

DISSERTAÇÕES DE MESTRADO



Cd rom in

2008 a 2016

RESUMOS

UNIVERSIDADE NOVA DE LISBOA

Instituto de Higiene e Medicina Tropical

Biblioteca

ALDEIA, Adriana Manuela Sardiña (2016) Identificação molecular de bactérias do género <i>Leptospira</i> em coleções de água doce no distrito de Leiria. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	14
CALADO, Joana Lourenço Messias Calado (2016) Perfil de resistência aos antibióticos e caracterização molecular de estirpes resistentes de <i>Neisseria Gonorrhoeae</i> e isoladas numa população de homens que têm sexo com homens da área Metropolitana de Lisboa. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.....	15
CARVALHO, Maria de Fátima Mendes (2016) detecção de <i>Bacteroides SPP</i> e <i>Prevotella SPP</i> em amostras por PCR em tempo real. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	16
CONCHINHA, Bruno Filipe Medinas (2016) A fauna malacológica da albufeira do alqueva: uma nova visão face às alterações climáticas. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	16
FERREIRA, Fábio André Dias (2016) Genotipagem do vírus citomegalálito humano na infecção congénita. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	17
LOPES, Elizeth do Rosário Delgado (2016) Desenvolvimento de novas estratégias para a avaliação de compostos com potencial terapêutico para a tuberculose e outras micobactérias. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.....	18
LOURENÇO, Nicole Rodrigues (2016) Detecção e caracterização de adenovírus em amostras fecais de primatas não humanos em cativeiro. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade Biologia Molecular em Saúde Tropical e Internacional, IHMT, Lisboa.....	19
MACHADO, Catarina Raquel Adrião (2016) Rastreamento neonatal de infecção citomegálica. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.....	20
NASCIMENTO, Marta Maria Almeida Dias do, (2016) Desenvolvimento e optimização da técnica Lamp (<i>LOOP-Mediated isothermal DNA amplification</i>) para a identificação das principais genoespécies do complexo <i>Borrelia burgdorferi sensu lato</i> . Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	21
PACHECO, Ana Carolina (2016) Caracterização da resposta imunoinflamatória na coinfeção <i>Dirofilaria</i> spp. – <i>Wolbachia</i> spp. No cão. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas em especialidade em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	22
MURTINHEIRA, Fernanda Ivanira Henriques (2016) Estudo da resistência de <i>Plasmodium falciparum</i> à artemisinina e derivados: desenvolvimento e implementação de testes <i>in vitro</i> para avaliação da viabilidade. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade em Biologia Molecular em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	23
PALMEIRIM, Marta Sólveig (2016) Knowledge is not enough: the role of health education in reducing soil-transmitted helminths and <i>Schistosoma mansoni</i> infections in schoolchildren in rural Côte d'Ivoire. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	23

ROCHA, Eveline da Luz Rendall (2016) Parasitoses intestinais numa população de idade pediátrica do Hospital Prof. Doutor Fernando Fonseca. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	25
TEMPORÃO, Adriana Beatriz Oliveira (2016) Different Models of DNA immunization as Strategy for Vaccine Development Against African Trypanosomiasis. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade de Biologia Molecular em Saúde Tropical e Medicina Internacional IHMT, Lisboa.	25
SANTOS, Inês Silvano Nunes dos (2016) Optimização do trabalho de enfermagem para melhorar a adesão da higiene das mãos numa unidade de cuidados intensivos polivalente: Aplicação da Metodologia Lean. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	26
SIMÕES, Ana Sofia Mourão (2016) Contribuição do efluxo para a aquisição de resistência aos antibióticos em isolados clínicos de <i>acinetobacter baumannii</i> . Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	28
ALMEIDA, Débora Joana Rodrigues Lopes de (2015) Papel das regiões C2-V3-C3 na indução de anticorpos neutralizantes anti- VIH-2. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	29
BENTO, Maria Gabriela Grego Rodrigues (2015) Assessment of the level of high level of oxacillin resistance in contemporary clinical methicillin-resistant <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) strains. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	30
BOUÇA, Ana Vieira Neves (2015) Alimentação e actividade física em adultos jovens, com e sem filhos, na Cidade da Praia em Cabo Verde. Dissertação de Mestrado em Saúde de Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	31
BRAVO, Afonso Martins (2015) the influence of exoribonucleases in the regulation of stress related small RNAs. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	32
CAÇO, João Manuel Mata (2015) Virulence gene detection and expression in <i>Streptococcus Dysgalactiae Subsp. Dysgalactiae</i> strains and evaluation potential. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	33
CARAPETA, Sara Sofia Costa (2015) Identificação de negevírus em mosquitos colhidos no sul de Portugal e análise da sua replicação. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	33
CASINHAS, José Miguel Fonseca Casinhas (2015) Biochemical study of Polynucleotide Phosphorylase from the foodborne pathogen <i>Campylobacter jejuni</i> Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica , IHMT, Lisboa.....	34
CLARO, Mafalda Sofia da Silva (2015) Análise da memória celular hepática na infecção por <i>Leishmania infantum</i> . Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	35
COROA, Cláudia André Figueiredo (2015) Detecção da infecção pelo vírus da imunodeficiência humana (HIV) em fluido oral de homens que fazem sexo com homens (HSH) da região da Grande Lisboa Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	36
COSTA, Liliane Peralta da (2015) Associação do tempo de residência dos imigrantes em Portugal com o excesso de peso e a ingestão alimentar. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	37

EUSÉBIO, Ana Sofia Sancho (2015) Determinantes genéticos de virulência e de resistência aos antibióticos em isolados uropatogénicos de <i>Escherichia coli</i> provenientes da comunidade e do hospital. Dissertação de Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	38
FERNANDES, Mariana Rafael (2015) Caracterização da internalização de fármacos antileishmania e novos compostos por macrófagos parasitados por <i>leishmania</i> spp.. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa	39
GABRIEL, Marta Isabel Martins (2015) Resposta imunitária inflamatória de macrófagos na presença de inibidores de efluxo. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade em Biologia Molecular, IHMT, Lisboa.	40
MONTEIRO, Joana Patrícia Molato Figueiredo Lopes (2015) Caracterização bioquímica e propriedades biológicas de diferentes metaloproteínas de tripanossomatídeos (<i>Leishmania</i> spp., <i>Trypanosoma cruzi</i> e <i>Trypanosoma brucei brucei</i>). Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	40
MUGGLI, Zélia Maria Araújo da Silva (2015) Impacto da crise económica na saúde das crianças: análise das percepções de Profissionais de Saúde do ACES de Sintra, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.....	41
NUNES, Mariana dos Santos (2015) Caracterização de infecção por <i>Neisseria gonorrhoeae</i> E <i>Chlamydia trachomatis</i> em utentes de unidades de rastreio de infecção pelo VIH e outras infecções sexualmente transmissíveis, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.....	43
PEDRO, Tânia Raquel de Sousa (2015) Reavaliação dos nichos ecológicos de <i>Streptococcus pneumoniae</i> em adultos com mais de 60 anos por PCR em tempo real, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	43
PORTINHA, Inês Cunha (2015) Exploring the evolutionary link between biofilms and spores formation in spore-formers, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.....	44
Ramalhete, Sara de Castro Gonçalves (2015) Exploring the relationship between toxin and spore production in the human enteric pathogen <i>Clostridium difficile</i> . Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	44
RIBEIRO, Marta Maria Ramos Soares (2015) Aplicação de anticorpos recombinantes para o diagnóstico da pneumocistose, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	45
SEQUEIRA, Daniela Filipa Policarpo (2015) Explorar a versatilidade das células de insecto para a produção de VLPs do vírus da gripe, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	46
SILVA, Joana Filipa Gomes da (2015) Characterization of the major autolysin in <i>Staphylococcus aureus</i> , Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	47
TAVARES, Carla Alexandra Dimas (2015) Identificação e caracterização genética de vírus entéricos (norovírus, astrovírus e adenovírus) em crianças com diarreia aguda em Angola., Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	47
ALVES, Gonçalo Nuno da Costa Martins (2014) Ferramentas para o controlo de formas larvares de <i>Aedes (Stegomyia) aegypti</i> (Diptera: Culicidae) na cidade do Funchal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	48

BOLAS, Ana Sofia Valério (2014) Atividade oxidativa e não oxidativa de células fagocitárias expostas a protozoários do género <i>Leishmania</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	49
CÁ, Baltazar (2014) Importância Epidemiológica dos Roedores como Reservatório de <i>Leptospira spp.</i> na Cidade de Bissau (Guiné - Bissau) e áreas limítrofes, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	50
CARRUJO, Daniela Alves (2014) A satisfação laboral dos enfermeiros da Unidade Hospitalar de Portimão – Centro Hospitalar do Algarve perante o actual contexto de crise económica, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	52
CARVALHO, Maria da Conceição Baleia (2014) ART-qPCR como ferramenta de diagnóstico da infecção por <i>Pneumocystis jirovecii</i> . Dissertação de Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa	53
CASTRO, Rafaela Dorileo (2014) Caracterização genética da Glucano Sintetase de <i>Pneumocystis jirovecii</i> . Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa	54
CRISTÓVÃO, José Manuel Martins (2014) Monitorização do risco da exposição à leishmaniose zoonótica. Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	55
FERNANDES, Mariana Rafael (2015) Caracterização da internalização de fármacos antileishmania e novos compostos por macrófagos parasitados por <i>leishmania spp.</i> . Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa	56
FERREIRA, Carla da Silva (2014) A <i>Saccharomyces Cerevisiae</i> como modelo para o estudo toxicológico de canabinoides sintéticos e os seus produtos de pirólise. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	57
FERREIRA, Sandra Cristina dos Reis (2014) Expectativas face à vida profissional dos futuros médicos, em Portugal: estudo qualitativo. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	58
LEMOS, Joana Catarina Matias de (2014) Prevalência e distribuição de coinfeção por dirofilariose e Leishmaniose Canina em Portugal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	59
MARINHO, Aline Teixeira (2014) Newinsights on nevirapine use: A mechanistic perspective of its toxic events, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa	59
MARTINS, Vanessa Alexandra Agostinho (2014) Perfil de anticorpos anti- <i>Plasmodium falciparum</i> e citocinas pró-inflamatórias em indivíduos com suspeita clínica de Malária, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical. IHMT, Lisboa.....	60
MATOS, Patrícia Sofia Galveia de (2014) Estimação dos custos dos internamentos hospitalares associados à Hipertensão arterial na População Portuguesa Continental entre 2006 e 2012 e factores associados, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	61
MENDES, Tiago Manuel Fernandes (2014) Avaliação do envolvimento das bombas de efluxo na fármaco-resistência ao Praziquantel em <i>Schistosoma mansoni</i> . Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	62
MIXÃO, Verónica de Pinho (2014) Identificação dos mosquitos vectores dirofilariose canina em Portugal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	63

NASCIMENTO, Jussara Cursino do (2014) Os Inquéritos Nacionais de Saúde: Pertinência e validade na produção do conhecimento de base para planeamento de políticas de saúde no âmbito das Doenças Crónicas Não Transmissíveis, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	64
NDEYANELAO, Elsa Graciana Estanislau (2014) Leptospirose humana na Província da Huíla: rastreio serológico e molecular de doentes assistidos no Hospital Central Dr. António Agostinho Neto, Lubango (Angola), Dissertação em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	66
OLIVEIRA, Marta M. de FIGUEIREDO (2014) Optimization of screening methods for the evaluation of the antileishmanial potential of halophytes and macroalgae from the Iberian Coast, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	67
ROSA, Pedro Miguel Saraiva (2014) Análise de factores de transmissão Nosocomial de Parasitas Intestinais: Estudo de caso do Hospital Geral dos Cajueiros, Luanda, Angola, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	68
SILVA, Liliana Catarina Nunes e (2014) Plantas medicinais da Guiné Bissau: Estudo da sua actividade biológica e caracterização química. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	69
SILVA, Mariana Albuquerque da (2014) <i>Schistosoma mansoni</i> e resistência ao Praziquantel em modelo animal. Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	70
SILVA, Rita Magano da (2014) Caracterização Clínica e Radiológica da Tuberculose Pulmonar em Crianças Infectadas e não infectadas por VIH na Guiné-Bissau. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	71
TAVARES, Maria de Fátima (2014) Vacinação: Conhecimentos e atitudes da população dos bairros carenciados do Concelho do Seixal. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	72
TOMÁS, Ana Luísa Regatão (2014) Novas abordagens no diagnóstico serológico da pneumocistose. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	74
VICENTE, José Luís Cravo (2014) Estudo de parâmetros entomológicos com importância para a transmissão de malária por <i>Anopheles gambiae s. l.</i> na Guiné-Bissau. Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	75
ALBUQUERQUE, Andreia Filipa Ramos Ribeiro de Lemos (2013) Comportamento biológico “in vitro” de “novas espécies” de Leishmania no Velho Mundo. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	76
ALVES, Cátia Filipa da Cruz (2013) Estudo de Avaliabilidade. Análise do contexto e lógica do projecto europeu “Investigação epidemiológica e prevenção do VIH/ISTs entre homens que têm sexo com homens – SIALON II”. Estudo de caso na Região de Lisboa e Península de Setúbal, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	77
AZEVEDO, Vanessa Sophia Saavedra (2013) Leptospirose e Fasciolose: interações imunológicas no polimorfismo do quadro clínico de doentes de São Miguel (Açores), Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	78
CARDOSO, João Nobre (2013) patologia e parâmetros oculares em doentes com infecção pelo VIH- Avaliação antes e após terapêutica Antirretrovírica Combinada, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	79

COSTA, Maria João Barbosa Berhan da (2013) Determinantes sociais das desigualdades na Saúde dos Portugueses: Estudo ao nível dos Municípios, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	80
FAUSTINO, Ana Catarina (2013) Cultura Organizacional na área do Diagnóstico por Imagem – Percepção dos Coordenadores do CHLC, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	81
FERNANDES, Camila Borges (2013) Caracterização de múltiplos polimorfismos de <i>Pneumocystis Jirovecii</i> por multiplex-PCR/Single base extension, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	82
FERREIRA, Daniela (2013) Sequenciação e análise do genoma de um presumível flavivírus isolado de <i>Aedes (Ochlerotatus) caspius</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	83
JOÃO, Esmeralda Clarisse Beth Sacato (2013) Etiologia das infecções fúngicas vaginais na região de Lubango – Huíla e a resistência aos fármacos antifúngicos. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas,	84
LEAL, Ana Moreira (2013) Migração de enfermeiros portugueses na Europa. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.....	85
MARTINS, Raquel Alexandra Carita Machado Mota (2013) Detecção de <i>Neisseria gonorrhoeae</i> em amostras de urina de utentes de uma consulta de venereologia, Dissertação de Mestrado de Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	86
MOREIRA, António Lima (2013) Diagnóstico tardio da infecção por VIH na Ilha de Santiago, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	88
PATROCÍNIO, Gilberta Maria Inácio (2013) Prevalência de anticorpos Anti- <i>Toxoplasma gondii</i> em grávidas na Província de Luanda, Angola, e estudo dos factores de risco. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	88
PINTO, Liliana Maria Granja Ventura (2013) Determinantes sociodemográficos e comportamentais do consumo e da variedade de fruta e vegetais em adolescentes, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa	89
SOUSA, Carina Pires de (2013) Caracterização bioquímica de metaloproteinases de parasitas tripanosomatídeos, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	91
TEIXEIRA, Ana Filipa Gonçalves (2013) Clonagem e expressão génica de potenciais candidatos antigénicos de <i>Trypanosoma brucei brucei</i> , Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	91
VIDEIRA, Marco André Moras (2013) Estudo dos antiporters Na ⁺ /H ⁺ NhaC e NhaE de <i>Neisseria meningitidis</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	92
VIEIRA, Patrícia Manuela da Silva (2012) Caracterização genética de <i>Cryptosporidium</i> spp. em amostras biológicas de humanos e animais provenientes da Roménia: comparação com as características dos organismos obtidos das populações humana e animal portuguesa, Dissertação de Mestrado em ciências biomédicas, IHMT, Lisboa.....	93
FERRÃO, Ana Filipe (2012) Estudo Piloto sobre a prevalência da doença de Chagas em grávidas latino-americanas em Portugal, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	95

FIGUEIRA, Ana de Sousa (2012) Análise por RAPD PCR de genes envolvidos na resistência ao Praziquantel em <i>Schistosoma Mansoni</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	95
GOMES, Filipa Bento (2012) Determinação e comparação de genótipos de <i>Candida albicans</i> pelo método de PCR com base nos polimorfismos da região 25S rDNA e das sequências ALT/RPS, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	96
GUIMARÃES, Raquel Xavier (2012) Vulvovaginites em gestantes atendidas em centros de saúde do Município de Sobral Ceara Brasil, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa	97
MARQUES, Bertina Antunes (2012) Diagnóstico da tuberculose latente na região de Almada: comparação dos resultados de utilização do teste tuberculínico com o teste IGRA, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	98
NAZÁRIO, Carlos da Silva (2012) Desenvolvimento de métodos moleculares para deteção de <i>Trypanosoma spp</i> em glossinas (Diptera Glossinidae) da República da Guiné Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa	99
OLIVEIRA, Dinamene de Matos (2012) Prevalência de parasitas intestinais em crianças a frequentar a escola primária no Bairro Lucrécia no Lubango Angola e sua relação com o estado nutricional e anemia, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	100
PINTO, Antónia Trindade (2012) Resistência mediada por efluxo em <i>Escherichia coli</i> : novas estratégias terapêuticas utilizando antibióticos e inibidores de efluxo, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	101
REQUIXA, Maria Teresa (2012) Investigação sobre a Malária em Moçambique: utilização dos resultados na tomada de decisão dos programas de controlo, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa	102
SEIXAS, Gonçalo Rocha (2012) <i>Aedes Stegomyia aegypti</i> (Diptera Culicidae) da Ilha da Madeira: origem geográfica e resistência aos insecticidas, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	104
SERINGA, Maria Margarida (2012) Utilidade clínica do (1→3)-β-D- glucano como marcador laboratorial no diagnóstico de pneumonia por <i>Pneumocystis jirovecii</i> , Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	105
SILVA, Ana Abreu (2012) Infecções sexualmente transmissíveis em utentes que recorrem à consulta de DST no Centro de Saúde da Lapa: relação entre conhecimentos, atitudes e práticas de prevenção e a prevalência de infecções sexualmente transmissíveis, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, 2012.....	105
SILVA, Carolina Antero da (2012) Parasitoses intestinais e sua relação com a desnutrição moderada e severa em crianças dos 0 aos 59 meses internadas no Hospital Pediátrico do Lubango Angola, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	106
VELEZ, André Marques (2012) Produção de Virus Like Particles (VLPs) do vírus Chikungunya (CHIKV), Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	107
ABREU, Paulo José Alves (2011) Transição de saúde e nutrição na Era da globalização e da urbanização – Avaliação do perfil antropométrico de crianças e adolescentes escolares e percepções	

das alterações alimentares dos respectivos encarregados de educação, Ilha do Fogo, Cabo Verde, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT Lisboa	108
ALMEIDA, António Pinto (2011) Produção e caracterização de antigénios de “ <i>Fasciola gigantica</i> ” e sua avaliação no imunodiagnóstico de Fasciolose, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa	110
AMARAL, Ana Marta (2011) Contributos para o planeamento de uma política de Recursos Humanos da Saúde para Moçambique – Análise de situação sobre os processos de gestão e o que deve ser contemplado num Plano de Desenvolvimento dos Recursos Humanos da Saúde em Moçambique segundo um grupo de responsáveis pela gestão de nível provincial, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.....	111
BANDEIRA, Rita Sá da (2011) Caracterização clínica e molecular da infecção por <i>Giardia duodenalis</i> em crianças em idade pré-escolar da cidade de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa	113
BEJA, André (2011) Problemas de saúde nos países desenvolvidos e planeamento estratégico: evolução das políticas e estratégias de prevenção e combate à pré-obesidade e obesidade infantil e dos jovens em Portugal, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa	114
BETTENCOURT, Joana (2011) Factores associados ao Teste do Vírus da Imunodeficiência Humana numa Amostra de Homens que têm sexo com homens em Portugal, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT; Lisboa	115
BRANCO, Sofia Isabel (2011) Estudo dos flebotomos (<i>Diptera, Phlebotominae</i>), vectores de <i>Leishmania</i> sp. No Concelho de Torres Novas, Portugal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	116
CABRAL, Henrique Mendes (2011) Impacto da ecografia de bolso no diagnóstico e gestão terapêutica em zonas remotas, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	117
CARVALHO; Eliane Arez de (2011) Estrutura Genética de Populações de <i>Glossina palpalis gambiensis</i> (Diptera: Glossinidae) na República da Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	118
CARVALHO, Patrícia (2011) Prevalência de parasitoses intestinais nas crianças e conhecimentos, atitudes e práticas dos encarregados de educação – estratégias de intervenção (Ilha do fogo, Cabo Verde), Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	119
CORREIA, Débora dos Santos (2011) Moluscos hospedeiros intermediários de tremátodes: Estudo molecular de <i>Helisoma</i> sp. (Gastropoda: Planorbidae) de diferentes áreas geográficas, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	121
CORREIA, Mónica Alexandre Ramos (2011) Políticas de incentivo à natalidade, maternidade e parentalidade nos 27 países da União Europeia, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	121
COSTA, Sónia Fernandes da (2011) Flaviviruses in mosquitoes from Southern Portugal, 2009-2010, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT Lisboa	122
CURTO, Ana Luísa (2011) Saúde ocupacional em Portugal: O Caso do Serviço de Saúde Ocupacional da Câmara Municipal de Almada, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	123

FARINHA, Ana Cristina Oliveira (2011) Metaciclologénese de <i>Leishmania sp</i> in vitro – Análise cinética e morfológica, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	125
FERREIRA, Susana (2011) Conhecimentos e comportamentos face à infecção do VIH SIDA em migrantes africanos e brasileiros residentes na área metropolitana de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	126
FILIPE, Lia Filipa Martinho e (2011) Nova abordagem no diagnóstico de infecções invasivas por fungos do género <i>Aspergillus</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	127
FRANCISCO, Samuel Nuno Furtado da Conceição (2011) Aplicação de sistemas moleculares na detecção rápida da MDR-TB e XDR-TB, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	128
FREITAS, Cláudia (2011) Estudo da actividade angiogénica na <i>nurse cell de trichinella spiralis</i> no decurso da triquinose em modelo roedor, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	129
GONÇALVES, Daniel (2011) Efeito da Minociclina em <i>Mus musculus</i> infectados com <i>Trypanosoma brucei brucei</i> , Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	130
GREGÓRIO, João Pedro Bernardo (2011) Análise de cenários para o planeamento de recursos humanos da Saúde: o farmacêutico comunitário em Portugal, 2020, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	131
JOAQUIM, Filipa (2011) O Processo de tomada de decisão familiar de institucionalizar um parente idoso com demência e as equipas de cuidados primários de saúde, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	132
LACERDA, Teresa Margarida Morais (2011) Schistosomose em modelo murino: estudo sobre granuloma hepático causado por ovos de <i>Schistosoma mansoni</i> , Dissertação de Mestrado de Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	132
LEONE, Cláudia (2011) Competências de Gestão dos profissionais de Saúde: estudo de caso sobre as percepções dos Directores Executivos dos agrupamentos dos centros de saúde no contexto da reforma dos cuidados Primários, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	133
LIMA, Sónia (2011) Estudo de caso-controlo da associação entre a infecção por <i>Giardia duodenalis</i> e a desnutrição em crianças dos 0 aos 59 meses numa região rural da Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	134
LOBO, Maria Teresa de Azevedo Figueiredo Nunes (2011) Contribuição para o estudo das parasitoses em Portugal: Helmintas intestinais em crianças escolares do concelho de Palmela, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	135
LOPES, Sérgio (2011) Agentes de saúde comunitária: Formar ou reformar? – Estudo longitudinal de avaliação do impacto da formação no desempenho dos agentes da Saúde Comunitária na região sanitária de Bolama, Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	136
LOPES, Sofia Castro (2011) Profissionais de saúde da Guiné- Bissau em Portugal por detrás do ir e voltar, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	137

