]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

[2] Escola Superior de Tecnologia da Saúde de Lisboa (ESTeSL), Portugal

Os parasitas intestinais em Angola ainda são um dos principais agentes patogénicos responsáveis pelas doenças diarreicas, atingindo em alguns contextos uma prevalência de 80%. *Giardia duodenalis* é um protozoário parasita flagelado, com oito genótipos ou grupos genéticos designados de A a H. Os grupos A e B estão mais ligadas a infecções em humanos em Angola, mas não se conhece a real importância dos genótipos envolvidos neste problema, sua epidemiologia e o quanto eles contribuem para os sintomas. Objectivos: Caracterizar molecular e epidemiologicamente o protozoário intestinal *G. duodenalis*, em amostras de fezes de crianças menores de 5 anos nas 18 Províncias de Angola. Especificamente: 1. Identificar os grupos genéticos de *G. duodenalis* circulantes nas 18 Províncias de Angola, baseado nos marcadores moleculares ssu rRNA, gdh, tpi e bg, e determinar a sua frequência; 2. Associar os grupos genéticos identificados com o grau de gravidade da doença; 3. Comparar a diversidade genética entre assintomáticos e sintomáticos; 4. Relacionar os genótipos identificados de *G. duodenalis* com dados sociodemográficos e higieno-sanitários. Será realizado um estudo de caso-controlo com genotipagem de Giardia, para determinar os grupos genéticos e relacionar com os factores de risco, sintomas e resistência a fármacos. O total de amostra esperado é de 2664 crianças para o país inteiro, sendo 1332 crianças com diarreia e 1332 sem diarreia. As amostras de fezes serão analisadas pela técnica de microscopia para identificação de quistos e trofozoítos de *G. duodenalis*. A extração e purificação do DNA será realizada manualmente, utilizando o QIAamp DNA Stool Mini Kit (Qiagen, Hilden, Alemanha). O DNA das amostras extraídas será amplificado por Nested PCR, utilizando-se primers direcionados à pequena subunidade do RNA ribossomal (ssurRNA) e posteriormente para os loci β-giardina (bg), Glutamato Desidrogenase (gdh) e Triose Fosfato Isomerase (tpi). As amostras positivas para *Giardia duodenalis* por PCR, serão sequenciadas pelo método de Sanger. Espera-se conhecer melhor a diversidade genética do parasita *G. duodenalis* em Angola e se existe associação entre genótipos e sintomatologia. Este estudo ajudará o planeamento de estratégias de vigilância, prevenção e controlo da giardíase em Angola através do conhecimento do perfil epidemiológico dos genótipos circulantes.

Plasmodium falciparum population structure in southwestern Africa: Initial genome-wide sequence data from Angola

Wilson Tavares[1], Ankit Dwivedi[2], Biraj Shrestha[3], Sudhaunshu Joshi[3], Fernanda Dias[4], Ana P. Arez[1], Joana C. Silva[2,5]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, Lisboa, Portugal

[2] Institute for Genome Sciences, University of Maryland School of Medicine (UMB), Baltimore, United States

[3] Center for Vaccine Development and Global Health, UMB, Baltimore, United States

[4] Department of Internal Medicine – Faculty of Medicine of Agostinho Neto University, Luanda, Angola

[5] Department of Microbiology and Immunology, UMB, Baltimore, United States

Angola, seventh in Africa both in area and in estimated number of malaria deaths in 2020, encompasses the southwestern-most edge of the distribution of *Plasmodium falciparum* in the continent. It is surrounded by distinct *P. falciparum* subpopulations, one in central Africa (Cameroon/Gabon) to the north, and another in south-central Africa (Democratic Republic of the Congo) to the northeast. Due to the lack of *P. falciparum* population genomics studies in Angola, it is unknown how genetically distinct its parasite population is from those of its neighbours, or whether molecular markers specific to the Angolan *P. falciparum* population(s) can be identified, to inform on parasite migration within and between countries. To address these knowledge gaps, we will generate and analyze whole-genome sequence (WGS) data for >150 *P. falciparum* samples obtained from several Angolan provinces. Blood samples collected between 2006-2009, by fingerprick on filter paper, from children ≤ 5 years old will be prioritized, since those are the samples most often collected in previous studies at the University of Maryland School of Medicine, which can be used as comparators. For each sample, DNA was extracted within one year of collection and stored at -20ºC. Initially, to determine if the DNA was still viable for genome-wide analysis, we used *P. falciparum* selective whole genome amplification on two of the Angolan malaria infection samples. Genomic libraries were generated from sWGA-ed DNA and sequenced in an Illumina NovaSeq sequencer, to generate paired-end 150 bp-long reads. The sequencing data were mapped against the *P. falciparum* 3D7 reference genome, single nucleotide polymorphisms (SNPs) identified according to best practices, and a principal component analysis (PCA) was done using the recovered high confidence SNP calls, together with SNP calls from ~350 publicly available *P. falciparum* samples from South America and East, West and Central Africa. Preliminary results show that Angolan samples group with others from Central Africa, indicating that these decade-old samples have adequate quality for WGS studies. WGS data currently being generated for the remaining >150 samples will be used to identify Angola-specific molecular markers and to initiate a study of *P. falciparum* demography in southwestern Africa, with a focus in Angola.