LUCENA, Aldina (2011) Fisioterapia em Portugal – As representações sociais dos médicos, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	138
Manteigas, Paulo (2011) Um ensaio para Estimar o Custo da Leptospirose na Ilha de São Miguel, Açores, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	139
MENDONÇA, Joana Teixeira da Silva (2011) Risco de introdução de novas espécies de Leishmania na Região do Algarve, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT. Lisboa.	140
METZ, Dominik (2011) Beriberi epidemic within rural Muslin fishing communities in Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Medicina Tropical, IHMT, Lisboa.	141
NETO, Eduardo de Oliveira Cunha (2011) Contribuição para o estudo de geohelmintas em parques infantis de Brasília – Brasil, Mestrado em Parasitologia Médica. IHMT, Lisboa.	142
PEQUITO, Joana Rita Ameixial (2011) Transglutaminases do mosquito <i>Anopheles gambiae</i> : Caracterização genética, bioquímica e funcional durante a infecção por <i>plasmodium berghei</i> , Dissertação de mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	143
PINHO, Leonor Duarte (2011) Protecção individual à picada de mosquitos: Avaliação laboratorial e no campo do efeito repelente de vestuário tratado com insecticidas ou repelentes, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	143
RAMOS, Élia (2011) Estudo da actividade gametocitocida de derivados da primaquina, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	144
REGO, Inês Tomás (2011) Políticas Públicas saudáveis: Estudo de caso português, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	145
SEVIVAS, Tânia Vanessa dos Santos (2011) Prevalência de anticorpos anti-Toxoplasma gondii em grávidas, na região de Lisboa e Vale do Tejo e estudo dos factores de risco, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	146
SIMÃO, Ana Catarina (2011) Infecções por <i>Tinea capitis</i> em meios desfavorecidos da periferia de Lisboa – Estudo em crianças do Bairro de Santa Filomena, Concelho da Amadora.	147
SOUSA, Sara (2011) A relação entre o estatuto económico e os conhecimentos e comportamentos acerca da malária, na região de Gaza, Moçambique, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	148
TAVARES, Isabel Farinha (2011) Concepções do viajante e adesão à quimioprofilaxia da Malária – Estudo em Consulta do Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	149
BRANCO, Cristina Vieira (2010) Caracterização genética de estirpes do vírus GBV-C circulantes na Região Metropolitana de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	150
CABANAS, Joaquim Soares (2010) Polimorfismos da Região da Integrase, do gene Pol, em doentes infectados por VIH-1, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	151
CARDOSO, Sheila de Almeida (2010) Schistosomose urinária e helmintoses intestinais: contribuição para o estudo clínico-epidemiológico e da resposta imune humoral na comunidade angolana: Província do Bengo (Ibêndua, Sungue e Úlua), Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	152

CASTRO, Sandra Videira e (2010) Diversidade genética e resistência aos anti-retrovirais inibidores enzimáticos de vírus do Vírus da Imunodeficiência Humana Tipo 1 (HIV-1) de uma população de toxicodependentes por via endovenosa da Grande Lisboa, IHMT, Lisboa.....	153
CERCA, Pedro Rodrigues (2010) Identificação de micobactérias não tuberculosas através de métodos moleculares não comerciais, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	154
COPETO, Sandra Ferreira (2010) Contribuição para o Diagnóstico Molecular das Onicomioses, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	155
COSTA, Susana Santos (2010) Caracterização preliminar da Bioenergética do Efluxo pelo sistema AcrAB-To1C em <i>Escherichia coli</i> , Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa	155
EVARISTO, Miguel do Rosário (2010) Biological activity of well defined hydantoin derivatives on efflux pump systems of bactéria and cancer cells, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, lisboa	156
FREITAS, Ferdinando (2010) Desenvolvimento de um Ensaio de Hibridação Múltipla (<i>MHA – multiple region hybridization assay</i>) para indentificação presumível de vírus da imunodeficiências humana do tipo 1 (HIV-1) dos subtipos B, G E de formas recombinantes CRF14_BG E CRF02_AG em Portugal, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa	158
GOMES, Fábria (2010) Implementação do método de suspensão quantitativa para avaliar a actividade bacteriana de desinfectantes químicos, de acordo com a Norma Europeia EN1040, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	159
GUERREIRO, Cátia (2010) A adaptação ao Processo de Mudança da forma de Administração de Adalimumab 40mg- Perspectiva da Enfermeira, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	160
LEAL, Silvânia da Veiga (2010) Aplicação da Técnica de “Nested PCR” durante o período pré-patente para identificação de <i>Schistosoma mansoni</i> no hospedeiro intermediário <i>biomphalaria glabrata</i> ...	161
LOBATO, Cristina (2010) <i>Chlamydia trachomatis</i> infecção na grávida e no recém-nascido, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	162
MAGALHÃES, Zúzeca (2010) Infecção por <i>Chlamydia Trachomatis</i> : Conhecimentos, Atitudes e práticas de uma população de estudantes universitários das áreas da Saúde, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	163
MANSOIA, Ana (2010) O erro nos cuidados de enfermagem a indivíduos internados numa unidade de cuidados intensivos – Estudo de caso sobre as representações dos actores de uma unidade pós cirúrgica de um Hospital Português, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	164
MARTINS, Lisa Silva (2010) Variação genética de duas estirpes de <i>Biophalaria glabrata</i> SAVY, 1818 nos períodos pré e pós Exposição a Miracídeos de <i>Schistosoma mansoni</i> Sambon, 1907.	164
MARTINS, Maria Margarida (2010) Conhecimentos e comportamentos sobre algumas infecções sexualmente transmissíveis dos alunos dos ensinos Básico e Secundário de uma escola da área Metropolitana de Lisboa.....	165

MIGUEL, Elisa (2010) Estudo da prevalência da Malária na Mulher Grávida Submetida ao Tratamento Intermitente e Preventivo com Sulfadoxina e Pirametamina e sua Associação com Anemia. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	166
MOREIRA, Susana (2010) Estudo da prevalência de excesso de peso e obesidade da população escolar do ensino básico das escolas públicas do concelho do Barreiro e identificação de alguns determinantes, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	167
PEREIRA, Ana Paula Vicente (2010) Identificação Molecular de Candidoses invasivas no Centro Hospitalar Cova da Beira, E.P.E. – Métodos Convencionais vs. Métodos Moleculares, Dissertação de Mestrado Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa	168
PEREIRA, Joel da Costa (2010) Avaliação do Impacto do Processo de Bolonha nos Enfermeiros em Portugal: Construção de um Modelo para Avaliação de Impacto de Políticas Intersectoriais, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	169
PEREIRA, Maria Caetano (2010) Comparação dos Utentes do Antigo Hospital do Desterro com os Utentes do Hospital de São José no acesso à consulta de Medicina Interna, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	170
RAMOS, Jorge (2010) Transporte de brometo de etídio através da parede celular de <i>Mycobacterium smegmatis</i> : desenvolvimento e aplicação de metodologias de quantificação do transporte e correlação com a resistência aos antibióticos, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa	172
REIS, Lígia (2010) O conhecimento sobre o medicamento e a literacia em saúde – Um estudo em adultos, utentes de farmácias do concelho de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.-	173
REISINHO, Ana Teresa (2010) Actualização da prevalência de Leishmaniose canina nos concelhos de Setúbal e Palmela, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.....	174
ROCHA, Maria Raquel Baptista do Espírito Santo (2010) Seroprevalência e subtipos do vírus da hepatite C circulantes em indivíduos co-infectados com o vírus da imunodeficiência humana, Dissertação de Mestrados em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	175
RODRIGUES, Rúben (2010) Aplicação de métodos moleculares ao diagnóstico de <i>Giardia lamblia</i> e de <i>Entamoeba spp.</i> , Dissertação de Mestrado em saúde Tropical, IHMT, Lisboa.....	176
SACCHETTI, Maria (2010) A malnutrição infantil numa área remota de Timor Leste influência das práticas e atitudes do enfermeiro e factores que as determinam, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	177
SANTOS, Francisco Flores (2010) Neuropatia Incapacidade e Aspectos Ortopédicos da Lepra na Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.	178
SERRAS, Ana Filipa Duque (2010) <i>Chlamydia trachomatis</i> : genótipos circulantes, comparação de métodos para o seu diagnóstico e necessidade do seu rastreio, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.	179
SILVA, Alexandre Maciel da (2010) Prevalência de parasitoses intestinais em crianças e funcionários de uma creche comunitária na comunidade “Entra a Pulso” da cidade de Recife, Pernambuco, Brasil: detecção e identificação de <i>Cryptosporidium spp</i> e <i>Giardia sp.</i> através de técnicas de biologia molecular, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	180

SILVA, Inês Filipa Horta Pancada Lopes da (2010) Tipagem molecular de isolados clínicos e ambientais de <i>Cryptococcus neoformans</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	181
VELEZ, Ângela (2010) Bioecologia e caracterização molecular de <i>Bulinus globosus</i> de Angola, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	182
VIEIRA, Carlota (2010) A reforma dos cuidados de saúde primários em Portugal – Caracterização das Unidades de Saúde em 2010, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	183
VICENTE, Cristina Maria Teixeira (2010) A relevância do factor de transcrição YAP5 de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na resposta ao excesso de ferro, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	185
VIVEIROS, Bela da Conceição Costa (2010) Estudo Bioecológico do <i>Aedes (Stegomyia) aegypti</i> (díptera: Culicidae) no arquipélago da Madeira, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	186
CALDINHAS, Paula Costa (2009) A cirurgia de ambulatório e o tempo de espera para cirurgia electiva: um estudo ecológico, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.....	187
ELOI, Marisa Benedita (2009) Identificação molecular de espécies clinicamente relevantes de <i>Aspergillus</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	188
CLAIROUIN, Isabel Neves (2009) Estudo dos Culicídeos (Diptera: Culicidae) nos cemitérios das Ilhas da Madeira e Porto Santo, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	189
MACHADO, Diana Oliveira (2009) Dinâmica fisiológica e mutacional da multirresistência em <i>Mycobacterium tuberculosis</i> , Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica.	190
MIRANTE, Maria Clara (2009) Contribuição para o estudo da caracterização molecular de uma colónia de <i>Gossina morsitans morsitans</i> , Westwood 1850 (Diptera: Glossinidae), Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	191
OLIVEIRA, Ana Cavalcante de (2009) Estudo delphi sobre o impacto das intervenções propostas ao “GAVI” para o fornecimento dos sistemas de serviços de saúde, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.	192
ROSADO, Joana de Carvalho (2009) Carne de consumo e risco de transmissão de <i>Toxoplasma gondii</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.....	193
RODRIGUES, Filipe Borges (2009) Estudo da colonização e infecção por estreptococos do grupo B em grávidas e recém-nascidos do Distrito de Santarém, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	194
BALDINO, Ana Coutinho (2008) Estudos da variabilidade dos níveis de expressão de genes envolvidos na metabolização de antimaláricos em <i>Mus musculus</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	194
BERNARDES, Carlos Pimenta (2008) Estudo da expressão de genes de aminopeptidase de <i>Anopheles Gambiae</i> após refeição infectante por <i>Plasmodium Berghei</i> , Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT. Lisboa.....	195

CARVALHO, Eduardo Esperança (2008) Diagnóstico laboratorial de micoses humanas métodos convencionais vs. métodos moleculares, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	195
CHAREPE, Nádía Borges (2008) Impacto da sobre-expressão de bombas de efluxo de estirpes <i>E. Coli</i> MDR clínicas na resistência aos compostos antimicrobianos, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	196
FIGUEIREDO, Jacinta Chaves (2008) Contribuição para o estudo da epidemiologia e morbilidade da Schistosomose Vesical na população adulta de Angola. Províncias de Luanda, Bengo e Kwanza Sul, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.	198
LOPES, Ana Laranjeira (2008) Variabilidade dos genes que codificam proteínas de adesão às bactérias Gram-negativas em mosquitos vectores de Malária, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	199
MARQUES, Patrícia Dias (2008) Avaliação de antigénios de <i>Trichiella Spiralis</i> no decurso da Triquinelose em modelo murino, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	199
REIS, Ana dos Santos (2008) Análise do gene codificante ubp-1 em isolados naturais de <i>plasmodium falciparum</i> , Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	200
REIS, Mariana Alves (2008) <i>Toxocara canis</i> : procura de novos tratamentos na medicina tradicional – estudo in vitro e in vivo, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.	201

ALDEIA, Adriana Manuela Sardiña (2016) Identificação molecular de bactérias do género *Leptospira* em coleções de água doce no distrito de Leiria. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

A Leptospirose é uma zoonose de distribuição mundial, causada por espiroquetas patogénicas do género

Leptospira, cujos reservatórios principais são os roedores, mas também outros mamíferos (suínos e bovinos), que podem excretar leptospiras pela urina durante meses ou anos. Estas bactérias podem sobreviver na água durante muito tempo, tornando-se esta um meio de transmissão de grande importância, destas bactérias. A população humana em contacto com água contaminada fica assim exposta a um elevado risco de infeção.

O objetivo desta investigação foi detetar/identificar molecularmente bactérias do género *Leptospira* presentes em coleções de água doce no Distrito de Leiria (Portugal), e avaliar o risco de Leptospirose, face ao contacto da população com estas águas.

Analisaram-se 100 amostras de água, obtidas em 15 locais no referido distrito (rios, fontes, fontanários, lagoas). Utilizaram-se três protocolos de PCR para deteção de DNA leptospírico: *i*) uma *nested*-PCR com *primers* universais designados (A e B), obtidos do gene *rrs* (16S) para espiroquetas do género *Leptospira*; *ii*) uma segunda

PCR (nas amostras positivas na primeira abordagem), usando *primers* (G1 e G2), desenhados no gene *secY*, presente em algumas espécies patogénicas de *Leptospira*; e *iii*) uma outra *nested-PCR*, com *primers* obtidos do gene *lipL32* codificante da proteína de superfície com o mesmo nome, comum a todas as leptospiros patogénicas. Foram sequenciados alguns dos produtos amplificados, e os resultados foram analisados por BLAST quanto à similaridade com sequências depositadas no *GenBank* para as espécies de *Leptospira*.

Foi detetado DNA de *Leptospira* spp., em 41 amostras, das quais 28 (68,3%) corresponderam a leptospiros patogénicas, tendo a maioria revelado uma elevada similaridade (98 - 99%) com a espécie *Leptospira interrogans*.

Os resultados obtidos mostraram a presença inequívoca de leptospiros patogénicas nas coleções de água doce na região de Leiria, estabelecendo um alerta para as Autoridades de Saúde locais, no sentido da intervenção na melhoria da qualidade da água de modo a prevenir-se o risco de Leptospirose.

CALADO, Joana Lourenço Messias Calado (2016) Perfil de resistência aos antibióticos e caracterização molecular de estirpes resistentes de *Neisseria Gonorrhoeae* e isoladas numa população de homens que têm sexo com homens da área Metropolitana de Lisboa. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

A infeção por *Neisseria gonorrhoeae* é a segunda infeção sexualmente transmissível mais prevalente na Europa. Atualmente, a terapêutica indicada para o tratamento da infeção por *N. gonorrhoeae* consiste na administração de ceftriaxona em combinação com a azitromicina. No entanto, foram relatadas falhas terapêuticas após a administração de cefalosporinas de terceira geração, a nível mundial.

A inexistência de uma alternativa à terapêutica de primeira linha, adequada e eficaz, torna imperativo a realização de vigilância epidemiológica de resistências, sobretudo nas populações de risco, como os homens que têm sexo com homens (HSH).

O conhecimento abrangente sobre a base genética associada a perfis de suscetibilidade e resistência aos antibióticos tem elevada importância, uma vez que os testes de amplificação de ácidos nucleicos estão a substituir rapidamente o método de cultura no diagnóstico de infeção por *N. gonorrhoeae*.

O teste de suscetibilidade aos antibióticos foi realizado para a penicilina, a tetraciclina, a espectinomicina, a ceftriaxona, a cefixima, a ciprofloxacina e a azitromicina, através dos métodos difusão em disco e Etest, de forma a obter-se o fenótipo de resistência de cada isolado de *N. gonorrhoeae* em estudo. Com base no fenótipo de resistência, pesquisou-se a presença de mutações nos genes *penA*, *mtrR*, *parC* e *gyrA*.

Assim, na população estudada (homens que têm sexo com homens) obtiveram-se 30 culturas positivas para *N. gonorrhoeae*, das quais 73% apresentaram resistência intermédia ou resistência à penicilina, 60% à tetraciclina e 37% à ciprofloxacina.

O reduzido número de casos positivos não permitiu retirar conclusões com valor estatístico quantitativo, no entanto, qualitativamente, permitiu compreender que as

mutações detetadas são idênticas às obtidas por outros autores, estando associadas a fenótipos de resistência.

CARVALHO, Maria de Fátima Mendes (2016) detecção de *Bacteroides* SPP e *Prevotella* SPP em amostras por PCR em tempo real. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Uma importante causa de morbidade e mortalidade no Homem é as infeções por bacilos de Gram negativo. A sua correta identificação é fundamental para a avaliação da doença e na implementação do tratamento adequado. No entanto, a cultura tem várias limitações, é um método demorado, laborioso e com relativa baixa sensibilidade. Estudos sugerem que muitos anaeróbios com significado clínico não são ou são erradamente identificados. Surge assim a necessidade de uma técnica que seja rápida e precisa, permitindo assim uma intervenção célere no diagnóstico destas infeções.

A utilização de técnicas de PCR na deteção de microrganismos tem revelado algumas vantagens, nomeadamente o aumento da sensibilidade e especificidade, a diminuição do tempo de resposta e a possibilidade de utilização de amostras durante a antibioterapia.

O objetivo deste trabalho foi a implementação de protocolos de PCR em tempo real (PCRtr) para a deteção, em amostras clínicas, de dois dos géneros mais prevalentes nas infeções por anaeróbios, *Prevotella* e *Bacteroides*, e a espécie *Bacteroides fragilis* cuja deteção foi abandonada por problemas na técnica de PCRtr. Os resultados obtidos foram comparados com os da cultura, de modo a avaliar as vantagens e limitações da técnica de PCRtr na deteção destes dois géneros em amostras clínicas.

Comparando os valores de sensibilidade, especificidade, valor preditivo positivo (VPP) e negativo (VPN) obtidos neste trabalho com os de outros estudos, podemos concluir que, no que diz respeito à sensibilidade e o VPP, os valores são baixos; mas os valores da especificidade e o VPN estes são concordantes.

Concluiu-se que a técnica de PCRtr pode ser uma ferramenta complementar na deteção de anaeróbios, sendo principalmente útil em amostras obtidas durante a antibioterapia de infeções graves e no caso de culturas negativas em infeções com elevada suspeição de conterem bactérias anaeróbias.

CONCHINHA, Bruno Filipe Medinas (2016) A fauna malacológica da albufeira do alqueva: uma nova visão face às alterações climáticas. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Os moluscos de água doce têm um importante papel na dispersão das parasitoses por trematódes, funcionando como hospedeiros intermediários dos parasitas. Dentro da classe Gastropoda, as famílias Physidae, Planorbidae e Lymnaeidae têm importância em saúde humana e animal, pois algumas das espécies são hospedeiros intermediários de trematódes digenéticos. A sua distribuição por toda a Europa tem sido bastante estudada.

A albufeira do Alqueva é, atualmente, o maior lago artificial da Europa e, ao longo da sua vasta extensão, pode apresentar locais adequados a servir de habitat a moluscos que sejam hospedeiros intermediários de trematódes digenéticos incluindo espécies causais de dermatites cercarianas em humanos. Esta albufeira faz parte da rota migratória de algumas espécies de aves, e é utilizada pela população para atividades de lazer e recreativas. Assim, torna-se pertinente investigar a existência de condições favoráveis à transmissão destas parasitoses, tal como se verifica em ecossistemas hidrológicos semelhantes noutras regiões da Europa.

Neste trabalho foram analisados 18 locais ao longo da albufeira do Alqueva e colhidos 582 moluscos, dos quais 570 foram identificados como *Physa acuta* (syn. *Physella acuta*).

Detetou-se eliminação de cercárias do tipo *Furcocercus cercaria* (\approx família Strigeidae), descritas como potenciais responsáveis pela ocorrência de dermatites cercarianas, apenas nos moluscos *P. acuta* colhidos no ancoradouro de Monsaraz, local bastante utilizado pela população.

A caracterização bioecológica dos habitats sugeriu que a temperatura é o fator com maior influência na dispersão dos moluscos, bem como na infeção dos mesmos por trematódes.

Recorrendo aos Sistemas de Informação Geográfica (SIG) foi criado um mapa preditivo da presença de moluscos com base em variáveis (temperatura, pH, condutividade e oxigénio dissolvido na água) medidas nos diferentes locais e baseado no modelo de máxima entropia – MaxEnt. O modelo estimou haver uma maior probabilidade da existência de moluscos nas zonas periféricas da albufeira.

A presença de aves residentes e migratórias no ancoradouro de Monsaraz, o único local onde se detetaram moluscos infetados com *F. cercaria*, poderá conduzir a uma dispersão do parasita para diferentes locais com presença de moluscos, e, portanto, potenciais focos de infeção.

Os resultados obtidos reforçam a necessidade de um estudo mais aprofundado deste ecossistema de modo a identificar o risco de ocorrência destas parasitoses zoonóticas emergentes.

FERREIRA, Fábio André Dias (2016) Genotipagem do vírus citomegalálito humano na infeção congénita. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

O CMV é o principal agente de infeção congénita, atingindo cerca de 0,2 a 2,2% de todos os recém-nascidos. Este agente exhibe uma imensa variabilidade genética principalmente nos genes que codificam glicoproteínas estruturais do invólucro. A

mais relevante é a glicoproteína B (gB) do vírus, codificada pelo gene UL55, sendo um importante alvo do sistema imunitário do hospedeiro humano. Com base nas variações de sequências deste gene, o vírus pode ser classificado em pelo menos, 4 genótipos distintos (gB1-4).

O objetivo do presente estudo foi determinar quais os genótipos para o UL55, presentes em amostras de casos de infecção congênita e/ou perinatal utilizando a técnica de PCR em tempo real. A confirmação dos resultados foi realizada por técnicas de sequenciação (Sanger e *Next-Generation Sequencing*) e por análise do polimorfismo do tamanho dos fragmentos de restrição (RFLP). No total, foram analisadas 36 amostras de urina e 20 amostras de líquido amniótico (LA), colhidos entre 2009 e 2016.

Das 35 amostras de urina genotipadas, em 29 foi detetado um genótipo (13 gB1; 7 gB2; 6 gB4; 3 gB3), sendo em 6 detetado mais do que um genótipo. Das 19 amostras de LA, em 17 foi detetado um genótipo (5 gB1; 5 gB2; 5 gB3; 2 gB4) e em 2 foi detetado mais do que um genótipo. Não houve amplificação em 2 amostras (1 urina e 1 LA).

Recorrendo às diferentes técnicas de confirmação, não foi possível confirmar a presença de infecções mistas nem de 5 gB4 detetados em amostras de urina.

A nível nacional, o gB1 parece ser o genótipo mais frequente na infecção congênita, em concordância com o descrito na literatura. Corroborámos também a ideia de que todos os genótipos estão envolvidos neste tipo de infecção.

Por PCR em tempo real foi possível assinalar a existência de infecções mistas, no entanto, estes dados devem ser alvo de melhor análise, dadas as contradições, principalmente em comparação com a sequenciação.

LOPES, Elizeth do Rosário Delgado (2016) Desenvolvimento de novas estratégias para a avaliação de compostos com potencial terapêutico para a tuberculose e outras micobactérias. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

A multirresistência aos antibióticos em micobactérias, em particular *Mycobacterium tuberculosis*, é hoje um problema de saúde pública global. Atualmente, para além da ocorrência de mutações, o efluxo de antibióticos é considerado um importante fator no desenvolvimento de resistência, abrindo novas perspetivas no desenho de esquemas terapêuticos para as infecções causadas por estirpes resistentes, nomeadamente pela combinação de antibióticos e inibidores de efluxo.

Nesta Dissertação, foi desenhado um modelo para rastreio e identificação de compostos com atividade antimicobacteriana e/ou inibitória de efluxo, usando duas estirpes isogénicas de *Mycobacterium smegmatis*; mc2155 (estirpe selvagem) e XZL1675 (mc2155 Δ lfrA), que diferem entre si na capacidade de efluxo, devido à deleção parcial da bomba de efluxo LfrA. Neste modelo, os compostos são avaliados através da determinação da sua concentração mínima inibitória (CMI) e da capacidade, a uma concentração subinibitória, de redução de CMIs de antibióticos e brometo de etídio (EtBr). Os compostos com CMIs baixas (20 μ M) são classificados como potenciais antimicobacterianos, enquanto aqueles capazes de reduzir ($\geq 4x$) a CMI de outros compostos são classificados como potenciais

adjuvantes. Dentro destes, a redução da CMI do EtBr, um substrato comum de bombas de efluxo, em conjunto com ensaios fluorométricos, são utilizados para distinguir potenciais inibidores de efluxo. Efeitos de sinergismo entre os restantes potenciais adjuvantes e os antibióticos são avaliados por ensaios de “checkerboard”. O modelo foi testado utilizando os compostos de referência clorpromazina, tioridazina e verapamil. Como esperado, o verapamil demonstrou ser o inibidor de efluxo mais eficaz, enquanto a clorpromazina e tioridazina apresentaram atividade antimicrobiana e de inibição de efluxo moderadas. De seguida, o modelo foi aplicado a três novos compostos, um fenilimidazolo (Q-15.252), que apresentou apenas atividade antimicrobiana moderada e dois tiazóisoxazóis (EA156 e EA160), que apresentaram atividade inibitória de efluxo, que no caso de EA160, foi superior à do verapamil.

Em conclusão, o modelo desenhado permite um rastreio rápido e económico de um elevado número de compostos em condições de biossegurança e a identificação de potenciais antimicrobianos ou inibidores de efluxo, como o composto EA160.

LOURENÇO, Nicole Rodrigues (2016) Detecção e caracterização de adenovírus em amostras fecais de primatas não humanos em cativeiro. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade Biologia Molecular em Saúde Tropical e Internacional, IHMT, Lisboa.

Os adenovírus (AdVs), vírus de genoma de DNA, sem invólucro e com simetria icosaédrica, infetam uma ampla gama de hospedeiros vertebrados. Os AdVs de primatas pertencem ao género *Mastadenovirus* distribuindo-se pelas espécies A a G humanas (HAdV-A a -G) e A símia (SAdV-A). Nos últimos anos, a vetorização de AdVs de primatas não humanos (PNH) para utilização em vacinas, terapia génica e oncoterapia estimulou o seu estudo e resultou na descoberta de novos vírus com relações filogenéticas complexas entre si e com os AdVs humanos e, nalguns casos, associados a transmissão zoonótica.

Neste estudo, 128 amostras fecais de 34 espécies de PNH assintomáticos (grandes símios, macacos do Velho Mundo, macacos do Novo Mundo, gibões e lémures) do Jardim Zoológico de Lisboa foram testadas relativamente à presença de AdVs através da amplificação, por *nested*-PCR, de duas regiões conservadas dos genes da DNA polimerase (DNA-Pol) (~650 pb) e do hexão (~380 pb). Em 82,8% das amostras foram detetados amplicões com o tamanho esperado para pelo menos um dos genes. A análise filogenética de 13 sequências da DNA-Pol e 24 sequências do hexão revelou uma grande diversidade genética dos AdVs detetados refletindo a variedade de espécies dos hospedeiros. Com base na análise filogenética, classificou-se tentativamente os AdVs de chimpanzés nas espécies HAdV-C e -E e de gorila e orangotango na HAdV-B. Quando sujeita a análise de recombinação por *bootscanning*, uma sequência de DNA-Pol muito divergente de AdV de chimpanzé revelou um evento raro de recombinação interespecífica envolvendo HAdV-B e -E. As sequências de AdVs de gibões, aqui identificados pela primeira vez, apesar de

agrupadas com HAdV-B, -C, -D e -E, são filogeneticamente muito afastadas podendo vir a constituir uma nova espécie. Relativamente aos AdVs dos macacos do Velho Mundo, as suas sequências surgem dispersas nas árvores filogenéticas dentro dos agrupamentos de HAdV-G e da recém-proposta SAdV-E ou ainda como ramos isolados que poderão corresponder a novos tipos ou mesmo espécies. Os AdVs identificados em saguins-imperador são filogeneticamente próximos do AdV previamente isolado de macacos-titi, outra espécie de macaco do Novo Mundo. Finalmente, foram obtidas pela primeira vez sequências nucleotídicas de AdVs de lémures, que se posicionam separadamente da árvore evolutiva dos AdVs de primatas, formando um agrupamento com sequências de AdVs de uma variedade de outros mamíferos, incluindo suínos, ovinos e equinos.

O tamanho das sequências nucleotídicas de AdVs analisadas é limitativo para a classificação inequívoca de muitos AdVs identificados, pelo que sequências completas dos genes alvo ou de genomas completos deverão futuramente ser obtidas. Paralelamente à deteção de genoma viral, as amostras fecais esterilizadas por filtração foram inoculadas em culturas contínuas de células humanas (A549), no caso dos grandes símios, de macaco-verde-africano (Vero E6), para as restantes espécies, ou ainda em células de suíno (PK15) para AdVs de lémures após análise filogenética. Obteve-se replicação viral para muitos dos AdVs potencialmente mais interessantes (e.g. eventuais novos tipos ou espécies), facto relevante para a sequenciação e caracterização dos respetivos genomas, bem como para a sua potencial utilização como vetores.

MACHADO, Catarina Raquel Adrião (2016) Rastreo neonatal de infecção citomegálica. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

O vírus citomegálico humano (CMV) é o principal agente de infeção congénita. Em Portugal, os estudos publicados apontam para uma prevalência desta infeção entre 0,7% e 1,1%. A importância do rastreio desta infeção é reconhecida desde há vários anos, mas as condições para a sua realização, de forma que seja técnica e economicamente viável, ainda não estão reunidas. A metodologia de *pools* de urina descrita por uma equipa portuguesa, revelou uma correlação total com os resultados obtidos pelo método de referência, a cultura celular, e permite uma redução bastante significativa, quer nos tempos de execução quer nos custos em reagentes, abrindo assim a possibilidade efetiva de utilizar esta técnica para o rastreio da infeção congénita.

Este estudo tem como primeiro objetivo rastrear recém-nascidos do Hospital da Luz e Maternidade Alfredo da Costa num determinado período de tempo, no sentido de determinar a prevalência da infeção congénita por CMV nessa população. O rastreio tem como base a utilização de *pools* (20 urinas) e a deteção de DNA viral por PCR em tempo real. As 20 urinas de cada *pool* positiva são posteriormente testadas individualmente. O segundo objetivo deste trabalho foi a deteção de carga viral de CMV, por PCR em tempo real, a partir de uma fralda com urina CMV positiva.

Como resultados, obtiveram-se 45 *pools*, 4 delas positivas com uma urina positiva em cada *pool*, sendo a prevalência deste rastreio 0,44%. Esta metodologia confirmou a sua utilidade para um rastreio universal de infeção congénita por CMV, no entanto verificaram-se dificuldades na aplicação da mesma, o que deverá ser tomado em consideração na implementação de um eventual programa de rastreio. Os resultados obtidos na extração de urina CMV positiva através de fraldas de recém-nascidos foram muito promissores, o que abre a possibilidade da sua utilização para o diagnóstico da infeção congénita.

NASCIMENTO, Marta Maria Almeida Dias do, (2016) Desenvolvimento e optimização da técnica Lamp (*LOOP-Mediated isothermal DNA amplification*) para a identificação das principais genoespécies do complexo *Borrelia burgdorferi sensu lato*. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

A Borreliose de Lyme é uma infeção causada por bactérias (espiroquetas), pertencentes ao complexo *Borrelia burgdorferi sensu lato*, que são transmitidas por mordedura de carrças principalmente do género *Ixodes*. As espécies mais prevalentes na Europa são *B. burgdorferi sensu stricto*, *B. garinii*, *B. afzelii*, *B. valaisiana* e *B. lusitaniae*. A doença pode afetar diversos órgãos e sistemas de acordo com o tropismo de cada espécie (da pele às manifestações neurológicas). O diagnóstico laboratorial é difícil, sendo necessário desenvolver/implementar novos testes que sejam sensíveis, rápidos e baratos.

O principal objetivo deste trabalho foi desenvolver uma técnica de amplificação molecular isotérmica, *Loop-Mediated Amplification* – LAMP, em duplex, para deteção e identificação de quatro das referidas espécies de *Borrelia*, tendo como alvo o gene *flaB*, codificante da proteína flagelina.

Foi desenhado um conjunto de *primers* para cada espécie de *Borrelia*, com 100% de especificidade. Para a otimização das condições de amplificação de DNA pela técnica LAMP, foram escolhidos os *primers* para *B. lusitaniae*. Foram também realizadas reações *nested-PCR* para o espaço intergénico 5S(*rrf*)-23S(*rrf*) e gene *flaB* e ainda qPCR para este último gene. Após a otimização a técnica foi aplicada a carrças e a amostras humanas (soro e líquor) para deteção/identificação de *Borrelia*.

A amplificação de DNA, mostrou valores diferentes de sensibilidade consoante as espécies, de 2,5pg/μl a 2500pg/μl de DNA para *B. lusitaniae* e *B. garinii* respetivamente e os resultados obtidos com as reações de *nested-PCR* e qPCR variaram de 0,05 a 5pg/μl.

A exatidão da técnica LAMP para *B. lusitaniae* quando comparada com as outras técnicas moleculares foi semelhante, pelo que se admite que com *primers* desenhados para o género *Borrelia*, ter-se-ia obtido melhor sensibilidade para todas as espécies, com a vantagem da reação ocorrer num único tubo em menos de uma hora, com visualização do resultado a olho nu.

Apesar das limitações, a técnica LAMP é uma ferramenta promissora para o diagnóstico laboratorial da Borreliose de Lyme.

PACHECO, Ana Carolina (2016) Caracterização da resposta imunoinflamatória na coinfeção *Dirofilaria* spp. – *Wolbachia* spp. No cão. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas em especialidade em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

A Dirofilariose é uma doença zoonótica de dispersão mundial que infeta animais e humanos por todo o Mundo e que tem vindo a aumentar os seus locais de dispersão. É causada principalmente pelas espécies *Dirofilaria immitis* e *D. repens*. Para o desenvolvimento e reprodução, estes parasitas necessitam de uma bactéria Gramnegativa endossimbionte *Wolbachia* spp., encontrada na maioria das espécies de filárias conhecidas. Sabe-se que a presença da bactéria no organismo do animal está associada a uma resposta imunoinflamatória com ativação de citocinas pró-inflamatórias e aumento de imunoglobulinas específicas direcionando a resposta inflamatória para Th1

e consequentemente aumentando a patologia.

O tratamento da dirofilariose canina, causada por *D. immitis*, consiste no uso de fármacos antiparasitários que, em animais com elevada carga parasitária, podem causar reações adversas graves e fatais. A deteção atempada da presença da bactéria no animal e o uso de antibacterianos pode prevenir estas reações, aumentando a eficácia do tratamento e diminuindo a taxa de mortalidade.

O nosso estudo teve como principal objetivo caracterizar o perfil de resposta imunoinflamatória durante a coinfeção *Dirofilaria-Wolbachia* spp. e identificar potenciais biomarcadores preditivos da presença de *Wolbachia* spp. Para tal, 245 amostras de sangue de canídeos (originários de cães e associações de animais) foram analisadas para a deteção de anticorpos do tipo IgG e subclasses (IgG1 e IgG2) e da Proteína C-reativa (CRP) através da técnica de *Enzyme-linked immunosorbent assay* (ELISA).

A nível da resposta humoral, anticorpos do tipo IgG e IgG1, os animais coinfectados (*D. immitis-Wolbachia* spp.) apresentavam níveis séricos mais elevados dos que os com infeção simples (apenas *D. immitis*) mas sem diferenças significativas.

Perfil semelhante foi observado para os anticorpos do tipo IgG2. No entanto, em relação à concentração da CRP, a coinfeção *Wolbachia* spp. induzia um aumento significativo (Mann-Whitney, $P < 0,05$) em comparação com a dos animais infetados apenas por *D. immitis* o que reforça a potencial aplicação da CRP como biomarcador de *Wolbachia* spp. em animais infetados por *D. immitis*. A sua deteção pelo método enzimático ELISA, técnica de elevada sensibilidade e de fácil execução, é uma vantagem adicional, uma vez que poderá fornecer um resultado fiável e rápido, informação relevante para o médico Veterinário para a abordagem terapêutica nos animais com dirofilariose.

MURTINHEIRA, Fernanda Ivanira Henriques (2016) Estudo da resistência de *Plasmodium falciparum* à artemisinina e derivados: desenvolvimento e implementação de testes *in vitro* para avaliação da viabilidade. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade em Biologia Molecular em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Malária ou paludismo é uma doença parasitária provocada por protozoários do género *Plasmodium* e transmitida por fêmeas de mosquitos do género *Anopheles*. Há cinco espécies de *Plasmodium* capazes provocar malária em humanos (*P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae* e *P. knowlesi*), destas espécies as mais prevalentes são *P. falciparum* e *P. vivax*, e a mais letal é *P. falciparum*.

Apesar de a malária ser uma doença que se pode prevenir e tratar, esta continua a ter um impacto devastador na saúde mundial. De acordo com o World Malaria Report de 2015,

cerca de 3.2 biliões de pessoas encontravam-se em risco de contrair malária. Em 2015, foram estimados 214 milhões de novos casos de malária e cerca de 438 000 mortes, a maioria em crianças com menos de 5 anos na África Subsariana.

Tendo em conta a situação atual da malária, já foram delineadas campanhas que têm por objetivo a erradicação desta doença. Os estudos demonstram o aumento da resistência aos antimaláricos mais utilizados, incluindo a artemisinina e seus derivados. A rápida disseminação da resistência aos antipalúdicos tornou prioritária a vigilância da susceptibilidade dos parasitas aos fármacos. É crucial o desenvolvimento de metodologias inovadoras que facilitem uma avaliação rápida, eficaz e rigorosa do efeito dos fármacos e compostos sintéticos ou naturais, no ciclo e metabolismo de *Plasmodium*, para que possam ser delineadas estratégias que limitem a propagação da resistência e o desenvolvimento de novos compostos e vacinas.

Neste trabalho, padronizamos o uso do fluorímetro de microplacas e resazurina, para avaliar *in vitro* a viabilidade de *P. falciparum* quando sujeito a um pulso de seis horas de dihidroartemisinina. Este teste de susceptibilidade, de fácil execução, produz resultados quantitativos, rápidos e fiáveis, o que o torna uma alternativa eficaz ao ensaio RSA0-3h, uma vez que consegue ultrapassar a subjetividade e trabalho árduo, inerentes à observação de esfregaços corados com Giemsa, por dois ou mais microscopistas experientes que contabilizam parasitas viáveis.

PALMEIRIM, Marta Sólveig (2016) Knowledge is not enough: the role of health education in reducing soil-transmitted helminths and *Schistosoma mansoni* infections in schoolchildren in rural Côte d'Ivoire. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

As doenças infecciosas continuam a ser a principal causa de mortalidade infantil em países em desenvolvimento e um quarto destas doenças são causadas por helmintas e protozoários. Globalmente, os helmintas parasitam mais de mil milhões de pessoas e as suas infeções podem causar danos irreversíveis como um atraso no desenvolvimento físico e cognitivo. As infeções mais comuns são feitas por geohelmintas e *Schistosoma mansoni* e a sua principal estratégia de controlo é a quimioterapia preventiva. No entanto, como esta abordagem não previne a reinfeção, é essencial explorar estratégias complementares como a melhoria do saneamento e a educação para a saúde.

Neste estudo, investigamos duas questões que relacionam o conhecimento das crianças com as suas taxas de infeção: (1) se o nível de conhecimento no início do estudo influencia a infeção e (2) se um pacote de educação para a saúde (visualização de um desenho animado seguido de uma sessão de desenhos) aumenta o conhecimento e diminui a taxa de infeção. No início do estudo, crianças (N=2500) pertencentes a 25 escolas na Costa do Marfim foram submetidas a um rastreio de geohelmintas (*Ascaris lumbricoides*, *Trichuris trichiura* e ancilostomídeos) e *S. mansoni* e o seu conhecimento foi averiguado através de um questionário. De seguida, todos os participantes foram tratados com albendazol e praziquantel. Treze escolas foram selecionadas para serem submetidas duas vezes ao pacote de educação para a saúde e as restantes doze serviram de controlo. Onze meses após o tratamento, repetiram-se o mesmo rastreio e questionário.

As prevalências encontradas são semelhantes às reportadas por outros estudos na mesma região. Em todas as escolas, onze meses após o tratamento, as prevalências de todos os parasitas (exceto *Trichuris trichiura*) diminuíram significativamente. Embora os questionários tenham revelado que as crianças já possuíam um conhecimento razoável proveniente das aulas, crianças em escolas expostas ao pacote tiveram resultados 10% superiores aos daquelas em escolas não expostas. No entanto, este ganho de conhecimento não reduziu as taxas de infeção. Da mesma forma, no início do estudo, crianças com mais conhecimento não estavam menos infetadas. Finalmente, crianças em escolas com acesso a água potável e latrinas também não estavam menos infetadas do que crianças em escolas sem saneamento básico.

Concluimos que na escola já é fornecida alguma informação útil e que isto, juntamente com o efeito do tratamento, pode explicar as prevalências relativamente baixas encontradas. Ainda assim, mostrámos que o pacote de educação para a saúde pode acrescentar conhecimento. A nossa conclusão de que mais conhecimento não se traduz necessariamente em taxas de infeção menores, pode dever-se ao facto das crianças subestimarem o risco destas infeções assim como as escolas possuírem saneamento inadequado e sujo. Estes fatores podem impedir que as crianças usem todo o conhecimento que têm para melhorar os hábitos de higiene. O pacote realça os riscos das infeções mas os resultados sugerem que este assunto poderia ser reforçado. As medidas preventivas recomendadas devem ser, tanto quanto possível, ajustadas ao saneamento existente, mas não se podem esperar os melhores resultados sem uma melhoria simultânea do saneamento.

ROCHA, Eveline da Luz Rendall (2016) Parasitoses intestinais numa população de idade pediátrica do Hospital Prof. Doutor Fernando Fonseca. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

A melhoria significativa da qualidade de vida da população incluindo as suas condições higiénico-sanitárias, bem como anos de desparasitação de rotina com anti-helmínticos, conduziram a uma diminuição significativa das parasitoses intestinais em Portugal.

Este estudo teve como objetivo principal determinar a frequência de parasitas intestinais e efetuar a caracterização clínica, epidemiológica e sociodemográfica em crianças/jovens dos 0 aos 18 anos assistidas no Departamento de Pediatria do Hospital Prof. Doutor Fernando Fonseca, EPE, com indicação clínica para a realização de um exame parasitológico de fezes. Este trabalho pretende contribuir para esclarecer a relevância atual dos parasitas intestinais como agentes etiológicos de infeções entéricas e a pertinência do seu diagnóstico laboratorial em crianças com sintomatologia e/ou contexto epidemiológico relevante.

Foi efetuado um estudo observacional, descritivo, entre março e julho de 2015. Um total de 65 crianças/jovens participaram no estudo tendo sido recolhida informação sociodemográfica, epidemiológica e clínica através da aplicação de um questionário aos responsáveis legais. Procedeu-se ao diagnóstico laboratorial das infeções por parasitas intestinais, através da execução de diferentes técnicas de exame das amostras fecais. Nas crianças nas quais se detetaram parasitas intestinais patogénicos, foi aplicado um questionário clínico, e realizado diagnóstico laboratorial das infeções por parasitas intestinais em elementos dos seus agregados familiares. Identificaram-se parasitas intestinais patogénicos em 9,2%, (6) das 65 crianças: 6,2% (4) com *Giardia duodenalis*, 1,5% (1) com *Hymenolepis nana* e 1,5% (1) com *Ascaris lumbricoides*. O sintoma mais frequentemente relatado nas crianças infetadas foi a dor abdominal 83,3% (5/6). A criança infetada com *A. lumbricoides* tinha viajado para São Tomé e Príncipe e uma das crianças com giardíase para a Guiné-Conacri. Foi ainda diagnosticada a infeção por *G. duodenalis* e por *A. lumbricoides* em dois elementos distintos do agregado familiar de uma das crianças com giardíase.

Os resultados do presente estudo realçam a importância atual de se considerarem as infeções por parasitas intestinais no diagnóstico diferencial em crianças com sintomatologia gastrointestinal e/ou história epidemiológica relevante.

TEMPORÃO, Adriana Beatriz Oliveira (2016) Different Models of DNA Immunization as Strategy for Vaccine Development Against African Trypanosomosis. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade de Biologia Molecular em Saúde Tropical e Medicina Internacional IHMT, Lisboa.

A tripanosomose Africana, também conhecida como Doença do Sono, causada pelo protozoário *Trypanosoma brucei*, é uma doença tropical negligenciada. Esta doença

pode ser controlada, tal como foi provado no passado; no entanto, o crescente número de pessoas afectadas e em risco torna o desenvolvimento de uma vacina uma prioridade. *T. brucei* é capaz de evadir constantemente o sistema imunitário do hospedeiro, devido ao seu extraordinário mecanismo de defesa, que lhe proporciona uma grande variação antigénica. Devido a este mecanismo de defesa tem sido muito difícil de desenvolver uma vacina eficaz. Contudo, têm sido procuradas novas técnicas, entre elas, uma estratégia de vacinação com DNA plasmídico que têm revelado resultados promissores. Tendo em conta estes resultados, este trabalho tem como objectivo o uso de três estratégias de imunização: a primeira, recorrendo a vacinas de DNA, usando dois plasmídeos que codificam candidatos antigénicos de *Trypanosoma brucei*; a segunda, usando estes candidatos antigénicos conjugados com uma nanoformulação; e a terceira, usando VLPs (*Virus-Like Particles*). Os três modelos usados no desenvolvimento de vacinas de DNA contra *T. brucei* recorreram ao uso de duas importantes proteínas do parasita: a MSP (*Major Surface Protease*) e a PLC (*Phospholipase C*). A MSP é uma metaloprotease de zinco de superfície, que se acredita ser responsável pela libertação de um fragmento de VSG (*Variable Surface Glycoprotein*). A PLC é uma fosfolipase, ancorada a um resíduo de GPI (*Glycosylphosphatidylinositol*), que cliva integralmente uma proteína de VSG da superfície da célula. Como se pode ver, ambas as proteínas são responsáveis pela libertação das VSG, pela normal diferenciação da forma procíclica para a forma de corrente, e participam de forma sinérgica para a perda de VSG durante a diferenciação. Após a imunização com as duas primeiras estratégias, apesar de em baixos níveis, os murganhos produziram anticorpos anti-*Trypanosoma brucei brucei*. Os que apresentaram melhor resposta imunológica foram os imunizados com a mistura de plasmídeos conjugados com a nano-formulação. Em relação ao terceiro modelo de imunização, o desenho das VLPs foi efectuado, e o próximo passo é a avaliação biológica das mesmas.

SANTOS, Inês Silvano Nunes dos (2016) Optimização do trabalho de enfermagem para melhorar a adesão da higiene das mãos numa unidade de cuidados intensivos polivalente: Aplicação da Metodologia Lean. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Introdução: Actualmente, as infecções adquiridas em meio hospitalar são uma importante causa de morbilidade e mortalidade, com custos humanos e económicos significativos em todos os países. Sabe-se que uma correcta higienização das mãos é a medida mais simples e efectiva na prevenção das infecções adquiridas em meio hospitalar. Contudo, a adesão à higienização das mãos pelos profissionais de saúde ainda se mantém significativamente longe do ideal. As principais causas identificadas na baixa adesão da higiene das mãos são o esquecimento e a falta de tempo.

Objectivos: Considerando as duas principais barreiras para a não higienização das mãos: esquecimento e falta de tempo, formulou-se a hipótese que a percepção de falta de tempo invocada pelos profissionais de saúde seria devida à pressão de realizar várias actividades num curto espaço de tempo. Assim, é fundamental

procurar uma forma de otimizar o trabalho de enfermagem e eliminar o desperdício. Este estudo tem como objectivo, aplicar a Metodologia Lean com o uso da técnica VSM para eliminação do desperdício no trabalho de enfermagem, isto é, eliminação de actividades que não acrescentam valor, com a finalidade de melhorar os processos de trabalho dos enfermeiros na UCIP e, conseqüentemente, aumentar a adesão dos profissionais à higienização das mãos.

Materiais/ Métodos: Foi realizado um desenho do estudo com fim à melhoria dos processos de trabalho dos enfermeiros na UCIP, com aplicação do método de gestão Lean. Inicialmente aplicado um questionário à equipa de enfermagem do serviço UCIP, seguido de um estudo observacional de um turno completo de 8 horas, para identificação das actividades de trabalho realizadas pelo enfermeiro e para descrição da adesão da higienização das mãos. Seguidamente, aplicado o VSM como ferramenta para análise do fluxo de valor do processo actual da actividade de trabalho dos enfermeiros na UCIP ao longo de um turno de trabalho, da análise do mapa desenhado foi possível identificar os possíveis pontos de melhoria dos processos dos cuidados de saúde e aplicadas medidas simples de melhoria, com vista à eliminação do desperdício. Semanalmente foram realizados Workshops Lean com o objectivo de melhorar o fluxo de valor dos processos e eficiência no trabalho de enfermagem. No final, um novo estudo observacional foi aplicado e realizada uma entrevista semi-estruturada com um grupo focal para avaliação do impacto das medidas introduzidas.