Mapeamento das evidências científicas sobre a epidemiologia da tuberculose no sistema prisional: scoping review

Aline Ferreira Placeres[1,2], Débora de Almeida Soares[1,2], Ricardo Alexandre Arcêncio[2], Inês Fronteira[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Escola de Enfermagem de Ribeirão Preto - Universidade de São Paulo, Brasil

A tuberculose (TB) nas prisões geralmente ocorre mais frequentemente do que na população em geral, especialmente nos países em desenvolvimento, sendo considerada um problema de saúde pública que contribui para a disseminação da TB e para a perpetuação de seus efeitos. O conhecimento sobre a ocorrência de TB nas prisões, assim como dos fatores associados, é fundamental para informar a tomada de decisão e enquadrar necessidades de investigação. Objetivos: Mapear as evidências científicas sobre a epidemiologia da TB no sistema prisional. Métodos: Scoping review (SR) com base na abordagem do Joanna Briggs Institute. Os critérios de elegibilidade são: estudos observacionais, experimentais e de revisão em português, inglês ou espanhol, sem limite de período. Colheita de dados em abril de 2021 na MEDLINE/PubMed; LILACS; Scopus (Elsevier) e SciELO. Seleção e extração dos dados realizada por dois revisores com resolução de discordâncias por um terceiro revisor. Resultados parciais: A SR está em fase de síntese dos resultados. Identificadas 3.122 publicações. Após aplicação dos critérios de elegibilidade aos títulos e resumos e, posteriormente, aos textos completos, foram incluídos 180 artigos. Dos 180 artigos incluídos, 120 (67%) eram estudos transversais, sendo a maioria 37 (31%) desenvolvidos na América do Sul, 32 (28%) na África e 25 (21%) na Ásia. Um total de 34 publicações (19%) eram estudos longitudinais sendo a América do Sul e a América do Norte os locais mais frequentes com 10 estudos (29%) cada uma. Outros 14 (8%) eram estudos de revisão sendo 5 (36%) artigos publicados na Europa e 4 (28%) na América do Sul. Os estudos ecológicos contabilizaram 8 (4%), os estudos de caso-controle 3 (1,6%) e apenas 1 (0,5%) era ensaio clínico randomizado. Foram identificados os temas prevalência e incidência; fatores associados; desfechos de tratamento; programas de prevenção e controle da TB; fatores ambientais, cujos resultados serão apresentados e discutidos num artigo em desenvolvimento. Conclusão: Identificámos um maior número de publicações sobre a temática em continentes que abrigam países em desenvolvimento. Destrinchar os temas encontrados e apresentar os principais resultados nos proporcionará uma visão a nível mundial a respeito dessa problemática.

Ajuda externa ao desenvolvimento para a saúde: uma análise ao financiamento à Guiné-Bissau na área da saúde reprodutiva, materna, neonatal e infantil de 2002 a 2018