Resultados: Da observação inicial, salienta-se que um enfermeiro em média gasta 16% do seu tempo de trabalho em sistemas de informação e que a taxa média de higiene das mãos é de 63%. O cumprimento efectivo da técnica e momentos de higiene das mãos equivale a 13% da carga horária total de um enfermeiro por turno de trabalho.

O estado actual do VSM mostrou que vários são os processos com oportunidade de melhoria, cerca de cinco (Sistemas de informação, incluindo registos de enfermagem, Planificação de prioridades no turno de trabalho, Cuidados de Higiene, Preparação e Administração de Terapêutica, Preparação de Técnicas Assépticas), após discussão com a equipa de enfermagem do serviço UCIP, apenas dois destes processos foram sujeitos a alterações com aplicação de medidas simples: a preparação da terapêutica, mais especificamente o circuito da farmácia e stock de terapêutica no serviço; a preparação de técnicas assépticas, relativamente à reorganização de materiais em armazém e organização de equipamentos médicos móveis no serviço; e monitorização de equipamentos médicos de empréstimo.

Os enfermeiros participantes definiram como objectivos “reduzir o tempo de entrega dos suprimentos” (medicamentos e consumíveis) e “estabelecer um sistema de gestão de stocks”. Para alcançar os objectivos definidos de reorganização dos materiais no armazém foi aplicado o método ABC de gestão de stocks, considerando as técnicas de enfermagem realizadas no serviço, tendo sido essencial o envolvimento e a contribuição dos enfermeiros na disposição do espaço. A avaliação do impacto das medidas implementadas é algo complexo. Realizada por nova observação directa de um enfermeiro num turno de trabalho de 8h e grupo focal. Até essa altura, as medidas implementadas não tiveram impacto na percepção da adesão da higiene das mãos nem na economia de tempo no trabalho de enfermagem. A observação final, mostrou que um enfermeiro em média contínua a gastar 16% do seu tempo de trabalho em sistemas de informação e que a taxa média de higiene das mãos é de cerca de 100%. No entanto, em média os enfermeiros apenas gastam metade do tempo na higienização das mãos (10

segundos, quando deveriam dispendir 20 segundos). Provavelmente, com impacto no não cumprimento da técnica. O cumprimento efetivo da técnica e momentos de higiene das mãos equivale a 4,67% da carga horária total de um enfermeiro por turno de trabalho. Os resultados da entrevista semi-estruturada indicam que os enfermeiros estão cientes do seu desempenho, valorizam e reconhecem a importância das formações em serviço, das auditorias e do potencial da aplicação da metodologia Lean, contudo a carga de trabalho, os constrangimentos financeiros nas instituições, as limitações físicas das estruturas e, por vezes, a falta de planeamento individual das actividades continuam a funcionar como barreiras na falta de adesão na higienização das mãos. Sugerem também que os resultados das auditorias deveriam estar acessíveis a todos e que deveriam ser feitas avaliações individuais para que cada um conheça o seu real desempenho e dessa forma possa melhorar a sua performance.

Conclusão: O uso da metodologia Lean permite uma optimização dos processos, com uma análise e identificação de pontos-chave possíveis de melhorar com benefícios significativos no trabalho dos profissionais. Para além disso, o VSM é uma ferramenta visual muito importante na aplicação do método Lean, permitindo o envolvimento e motivação de todos os membros da equipa. Este estudo confirma a importância já evidenciada por outros estudos da aplicação deste método de gestão na análise e melhoria de processos, de salientar que todos os participantes reconheceram o potencial da ferramenta e o estudo conduziu a uma reflexão mais profunda do tema na equipa. Até à altura, os resultados obtidos com o estudo observacional foram inconclusivos, não se observando influência na percepção das medidas implementadas após aplicação do VSM. Poderá ser assim quicá por ser necessário mais tempo até que as medidas tenham efeito.

SIMÕES, Ana Sofia Mourão (2016) Contribuição do efluxo para a aquisição de resistência aos antibióticos em isolados clínicos de *Acinetobacter baumannii*. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A rápida disseminação de isolados multirresistentes aos antibióticos (MDR) em *Acinetobacter baumannii* é preocupante, limitando as opções terapêuticas para o tratamento destas infeções e compele ao desenvolvimento de alternativas terapêuticas.

A atividade dos sistemas de efluxo em bactérias é reconhecida como um dos mecanismos de resistência aos antibióticos, além de que os compostos inibidores de efluxo (IEs) são considerados potenciais adjuvantes terapêuticos no tratamento das infeções causadas por bactérias MDR. Em *A. baumannii*, estão descritos sistemas de efluxo envolvidos na aquisição do fenótipo MDR, à semelhança de outras bactérias Gram-negativas. Assim sendo, este trabalho teve como objetivo principal avaliar a contribuição da atividade de efluxo para o desenvolvimento de multirresistência em isolados clínicos de *A. baumannii*. Para esse fim, estudou-se da atividade de efluxo em três isolados clínicos sequenciais MDR de *A. baumannii* (AB-

1, AB-2 e AB-3), através de metodologias para avaliação do efluxo de forma i) direta, pela detecção preliminar da atividade de efluxo pelo método de “Cartwheel” em placa de agar e confirmação da atividade de efluxo pela realização de ensaios de fluorimetria em tempo real (após otimização do protocolo experimental) usando brometo de etídio como substrato de efluxo universal; e ii) indireta, pela determinação de concentrações mínimas inibitórias (CMI) de antibióticos e brometo de etídio na presença e ausência de IEs. Os resultados permitiram concluir que os três isolados clínicos MDR possuem atividade aumentada de efluxo em relação à estirpe de referência *A. baumannii* ATCC19606T, em particular o isolado AB-2 e também quais os IEs que melhor potenciaram a acumulação de EtBr nas células e causaram redução significativa das CMI dos antibióticos, o que adiciona interesse ao estudo destes compostos como potenciais adjuvantes terapêuticos e sublinha a importância do efluxo como o primeiro passo na aquisição de resistência em isolados clínicos de *A. baumannii*.

ALMEIDA, Débora Joana Rodrigues Lopes de (2015) Papel das regiões C2-V3-C3 na indução de anticorpos neutralizantes anti- VIH-2. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (SIDA) é uma doença grave que se caracteriza pela destruição ou pelo desaparecimento de reações imunitárias do organismo, que permitem o surgimento de infeções oportunistas que podem levar à morte. O agente etiológico responsável pela SIDA é o Vírus da Imunodeficiência Humana (VIH) e existem dois tipos: o tipo 1 (VIH-1) e o tipo 2 (VIH-2). Quando comparados, o VIH-2 tem uma taxa de transmissão menor e uma progressão da doença mais lenta, o que faz com que os indivíduos infetados tenham um melhor prognóstico. Um dos fatores importantes nesta resposta imunológica é a presença de anticorpos neutralizantes (nAbs) e a pouca capacidade do VIH-2 na evasão a esta resposta. Os nAbs têm a capacidade de inibir a entrada do vírus nas células, através da sua ligação a regiões específicas presentes nas glicoproteínas do invólucro viral. A região V3 do domínio C2V3C3 existente na glicoproteína de superfície do invólucro do VIH-2 é um dos alvos preferenciais dos nAbs. No entanto, desconhece-se ainda de que forma as regiões adjacentes, C2 e C3, contribuem para uma resposta neutralizante. Este estudo teve como objetivos caracterizar o impacto das regiões C2, V3 e C3 na resposta de anticorpos não neutralizantes e neutralizantes na infeção por VIH-2. Para isso, recorreu-se à produção de péptidos recombinantes correspondentes a cada uma das regiões referidas anteriormente através da transformação e crescimento de bactérias competentes *E. coli* TOP10 com plasmídios clonados com fragmentos de ADN das regiões C2, V3 e C3, respetivamente. Após a sua produção, os péptidos recombinantes foram purificados por *Fast Protein Liquid Chromatography* (FPLC) e utilizados como antigénios em imunoensaios (ELISA), para estudar a reatividade de cada um dos péptidos com um painel de soros positivos para VIH-2. Observou-se maior serorreatividade contra o

péptido recombinante V3 (prV3), seguido do prC3 e do prC2. Foram feitas correlações entre os valores obtidos neste estudo e valores obtidos em estudo realizado anteriormente sobre a potência da neutralização dos anticorpos (IC50) presentes em alguns dos soros utilizados. Verificou-se que não havia associação entre a neutralização e a serorreatividade contra cada região, o que pode indicar que os anticorpos neutralizantes produzidos por indivíduos infetados pelo VIH-2 não são específicos para nenhuma das respetivas regiões. No entanto, o número elevado de casos de serorreatividade pode ser indicativo de que as 3 regiões em conjunto possam ser responsáveis pela indução de anticorpos neutralizantes específicos para o domínio C2V3C3, tal como já foi observado anteriormente.

BENTO, Maria Gabriela Grego Rodrigues (2015) Assessment of the level of high level of oxacillin resistance in contemporary clinical methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strains. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Staphylococcus aureus resistentes à meticilina (MRSA) são agentes frequentes de infeções bacterianas, a nível hospitalar e na comunidade. Uma das causas é a sua capacidade de aquisição de resistência aos β -lactâmicos, a classe de antimicrobianos mais usada em clínica. A maioria dos isolados de estafilococos expressa resistência aos β -lactâmicos de forma heterogénea e diversos fatores genéticos são necessários para a expressão total da resistência.

Um dos objetivos do trabalho apresentado nesta tese foi a identificação de determinantes genéticos responsáveis pela elevada expressão de resistência aos β -lactâmicos em estirpes do clone brasileiro (ST239-III). Com este objetivo, fizemos a sequenciação completa do genoma de dois pares de estirpes representativos deste clone.

Os resultados demonstraram a presença de sete genes afetados com mutações não-sinónimas nos dois pares de estirpes: *rpoB*, *sasC*, *sdrD*, *coa*, *ebh*, *sak*, e *int*. Adicionalmente, foram identificadas mutações nos genes *fmt*, *murA2*, *relA*, *valS*, *lysS*, *guaB*, *dfrB*, *gyr*, *tcaB*, *pbp2*, *pbp4*, *ccrA*, *blaZ*, *scn*, *cadA*, *mecA*, *merB*, *geh*, *lyt A*, *nuc*, *tagB* e *pbp3* num ou no outro par de estirpes. Contudo, são necessários mais estudos para confirmar que as mutações encontradas e identificadas como associadas com a resistência aos β -lactâmicos têm de facto um papel no nível de resistência

A mobilização do elemento *SCCmec* que contém o gene *mecA*, o elemento central da resistência à meticilina, é devida a três genes que codificam recombinases: *ccrA*, *ccrB* e *ccrC*. De forma a estudarmos a variabilidade do gene *ccrB* (o mais comum de entre os genes *ccr*), sequenciámos este *locus* numa coleção de estirpes MRSA selecionadas, com o objectivo de maximizar diferenças tanto a nível geográfico como temporal. Os resultados obtidos sugerem um baixo grau de mutação no *locus ccrB* entre as clones estudados. Contudo serão necessários estudos

complementares para confirmar o papel destes alelos *ccrB* na estabilização das cassetes *SCCmec*.

BOUÇA, Ana Vieira Neves (2015) Alimentação e actividade física em adultos jovens, com e sem filhos, na Cidade da Praia em Cabo Verde. Dissertação de Mestrado em Saúde de Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Nesta era da globalização, o processo de urbanização tem ganho terreno com o aumento da densidade populacional nas cidades. Sobretudo nos países em desenvolvimento, paralelamente ao desenvolvimento económico, tem-se observado uma transição nutricional fruto da alteração dos padrões alimentares. Esta, por sua vez, está associada a modificações no estado nutricional com conseqüente aumento do índice de massa corporal (IMC), contribuindo para o excesso de peso/obesidade juntamente com a inatividade física.

Segundo dados da Organização Mundial de Saúde (OMS), em 2007, em Cabo Verde, foram relatados dados por sexo, onde se identificou que 43% das mulheres e 31% dos homens apresentavam excesso de peso, e que 15% das mulheres e 7% dos homens apresentavam obesidade (African Health Observatory, 2010-2015).

Este estudo teve como objetivo explorar o padrão alimentar, o estado nutricional e a atividade física (com foco no lazer) dos adultos jovens oriundos de zonas com características urbanas formais e informais, dos bairros do Plateau, Vila Nova e Palmarejo (unidades urbanas) da Cidade da Praia (Cabo Verde), destacando as diferenças por género e consoante a presença ou não de filhos.

O presente trabalho está incluído no âmbito do projeto de investigação “Planeamento Urbano e Desigualdades em Saúde: Passando das estatísticas macro para as micro” (PTDC/ATP-EUR/5074/2012), financiado pela Fundação para a Ciência e a Tecnologia (FCT), envolvendo o Instituto de Higiene e Medicina Tropical, a Faculdade de Ciências e Tecnologia da Universidade Nova de Lisboa e o Ministério da Saúde de Cabo Verde.

Foi selecionada uma subamostra de 753 adultos jovens (288 homens e 455 mulheres) entre os 18 e os 30 anos, que responderam a um questionário – UPHI-STAT – elaborado especificamente para o projeto.

Neste estudo, os inquiridos desta faixa etária relataram fazer uma alimentação variada, onde se destacou o consumo regular de carne/peixe/ovos, leguminosas, farináceos, legumes e fruta, embora se tenham observado valores de excesso de peso/obesidade de 24,5% nas mulheres, com um IC a 95%:]20,2;29,5[, e de 19,6% nos homens, com um IC a 95%:]14,8;25,5[.

Quanto à prática de atividade física em lazer, registam-se discrepâncias por género. Nos homens encontrou-se uma percentagem de prática de 68,8% - IC a 95%:]63,2;73,8[- e nas mulheres apenas 25,9% - IC a 95%:]22,1;30,2[.

De acordo com os modelos de regressão logística múltipla para o excesso de peso/obesidade, as variáveis com maior poder explicado foram a idade e o número de filhos quer na amostra total, quer para homens ou mulheres. Para a prática de atividade física em lazer, registou-se a significância das variáveis: sexo, idade, habilitações literárias, número de filhos e o número de adultos no agregado.

De uma forma geral, são as mulheres e os participantes que têm filhos quem apresenta maior prevalência de excesso de peso/obesidade e, simultaneamente, quem menos pratica atividade física em lazer, justificando uma atenção específica para as mulheres que têm filhos, nesta faixa etária, através do seu envolvimento no sentido da alteração dos padrões alimentares e incentivo à prática de atividade física em lazer, por meio de intervenções desenhadas para este efeito.

BRAVO, Afonso Martins (2015) the influence of exoribonucleases in the regulation of stress related small RNAs. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

De modo a poder colonizar um ser humano, a bactéria *Escherichia coli* tem de ser capaz de resistir tanto a condições de anaerobiose como a um pH de 2. Como resultado directo desta pressão selectiva, e de modo a permitir uma adaptação eficiente em ambientes instáveis, várias redes de regulação genética emergiram. Entre estas, a regulação pós-transcricional é crucial. Baseada nas acções concertadas de tanto as ribonucleases como dos sRNAs esta rede de regulação permite que a célula altere o seu programa genético de forma rápida e eficiente.

Neste trabalho determinámos como é que as exoribonucleases de *E. coli* (RNase II, RNase R e PNPase) e a proteína Hfq influenciam as vias de resposta a ambientes ácidos e anaeróbios. De facto, descobrimos que a RNase II parece ser essencial no mecanismo geral de resposta ao choque ácido, com as células deficientes em RNase II a parar o seu crescimento após este. Determinámos ainda que tanto a RNase II como a Hfq são essenciais à expressão do sRNA ArrS, envolvido na adaptação a ambientes ácidos. Surpreendentemente, descobrimos também que tanto no mutante da RNase II como no da RNase R, o sRNA FnrS é expresso em condições aeróbias. Até hoje, este sRNA apenas tinha sido detectado em ambiente anaeróbio.

Neste trabalho mostramos que a RNase II é mais versátil do que previamente pensado, assumindo um lugar de destaque na regulação pós-transcricional da adaptação a ambientes ácidos. Demonstrámos também que tanto a RNase II como a RNase R estão envolvidas na regulação das vias respiratórias celulares. Curiosamente, revelamos ainda que a PNPase, considerada a principal exoribonuclease na degradação de sRNAs, não parece afectar o ArrS e FnrS. Com este trabalho, contribuímos para a compreensão dos mecanismos regulatórios responsáveis pela adaptação a condições de *stress* em *E. coli*.

CAÇO, João Manuel Mata (2015) Virulence gene detection and expression in *Streptococcus Dysgalactiae Subsp. Dysgalactiae* strains and evaluation potential. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Streptococcus dysgalactiae subsp. *dysgalactiae* (SDSD) é considerado um agente patogénico animal exclusivo e *Streptococcus pyogenes* (GAS) um agente patogénico humano exclusivo. Recentemente foram encontrados fatores de virulência fágicos de GAS em estirpes de SDSD de origem bovina e casos de infeção humana associada a SDSD têm vindo a ser reportados. Em consequência, o potencial zoonótico de SDSD foi sugerido, contudo o papel destes fatores de virulência na patogénese de SDSD não foi comprovado.

Um dos objetivos desta tese foi detetar a presença e expressão de fatores de virulência de GAS, entre isolados de SDSD contemporâneos de origem portuguesa, isolados de amostras de leite de bovinos disgnosticados com mastite em herdades leiteiras portuguesas entre 2011-13 e comparar estes dados com os reportados de uma coleção portuguesa de SDSD previamente estudada de 2002-03. O potencial de infeção *in vitro* e *in vivo* foi também avaliado e comparado entre coleções. Determinantes genéticos de GAS (os genes de virulência *speB*, *speC*, *speF*, *speH*, *speK*, *speL*, *speM*, *smeZ*, *spd1*, *sdn* e o elemento quimérico *Tn1207.3/Φ10394.4*) foram pesquisados por PCR e a sua expressão averiguada por PCR após síntese de cDNA. A produção de DNases extracelulares foi avaliada e correlacionada com o perfil genotípico dos genes *spd1* e *sdn*. Para estudar o potencial de infeção, *in vitro*, foram utilizadas linhas celulares respiratórias normais e tumorais humanas (BTEC e Detroit 562, respetivamente) e *in vivo*, o modelo animal zebrafish. Os resultados sugerem que os fatores de virulência pesquisados são característicos de SDSD de origem bovina e a produção de DNases extracelulares é independente dos genes *spd1* e *sdn*. Os estudos de infeção *in vitro* e *in vivo* revelam que os potenciais de infeção de SDSD são específicos de estirpe e independentes dos genes de virulência pesquisados. O potencial zoonótico de SDSD é novamente sugerido uma vez que estirpes de origem bovina foram capazes de infetar linhas celulares humanas e o zebrafish.

CARAPETA, Sara Sofia Costa (2015) Identificação de negevírus em mosquitos colhidos no sul de Portugal e análise da sua replicação. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

O género *Negevirus* foi descrito pela primeira vez em 2013, tendo sido proposto como um novo grupo taxonómico de vírus específicos de insetos com uma ampla distribuição geográfica, e caracterizado por uma considerável diversidade de hospedeiros, entre os quais flebótomos do género *Lutzomyia* e mosquitos, maioritariamente do género *Culex* mas também *Anopheles* e *Aedes*. Em Portugal, a

primeira identificação de um negevírus foi obtida de um lote de mosquitos da espécie *Oc. caspius*, após o seu coisolamento com um flavivírus específico de insetos OCFVPT. A gênese dos efeitos citopáticos exuberantes e de desenvolvimento rápido decorrentes da replicação destes vírus em culturas de células de inseto, a sua origem e evolução desconhecidas, as semelhanças de algumas das proteínas que codificam com as de vírus de plantas, e o seu potencial impacto na *fitness* e/ou na eventual competência vetorial dos insetos em que são encontrados, são questões que têm contribuído para o crescente interesse sobre o estudo destes vírus.

No decurso do trabalho que aqui se apresenta foi efetuada a deteção, isolamento e caracterização genética de novos negevírus de mosquitos colhidos no sul de Portugal, tentativamente definida a sua gama de hospedeiros e analisada a sua estratégia de replicação, usando células de inseto mantidas em cultura.

Através da utilização de RT-PCR e de *primers* degenerados (na sua maioria) foi possível identificar novas estirpes de negevírus, presentes em quatro espécies de mosquitos diferentes capturados no sul de Portugal: *Ochlerotatus caspius*, *Cx. pipiens*, *Cx. theileri* e *Cx. univittatus*. Inferências filogenéticas baseadas no alinhamento de sequências codificantes da polimerase viral, amplificadas de negevírus isolados em culturas de células C6/36, demonstraram a ocorrência de um novo grupo monofilético, filogeneticamente próximo do grupo monofilético do qual constam negevírus de tipo Negev e pertencente ao grupo taxonómico proposto recentemente, *Nelorpivirus*.

A análise da replicação de negevírus *in vitro* permitiu observar a presença de efeitos citopáticos extensos e de desenvolvimento rápido, embora sem indicação óbvia da entrada das células infetadas em apoptose. Estes vírus comprovaram replicar de forma muito rápida, tendo sido possível detetar genomas virais no sobrenadante de culturas celulares C6/36 infetadas, 4 horas após o início da infeção.

Neste trabalho foi também construído um vetor plasmídico, designado pIC111-V, o qual deverá permitir a expressão transitória de proteínas em células de inseto como consequência da presença de um promotor de transcrição de baculovírus reconhecido constitutivamente nestas células. A sua utilização na transfeção de células de inseto revelou poder representar um passo importante na melhoria das metodologias de análise proteómica nestas células.

CASINHAS, José Miguel Fonseca Casinhas (2015) Biochemical study of Polynucleotide Phosphorylase from the foodborne pathogen *Campylobacter jejuni* Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

As bactérias devem adaptar-se e responder rapidamente a diferentes condições ambientais. As ribonucleases são as enzimas responsáveis pela maturação e degradação de moléculas de RNA, permitindo uma rápida adaptação dos níveis de RNA a diferentes ambientes. Esta adaptação é crucial para as bactérias patogénicas invadirem e estabelecerem-se dentro do hospedeiro.

A PNPase (*Polynucleotide phosphorylase*) é uma exoribonuclease homotrimérica com actividade 3'-5' e que para além de degradar RNA, também é capaz de sintetizar caudas heteropoliméricas. Esta enzima tem sido implicada na virulência em muitos patogénicos humanos, nomeadamente em *Salmonella*, *Dichelobacter nodosus*, *Dickeya dadantii*, *Yersinia* e *Campylobacter jejuni*. *C. jejuni* é um importante patogénico humano de origem alimentar e é considerado como a principal causa de gastroenterite bacteriana em humanos em todo o mundo. No entanto, a informação sobre o metabolismo do RNA em *C. jejuni* é limitada. Sabe-se que a PNPase é essencial para a sobrevivência das células a baixa temperatura, afecta a síntese de proteínas envolvidas na virulência e tem um papel importante na motilidade, adesão das células/capacidade de invasão e colonização das aves. Para compreender como a PNPase está envolvida na virulência é necessário fazer uma análise bioquímica desta ribonuclease e ver como esta é influenciada por factores físicos e químicos.

Neste trabalho caracterizámos a actividade bioquímica da PNPase de *C. jejuni*. Sobre-expressámos e purificámos a PNPase, os mutantes PNPase_ΔS1 e PNPase_ΔS1ΔKH de *C. jejuni* e testámos a sua actividade e capacidade de ligação utilizando substratos de RNA sintéticos. Demonstrámos que a actividade da PNPase é regulada em função da temperatura. Além disso, verificámos que as actividades degradativas e de polimerização são altamente reguladas na presença de certos metabolitos. Mostrámos também que os domínios KH e S1 da PNPase desempenham um papel importante na ligação do substrato e na formação de trímeros, com consequências para a actividade da proteína.

CLARO, Mafalda Sofia da Silva (2015) Análise da memória celular hepática na infecção por *Leishmania infantum*. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A Leishmaniose visceral é considerada uma doença tropical e subtropical negligenciada que se apresenta como um grave problema para a saúde pública. *Leishmania infantum* é o agente etiológico responsável pela leishmaniose canina e leishmaniose visceral humana. Durante a refeição sanguínea, o inseto vetor inocula a forma promastigota do parasita no hospedeiro vertebrado que infeta órgãos ricos em células mononucleares fagocíticas. Entre os órgãos alvo da infecção por *L. infantum* encontra-se o fígado. Este, embora seja considerado um órgão não linfóide, é um alvo para a multiplicação de *L. infantum* e tem mecanismos efetores únicos que contribuem para a eliminação direta do parasita, envolvendo a resposta imunitária adaptativa. A resistência ou a suscetibilidade à infecção depende da atividade das células T CD4+ e T CD8+ que após estímulo antigénico geram células de memória. A memória imunológica é a característica principal da resposta adaptativa. As células de memória apresentam diferentes capacidades de proliferação, migração, produção de citocinas e funções efetoras. A memória efetora (TME) é constituída por células com capacidade de proliferação diminuta mas capazes de ativar rapidamente as funções efetoras. Esta subpopulação celular está envolvida na proteção imediata e encontra-se maioritariamente nos tecidos não linfóides. A memória central (TMC) é constituída por células que circulam principalmente nos órgãos linfóides, expandem vigorosamente após o reencontro

com o antigénio e estão envolvidas em respostas imunitárias secundárias e na proteção de longa duração. O presente estudo teve como objetivo analisar a dinâmica das subpopulações de células linfocitárias de memória central e efetora no fígado de murganhos infetados por *L. infantum*, procurando identificar os fatores que favorecem o estabelecimento de memória específica e duradoura. A combinação da intensidade de fluorescência dos marcadores da superfície celular CD62L e CD127 permite diferenciar as subpopulações de linfócitos T efetores (CD62lowCD127low), memória efetora (CD62LlowCD127high), memória central (CD62LhighCD127high) e linfócitos T indiferenciados (CD62LhighCD127low). A compreensão do estabelecimento de subpopulações de linfócitos de memória no fígado infetado por *L. infantum* contribui para a compreensão do processo de indução de proteção. No geral, este estudo demonstra que a presença do parasita no tecido hepático não tem efeito na dimensão das populações efetoras e que não promove a expansão das subpopulações de células efetoras, indeterminadas ou de memória, apontado para uma infeção tendencialmente silenciosa. Este estudo confirma ainda que a subpopulação de células citotóxicas efetoras hepáticas encontra-se fortemente regulada. Porém, as proteínas recombinantes de *L. infantum*, ciclofilina e superóxido dismutase, parecem ser capazes de induzir a diferenciação e expansão de células de memória, indicando um eventual potencial protetor. Após estudos adicionais dirigidos à caracterização do estado de ativação pré-determinado das células de memória é possível que estas proteínas venham a integrar uma vacina para a leishmaniose visceral.

**COROA, Cláudia André Figueiredo (2015) Detecção da infeção pelo vírus da imunodeficiência humana (HIV) em fluido oral de homens que fazem sexo com homens (HSH) da região da Grande Lisboa
Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.**

Segundo as estimativas do Programa Conjunto das Nações Unidas para o HIV/sida, o número de pessoas infectadas pelo vírus da imunodeficiência humana (HIV), no final de 2014, era de 36,9 milhões. Em termos de prevenção, o grupo dos homens que fazem sexo com homens (HSH) constitui um alvo primordial de intervenção, considerando as taxas elevadas de transmissão do HIV, associadas a comportamentos sexuais de risco. A incidência da infeção nos HSH tem vindo a aumentar nos últimos anos, nos países ocidentais, incluindo Portugal. Um dos entraves ao diagnóstico da infeção e à implementação de programas eficazes de vigilância consiste no facto destes implicarem, frequentemente, a utilização de um método invasivo, a colheita de sangue, pelo que têm sido apresentadas novas opções, baseadas em amostras biológicas alternativas, como o fluido oral.

Para a realização deste estudo de vigilância epidemiológica, no âmbito do projecto europeu SIALON II, escolheu-se como população alvo indivíduos do sexo masculino que reportam a prática de actividades sexuais com indivíduos do mesmo sexo, realizando-se 409 colheitas de amostras de fluido oral na área da Grande Lisboa. A pesquisa de anticorpos anti-HIV baseou-se num algoritmo de teste com recurso à utilização sequencial de dois testes imunoenzimáticos de naturezas distintas. Nas amostras inicialmente negativas, ou com resultados discrepantes, procedeu-se à quantificação de IgGs totais no fluido oral, de modo a validar a sua qualidade.

Foram excluídas 37 amostras por conterem um teor de IgGs inferior ao limiar estabelecido, ficando então a amostra de trabalho com 372 amostras de fluido oral. Destas, 69 foram consideradas positivas, obtendo-se assim uma taxa de detecção de anticorpos anti-HIV em amostras de fluido oral de HSH da Grande Lisboa de 18,5%.

Com o intuito de efectuar a amplificação do DNA proviral do HIV-1 eventualmente presente nas células colhidas com o fluido oral, maioritariamente queratinócitos da mucosa oral, recorreu-se a uma *nested-PCR* para amplificar um fragmento de 650 pb da região codificante da transcriptase reversa, no gene *pol*, realizando-se em seguida uma clonagem em vector plasmídico, antes da sequenciação nucleotídica. Nas 69 amostras testadas, obteve-se apenas três produtos de amplificação, aparentemente específicos. Os resultados da pesquisa de regiões de semelhança local contra as sequências depositadas nas bases de dados internacionais não confirmaram, no entanto, a presença de DNA proviral do HIV-1 nestas amostras, correspondendo antes a DNA genómico de bactérias da flora comensal humana dos géneros *Streptococcus*, *Leptotrichia* e *Capnocytophaga*. Não foram encontradas, portanto, quaisquer amostras de fluido oral positivas para a presença de DNA proviral do HIV-1. Não se pode descartar a hipótese destas células não se encontrarem efectivamente infectadas, não suportando uma infecção pelo HIV, o que continua a ser controverso na literatura.

A estratégia experimental seguida é, seguramente, adequada para a implementação de estudos de vigilância e monitorização de tendências evolutivas da epidemia pelo HIV, dada a maior adesão dos indivíduos para a colheita de fluido oral, comparativamente ao sangue, podendo ser aplicada a grupos populacionais de difícil acesso, como os HSH, trabalhadores do sexo ou utilizadores de drogas por via endovenosa.

COSTA, Liliane Peralta da (2015) Associação do tempo de residência dos imigrantes em Portugal com o excesso de peso e a ingestão alimentar. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

A migração é um fenómeno do mundo globalizado, que coloca em evidência os fenómenos de aculturação alimentar e transição nutricional. Ambos constituem possíveis explicações para o aumento da prevalência do excesso de peso entre os imigrantes, com o tempo de residência no país de acolhimento. O objetivo deste estudo foi avaliar se existe associação entre o tempo de residência dos imigrantes em Portugal e o excesso de peso e a ingestão de alimentos como fruta, hortícolas, doces, sumos ou refrigerantes.

Os dados do presente estudo foram obtidos do 4º Inquérito Nacional de Saúde (2005-2006), utilizando os respetivos ponderadores. A associação entre a variável categórica independente (tempo de residência) e as variáveis de interesse, binárias (excesso de peso, ingestão de fruta, de hortícolas e de doces, sumos ou refrigerantes) foi estimada através de um modelo de regressão logística binária. Os

resultados foram apresentados sob a forma de OR para um nível de significância de 5%.

A população estimada de imigrantes adultos (≥ 20 anos) a viver em Portugal foi de 532 523. A prevalência de excesso de peso foi de 50,9%, dos quais cerca de 40% eram mulheres e 60% homens. Quando comparados com os recém-chegados (<1 ano), os imigrantes a residir em Portugal há 15 ou mais anos foram os que apresentaram maior probabilidade de ter excesso de peso (OR=1,8), de ingerir fruta (OR=2,7) e hortícolas (OR=4,0). O aumento do risco de ingestão de alimentos ou bebidas açucaradas com o passar dos anos em Portugal foi verificado apenas para os imigrantes a residir no país há 10-14 anos (OR=1,3), enquanto para os que estão em Portugal há 5-9 anos parece existir menor probabilidade de ingerir este tipo de alimentos (OR=0,6). Todos estes resultados foram estatisticamente significativos.

Os resultados do presente estudo confirmam a associação entre tempo de residência e excesso ponderal e ingestão de fruta e hortícolas, após ajustamento para idade, sexo, região de origem e escolaridade. A estimativa de que metade dos imigrantes em Portugal apresenta excesso de peso representa um sério risco para a saúde pública. A investigação dos determinantes do excesso de peso destas populações deve ser uma prioridade das políticas de saúde. No futuro, estudos longitudinais serão necessários para identificar fatores causais de excesso de peso/obesidade. Isso implica a recolha de dados na fase pré-migração, no momento da migração e ao longo do tempo, no país de acolhimento. Essencial será também a comparação dos resultados com os homólogos que ficaram no país de origem e com a população autóctone. Estas medidas exigem uma abordagem mais ampla e uma maior cooperação entre os países.

EUSÉBIO, Ana Sofia Sancho (2015) Determinantes genéticos de virulência e de resistência aos antibióticos em isolados uropatogénicos de *Escherichia coli* provenientes da comunidade e do hospital. Dissertação de Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

As infeções urinárias estão entre as infeções mais prevalentes sendo a *Escherichia coli* o agente etiológico mais frequente.

Este estudo teve como objetivo verificar a existência ou não de correlação entre a resistência aos antibióticos e a virulência dos isolados na comunidade e em meio hospitalar.

Foram estudados 250 estirpes de *E. coli* de uroculturas de mulheres com idade ≤ 59 anos, provenientes de vários laboratórios da comunidade e 50 estirpes de *E. coli* de uroculturas relacionadas com internamento hospitalar.

Foi realizado o estudo de suscetibilidade aos antibióticos assim como a pesquisa dos genes de virulência *fimH*, *papC*, *ecpA*, *usp*, *hlyA* e *cnf1*, das ilhas de patogenicidade PAI ICFT073 e PAI IICFT073, e a determinação do grupo filogenético, pela técnica de PCR. Abordou-se a relação entre estirpes através de métodos genotípicos como M13-PCR *fingerprinting* e MLST e finalmente estudou-se

a prevalência do clone O25b-ST131 relacionado com a disseminação de ESBL do tipo CTX-M-15.

Os genes mais frequentemente isolados foram o *ecpA*, seguido de *fimH* e os grupos filogenéticos mais prevalentes foram os patogênicos B2 e D, tanto nas ITU da mulher aparentemente sem fatores de risco na comunidade como nas ITU hospitalares.

O grupo B2 mostrou-se relacionado com as citotoxinas α -hemolisina, CNF e ilhas de patogenicidade PAI ICFT073 e PAI IICFT073, ferramentas importantes na virulência dos isolados, verificando-se virulência associada a estirpes sensíveis aos antibióticos normalmente recomendados em terapêutica empírica.

Quanto ao clone O25b-ST131, verificou-se que a sua não associação a ESBL do tipo CTX-M foi significativa nos isolados da comunidade, enquanto que associado a CTX-M-15 se verificou disseminado a nível nacional, em ambos os isolados do meio hospitalar e comunitário, confirmando a emergência pandémica deste clone.

FERNANDES, Mariana Rafael (2015) Caracterização da internalização de fármacos antileishmania e novos compostos por macrófagos parasitados por *leishmania* spp.. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Devido às elevadas taxas de morbilidade e mortalidade, a leishmaniose é uma das doenças parasitárias com maior impacto no Mundo. Um dos problemas associado ao controlo das leishmanioses é a emergente resistência dos parasitas aos fármacos usados clinicamente. A resistência de parasitas do género *Leishmania* aos fármacos clássicos tem sido associada a bombas de efluxo, em particular aos transportadores *ATP-binding cassette* (ABC) que conferem o fenótipo de MDR (*multidrug resistance*). Com a eficácia dos fármacos clássicos comprometida, o desenvolvimento de novos compostos com atividade antileishmania e a terapêutica combinada parecem ser as melhores estratégias para o tratamento da leishmaniose. A presente dissertação teve como objetivo principal caracterizar a internalização de fármacos antileishmania clássicos e de novos compostos por promastigotas e amastigotas axénicos de diferentes espécies de *Leishmania* e por macrófagos parasitados, identificando vias e mecanismos que privilegiem a destruição do parasita pelos fármacos, minimizando em simultâneo, qualquer ação nefasta na célula hospedeira. O efluxo de diversos inibidores de bombas de efluxo (tioridazina, promezina, prometazina, verapamil, ortovanadato de sódio e Phe-Arg Beta-Naphthylamid) foi analisado em macrófagos e parasitas do género *Leishmania* por um método fluorimétrico semi-automático que quantifica a acumulação de EtBr em tempo real. Após a análise da toxicidade e eventual atividade antileishmania dos inibidores de bombas de efluxo (EPI) foi caracterizada *in vitro* a internalização de fármacos clássicos (antimoniato de meglumina e miltefosina) e de novos compostos [ácido ursólico, chalcona (CH8), quercetina e a associação de ácido oleanólico e ácido ursólico] em promastigotas axénicos e macrófagos. Os resultados obtidos

permitiram selecionar o verapamil (VER), ortovanadato de sódio (ORT) e Phe-Arg Beta-Naphthylamide (PAβN) como possíveis moduladores de bombas de efluxo de *Leishmania*. A taxa de infecção de macrófagos após tratamento com miltefosina, ácido ursólico, CH8 e quercetina em monoterapia ou em associação com os EPI selecionados foi também determinada. PAβN modifica a atividade de transportadores que efluxam substratos, nomeadamente transportadores do tipo AcrAB em bactérias, potenciando o efeito da terapêutica na maioria dos parasitas do género *Leishmania*. Por sua vez, o VER estabelece relações de sinergia com os compostos através da modulação de bombas Pgp. Porém, as funções do ORT podem ser alteradas por outros compostos, como a quercetina, apresentando atividades variáveis. Para além disso, a capacidade dos EPI modularem os transportadores responsáveis pelo efluxo dos fármacos varia com a espécie de *Leishmania*. A associação de EPI ao tratamento favorece a atividade antileishmaniana de compostos que são substratos de bombas de efluxo, como é o caso da miltefosina e da CH8. O presente estudo demonstra que os EPI são uma opção válida que deve ser fortemente considerada em terapêutica combinada. A eventual utilização de EPI pode contribuir para potenciar a atividade de fármacos antileishmaniana, reduzindo a concentração dos compostos e, conseqüentemente os efeitos tóxicos, prevenindo o aparecimento de resistências.

GABRIEL, Marta Isabel Martins (2015) Resposta imunitária inflamatória de macrófagos na presença de inibidores de efluxo. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, especialidade em Biologia Molecular, IHMT, Lisboa.

Resumo não copiável

MONTEIRO, Joana Patrícia Molato Figueiredo Lopes (2015) Caracterização bioquímica e propriedades biológicas de diferentes metaloproteinases de tripanossomatídeos (*Leishmania spp.*, *Trypanosoma cruzi* e *Trypanosoma brucei brucei*). Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Leishmania spp., *Trypanosoma cruzi* e *Trypanosoma brucei* são os agentes etiológicos da leishmaniose, doença de Chagas e doença do sono, respetivamente. Estas doenças caracterizam-se por serem maioritariamente prevalentes em regiões tropicais e subtropicais onde impera a pobreza. Não obstante os esforços no sentido

de as controlar/erradicar, atualmente as Doenças Tropicais Negligenciadas são endêmicas em 149 países. Desta realidade surge a necessidade de melhor compreensão das suas interações com o hospedeiro vertebrado. Neste sentido, pretendeu-se caracterizar bioquimicamente e biologicamente as metaloproteases, enzimas comuns a tripanossomatídeos envolvidas nos processos de virulência deste trio de protozoários de importância clínica. Traçou-se o perfil enzimático, em géis de colagénio, gelatina e caseína, de extratos de formas promastigotas de *L. amazonensis*, *L. guyanensis*, *L. infantum*, *L. shawi*; de formas epimastigotas e tripomastigotas das estirpes Y, Bolívia, e QMM5 de *T. cruzi* e de tripomastigotas sanguíneos de *T. b. brucei*. As concentrações mínimas inibitórias de metaloproteases foram estimadas na presença da 1,10-fenantrolina, um inibidor de metaloproteases. Para avaliar a atividade metaloproteolítica de cada extrato foi otimizada uma metodologia que permitiu quantificar o nível de atividade enzimática na presença e na ausência da 1,10-fenantrolina. O estudo das propriedades biológicas de cada extrato consistiu na avaliação da interação das metaloproteases dos diferentes tripanossomatídeos com eritrócitos humanos (Eh) e com possível atividade hemolítica mediada pelo sistema complemento. Todos os extratos foram enzimaticamente ativos nos diferentes substratos e cada parasita evidenciou um perfil zimográfico distinto. Nos extratos de *Leishmania* spp. foi observada a expressão de enzimas com massa molecular entre os 50 e 80 kDa, possivelmente a glicoproteína de 63 kDa (gp63). Em extratos de *T. cruzi* e *T. b. brucei* foi detetado, respetivamente, a expressão de enzimas de aproximadamente 40 e 20 kDa. O decréscimo da atividade enzimática total dos extratos na presença de concentrações crescentes de 1,10-fenantrolina confirmou a natureza metaloproteica das enzimas. O perfil de atividade das metaloproteases de *L. shawi* mostrou-se distinto do evidenciado pelas restantes espécies e cada estirpe de *T. cruzi* exibiu um padrão metaloproteolítico diferente. Das metaloproteases estudadas, a de *T. b. brucei* apresentou a menor velocidade de reação enzimática. iii

Os resultados obtidos nos ensaios de sensibilização de Eh por extratos de *Leishmania*, *T. cruzi* e *T. b. brucei* permitiram dar início à criação de um modelo biológico de infeção tendo ficado estabelecido que em *Leishmania* spp. ocorre a sensibilização de Eh pelas metaloproteases que, por sua vez, são lisados pelo sistema complemento. Dada a importância das funções biológicas destas enzimas, o conhecimento do perfil de expressão nos diferentes tripanossomatídeos e dos mecanismos biológicos de infeção pode constituir uma oportunidade para a identificação de novos alvos terapêuticos e, conseqüentemente, para o desenvolvimento de novas estratégias profiláticas e terapêuticas.

MUGGLI, Zélia Maria Araújo da Silva (2015) Impacto da crise económica na saúde das crianças: análise das percepções de Profissionais de Saúde do ACES de Sintra, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Introdução: Portugal tem vivido um clima socioeconómico desfavorável com redução de rendimentos e aumento da taxa de desemprego , acompanhados do aumento da taxa de pobreza. Estes factores são determinantes de saúde nas populações e sabe-se que, nestas circunstâncias, é provável uma influência negativa na saúde. As crianças são um grupo particularmente vulnerável. Contudo, os estudos sobre os efeitos da crise económica na saúde das crianças são escassos. Importa, assim, conhecer melhor esta problemática e identificar os factores envolvidos para que se possam tomar medidas adequadas.

Objetivos: Avaliar o impacto da crise económica na saúde das crianças , através das percepções de profissionais de saúde do ACES de Sintra .

Material e Métodos: Estudo observacional, transversal , com abordagem mista. O estudo qualitativo utilizou uma amostra de conveniência de 7 profissionais de saúde; os dados foram colhidos por entrevistas em profundidade e analisados por análise qualitativa de conteúdo. O estudo quantitativo é censitário , realizado a 209 enfermeiros e médicos da saúde infantil do ACES de Sintra; o instrumento de recolha de dados consistiu num questionário , construído com base no estudo qualitativo ; a

análise de dados foi feita por análise quantitativa de conteúdo e análise estatística descritiva e bivariada.

Resultados: Um aumento de casos de alterações de comportamento e crises de ansiedade nas crianças, de patologias dermatológicas e de cáries dentárias, foram as situações clínicas mais referidas. Outros factores relevantes incluem as tensões familiares e a falta de disponibilidade dos pais, os casos de incumprimento de terapêutica ou dificuldade de transporte até às consultas por carências económicas e uma alimentação de baixo valor nutricional. Foi, também, referida uma oferta insuficiente de consultas de psicologia, pedopsiquiatria e medicina dentária. De um modo geral, existe a percepção da necessidade de aumentar a promoção da saúde e de que os cuidados de saúde primários não têm recursos humanos suficientes para mitigar os efeitos da crise económica na saúde das crianças. A longo prazo, os efeitos apontados foram um aumento de patologia de saúde mental e dos níveis de obesidade.

Conclusão: O impacto da crise económica nas relações familiares e a falta de disponibilidade dos pais, é preocupação da maioria dos profissionais de saúde .A percepção de que os efeitos da crise se traduzirão na saúde mental e no aumento dos níveis de obesidade nas crianças , reforça a necessidade de aumentar a oferta de consultas de valências da saúde mental e de atividades de promoção da saúde. Por outro lado, a percepção da falta de recursos humanos para mitigar os efeitos da crise na saúde das crianças, implica o reforço da capacidade de resposta dos cuidados de saúde primários. Este estudo indica a existência de um impacto negativo na saúde das crianças e importância de este ser avaliado no resto do país. O questionário desenvolvido e usado neste estudo poderá servir como base para o desenvolvimento de uma escala para esse fim.

NUNES, Mariana dos Santos (2015) Caracterização de infecção por *Neisseria gonorrhoeae* E *Chlamydia trachomatis* em utentes de unidades de rastreio de infecção pelo VIH e outras infeções sexualmente transmissíveis, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo não copiável

PEDRO, Tânia Raquel de Sousa (2015) Reavaliação dos nichos ecológicos de *Streptococcus pneumoniae* em adultos com mais de 60 anos por PCR em tempo real, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Streptococcus pneumoniae é uma bactéria que faz parte da flora comensal do trato respiratório superior. Os estudos de colonização por *S. pneumoniae* em idosos são escassos mas estão a ganhar uma importância crescente, dado o aumento da esperança média de vida da população em geral e o facto da incidência da doença pneumocócica ser particularmente elevada neste grupo etário.

O objetivo deste estudo foi avaliar a prevalência de colonização da nasofaringe e orofaringe por *S. pneumoniae*, em adultos com mais de 60 anos, por amplificação em tempo real de dois genes específicos, *lytA* e *piaA*. Investigaram-se duas coleções de amostras anteriormente caracterizadas utilizando apenas o método convencional de cultura: uma correspondente às amostras de 78 indivíduos residentes num lar de idosos, e outra correspondente às amostras de 200 indivíduos selecionadas aleatoriamente de um estudo realizado na comunidade. Foi ainda determinado o serótipo presente nas amostras positivas para *S. pneumoniae* recorrendo a PCR convencional e sequenciação de fragmentos de genes capsulares.

Observou-se uma taxa de colonização mais elevada na orofaringe do que na nasofaringe, havendo vantagem em investigar a prevalência de colonização nas duas localizações anatómicas. A prevalência de colonização por *S. pneumoniae* aumentou significativamente na coleção da amostra aleatória com uso da PCR em tempo real (9,0% vs 3,5%; $p=0,02$). No lar de idosos a prevalência de colonização foi mais elevada, não sendo, no entanto, estatisticamente significativa a diferença relativamente ao estudo anterior (20,5% vs 16,7%; $p = 0,54$). A diversidade de serótipos foi elevada em ambas as coleções e globalmente comparável com os resultados obtidos anteriormente por métodos tradicionais de cultura.

Em conclusão, no estudo de portadores de *S. pneumoniae* em adultos, onde a densidade de colonização é frequentemente baixa, a utilização de métodos de

deteção com uma sensibilidade muito superior à da cultura é particularmente relevante.

PORTINHA, Inês Cunha (2015) Exploring the evolutionary link between biofilms and spores formation in spore-formers, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

A percepção instalada é a de que as bactérias são organismos unicelulares. No entanto, estes organismos são capazes de se organizarem em comunidades multicelulares complexas compostas de subpopulações de células diferenciadas. Os biofilmes são um exemplo deste tipo de organização. Os biofilmes conferem protecção contra as condições desfavoráveis encontradas no hospedeiro, ao mesmo tempo que criam nichos ricos em nutrientes facilitando a implantação da população. Nos últimos anos foi demonstrado que a persistência microbiana no trato gastrointestinal humano se deve em larga medida à formação de biofilmes. Algumas bactérias que podem ser encontradas no trato gastrointestinal humano são ainda capazes de diferenciar um tipo celular altamente resistente a insultos químicos e físicos, o esporo. Nestes casos, não é claro se são os biofilmes ou os endoesporos os principais responsáveis pela persistência destes organismos, já que ambos são resistentes aos antibióticos.

Neste trabalho exploramos a ligação genética entre a formação de biofilmes e a esporulação em *Bacillus subtilis*. Mostramos que os endoesporos produzidos em biofilmes exibem maior resistência aos UV. Mostramos que um gene, *remA*, conservado em bactérias formadoras de endoesporos e essencial para a formação de biofilmes é expresso durante a esporulação. *remA* é expresso no pré-esporo após a divisão assimétrica e na célula mãe após o envolvimento do pré-esporo. GerE reprime a expressão de *remA* na célula mãe em estádios tardios de desenvolvimento. Consequentemente, encontramos componentes da matriz do biofilme no manto de endoesporos maduros. Algumas das proteínas estruturais que conferem integridade à matriz do biofilme, como TasA, poderão servir como base para a montagem das camadas superficiais do esporo.