Anaxore Casimiro[1], Luís Varandas[2], Isabel Craveiro[3]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHMT, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] UEI de Clínica das Doenças Tropicais, Global Health and Tropical Medicine, GHMT, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[3] UEI de Saúde Pública Internacional e Bioestatística, Global Health and Tropical Medicine, GHMT, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Define-se ajuda externa ao desenvolvimento para a saúde como recursos canalizados para um país, a partir de fontes externas, para apoio a atividades relacionadas com a saúde. Objetivo: Analisar a ajuda externa ao desenvolvimento para a saúde reprodutiva, materna, neonatal e infantil RMNCH) na Guiné-Bissau, no período de 2002 a 2018, identificando os principais doadores e tendências. Para gerar estimativas de desembolsos para a RMNCH foi aplicada a metodologia Muskoka2. RMNCH inclui qualquer atividade que contribua para melhorar o acesso de mulheres e crianças aos serviços de saúde. Nesta análise foram também consideradas, as atividades que beneficiam a RMNCH, como fortalecimento de sistemas de saúde, suporte orçamental, água e saneamento. Foram utilizados os dados de desembolsos da ajuda externa ao desenvolvimento e voluntária privada (ODA+) do creditor reporting system database, da Organização para a Cooperação e Desenvolvimento Económico, de 2002 a 2018 (55 países, 65 instituições multilaterais e 28 doadores privados), e dados da iniciativa Muskoka2. Os desembolsos dos países foram classificados como ajuda bilateral, os das instituições multilaterais como ajuda multilateral e os de instituições como fundações como ajuda voluntária privada. Os resultados são apresentados em dólares americanos, em constantes de 2018. No período em estudo, os doadores desembolsaram 2.222,7 milhões em ajuda ao desenvolvimento, sendo que 8,9% (197,4 milhões) destinaram-se a RMNCH. A maioria da ODA+ para RMNCH teve como alvo a saúde infantil (56%; 110,6 milhões), a saúde materna e neonatal (27,3%; 53.9 milhões) e a saúde reprodutiva (16,7%; 32,9 milhões). Os principais grupos de doadores foram os multilaterais (62,4%; 123,1 milhões), bilaterais (37,1%; 73,3 milhões) e setor privado voluntário (0.5%; 0,99 milhões). Os contribuintes major foram o Fundo Global (55,4 milhões), USA (34,4 milhões) e Portugal (22,4 milhões). A ODA+ à RMNCH teve uma taxa média de crescimento anual de 14,8% e a quase totalidade (97,5%; 192,5 milhões) foi canalizada para projetos de saúde. As áreas priorizadas foram a nutrição básica (18,1%; 35,8 milhões), prevenção e controle da malária (16,9 %; 33,4 milhões) e cuidados básicos de saúde (14,5%; 28,7 milhões). No período em análise constatou-se que a ajuda externa ao desenvolvimento teve um papel fulcral no financiamento RMNCH, não obstante as variações anuais, levantando questões sobre a dependência do país e a sustentabilidade a longo-prazo.

Cost-effectiveness of rotavirus vaccination in Mozambique

Esperança Lourenço Guimarães[1,2], Assucênio Chissaque[1,2], Clint Pecenka[3], Andrew Clark[4], Basília Vaz[5], Arlindo Banze[5], Neide canana[6]; Clésio Romão[5], Maria do Rosário Martins[2], Nilsa de Deus[1], Frédéric Debellut[7]

[1] Instituto Nacional de Saúde, Marracuene district, Maputo, Mozambique

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisbon, Portugal

[3] Center for Vaccine Innovation and Access, PATH, Seattle, WA, USA

[4] Department of Health Services Research and Policy, London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, UK

[5] Ministry of Health, Mozambique

[6] Malaria Consortium, Maputo, Mozambique

[7] Center for Vaccine Innovation and Access, PATH, Geneva, Switzerland

Rotavirus (RV) is one of the most common causes of severe and life-threatening gastroenteritis in children worldwide, with the largest mortality burden in low- and middle-income countries. To prevent rotavirus gastroenteritis (RVGE) and its consequences, Mozambique introduced ROTARIX® vaccine (GSK Biologicals, Belgium) into the Expanded Programm on Immunization (EPI) in September 2015. However, its cost-effectiveness in Mozambique has never been established. This study aimed to estimate the cost-effectiveness of the introduction of ROTARIX® into the EPI. We used an Excel proportionate outcomes decision-support model (UNIVAC version 1.4.16) to calculate the cost-effectiveness of ROTARIX® compared to no vaccination over the five-year period 2016-2020. The primary outcome measure was the incremental cost per Disability Adjusted Life Year (DALY) averted and 0.5 times ($224) the Gross Domestic Product (GDP) per capita was considered as threshold. Deterministic and probabilistic sensitivity analyses were run to access the impact of uncertainties of the parameters. In the five-year period since ROTARIX was introduced, we estimate it prevented 4,502 deaths (41% reduction) and avoided $3 million in Government healthcare costs (40% reduction). The cost per DALY averted of introducing ROTARIX was $78 (95% uncertainty range 40-219). The vaccination was 98% probability of being cost-effective at the threshold of 0.5 times the national GDP per capita. The recent introduction of ROTARIX was cost-effective from the perspective of the Mozambique Government, mainly due to the financial support provided by GAVI. However, ROTARIX is not cost-effective at the GAVI price, showing a need for studies analyzing the cost-effectiveness of other vaccines which could be choices when Mozambique begins the process of transitioning from GAVI support.