Ramalhete, Sara de Castro Gonçalves (2015) Exploring the relationship between toxin and spore production in the human enteric pathogen *Clostridium difficile*. Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Clostridium difficile é presentemente a principal causa de doença gastrointestinal associada à utilização de antibióticos em adultos. *C. difficile* é uma bactéria Gram-positiva, obrigatoriamente anaeróbica, capaz de formar endósporos. Tem-se

verificado um aumento dos casos de doença associada a *C. difficile* com sintomas mais severos, elevadas taxas de morbidade, mortalidade e recorrência, em parte, devido à emergência de estirpes mais virulentas, mas também devido à má gestão do uso de antibióticos. *C. difficile* produz duas toxinas, TcdA e TcdB, que são os principais fatores de virulência e responsáveis pelos sintomas da doença. Estas são codificadas a partir do Locus de Patogenicidade (PaLoc) que codifica ainda para um regulador positivo, TcdR, uma holina, TcdE, e um regulador negativo, TcdC. Os esporos resistentes ao oxigénio são essenciais para a transmissão do organismo e recorrência da doença.

A expressão dos genes do PaLoc ocorre em células vegetativas, no final da fase de crescimento exponencial, e em células em esporulação. Neste trabalho construímos dois mutantes de eliminação em fase dos genes *tcdR* e *tcdE*. Mostrámos que a auto-regulação do gene *tcdR* não é significativa. No entanto, *tcdR* é sempre necessário para a expressão dos genes presentes no PaLoc.

Trabalho anterior mostrou que, com a exceção de *tcdC*, os demais genes do PaLoc são expressos no pré-esporo. Mostrámos aqui que TcdA é detectada à superfície do esporo maduro e que a eliminação do *tcdE* não influencia a acumulação de TcdA no meio de cultura ou em associação às células ou ao esporo. Estas observações têm consequências para o nosso entendimento do processo infeccioso: sugerem que o esporo possa ser também um veículo para a entrega da toxina nos estágios iniciais da infecção, que TcdA possa ser libertada durante a germinação do esporo, e que o esporo possa utilizar o mesmo receptor reconhecido por TcdA para a ligação à mucosa do cólon.

RIBEIRO, Marta Maria Ramos Soares (2015) Aplicação de anticorpos recombinantes para o diagnóstico da pneumocistose, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A pneumonia causada por *Pneumocystis*, conhecida por pneumocistose, ou PPC, é uma doença de alto relevo e preocupação a nível de saúde pública. O seu rápido diagnóstico é de grande importância, visto ser uma doença fatal em indivíduos com imunossupressão. Como tal, é imprescindível a continuação da pesquisa de novas abordagens de diagnóstico rápido para esta doença. A aplicação de anticorpos recombinantes adquiridos pela técnica de *Phage display* pode ser uma grande mais valia, não só do ponto de vista de diagnóstico, não tendo de se recorrer a *kits* de diagnóstico, como também terapêutico.

Este estudo teve por objetivo a produção de fragmentos de anticorpos recombinantes com o auxílio da técnica de *Phage display*, para diagnóstico da pneumocistose.

A fim de se pesquisar os anticorpos recombinantes monoclonais específicos para *P. jirovecii* foram realizados três estudos. No primeiro e segundo estudos, a pesquisa dos anticorpos recombinantes fez-se através de amostras biológicas aleatórias de lavados broncoalveolares (LBA) de doentes com presença de *P. jirovecii*. Para o terceiro estudo foi utilizada uma proteína recombinante purificada MsgC - glicoproteína *Major* de superfície (do inglês, *Major surface glycoprotein*) de *P. jirovecii*, a qual é composta por três fragmentos de péptidos imunogénicos. Na captura de fragmentos recombinantes anti- *P. jirovecii*, utilizaram-se no primeiro

estudo três bibliotecas combinatórias de fragmentos de anticorpos recombinantes (*scFv* – *Griffin1.*, *Tomlinson J e I*) e apenas uma biblioteca (*Griffin 1.*) para o segundo e terceiro estudos.

No primeiro estudo obtiveram-se partículas fágicas monoclonais cuja presença foi validada com o antígeno MsgC, apresentando sequências com 550 a 750 pb, tamanho expectável para *scFv*. Na fase de produção de *scFv* em *E. coli HB2151*, não houve expressão de *scFv*, possivelmente, devido à sequência recombinante obtida possuir um codão terminal amber TGA em excesso, o que impossibilita a sua expressão.

Para o segundo e terceiro estudos os resultados foram inconclusivos.

Com base nos resultados obtidos neste estudo, pode-se assumir que apenas com a utilização de antígeno puro (MsgC recombinante) haverá maior hipótese de se obter *scFv* para poder utilizar no diagnóstico da pneumonia por *Pneumocystis*.

SEQUEIRA, Daniela Filipa Policarpo (2015) Explorar a versatilidade das células de insecto para a produção de VLPs do vírus da gripe, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

A co-expressão de várias hemaglutininas (HA) e proteína da matriz (M1), no mesmo hospedeiro, formando partículas semelhantes a vírus (VLPs), constitui uma importante estratégia para desenvolver vacinas contra o vírus da gripe. Este trabalho mostra a combinação de uma linha celular estável de células de insecto com o sistema de expressão mediada por baculovírus para a produção deste tipo de VLPs. Foram estabelecidas duas populações de células de insecto Hi5, expressando duas HAs, posteriormente infectadas com um baculovírus contendo a proteína M1, a duas concentrações celulares diferentes (CCI; 2 e 3×10⁶ cells/mL) sendo que a mais elevada demonstrou ser a mais produtiva. De seguida, implementou-se uma estratégia baseada na adição de nutrientes específicos para prolongar o tempo de cultura. As culturas previamente suplementadas e infectadas a uma CCI de 4×10⁶ células/mL produziram 4x mais HA comparativamente às culturas infectadas a uma CCI de 2×10⁶ células/mL, não suplementadas. Esta estratégia foi também aplicada num biorreactor de 2L permitindo 1,5x mais produção, volumétrica, de HA comparativamente a experiências em pequena escala.

De forma a ultrapassar a imprevisibilidade de uma integração aleatória, foi explorado o sistema de troca de cassette mediado por recombinase (RMCE). A viabilidade de um sistema com duas cassetes integradas flanqueadas por diferentes locais de reconhecimento (FRTs) foi avaliada, tendo sido observada a interação entre ambos os pares selecionados. Como segunda estratégia, foi implementado um sistema com uma cassette para co-expressão de dois genes em simultâneo, em células de insecto Sf9. Porém, os clones isolados mostram fraca expressão de M1 e HA, pelo que uma estratégia de isolamento de clones com expressão génica mais forte está em desenvolvimento utilizando uma tecnologia de sorteamento.

Assim, este trabalho demonstra a versatilidade da tecnologia aplicada em células de insecto, que pode ser explorada para produzir VLPs multivalentes, com potencial para se tornar a próxima geração de vacinas para o vírus da gripe.

SILVA, Joana Filipa Gomes da (2015) Characterization of the major autolysin in *Staphylococcus aureus*, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Para as células bacterianas crescerem e se dividirem, o peptidoglicano sofre clivagem por hidrolases específicas de modo a que novas subunidades possam ser incorporadas na parede celular. A hidrolase mais importante de *Staphylococcus aureus*, um agente patogénico humano oportunista, é a proteína bifuncional ATL composta por dois domínios, AM e GL, que são processados extracelularmente e se ligam à superfície da bactéria em locais precisos da superfície equatorial. Com base em observações que mostraram que para mutantes de *atl*, construídos em diferentes linhagens de *S. aureus*, a formação de biofilme não é em todos prejudicada, colocou-se a hipótese de que os papéis fisiológicos da ATL podem ser específicos da estirpe. Diferentes abordagens foram usadas para caracterizar a proteína ATL em diferentes estirpes de *S. aureus*: (i) o gene *atl* foi sequenciado com o intuito de encontrar diferenças de aminoácidos na proteína que poderiam alterar a atividade ou sofrer clivagem proteolítica diferente; (ii) analisou-se o tamanho das diferentes formas processadas do ATL, bem como o compartimento da célula em que o mesmo ocorre; (iii) a expressão de ATL foi analisada ao longo do tempo por Western Blot; (iv) determinou-se o impacto do DNA na atividade lítica do GL em células inativadas, na parede celular e no peptidoglicano, através de ensaios de lise com a proteína purificada GL.

Os resultados obtidos permitiram identificar padrões distintos de expressão da proteína de ATL e clivagem proteolítica que pode ser a base para as diferenças fenotípicas primárias.

TAVARES, Carla Alexandra Dimas (2015) Identificação e caracterização genética de vírus entéricos (norovírus, astrovírus e adenovírus) em crianças com diarreia aguda em Angola., Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A gastroenterite aguda (GEA) é uma das principais causas de mortalidade e morbidade em crianças com idade inferior a 5 anos, especialmente nas que vivem em países em desenvolvimento. Sabe-se que os rotavírus são a principal causa de GEA pediátrica, seguidos dos norovírus, adenovírus e astrovírus. Entre 2012 e 2013, crianças com idade inferior a 5 anos, com diarreia e que recorreram a unidades de saúde em Angola (províncias de Huambo, Zaire, Cabinda e Luanda) foram incluídas num estudo piloto com o objetivo de identificar e caracterizar agentes virais causadores de gastroenterite. A deteção e caracterização genética de adenovírus, astrovírus e norovírus foram realizadas num total de 222 amostras de fezes, negativas para rotavírus. Os astrovírus e adenovírus foram detetados por teste de ELISA e teste rápido imunocromatográfico, respetivamente, enquanto os

norovírus foram detetados por PCR em tempo real com sonda TaqMan®. A genotipagem foi realizada por análise filogenética de sequências parciais do gene do hexão dos adenovírus, e da ORF2 de astrovírus e norovírus.

Nas amostras fecais, foi possível identificar norovírus, adenovírus e astrovírus, com taxas de deteção de 17% (37/222), 11% (24/222) e 5% (11/222), respetivamente. A maioria dos norovírus detetados (81%, 30/37) pertencem ao genogruppo GII, sendo os génotipos mais prevalentes GII.6 (9/30), GII.4 (8/30, incluindo duas variantes Sydney 2012) e GII.7 (6/30). Os génotipos GII.1, GII.2, GII.3, GII.9, GII.14 e GII.16 foram também identificados. Os norovírus GI foram classificados como GI.3 (5/7) e GI.5 (1/7). Quanto aos adenovírus, os tipos mais abundantes foram HAdV-41 (7/24), HAdV-40 (4/24) e HAdV-1 (4/24). Porém, foram igualmente identificados HAdV-2, -5, -9, -15/-29, -18, -26, -27 e -61. Os astrovírus foram genotipados como HAstV-5 (3/7), HAstV-1 (2/7) e HAstV-3 (2/7). Para nosso conhecimento, este foi o primeiro estudo sobre vírus entéricos, para além dos rotavírus, realizado em crianças com GEA em Angola e revela a presença de norovírus, adenovírus e astrovírus em cerca de um terço das amostras estudadas. Ainda, os diferentes vírus apresentam uma grande diversidade de estirpes em circulação, incluindo variantes menos comuns.

ALVES, Gonçalo Nuno da Costa Martins (2014) Ferramentas para o controlo de formas larvares de *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Diptera: Culicidae) na cidade do Funchal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Aedes (Stegomyia) aegypti (L. 1762) é na atualidade um dos principais vetores de dengue, chikungunya e febre-amarela, além de importante agente de incomodidade. Desde o seu registo na ilha da Madeira, em Outubro de 2005, medidas de controlo vetorial direcionadas às formas adultas e imaturas, bem como campanhas de educação para a saúde visando a eliminação dos criadouros larvares, foram prontamente implementadas. Contudo, *Aedes aegypti* continuou a expandir-se, colonizando quase toda a costa sul da ilha até 2012. Nesse mesmo ano, foi registado o primeiro surto de dengue naquela região, com 2168 casos de doença. As dificuldades associadas ao controlo vetorial, devido à presença de elevados níveis de resistência a inseticidas na população local de *Aedes aegypti*, a colonização da costa sul da ilha e o surto de dengue pelo serotipo-1 (DENV-1), levaram as autoridades locais a procurar novas ferramentas de controlo. Assim, o objetivo proposto para este estudo foi caracterizar a população de *Aedes aegypti* da cidade do Funchal quanto à sua sensibilidade a substâncias presumivelmente larvicidas e avaliar se as mesmas levam a mudanças de comportamento das fêmeas na seleção de locais de postura, avaliando a sua relevância como futuras ferramentas de controlo larvar.

Nos resultados dos bioensaios de dose-resposta OMS observou-se que a população de *Aedes aegypti* da cidade do Funchal é suscetível ao sal de cozinha (RR99=1,08) e ao *Bacillus thuringiensis israelensis* (*Bti*, na formulação Vectobac® G) (RR99=0,73) e, aparentemente, tolerante ao espinosade (Spintor® 480 SC) ($\chi^2=22,90$; $P<0,05$). O regulador de crescimento de insetos piriproxifeno (PPF®, padrão analítico, Sigma-Aldrich) foi também avaliado, contudo, a suscetibilidade da população de *Aedes aegypti* do Funchal a este composto não foi passível de ser confirmada, uma vez que não foi possível comparar a sua linha-de-base de resposta ao pupicida com a estirpe de referência Rockfeller. Porém, os resultados preliminares obtidos sugerem suscetibilidade ao PPF. Em relação aos ensaios de deteção de tratamento dos criadouros larvares por fêmeas grávidas, foram observadas diferenças significativas no número médio de ovos por fêmeas nos criadouros tratados com sal ($P<0,05$) que apresentaram sempre menor número de ovos. Para restantes produtos, espinosade, *Bti*, e piriproxifeno não foram detetadas diferenças significativamente estatísticas entre o número médio de ovos por fêmea nos criadouros tratados e controlo (água) ($P>0,05$).

Estes achados, embora preliminares, constituem um ponto de partida para futuros trabalhos de campo, que validarão a utilização destes produtos como possíveis ferramentas de controlo das formas larvares de *Aedes aegypti* na ilha da Madeira.

BOLAS, Ana Sofia Valério (2014) Atividade oxidativa e não oxidativa de células fagocitárias expostas a protozoários do género *Leishmania*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

As leishmanioses, causadas por protozoários do género *Leishmania*, são um problema de saúde pública e veterinária. No homem, a doença classifica-se clinicamente em leishmaniose cutânea, visceral e mucocutânea. A leishmaniose cutânea pode ser produzida por *L. amazonensis*, *L. shawi* e *L. guyanensis*, entre muitas outras espécies. A leishmaniose visceral zoonótica causada por *L. infantum* apresenta manifestações clínicas graves que podem ser fatais. Neutrófilos ou células polimorfonucleares (PMN) têm função crucial na imunidade inata, sendo as primeiras a ser recrutadas para o local de infeção. Os monócitos/macrófagos (MΦ) desempenham o duplo papel de serem células fagocíticas apresentadoras profissionais de antígenos e as hospedeiras por excelência de *Leishmania*. O presente trabalho teve como objetivo analisar a atividade leishmanicida de neutrófilos de murganhos BALB/c e de MΦ (linha celular P388D1 derivada de murganhos) quando expostos *in vitro* a espécies de *Leishmania* do subgénero *Leishmania* (*L. infantum* e *L. amazonensis*) e *Viannia* (*L. shawi* e *L. guyanensis*) através da avaliação da (i) expressão dos sensores celulares *NOD1*, *NOD2*, *TLR2*, *TLR4* e *TLR9* por real time PCR, (ii) ativação dos mecanismos oxidativos (superóxido nos neutrófilos e óxido nítrico e ureia nos MΦ), (iii) importância dos

mecanismos enzimáticos e (iv) produção de NET por neutrófilos. Estudo idêntico foi realizado em neutrófilos e MΦ de canídeos infetados *in vitro* com *L. infantum*. Neutrófilos de murganhos internalizam parasitas dos subgêneros *Leishmania* e *Viannia*. Os mecanismos oxidativos e enzimáticos são ativados e geradas NET, contribuindo para o controlo da infeção. No entanto, o contato com os parasitas não promove a expressão génica dos sensores celulares. MΦ P388D1 fagocitam as diferentes espécies de *Leishmania*, porém não ocorre ativação da via clássica, mas sim da via alternativa, assegurando a sobrevivência intracelular do parasita. Nestas células, a exposição às diferentes espécies de *Leishmania* conduziu a aumentos pontuais da expressão génica de *NOD1* e *TLR2* e também de *TLR9*, com exceção de *L. shawi*. No entanto, as espécies do subgénero *Viannia* induziram aumento da expressão génica de *NOD2*. Em conjunto, estes resultados sugerem que cada espécie elabora estratégias próprias de ativação dos sensores celulares. Os neutrófilos caninos também internalizaram *L. infantum*, ativaram os mecanismos oxidativos e produziram NET capazes de aprisionar extracelularmente promastigotas. Porém, apenas ocorreu exocitose da elastase neutrofilica sugerindo que este parasita restringe a actividade enzimática de neutrófilos. MΦ caninos infetados por *L. infantum* ativaram a via alternativa e apresentaram unicamente expressão aumentada de *TLR2*, o que desencadeia a ativação dos mecanismos oxidativos e produção de citocinas pró-inflamatórias. Este estudo contribuiu para clarificar o efeito da infeção por espécies cutâneas e viscerais de *Leishmania* na ativação dos mecanismos oxidativos e não oxidativos das células fagocitárias de canídeos e modelo roedor. Foi demonstrado pela primeira vez que a infeção por *Leishmania spp.* na célula hospedeira está intimamente associada ao aumento da expressão de *TLR2* e, conseqüentemente, à provável ativação desta via metabólica. A compreensão dos fatores que inibem ou estimulam os sensores celulares de imunidade inata, cruciais no reconhecimento do parasita, pode ser importante no desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas para a leishmaniose.

CÁ, Baltazar (2014) Importância Epidemiológica dos Roedores como Reservatório de *Leptospira spp.* na Cidade de Bissau (Guiné - Bissau) e áreas limítrofes, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

A leptospirose é uma zoonose de importância mundial, causada por espiroquetídeos do género *Leptospira*, com implicações na Medicina Veterinária e Humana (*One Health*) e impacte significativo na Saúde Pública e na Economia Pecuária.

Embora de reconhecida importância em zonas tropicais, pouco se sabe sobre a leptospirose em África. Na Guiné-Bissau existem apenas dois estudos de seroprevalência em humanos, datados das décadas de 50 e 80 do século XX, que indicam a existência da doença.

Os roedores, em particular os murinos (géneros *Rattus* e *Mus*, entre outros), constituem os principais reservatórios da bactéria, a partir dos quais as leptospiros são transmitida aos humanos e/ou a outros animais. A inespecificidade das manifestações clínicas da leptospirose nos humanos leva a que esta seja facilmente confundida com malária, septicemia, hepatite viral, dengue, ou outras doenças que cursam com síndrome febril, pelo que o doente deixa assim de receber o tratamento adequado e em tempo útil.

Para o conhecimento da epidemiologia da leptospirose, em qualquer região e/ou país, são indispensáveis a identificação dos serovares mais prevalentes e a caracterização dos respetivos reservatórios/hospedeiros. Estes conhecimentos são críticos para a implementação de medidas de controlo eficazes da doença.

O presente estudo teve como objetivo contribuir para um melhor conhecimento da importância epidemiológica e ecológica dos roedores e o seu papel como reservatório de *Leptospira* spp. na cidade de Bissau e áreas limítrofes, pela determinação da taxa da prevalência bacteriológica de *Leptospira* spp. na população de roedores capturados.

Entre Maio e Agosto de 2013 foram capturados 104 roedores em sete (7) bairros da cidade de Bissau. Procedeu-se à necropsia dos roedores e os rins foram colhidos e conservados para posterior análise no Instituto de Higiene de Medicina Tropical em Lisboa.

Foi determinada a taxa de infeção bacteriológica pela deteção e identificação de DNA leptospírico com recurso a técnicas moleculares (PCR e sequenciação). Foram utilizados dois protocolos, ambos com *primers* específicos para leptospiros patogénicas, um PCR convencional com *primers* baseados no gene *hap1* e o outro, um *nested*-PCR com *primers* obtidos do gene *lipL32*. Em 10% das amostras tentou-se ainda o método de cultura para obtenção de isolados de *Leptospira*.

Os roedores foram identificados como pertencentes às espécies *Rattus norvegicus* (63,5%), *Mus musculus* (34,6%) e *Rattus rattus* (1,9%).

Trinta dos 104 roedores capturados (29%) mostraram presença de DNA leptospírico, sendo que (20/30; 67%) pertenciam à espécie *R. norvegicus*, (9/30; 30%) à espécie *M. musculus* e (1/30; 3%), pertencia à espécie *R. rattus*. Foram sequenciadas 12 das 30 amostras positivas, cuja análise por BLAST, permitiu a identificação dos serovares Icterohaemorrhagiae e Pomona, pertencentes respetivamente às genoespécies *L. interrogans* e *L. kirschneri*, ambas reconhecidamente de elevada patogenicidade para os humanos. Não houve até à data crescimento bacteriano nas sementeiras efetuadas.

Em conclusão, este trabalho permitiu, pela primeira vez, identificar leptospiros patogénicas em roedores na cidade de Bissau, pelo que teve um carácter pioneiro na determinação do papel destes mamíferos silváticos como reservatórios de leptospiros na Guiné-Bissau.

Os resultados obtidos justificam a realização de estudos adicionais e mais exaustivos de investigação epidemiológica sobre esta zoonose em Bissau e no território nacional. Os ganhos para a Saúde Humana e Veterinária no país poderiam ser significativos, nomeadamente em termos do benefício no acompanhamento

clínico dos doentes com leptospirose e na implementação de medidas adequadas para o controlo desta zoonose.

CARRUJO, Daniela Alves (2014) A satisfação laboral dos enfermeiros da Unidade Hospitalar de Portimão – Centro Hospitalar do Algarve perante o actual contexto de crise económica, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Introdução: Perante a atual crise económica portuguesa, existem cada vez mais, necessidades crescentes em saúde e, ao mesmo tempo, restrições financeiras que limitam o potencial dos serviços para fortalecer as infraestruturas e a força de trabalho necessárias. Os enfermeiros são os profissionais de saúde que mais próximo estão dos doentes, sendo crucial a satisfação e motivação destes, no trabalho. Contudo, dada a atual crise, os ambientes favoráveis à prática ficam em risco e cada vez mais, os enfermeiros deparam-se com cortes salariais, congelamento de contratações, sobrecarga de trabalho, não progressão na carreira, etc. As consequências da insatisfação laboral são graves, podendo comprometer a saúde e bem-estar destes profissionais e dos utentes. Assim, urge proceder a uma avaliação da satisfação laboral dos enfermeiros e identificar os fatores que a influenciam.

Objetivos: O objetivo geral deste estudo é avaliar a satisfação laboral dos enfermeiros da Unidade Hospitalar de Portimão (Centro Hospitalar do Algarve), perante o atual contexto de crise económica.

Material e Métodos: Trata-se de um estudo quantitativo, observacional, analítico e transversal. Foi utilizado um questionário como instrumento de recolha de dados aplicado a uma amostra aleatória simples de 155 enfermeiros da Unidade Hospitalar de Portimão, nos meses de Janeiro e Fevereiro de 2014. Realizou-se análise estatística descritiva e bivariada dos dados.

Resultados: No geral, os enfermeiros apresentaram-se insatisfeitos no trabalho, nomeadamente com as dimensões “benefícios e recompensas” e “promoção”. Estavam mais satisfeitos com as dimensões “relacionamento com o chefe”, “contexto de trabalho” e “relacionamento com a equipa”. Não se verificaram relações entre a satisfação laboral e as variáveis demográficas dos enfermeiros. A categoria profissional, o tipo de contrato, a modalidade de horário e o trabalhar ou não nouro local estavam associadas com a satisfação laboral. Também as intenções de abandono mostraram estar associadas com a satisfação laboral. No entanto, após controlar para o efeito de potenciais fatores de confundimento, verificou-se que apenas a intenção de abandono do atual serviço se mantinha associada com a satisfação laboral.

Conclusão: A insatisfação laboral sentida pelos enfermeiros deve-se principalmente, a fatores organizacionais, como os benefícios, recompensas e

promoção, que tendem a agravar-se, dado o atual contexto de crise. Assim, é importante o desenho e a implementação de medidas promotoras da satisfação dos enfermeiros, por parte das organizações de saúde, no sentido de prevenir e combater a insatisfação laboral. A intenção de abandono do atual serviço foi a única variável que mostrou estar relacionada com a satisfação laboral. No entanto, acredita-se que esta não a explica, mas sim, o contrário. Assim, a realização de um estudo longitudinal seria importante para estudar esta causalidade. Também um estudo qualitativo ou misto poderia ajudar a explorar a insatisfação laboral sentida pelos enfermeiros, perante a crise económica e as alterações em termos de reorganização hospitalar, que o Centro Hospitalar do Algarve tem vindo a sofrer.