Prevalence of tick-borne pathogens and bacteriome composition in wild *Ixodes ricinus* populations from mainland Portugal

Leonardo Moreira[1], Rita Velez[2], Gonçalo Seixas[1], Ana Sofia Santos[2], Ana Domingos[1], Sandra Antunes[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

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

Ixodes ricinus is the most important tick species in Portugal with medical impact, being its characterization fundamental to assess disease risk and improve control measures. These ectoparasites harbor a complex variety of symbiotic, commensal and pathogenic organisms, named microbiota. This microorganism network directly impacts in many tick physiological processes such as reproduction, nutrition, and fitness. The present work aims to identify tick-borne pathogens (TBP) in *I. ricinus* collected in mainland Portugal and assess their bacteriome in females collected from different regions in mainland Portugal. From February 2019 until May 2021, questing *I. ricinus* ticks (females, males, and nymphs) were collected from the vegetation by dragging method. For the first objective, after morphological identification, DNA and RNA were extracted using TrizolTM. Adult ticks were individually submitted to extraction while samples of immature stages (nymphs) were set up by pools of five specimens. All samples were tested for the presence of Babesia spp, Anaplasma spp., Rickettsia spp., and Coxiella burnetii, as described in the literature. Obtained sequences will be later used for phylogenetic characterization of these agents. Collected *I. ricinus* female ticks from Gerês and Mafra were selected for the second objective. These specimens were washed to avoid external contaminants and DNA extracted using DNeasy Blood & Tissue Qiagen Kit. The conserved bacterial 16S hypervariable regions (V3-V4) was sequenced by MiSeq Illumina 2 x 300bp in a pairwise alignment sequence dissimilarity approach (Eurofins Genomics, Germany). The Minimum Entropy Decomposition (MED) algorithm was used for operational taxonomic unit (OTUs) identification and further assignments was performed using the QIIME software package (version 1.9.1). Regarding the TBP screening, results have shown that the most frequent pathogen identified in *I. ricinus* was *Rickettsia spp*.. Preliminary results from questing *I. ricinus* microbiota profiling suggest that most abundant OTU was the novel family of the order Rickettsiales: *Candidatus Midichloriacea*. In addition, two more genera were identified: Rickettsia and Borrelia, thus constituting the main internal microbiota of *I. ricinus* in the two collection sites. The results here reported contribute for a better understanding of TBP prevalence and tick microbiota from questing ticks collected in mainland Portugal.

Optimization of a Real-Time PCR protocol using primers targetting the lipL32 gene for pathogenic *Leptospira* DNA detection in environmental samples

Maria Fernandes[1,3], Andreia Cavaleiro[1,3], Teresa Carreira[1,3], Rosa Teodósio[2,3], Maria Luísa Vieira[1,3]

[1] Laboratório de Leptospirose e Borreliose de Lyme, Unidade de Microbiologia Médica

[2] Unidade de Clínica Tropical, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[3] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