CARVALHO, Maria da Conceição Baleia (2014) ART-qPCR como ferramenta de diagnóstico da infecção por *Pneumocystis jirovecii*. Dissertação de Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Pneumocystis jirovecii é um importante agente oportunista responsável por uma das mais severas infecções respiratórias em doentes imunocomprometidos, designada por pneumonia por *Pneumocystis* (PPc). Embora a PPc esteja associada à infecção pelo vírus da imunodeficiência humana (VIH), o número de casos de PPc e portadores assintomáticos de *P. jirovecii* tem vindo a aumentar entre os doentes seronegativos para VIH com outras imunodeficiências. Nas últimas décadas, técnicas moleculares têm permitido a detecção de baixas cargas parasitárias de *P. jirovecii*, geralmente não detectáveis pelos métodos microscópicos clássicos.

O objectivo deste estudo foi determinar a frequência da infecção por *P. jirovecii* em doentes Portugueses seronegativos para VIH com diferentes tipos de imunodeficiência, e seropositivos para VIH, de um hospital central comunitário de Lisboa, utilizando metodologias moleculares.

Um total de 300 amostras respiratórias foram obtidas a partir de 274 (91,3%) doentes seronegativos para VIH e 26 (8,7%) seropositivos para VIH. Dos 274 seronegativos para VIH, as condições clínicas subjacentes incluem: 139 neoplasias, 45 doenças pulmonares obstructivas crónicas (DPOC), 37 pneumonias (não PPc), 17 tuberculoses, 16 doenças autoimunes, nove transplantados de órgão sólido e 11 com outras causas. Dos 26 doentes seropositivos para VIH, 10 apresentavam suspeita clínica da PPc e os restantes 16, outras causas clínicas.

Todas as amostras foram estudadas por PCR em tempo real (RT-qPCR) tendo como alvo o gene nuclear de cópia única de *P. jirovecii* que codifica a protease serina *Kexin* (*KEX1*), e por *nested*-PCR dirigida ao gene mitocondrial multicópia que codifica a subunidade grande do rRNA (*mtLSU rRNA*) de *P. jirovecii*.

DNA de *P. jirovecii* foi detectado em 119 (39,7%) doentes da população estudada (98, 35,8% seronegativos para VIH; 21, 80,8% seropositivos para VIH); 51 (36,7%) neoplasias, 20 (44,4%) DPOC, 9 (24,3%) pneumonias (não PPc), uma (5,9%) tuberculose, cinco (31,2%) doenças autoimunes, 8 (88,9%) transplantados de órgão sólido e quatro (36,4%) de outras causas. Entre os doentes seropositivos para VIH, DNA de *P. jirovecii* foi detectado em 10 (100%) com suspeita clínica de PPc e em 11 (68,8%) dos doentes com outras causas. Observou-se uma associação estatisticamente significativa entre os seronegativos para VIH submetidos a

transplante de órgão sólido ($P = 0.003$) e os seropositivos para VIH ($P < 0.001$) e a presença de DNA de *P. jirovecii*. A técnica de RT-qPCR detectou 55 amostras positivas (18,3%), e a *nested*-PCR 108 (36%). Uma concordância de resultados foi observada em 225 (75%) amostras. A RT-qPCR demonstrou uma especificidade de 94,3% e sensibilidade de 40,7%, com um valor preditivo positivo de 80%, tendo a *nested*-PCR como referência padrão. Verificou-se que, os valores de CT mais baixos corresponderam ao grupo dos doentes seronegativos para VIH submetidos a transplante de órgão e seropositivos para VIH sintomáticos para PPc.

Este trabalho confirma a importância da colonização por *P. jirovecii* nos doentes seronegativos para VIH com diferentes tipos de imunodeficiência e seropositivos para VIH em ambiente hospitalar. Esta população encontra-se em risco de desenvolver PPc ou de transmitir o agente patogénico a outros doentes susceptíveis, e desempenhar um papel importante na circulação e transmissão de *P. jirovecii* na comunidade.

CASTRO, Rafaela Dorileo (2014) Caracterização genética da Glucano Sintetase de *Pneumocystis jirovecii*. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa

Pneumocystis jirovecii é um micro-organismo fúngico que pode causar pneumonia em doentes imunocomprometidos. O ciclo de vida de *Pneumocystis* inclui uma forma biológica trófica e outra quística na qual estão presentes, em sua composição, hidratos de carbono chamados β -Glucanos. Estes componentes são liberados na corrente sanguínea após lise do micro-organismo pela resposta imunitária ou fármacos, sendo assim, considerado um marcador sorológico que atua como auxiliar no diagnóstico da PPc. Porém, este marcador não é específico para o género *Pneumocystis*, podendo ser um teste positivo em outras infecções fúngicas como a candidíase. Caracterizar a sequência genética da Glucano Sintetase permite uma nova abordagem em relação aos testes sorológicos e a possíveis novos alvos terapêuticos. Um teste sorológico para o β -Glucano específico para *P. jirovecii* podendo ser um marcador muito mais útil e confiável do que os utilizados atualmente. Neste trabalho foi feita a caracterização genética do fragmento correspondente à Glucano Sintetase de *P. jirovecii* com base na sequência de β -Glucano de *P. carinii* e na sequência completa de *P. jirovecii* através de metodologias de PCRs. Com o resultado do sequenciamento do fragmento de β -Glucano de *P. jirovecii* puderam ser observadas possíveis bases candidatas a polimorfismos de base única (SNP). Determinar os polimorfismos em uma sequência resulta em conhecimento da diversidade genética do micro-organismo para além de reconhecer marcadores moleculares que podem determinar sua origem geográfica, resistência a fármacos e fatores de virulência. Duas bases foram identificadas na sequência como possíveis SNPs. Estudos em projetos futuros com técnicas como o RFLP podem caracterizar e determinar as consequências e importância destes polimorfismos no fragmento da Glucano Sintetase de *P. jirovecii*.

Estabelecer esta importância pode levar à compreensão do modelo de infecção e defesa deste micro-organismo para que possamos perceber melhor sua atuação.

CRISTÓVÃO, José Manuel Martins (2014) Monitorização do risco da exposição à leishmaniose zoonótica. Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa

As leishmanioses são doenças parasitárias causadas por protozoários do género *Leishmania*, transmitidas pela picada de insetos vetores (Diptera, Phlebotominae) pertencentes ao género *Phlebotomus* no Velho Mundo e *Lutzomyia* no Novo Mundo. A leishmaniose zoonótica causada pela espécie *Leishmania infantum* é endémica na Bacia Mediterrânica e América do Sul sendo o cão o principal hospedeiro e reservatório doméstico da leishmaniose visceral humana. No Sudoeste Europeu *Phlebotomus perniciosus* é o principal vetor responsável pela transmissão do parasita.

O objetivo deste trabalho foi analisar a resposta humoral desenvolvida no cão à saliva de *P. perniciosus* após picadas deste inseto. Foi ainda realizada a validação de amostras obtidas de modo não invasivo (i.e. células conjuntivais) na monitorização do contacto do parasita com o cão. Foram avaliados duzentos e quarenta e um cães residentes em canis da Região Metropolitana de Lisboa no início (Maio) e no fim (Outubro) da época de atividade flebotomínica. Recorreu-se à técnica de Nested-PCR (nPCR) para a deteção de DNA parasitário nas células do sangue periférico e nas células conjuntivais, e à técnica serológica ELISA para a pesquisa de anticorpos circulantes anti-*Leishmania* e anti-saliva de *P. perniciosus* no soro.

A seroprevalência obtida tanto no início da época de transmissão como no final (de 13,3% e 14,1% respetivamente), demonstra que a região de Lisboa continua a ser uma zona endémica desta zoonose, reforçando a importância de informar e sensibilizar a população e autoridades de saúde acerca da existência da doença nesta região e da necessidade de implementação de medidas profiláticas.

A colheita de células conjuntivais é uma técnica não invasiva, de fácil execução e bem aceite pelos proprietários. Parece ser uma amostra eficaz visto que permitiu a deteção do DNA parasitário por nPCR em 35,7% dos animais no final da época flebotomínica.

Quanto à utilização dos antígenos salivares do flebótomo como marcadores de exposição aos vetores de *Leishmania*, verificou-se que os três biomarcadores utilizados no presente estudo, i) homogeneizado total das glândulas salivares; e duas proteínas recombinantes, ii) proteína amarela e iii) uma mistura de proteína amarela e apirase, são capazes de detetar o contacto cão-flebótomo (*P. perniciosus*). Uma vez que a utilização do homogeneizado salivar implica a necessidade de manter uma colónia de flebótomos e a disseção das glândulas salivares, e tendo em conta os resultados obtidos com os dois antígenos recombinantes, a utilização destes últimos representa uma grande promessa na monitorização de exposição à picada de *P. perniciosus* em áreas geográficas onde esta espécie de flebótomo esteja presente. A deteção de uma resposta imunitária às proteínas salivares dos flebótomos, para além de permitir estimar as áreas de risco

de transmissão do parasita, poderá no futuro ser utilizada para avaliar a eficácia de campanhas antivetoriais.

FERNANDES, Mariana Rafael (2015) Caracterização da internalização de fármacos antileishmania e novos compostos por macrófagos parasitados por *leishmania* spp.. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Devido às elevadas taxas de morbidade e mortalidade, a leishmaniose é uma das doenças parasitárias com maior impacto no Mundo. Um dos problemas associado ao controlo das leishmanioses é a emergente resistência dos parasitas aos fármacos usados clinicamente. A resistência de parasitas do género *Leishmania* aos fármacos clássicos tem sido associada a bombas de efluxo, em particular aos transportadores *ATP-binding cassette* (ABC) que conferem o fenótipo de MDR (*multidrug resistance*). Com a eficácia dos fármacos clássicos comprometida, o desenvolvimento de novos compostos com atividade antileishmania e a terapêutica combinada parecem ser as melhores estratégias para o tratamento da leishmaniose. A presente dissertação teve como objetivo principal caracterizar a internalização de fármacos antileishmania clássicos e de novos compostos por promastigotas e amastigotas axénicos de diferentes espécies de *Leishmania* e por macrófagos parasitados, identificando vias e mecanismos que privilegiem a destruição do parasita pelos fármacos, minimizando em simultâneo, qualquer ação nefasta na célula hospedeira. O efluxo de diversos inibidores de bombas de efluxo (tioridazina, promezina, prometazina, verapamil, ortovanadato de sódio e Phe-Arg Beta-Naphthylamid) foi analisado em macrófagos e parasitas do género *Leishmania* por um método fluorimétrico semi-automático que quantifica a acumulação de EtBr em tempo real. Após a análise da toxicidade e eventual atividade antileishmania dos inibidores de bombas de efluxo (EPI) foi caracterizada *in vitro* a internalização de fármacos clássicos (antimoniato de meglumina e miltefosina) e de novos compostos [ácido ursólico, chalcona (CH8), quercetina e a associação de ácido oleanólico e ácido ursólico] em promastigotas axénicos e macrófagos. Os resultados obtidos permitiram selecionar o verapamil (VER), ortovanadato de sódio (ORT) e Phe-Arg Beta-Naphthylamide (PAβN) como possíveis moduladores de bombas de efluxo de *Leishmania*. A taxa de infeção de macrófagos após tratamento com miltefosina, ácido ursólico, CH8 e quercetina em monoterapia ou em associação com os EPI selecionados foi também determinada. PAβN modifica a atividade de transportadores que efluxam substratos, nomeadamente transportadores do tipo AcrAB em bactérias, potenciando o efeito da terapêutica na maioria dos parasitas do género *Leishmania*. Por sua vez, o VER estabelece relações de sinergia com os compostos através da modulação de bombas Pgp. Porém, as funções do ORT podem ser alteradas por outros compostos, como a quercetina, apresentando

atividades variáveis. Para além disso, a capacidade dos EPI modularem os transportadores responsáveis pelo efluxo dos fármacos varia com a espécie de *Leishmania*. A associação de EPI ao tratamento favorece a atividade antileishmania de compostos que são substratos de bombas de efluxo, como é o caso da miltefosina e da CH8. O presente estudo demonstra que os EPI são uma opção válida que deve ser fortemente considerada em terapêutica combinada. A eventual utilização de EPI pode contribuir para potenciar a atividade de fármacos antileishmania, reduzindo a concentração dos compostos e, conseqüentemente os efeitos tóxicos, prevenindo o aparecimento de resistências.

FERREIRA, Carla da Silva (2014) A *Saccharomyces Cerevisiae* como modelo para o estudo toxicológico de canabinoides sintéticos e os seus produtos de pirólise. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A canábis é a substância ilícita mais consumida no mundo de acordo com a United Nations Office on Drugs and Crime. Após a sua ilegalização começaram a surgir canabinoides sintéticos como substâncias alternativas à marijuana. O consumo destes novos canabinoides sintéticos é um problema para a sociedade a nível global e a escolha destes produtos por parte dos consumidores deve-se, maioritariamente, à sua pretensa legalidade, acesso facilitado e difícil deteção em testes laboratoriais. Em Portugal numa análise a misturas herbais legais foram identificados 9 canabinoides sintéticos, entre os quais o JWH-018, JWH-073 e JWH-250. Cada mistura continha entre um e sete canabinoide sintéticos. Apesar de atualmente muitas das novas substâncias psicoactivas terem sido ilegalizadas em diversos países, estas substâncias continuam acessíveis aos consumidores pela internet e a sua constituição é alterada regularmente, estando sempre a surgir novas moléculas com diferentes nomes, dificultando a investigação do risco destas drogas de *design* para a saúde pública. Relativamente a estudos de toxicidade entre os fitocannabinoides e os canabinoides sintéticos, sabe-se que são estes últimos que apresentam um maior efeito e toxicidade.

O presente trabalho teve como objetivo principal estudar o potencial da *S. cerevisiae* como modelo célere e acessível para o estudo toxicológico de canabinoides sintéticos, tendo-se utilizado o JWH-018, o JWH-073 e o JWH-250, assim como o metabolito humano do JWH-018 hidroxilado na 3ª posição da cadeia alifática para verificar esta hipótese. Outro objetivo foi a identificação de mecanismos de destoxificação/eliminação de JWH-018 pela levedura. Foi ainda produzido um sistema que mimetiza a produção de produtos de pirólise, pois são estes os produtos maioritariamente inalados pelos consumidores. Com as substâncias padrão e os produtos de pirólise produzidos a partir de JWH-018 e de uma mistura herbal (*Spice*) com JWH-018, foi estudada a inibição do crescimento em células de *Saccharomyces cerevisiae*. Os resultados sugerem que não existe uma diminuição do crescimento celular na presença dos canabinoides sintéticos padrão às concentrações estudadas. No entanto os ensaios com pirolisados de JWH-018

apontam para uma diminuição do crescimento celular e alterações da expressão proteica da levedura. Estes resultados são muito promissores pois mostram que o JWH-018 induz stress na levedura, mostrando que a levedura pode ser um bom modelo para estudar os produtos de pirólise dos canabinoides sintéticos.

FERREIRA, Sandra Cristina dos Reis (2014) Expectativas face à vida profissional dos futuros médicos, em Portugal: estudo qualitativo. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Introdução

Nos últimos anos temos assistido a grandes modificações e desafios no sector da saúde, com reformas ao nível da organização cultural, reestruturação de serviços, encerramento de algumas urgências e maternidades, reduções de vencimento e grandes cortes ao nível do financiamento dos serviços. É necessário perceber, qual o impacto, que esta reforma tem provocado nas expectativas profissionais dos futuros médicos de Portugal. Sendo as expectativas um dos determinantes da motivação, estas são um factor crucial para o desempenho de um serviço de qualidade e com eficiência.

Métodos

Foi realizado um estudo qualitativo e a abordagem metodológica foi um estudo de caso, com uma amostra intencional por conveniência, seleccionada por questões de proximidade e acessibilidade da investigadora. A informação foi recolhida através da técnica de grupos focais a internos do ano comum e da especialidade, da Administração Regional de Saúde do Alentejo, mais precisamente na cidade de Évora. Realizaram-se 4 grupos focais, onde participaram 10 internos do ano comum e 9 internos da especialidade. Os dados obtidos durante a realização dos grupos focais foram os sujeitos a análise de conteúdo e foi realizada uma breve caracterização dos indivíduos que participaram.

Resultados e discussão

Em todos os grupos verificou-se uma incapacidade de pensar e planear o futuro, apresentando como principal razão as constantes alterações aplicadas com a reforma no sector da saúde.

Observou-se uma ausência de expectativas relativamente ao seu futuro profissional, com grande preocupação em relação ao possível desemprego médico. Os internos do ano comum pretendem na sua maioria especialidades hospitalares. Mas mantem a preocupação relativamente a possibilidade de não conseguirem vaga para a realização da especialidade.

Conclusão

Estes futuros médicos necessitam de esperança e de elementos motivadores, activadores de comportamento, que possibilite um aumento das suas expectativas e consequentemente um melhor desempenho profissional futuro.

LEMOS, Joana Catarina Matias de (2014) Prevalência e distribuição de coinfeção por dirofilariose e Leishmaniose Canina em Portugal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

A dirofilariose e a leishmaniose são doenças parasitárias causadas pelo nemátode *Dirofilaria immitis* e pelo protozoário *Leishmania infantum* respetivamente. Estas duas parasitoses de transmissão vetorial partilham não só a mesma distribuição geográfica como focos de endemidade coincidentes. Portugal é considerado um país endémico para estas duas parasitoses, à semelhança dos outros países da bacia Mediterrânica.

O objetivo deste estudo foi estimar a prevalência de infeção por *D. immitis* e *L. infantum* em cães na zona centro de Portugal (Coimbra, Santarém e Setúbal) tendo-se estimado posteriormente a prevalência de coinfeção entre estas duas parasitoses. Para o efeito foi estudada uma população de duzentos e noventa e nove cães com idade superior a seis meses oriundos de diferentes canis pertencentes aos três distritos em análise.

A prevalência de *D. immitis* nos distritos de Coimbra, Setúbal e Santarém foi de 13,8%, 22, 7% e 35,4% respetivamente, sendo a prevalência de *L. infantum* nos mesmos distritos de 1,06%, 2,7% e 2,3%. Constatou-se a existência de diferenças estatisticamente significativas ($\chi^2 = 13,417$; $P=0,001$) na prevalência de infeção por *D. immitis* inter distritos, tendo sido o distrito de Santarém o que revelou um maior número de casos positivos (46/77). Foram avaliadas associações entre parâmetros amostrais (idade, sexo e pelagem) e manifestações clínicas (lesões cutâneas, gânglios linfáticos, edema/ascite e auscultação) com as prevalências de cada uma das parasitoses tendo-se verificado uma associação estatisticamente significativa entre a infeção por *D. immitis* e a idade. Apenas um caso de coinfeção foi observado, no distrito de Setúbal, correspondendo a uma prevalência global de coinfeção de 0,33% (0,1-1,9; IC a 95%).

Este trabalho procurou compreender a situação de coinfeção e co-endemecidade atualmente presente em Portugal, numa perspetiva de promover medidas de controlo integradas para as duas parasitoses. A coinfeção não é significativa, devido possivelmente à baixa prevalência de infeção por *L. infantum*.

MARINHO, Aline Teixeira (2014) Newinsights on nevirapine use: A mechanistic perspective of its toxic events, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Introdução: A nevirapina (NVP) é um fármaco amplamente utilizado para o tratamento da infeção pelo vírus da imunodeficiência humana de tipo 1 (VIH-1), no entanto, a sua utilização na terapêutica crónica tem sido associada à toxicidade hepática e cutânea. O sexo feminino é um factor de risco para o desenvolvimento destes eventos tóxicos, mas as razões para essa diferença entre o sexo feminino e masculino não estão completamente esclarecidas. Diferenças na biotransformação da NVP e na formação de metabolitos tóxicos podem ser as causas subjacentes. O presente trabalho teve como objectivo explorar as diferenças entre homens e

mulheres na biotransformação da NVP, como um potencial factor de toxicidade induzida por este fármaco anti-retroviral.

Materiais e Métodos: Todos os indivíduos incluídos no presente estudo eram adultos com infecção por VIH-1 confirmada, tratados com 400 mg de NVP uma vez ao dia, durante pelo menos 1 mês. Foram colhidas amostras de sangue e os níveis de NVP e dos metabolitos de fase I foram determinados por cromatografia líquida de alta performance. Os dados antropométricos e clínicos e os perfis de metabolitos foram avaliados de forma a averiguar possíveis diferenças relacionadas com o sexo dos indivíduos.

Resultados: Foram incluídos 52 doentes (63% do sexo masculino). O peso corporal foi inferior nas mulheres ($p = 0.028$) e o sexo feminino foi associado a maiores níveis de fosfatase alcalina ($p = 0.036$) e lactato desidrogenase ($p = 0.037$). Os níveis plasmáticos de NVP ($p = 0.030$) e 3-hidroxi-NVP ($p = 0.035$), assim como as proporções de 12-hidroxi-NVP ($p = 0.037$) e 3-hidroxi-NVP ($p = 0.001$) foram maiores nas mulheres, quando ajustados pelo peso corporal dos indivíduos.

Discussão: Existem diferenças na biotransformação da NVP entre homens e mulheres, particularmente na formação de 12-hidroxi-NVP e 3-hidroxi-NVP. Estes resultados apontam para uma formação de metabolitos reactivos, que é dependente do sexo e que pode contribuir para o perfil de dimorfismo sexual associado às reacções tóxicas induzidas pela NVP.

MARTINS, Vanessa Alexandra Agostinho (2014) Perfil de anticorpos anti-*Plasmodium falciparum* e citocinas pró-inflamatórias em indivíduos com suspeita clínica de Malária, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical. IHMT, Lisboa.

A malária é uma doença endémica em 109 países localizados ao longo dos trópicos. Na Europa, a malária foi erradicada exceto no Azerbaijão, Geórgia, Quirguistão, Tadjiquistão e Turquia. Estima-se que 25-30 milhões de pessoas viajem anualmente da Europa para áreas com transmissão de malária. Em Portugal a malária permaneceu endémica até cerca de 1950 e nas últimas décadas, o aumento do volume de viagens internacionais, nomeadamente para destinos tropicais, endémicos para esta doença, acarretaram também o aumento dos casos no nosso país. A sua transmissão é feita por algumas espécies de mosquitos *Anopheles*. A malária severa por *Plasmodium falciparum*, incluindo malária cerebral (MC), anemia por malária severa (AMS) e malária placentária (MP), continua a ser uma importante causa de morbidade e mortalidade.

O objetivo geral deste estudo prende-se na análise do perfil de anticorpos anti-*Plasmodium falciparum* e citocinas pró-inflamatórias em indivíduos com suspeita clínica de malária, que estiveram em diferentes regiões endémicas do continente africano, entre as quais Angola, Moçambique, Guiné, São Tomé e Príncipe, Gabão

e Congo. Sabe-se que em regiões endémicas a imunidade natural adquirida contra *P. falciparum* é mediada por anticorpos do tipo IgG. Através de ensaios imunoenzimáticos (*ELISA*) distinguiu-se a população com e sem reatividade serológica a anticorpos anti-*P.falciparum*, frente a um grupo controlo (soros de pacientes saudáveis de Portugal, que nunca estiveram em zonas endémicas para malária). Através do método *ELISA* procedeu-se à determinação dos níveis de anticorpos totais anti-*Plasmodium falciparum* IgG, IgM, IgG1, IgG3 e IgG4 e à concentração sérica das citocinas pró-inflamatórias C5a do sistema complemento, proteína C reativa (CRP) e IFN- γ .

Das cento e trinta e duas amostras estudadas, sessenta e cinco foram classificadas como positivas para *Plasmodium spp.* As principais manifestações clínicas foram de febre, cefaleia e mialgias. Apenas quarenta amostras foram classificadas como serologicamente reativas para *P. falciparum*. Neste grupo de doentes observou-se um aumento dos mediadores inflamatórios doseados, nomeadamente IgGs totais, IgG1, IgG3, e IgM anti-*P. falciparum*, C5a, CRP e IFN- γ .

Pretendeu-se com este estudo contribuir para uma melhor compreensão dos mecanismos fisiopatológicos da malária importada.