Leptospirosis is one of the most widely distributed zoonosis worldwide, having increased in importance in recent years. Humans (accidental hosts) are commonly infected upon direct or indirect contact with urine from animals, colonized or infected with leptospires. Rodents are the main reservoirs, shedding leptospires in urine, mainly responsible for contaminating waters and soils. This study aimed to optimize a Real-Time PCR protocol, using "LipL32" primers for detection of DNA from pathogenic *Leptospira* spp. in environmental samples. The optimization of the "LipL32" RT-PCR protocol, using a TaqMan probe, was performed with four pure cultures representing four pathogenic serovars of *Leptospira* spp., as well as a pool of five samples from each template studied: freshwaters and soils. The primers used in this study target a sequence of the lipL32 gene encoding the outer membrane lipoprotein LipL32, which is responsible for *Leptospira* virulence mechanisms, as well as its adaptation to environmental conditions. The Lower Limit of Detection (LLD) of the four different pathogenic *Leptospira* serovars was determined after a serial 10-fold dilution, as well as the LLD for the mixing experimets performed between these pathogenic *Leptospira* serovars and the two environmental templates under study. Analyzing the LLD of the four pure cultures of *Leptospira* spp. studied, we observed for all pathogenic serovars that the “LipL32” RT-PCR protocol allowed the detection of 1x100GE/µL, with a correlation coefficient that varied between R2=0.987 and R2=0.998. Regarding the “freshwaters” template, we observed that for all the mixing experiments performed with the four pathogenic serovars, the “LipL32” RT-PCR protocol allowed the detection of 1x100GE/µL, with a correlation coefficient that varied between R2=0.971 and R2=0.9978. Similarly, the mixing experiments performed with the “soils” template, allowed the detection of till 1x100GE/µL, with a correlation coefficient that varied between R2=0.989 and R2=0.9999. Overall, the “LipL32” RT-PCR protocol demonstrated its high sensitivity to detect low concentrations of pathogenic *Leptospira* DNA, in freshwater and soil samples, which altogether let us foresee its great potential on future epidemiological and molecular studies, focused on environmental risk assessment and disease prevention on human populations.

Mapping health literacy tools in sub-saharan africa: a scoping review

Neida Ramos[1], Inês Fronteira[1], Karina Kielmann[2], Maria do Rosário Martins[1]

[1] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

[2] Institute for Global Health & Development, Queen Margaret University, Edinburgh, UK

Low levels of health literacy are related to poor health seeking behaviour and may be indirectly related to poor health outcomes. Assessment of health literacy can be used by health and education system managers as a method of influencing health decisions to achieve better health outcomes. However, particularly in low and middle-income countries, there are limited scientific publications related to health literacy assessment. The current scoping review aims to review articles related to the assessment of adolescent and adult health literacy in sub-Saharan African countries. We conducted a scoping review on studies assessing health literacy in sub-Saharan African countries, following Arksey and O'Malley's methodological framework. Four databases (PubMed, Taylor and Francis online, Scopus, and Web of science) were searched for articles published between January 2000 and January 2020 under the topic "assessing health literacy in adolescents and adults in Sub-Saharan African countries". The search revealed 272 articles on the topic and 17 articles met the inclusion criteria. fourteen health literacy scales were identified. The instruments were developed in four different Sub-Saharan African countries, in Mozambique (n = 1), Nigeria (n = 5), Ghana (n = 2) and South Africa (n = 6). Two studies used demographic health survey data and six studies used general health literacy scales. We found that two instruments were designed to assess health literacy in populations with limited literacy who have local languages as their first language. This review sought to map the research on health literacy assessment in sub-Saharan Africa. Research in this field still limited, with much predominance of the more developed countries of the continent, such as South Africa and Nigeria. We found that there are few scales for measuring literacy that are adapted to the local context, people with limited literacy, and native African languages.

Frequência da febre e malária em Moçambique e fatores associados ao diagnóstico e tratamento

Vanessa Monteiro[1,2], Eduardo Samo Gudo[1], Isabel Craveiro[2]

[1] Instituto Nacional de Saúde de Moçambique, Moçambique

[2] Global Health and Tropical Medicine, GHTM, IHMT/NOVA, Lisboa, Portugal

A febre aguda é a principal causa de procura de cuidados médicos nos países em desenvolvimento. Nos últimos anos tem se verificado em África uma redução na incidência de casos de malária, mas este continua sendo um problema de saúde pública. A malária continua sendo endémica em Moçambique, com picos durante a época chuvosa. A falta de capacidade de diagnóstico para a confirmação de outras causas de febre tem sido apontada como uma das causas principais para que os clínicos não considerem outras causas e tratem a maioria dos casos de febre, mesmo com plasmódio negativo, como malária ou com antibióticos. A população pode não estar a procurar o tratamento em unidades convencionais de cuidados de saúde, sendo necessário conhecer as principais atitudes e práticas diante a um episódio de febre. Objetivos: Estimar a frequência da Febre e Malária em Moçambique, assim como os fatores associados ao diagnóstico e tratamento. Trata-se de um inquérito transversal, de base populacional. A amostra do estudo foi desenhada com base no censo de 2007, estratificada por província, incluiu apenas residentes em agregados familiares no qual foram incluídos 6.279 agregados em todas províncias de Moçambique. Foram incluídas todas as mulheres com idades compreendidas entre os 15-49 anos, e crianças dos 6-59 meses foram submetidas ao teste de malária por teste de diagnóstico rápido. A frequência da febre em 2018 em crianças menores de 5 anos nos agregados familiares era de 31%. Sendo que procura por cuidados de saúde foi de 63%. Cerca de 48% das crianças com febre nas últimas duas semanas anteriores ao inquérito foram testadas para malária sendo que a frequência foi de 39%. Cerca de 69% procuraram cuidados de saúde em unidades sanitárias, brigadas móveis, farmácias e agentes polivalentes elementares durante o episódio de febre. Entre estes, os medicamentos mais usados para o tratamento da febre foram o paracetamol 72,2%, antibióticos 22,7%, e antimaláricos 47,5%. A febre e a malária continuam sendo um problema de saúde pública em Moçambique. O TDR tem sido bastante útil no diagnóstico da malária em um contexto de recursos limitados pois ajuda a excluir o diagnóstico. Foi encontrado uma frequência de cerca de 31% de casos de febre, e cerca de 39% de casos positivos para malária em 48% destas crianças com histórico de febre. Comparativamente a anos anteriores a prevalência da malária manteve se relativamente estável tendo se verificado 40% em 2015.

Role of muscle in Spondyloarthritis

Atlas Mashayekhi Sardoo[1,2], Tatiana Vassilevskaia[1], Lúcia Amaral Domingues[2], Carolina Crespo[2], Santiago Manica[2,3], Agna Neto[2,3], Daniel Sobral[4], Jaime C Branco[2,3], Patricia Gomes-Alves[5], Celso Cunha[1], Fernando Pimentel-Santos[2,3]

[1] Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade NOVA de Lisboa, UNL, Lisboa, Portugal

[2] CEDOC, NOVA Medical School, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

[3] Centro Hospitalar Lisboa Ocidental, Hospital de Egas Moniz, Lisboa, Portugal

[4] Faculdade de Ciências e Tecnologia, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

[5] Instituto de Biologia Experimental e Tecnológica (IBET), Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Axial Spondyloarthritis (axSpA) is a chronic, inflammatory rheumatic disease that affects the axial skeleton, causing pain, stiffness and fatigue. Genetics and Environmental factors (microbiota and microtrauma) are the known causes of disease susceptibility and progression. The decisive role of biomechanical stress as an inducer of enthesitis and new bone formation is stablished. Hence, we hypothesise that continuous endogenous microtrauma promoted by muscle may be a trigger for axSpA susceptibility and progression through its effects on enthesis. We aimed to identify differentially expressed genes and proteins related with muscle, that may improve the current knowledge of axSpA physiopathology. A cross-sectional study was conducted on 48 participants aged 18 to 50 years old. axSpA patients (according to ASAS classification criteria, symptoms duration <10 years) were matched with Healthy Controls by gender, age and levels of physical activity. Epidemiological, clinical and muscle characterization data were registered: a) physical properties (stiffness, tone and decrement); b) mass; c) strength; d) performance. Peripheral blood samples were collected to be used for omics approaches. Gene expression assessment was performed by RNA-Seq technology and RT q-PCR (confirmation step) and Proteomic studies analysis by Mass Spectrometry. Results:24 axSpA patients were studied, 66.7% male with mean age of 36.8±7.4 years old. From total patients, 100% were HLA-B27 positive, mean BASDAI (2.7±2.3) and BASFI (0.9±3.1). We observed in axSpA patients a reduction in muscle strength and performance with maintenance of muscle mass and physical properties. The set of RNA-sequencing analyses revealed 76 significantly differentially expressed genes and also highlighted the impact of inflammation (JAK-STAT), Innate Immune system and muscle associated genes. From 15 selected genes based on the level of expression and physio-pathological relevance, 4 were confirmed by RT q-PCR. On the proteomics side, the detected and quantified proteins mostly contribute to inflammatory and immune response pathways. Further integration between proteomics and transcriptomics (vis sPLSDA analysis) data reveals significant separation between patients and controls. The new evidence disclosed that regulation of muscle development and myofibril assembly may be also engaged in physiopathology mechanisms of axSpA. These cues open new perspectives for diagnosis and therapeutic/preventive approaches in axSpA.

INSTITUTO DE HIGIENE E MEDICINA TROPICAL
Universidade Nova de Lisboa
Rua da Junqueira, 100 1349-008 Lisboa
http://ihmt.unl.pt

INSTITUTO DE HIGIENE E
MEDICINA TROPICAL
DESDE 1902