MATOS, Patrícia Sofia Galveia de (2014) Estimação dos custos dos internamentos hospitalares associados à Hipertensão arterial na População Portuguesa Continental entre 2006 e 2012 e factores associados, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

A “saúde não tem preço”, mas conhecer os custos de uma doença, permite uma alocação mais eficiente na gestão dos recursos em saúde. Em Portugal, a despesa corrente do Estado em saúde tem aumentado de forma quase contínua, e em 2012 atingiu 9,5% do Produto Interno Bruto; o que significa que o Estado gastou 1 474,03 € *per capita* (Instituto Nacional de Estatística, 2013). As doenças cardiovasculares são a primeira causa de mortalidade na população portuguesa, com um importante impacto económico: cuidados médicos, internamentos, medicamentos, perda de produtividade, entre outros. Em 2011 o grupo farmacológico cardiovascular representava 29,85% dos encargos do Serviço Nacional de Saúde em medicamentos de ambulatório, dos quais 69,85% correspondiam aos medicamentos anti-hipertensores (Direção Geral da Saúde, 2013c; INFARMED, 2011; Nichols et al., 2012).

A Hipertensão arterial é uma das patologias que mais tem contribuído para estes valores: diversos estudos já comprovaram a associação entre a hipertensão e diversas doenças (Apifarma & Doentes, 2011; Nicolau, Machado, & Lira, 2009). Adicionalmente é o fator de risco com maior prevalência na população portuguesa. Os estudos mais recentes estimam que ocorram 11,3 internamentos por 100000

habitantes abaixo dos 70 anos, referindo-se somente à hipertensão, não considerando as consequências desta doença quando não tratada, ou controlada de forma adequada, assim como não estimam os custos totais dos internamentos desta patologia.

O objetivo principal desta dissertação foi estimar os custos dos internamentos associados à Hipertensão arterial na população portuguesa continental no período de 2006 a 2012, e estudar algumas das variáveis susceptíveis de estarem associadas à evolução destes custos, com especial enfoque na vintage média, variável que permite medir o impacto da inovação tecnológica dos medicamentos. Foi realizado um estudo observacional, analítico e longitudinal, com uma abordagem quantitativa. O período de tempo em análise corresponde a 2006-2012, sendo considerada a população de Portugal continental. Os episódios de internamento foram caracterizados quanto à idade, género, custo total, custo médio por episódio, região de saúde, total de dias de internamento, tipo de episódio e demora média. Recorreu-se à regressão linear multivariada para avaliar o efeito nos custos das variáveis explicativas: vintage média, género, escolaridade, idade e doentes medicados. Os resultados evidenciaram que o aumento da idade apresenta uma relação positiva com os custos de internamentos, também o género masculino está associado a custos superiores. Indivíduos com menor escolaridade estão associados a menores custos de internamento, ajustado para as outras variáveis. A vintage também se relaciona de forma inversa: quanto maior for a vintage média, isto é, quanto mais recentes os fármacos utilizados, menores os custos em internamentos estimados. Este estudo fornece informação relevante, pois estima pela primeira vez os custos totais dos internamentos associados à hipertensão entre 2006 e 2012, e por outro lado permite compreender melhor a natureza destes custos, com destaque para os fármacos mais recentes, cujo impacto nos custos é dos mais relevantes. Assim sendo, esta relação deve ser aprofundada de forma a otimizar a sua utilização na prevenção de internamentos associados à hipertensão e consequente redução dos custos.

MENDES, Tiago Manuel Fernandes (2014) Avaliação do envolvimento das bombas de efluxo na fármaco-resistência ao Praziquantel em *Schistosoma mansoni*. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

O Praziquantel (PZQ) é o fármaco de primeira linha no tratamento da schistosomose, com alta taxa de cura e sem efeitos secundários significativos. Têm sido reportados cada vez mais casos de resistência ou de aumento de tolerância a este fármaco, aumentando as preocupações de emergência de estirpes resistentes ao PZQ. O Verapamil, um bloqueador de canais de cálcio, inibe o fluxo de fármaco activo e tem sido descrito como um bom inibidor das glicoproteínas-P (P-gp), sendo, por isso, utilizado em diversos estudos de fármaco-resistência.

No laboratório de Helminologia da Unidade de Ensino e Investigação em Parasitologia Médica do Instituto de Higiene e Medicina Tropical, foi seleccionada uma linha de *S. mansoni*, resistente a 800 mg/Kg de PZQ, após pressão de fármaco constante e crescente ao longo de vários ciclos. Para confirmar a existência de diferenças polimórficas entre a estirpe sensível e resistente de *S. mansoni*, extraiu-se o DNA de parasitas adultos de ambas as estirpes de *S. mansoni* e analisou-se por *Random Amplified Polymorphic DNAPolymerase Chain Reaction* (RAPD-PCR). As diferenças polimórficas entre a estirpe sensível e a resistente foram observadas e calculou-se o coeficiente de similaridade (*Dice's coefficient*).

Após confirmar a existência de polimorfismos entre as duas estirpes, a atividade das bombas de efluxo foi avaliada em ambas as estirpes. A avaliação foi realizada num ensaio de acumulação usando o composto Brometo de Etídio na presença e ausência de Verapamil.

O papel das bombas de efluxo na resistência ao PZQ, foi ainda investigado comparando a resposta dos parasitas da estirpe sensível e resistente ao fármaco na ausência e na presença de diferentes doses de Verapamil, em cultura *in vitro*.

Os resultados obtidos foram reforçados comparando os níveis e expressão do gene *SmMDR2* em ambas as estirpes isogénicas por Real-Time PCR (qPCR).

A estirpe resistente de *S. mansoni*, necessitou de concentrações mais elevadas de inibidor quando comparada com a estirpe sensível para obter níveis significativos de fluorescência de Brometo de Etídio.

A cultura *in vitro* mostrou uma dose letal de PZQ mais elevada na estirpe resistente do que na estirpe sensível na ausência de Verapamil. Na presença de Verapamil houve uma redução na dose letal de PZQ nos machos de ambas as estirpes, sendo esta redução mais acentuada nos machos da estirpe resistente. As fêmeas não mostraram alterações significativas na dose letal de PZQ na presença e ausência de inibidor. Os resultados foram reforçados pela observação dos níveis do gene *SmMDR2*, onde os machos da estirpe resistente mostraram ter os maiores níveis de expressão e pelo aumento de expressão nos machos de ambas as estirpes após exposição ao PZQ. As fêmeas de ambas as estirpes não tiveram diferenças significativas na expressão do gene após exposição ao PZQ e as fêmeas da estirpe resistente tiveram mostraram ter os níveis de expressão do gene *SmMDR2* mais baixos entre os machos e fêmeas de ambas as estirpes.

Os resultados obtidos neste trabalho mostraram que os machos da estirpe resistente têm maior atividade de bombas de efluxo do que os machos da estirpe sensível e que as bombas P-gp estão envolvidas na resposta e no aumento de tolerância dos machos de *S. mansoni* ao PZQ.

MIXÃO, Verónica de Pinho (2014) Identificação dos mosquitos vectores dirofilariose canina em Portugal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

A dirofilariose canina é uma doença de transmissão vetorial, provocada por nematodes do género *Dirofilaria*. É uma zoonose emergente, que tem vindo a alastrar por toda a Europa, sendo endémica nos países do Mediterrâneo, como Portugal. O tratamento pode envolver complicações de saúde para os cães, levando, por vezes, à sua morte. Desta forma, o controlo da doença passa

maioritariamente pela prevenção, como por exemplo, através da aplicação de profilaxia adequada, de forma a diminuir o contato entre mosquitos infetantes e hospedeiros vertebrados não infetados. Uma vez que a transmissão é dependente, não só da presença de um número suficiente de cães microfilarémicos, mas, também, de mosquitos suscetíveis e de um clima apropriado à incubação extrínseca do parasita no mosquito vetor, esta prevenção deverá ter em conta o período durante o qual ocorre transmissão, numa dada região. Este mesmo período é dependente da(s) espécie(s) de mosquitos vetores, dado que cada uma terá uma bioecologia e comportamento próprios, que poderão ter reflexos ao nível epidemiológico da doença, devido, por exemplo, à temperatura à qual ocorre o desenvolvimento do parasita. Assim, para avaliar o risco de exposição animal e humana à doença, e, ainda, ajudar a selecionar medidas profiláticas e de controlo apropriadas, é de extrema relevância saber quais os vetores de dirofilariose canina numa determinada região. No que respeita aos vetores desta doença em Portugal, muito poucos estudos têm sido realizados, sendo o objetivo principal deste trabalho identificar os vetores de dirofilariose canina neste país endémico. Para isso, foram efetuadas colheitas de mosquitos em 3 distritos com reconhecida endemicidade para a doença, nomeadamente Coimbra, Santarém e Setúbal, durante dois anos. Estes mosquitos foram morfológicamente identificados e separados em abdómen e tórax+cabeça, de forma a permitir a distinção entre mosquitos infetados e mosquitos potencialmente infetantes, respetivamente. Posteriormente, recorrendo à técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando os *primers* específicos DIDR-F1 e DIDR-R1, fez-se a deteção de ADN do parasita no mosquito. Das 9156 fêmeas de mosquito capturadas, 63,48% pertenciam a *Culex theileri*, 21,19% a *Culex pipiens* s.l., 6,56% a *Aedes caspius*, 4,43% a *Anopheles maculipennis* s.l., 1,58% a *Culex univittatus*, 0,33% a *Culiseta longiareolata*, 0,25% a *Aedes detritus* s.l., 0,19% a *Culiseta annulata*, 0,04% a *Anopheles claviger* s.l., 0,03% a *Culiseta subochrea*, 0,02% a *Aedes berlandi*, 1,6% a *Culex* sp. e em 0,3% não foi possível identificar se seriam *Cx. theileri* ou *Cx. univittatus*. De todas as espécies capturadas, apenas em *Cx. theileri*, *An. Maculipennis* s.l., *Ae. caspius*, *Ae. detritus* s.l. e *Cx. pipiens* s.l. foi detetado ADN de *D. immitis*, sendo que, à exceção da última espécie referida, em todas foi encontrado, pelo menos, um indivíduo potencialmente infetante. Assim, pode concluir-se que os potenciais vetores de dirofilariose canina em Portugal são mosquitos pertencentes às espécies *Cx. theileri*, *Ae. caspius*, *An. maculipennis* s.l. e *Ae. detritus* s.l., sendo necessários mais estudos para melhor avaliar o papel de *Cx. pipiens* s.l. na transmissão desta doença.

NASCIMENTO, Jussara Cursino do (2014) Os Inquéritos Nacionais de Saúde: Pertinência e validade na produção do conhecimento de base para planeamento de políticas de saúde no âmbito das Doenças Crónicas Não Transmissíveis, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Como resultado de uma evolução nos perfis epidemiológicos mundiais, as Doenças Crónicas Não Transmissíveis (DCNT's) apresentam-se como "um dos maiores

desafios para o desenvolvimento sustentável neste século”, devido a estreita ligação entre a saúde e o desenvolvimento humano.

São elas atualmente responsáveis por mais de 60% das mortes em todo o mundo e esta taxa tende a aumentar na medida em que o desenvolvimento económico avança, e é principalmente imputável ao envelhecimento da população.

Para que se possam planear políticas públicas eficazes para a prevenção e controle das DCNT's, é fundamental que as decisões políticas sejam norteadas por conhecimentos com base em evidência, advindo da análise das informações produzidas por dados confiáveis.

Numa perspectiva de escassez de recursos, é importante o aproveitamento de instrumentos que, através de uma metodologia rígida, produza dados fiáveis – uma vez que estes levantamentos têm elevados custos financeiros e devem ser maximizadas as suas potencialidades –, propondo-se então a utilização dos Inquéritos Nacionais de Saúde (IqNS's) exatamente por possuírem estas características.

Neste panorama, o objetivo do presente estudo é comparar os dados autoreportados pela população portuguesa acerca das suas características demográficas, de saúde e sobre a utilização de serviços de saúde, com outras fontes de dados, promovendo uma reflexão sobre a pertinência e validade dos IqNS's na produção de conhecimento de base para o planeamento de políticas públicas no âmbito das DCNT's.

A metodologia utilizada para esta comparação é a de estudos exploratórios sobre dados secundários, numa abordagem descritiva de tendência temporal, analisando dados demográficos como idade, sexo e escolaridade, bem como a prevalência de Diabetes Mellitus (DM), hipertensão arterial (HTA) e utilização de serviços de saúde relativos à população portuguesa residente no continente.

Apesar das dificuldades em padronizar as informações dos estudos de maneira a serem comparáveis com os IqNS's, os resultados apontaram consistência na tendência temporal dos valores autoreportados nos inquéritos relativos às variáveis estudadas, com censos demográficos, estudos de prevalência de DM e HTA e médias de utilização de consultas médicas.

No entanto, os resultados demonstraram que estas doenças são subdiagnosticadas (no caso dos diabéticos, mais de 90%, e no caso dos hipertensos, mais de 75% dos doentes que foram diagnosticados nos estudos, desconheciam o facto), advindo do desconhecimento o relato negativo quanto a existência das doenças nos IqNS's.

A introdução do exame físico no processo de inquirição possibilitaria aos pesquisadores buscar toda a informação necessária para estudos epidemiológicos dentro dos IqNS's, poupando recursos do Estado e das instituições com outros levantamentos.

Assim, as previsões sobre o avanço das doenças e sobre os impactos socioeconómicos, bem como o planeamento de políticas de saúde, não seriam só promotoras de ganhos de vida, mas de ganhos de qualidade de vida numa população que já vivencia o envelhecimento.

NDEYANELAO, Elsa Graciana Estanislau (2014) Leptospirose humana na Província da Huíla: rastreio serológico e molecular de doentes assistidos no Hospital Central Dr. António Agostinho Neto, Lubango (Angola), Dissertação em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A Leptospirose é uma doença infecciosa causada por bactérias patogénicas do género *Leptospira*. Ocorre sobretudo nos países em desenvolvimento, em regiões tropicais e subtropicais. Nos últimos anos tem-se tornado um problema emergente de Saúde Pública, afectando uma grande diversidade de mamíferos (hospedeiros), incluindo os humanos. Actualmente observa-se um aumento do número de casos com alterações do padrão epidemiológico, assim como o ressurgimento de surtos epidémicos devido a alterações climáticas. No entanto, devido aos sintomas inespecíficos, o diagnóstico clínico é confundível com outras doenças e o laboratorial é difícil e dispendioso, requerendo recursos e técnicos especializados. Em Angola (Lubango), o diagnóstico laboratorial não é praticado devido à indisponibilidade de testes específicos, resultando no desconhecimento da sua prevalência. Assim, de modo a determinar a sero-ocorrência da Leptospirose humana em doentes febris assistidos no Hospital Central do Lubango, contribuindo para: *i*) a possível inclusão desta doença no diagnóstico diferencial de doentes com síndromes febris indeterminados; e *ii*) implementar medidas de prevenção e controlo.

Foram analisadas 300 amostras séricas obtidas em igual número de doentes febris que recorreram ao referido hospital, no período de Setembro a Dezembro de 2012, aos quais também se aplicou um inquérito clínico-epidemiológico. Foi realizada uma avaliação serológica usando a técnica de rastreio (MACROLepto), e a técnica de referência (Técnica de Aglutinação Microscópica; TAM). Para a análise molecular usou-se a Reacção em Cadeia de Polimerase (PCR), em soro utilizando *primers* baseados no gene *hap1* (para leptospiros patogénicas). Os produtos amplificados foram sequenciados para determinação de espécies genómicas de *Leptospira*.

A amostra populacional foi constituída por indivíduos do género masculino (111; 37%) e (189; 63%) do género feminino. A suspeita clínica de Leptospirose foi confirmada serologicamente pela TAM em (120+/300; 40%) dos doentes, e a análise por PCR foi positiva em (30+/193; 16%) das amostras analisadas. A sequenciação do DNA obtido permitiu identificar três espécies genómicas: *L. borgpetersenii*, *L. interrogans* e *L. kirschneri*.

Os participantes no estudo foram distribuídos por grupos etários, e a média de idade foi de 30 anos, sendo os grupos (11-20 e 21- 30 anos) os mais representados, e o género feminino o mais afectado (61%). As principais manifestações clínicas foram a febre (91%), cefaleias (84%) e mialgias (59%).

Em relação as variáveis de risco de infecção por *Leptospira* spp., verificou-se que a ausência de saneamento básico, exposição aos lixos, presença de roedores próximos das populações e o consumo de água não tratada, foram as situações

mais referidas. O contacto com os roedores, seguido dos canídeos, foi referido por 97% e 41% dos doentes com resultado positivo.

Quanto à proveniência, a maioria dos doentes veio de áreas suburbanas o que respeita à ocupação destacaram-se as mulheres camponesas, estudantes e domésticas.

Os soros com resultado positivo mostraram reactividade específica para leptospiros de 19 serogrupos (serovares) com maior destaque, Icterohaemorrhagiae (Copenhageni), Hebdomadis, Javanica (Poi) Australis (Bratislava) e Sejroe (Hardjobovis). O título mais elevado foi de 1:800 observado para os serovares Copenhageni, Ballum (Arborea),

Panama e Pyrogenes.

Os resultados obtidos mostraram que a Leptospirose está presente entre os doentes febris na província da Huíla, sendo importante incluir esta zoonose no diagnóstico diferencial e promover medidas de prevenção e controlo, especialmente nos grupos de risco agora identificados.

OLIVEIRA, Marta M. de FIGUEIREDO (2014) Optimization of screening methods for the evaluation of the antileishmanial potential of halophytes and macroalgae from the Iberian Coast, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Leishmaniasis are parasitic diseases caused by *Leishmania* parasites, which are transmitted to mammals by the bite of sand flies. In the Mediterranean basin, *L. infantum* is the etiological agent of human visceral leishmaniasis, the most severe form of the disease. The obvious limitations of current available drugs still provide an undoubtedly motivation for research of novel compounds with antileishmanial potential. In the last decades, marine organisms or species living in a terrestrial habitat strongly influenced by the sea have been shown to be potential sources of rich bioactive compounds. Thus, the search for marine natural products with antileishmanial activity has gathered interest and, as a result, some promising extracts and compounds have been described. For assessment of the *in vitro* activity of natural extracts mainly axenic promastigotes and amastigotes have been used. Although the amastigote-macrophage system remains the ideal model, its use has been neglected mainly due to the lack of sensitive and rapid *in vitro* screening methods, which rely on the inherent difficulties of the intracellular stage. In this context, the main objective of this work is to contribute for the study of the antileishmanial potential of macroalgae and halophytes, through the optimization of screening methods focusing on the intracellular amastigote form. The direct counting method was optimized and used for the assessment of extracts activity against intracellular amastigotes. Concerning the parasite rescue assay, lysis conditions were established. However, aberrant results were obtained when the effect of

amphotericin B and that of different infection ratios was assessed, in comparison to the direct counting method results. As the complete optimization of the parasite rescue assay was not possible and reminding the shortcomings of the direct counting method, halophyte and macroalgae extracts were tested against *L. infantum* promastigotes. Halophytic extracts were in general inactive against *L. infantum* promastigotes. *Spergularia rubra* and *Inula crithmoides* dichloromethane extracts were the most active, but were also extremely cytotoxic towards THP-1 macrophages. Concerning macroalgae, the hexane and dichloromethane extracts of *Cystoseira tamariscifolia* and the hexane extract of *C. usneoides* were highly active towards the promastigotes with IC50 values below 35 µg mL⁻¹, yet they had also poor selectivity. *C. baccata* hexane extract was the most selective algal extract (SI > 1.32). Additionally, *C. baccata* and *C. barbata* hexane:dichloromethane extracts, obtained by hot soxhlet extraction, displayed interesting antileishmanial activities (IC50, 50.2 ± 2.6 and 15.1 ± 2.9, respectively) towards the intracellular stage of *L. infantum* combined with promising SI values (>2.5 and >8.3, respectively), reinforcing the main argument of this work that intracellular amastigotes are the ideal *in vitro* model to be used in drug screening purposes, which may yield a larger number of positive hits if implemented in future screening efforts.

ROSA, Pedro Miguel Saraiva (2014) Análise de factores de transmissão Nosocomial de Parasitas Intestinais: Estudo de caso do Hospital Geral dos Cajueiros, Luanda, Angola, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

As infeções nosocomiais representam um impacto negativo nas instituições de saúde, constituindo um sério problema para os países em desenvolvimento que não dispõem de um sistema de notificação e vigilância das mesmas. Além da falta de recursos humanos e de meios para realização de ações de formação na prevenção e controlo deste tipo de infeções, são realizados poucos estudos de prevalência global de infeções nosocomiais nos países em desenvolvimento, particularmente nos países Africanos. Estas infeções contribuem negativamente para o prognóstico dos doentes, podendo também ser prejudiciais para a saúde e segurança dos profissionais, facto que associado à inexistência de precauções básicas de isolamento, de práticas inadequadas de higiene das mãos e contacto com fontes de contaminação ambiental, poderão constituir um fator de risco acrescido para estes. O presente estudo teve como objetivo geral, identificar fatores de transmissão de parasitas intestinais no hospital geral dos Cajueiros, em Luanda, Angola. É um estudo observacional descritivo realizado em dois momentos, entre abril e maio e entre setembro e outubro de 2013. Participaram no estudo 70 profissionais de saúde do hospital (médicos, enfermeiros, auxiliares de enfermagem e técnicos de

laboratório), que prestavam cuidados de saúde diretos e os que manipulavam produtos biológicos. Foi aplicado um inquérito por questionário pelo investigador, por entrevista, englobando aspetos sociodemográficos, ocupacionais, comportamentais, conhecimentos e hábitos de higiene das mãos entre os profissionais de saúde do hospital. Adicionalmente foram analisadas as condições ambientais do hospital com a aplicação de uma grelha de observação. Cinquenta e três profissionais forneceram uma amostra única de fezes, tendo-se efetuado o exame parasitológico de fezes, bem como pesquisa de antigénio de *Entamoeba histolytica* com utilização de teste imunocromatográfico rápido. Dos 70 profissionais, 63 (90%) eram mulheres, a média de idade foi de 42,26 anos e o desvio padrão de 8,27 anos. Foram identificados um total de 11 (20,8%) profissionais infetados com parasitas intestinais patogénicos, dos quais 6 (11,3%) estavam infetados com *E. histolytica*, 1 (1,9%) infetado com duas espécies, por *E. histolytica* e *G. lamblia*, 1 (1,9%) com *Hymenolepis nana*, 1 (1,9%) com Ancilostomídeos e 2 (3,8%) infetados com *Schistosoma mansoni*. Foram identificados alguns potenciais fatores de transmissão de infeção nosocomial, principalmente associados às más práticas de higiene das mãos e à inexistência de meios para a sua lavagem. Os resultados obtidos apontam para a importância de existir um maior investimento na implementação de programas de prevenção e controlo de infeções nosocomiais no contexto de instituições de saúde, contribuindo para a melhoria das condições de trabalho dos profissionais de saúde e aumento da segurança do doente.

SILVA, Liliana Catarina Nunes e (2014) Plantas medicinais da Guiné Bissau: Estudo da sua actividade biológica e caracterização química. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

As plantas têm sido utilizadas há vários milénios como fármacos. Atualmente, a pesquisa de fármacos a partir de plantas medicinais envolve uma abordagem multifacetada, que combina técnicas botânicas, fitoquímicas, biológicas e moleculares, tendo em vista o desenvolvimento de novos fármacos contra doenças neoplásicas, doenças infecciosas e parasitárias.

Neste projeto foram testadas 21 plantas oriundas da Guiné-Bissau, com o objetivo de identificar atividade antibacteriana, antiparasitária e quimiopreventiva. Foram utilizados três solventes de extração para as 21 amostras de plantas: o metanol, o clorofórmio e o etil acetato. Os extratos de plantas foram testados para os microrganismos *Echerichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus faecalis*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Toxoplasma gondii*, de forma a determinar a existência de atividade antibacteriana e antiparasitária. Os extratos também foram testados sobre células Vero, 3T3, HeLa e Hep2, de modo a determinar a sua atividade

citotóxica. A capacidade antioxidante e conteúdo em polifenóis dos extratos também foram estudados.

Os resultados obtidos demonstraram que algumas plantas possuem atividade antibacteriana contra os microorganismos estudados, nomeadamente os extratos de *Margaritaria discoidea*, *Psychotrya peduncularis*, *Combretum micratum* e *Ocimum basilicum*. Os extratos de *Ocimum gratissimum* e *Combretum micratum* demonstraram atividade anti-*T. gondii*. Foram obtidos bons resultados quanto à atividade antioxidante destas plantas, mas estas mostraram-se relativamente tóxicas, para as concentrações estudadas, quando em contato com as células animais estudadas. Estes resultados evidenciam que as *Margaritaria discoidea*, *Psychotrya peduncularis*, *Combretum micratum*, *Ocimum gratissimum* e *Ocimum basilicum* apresentam potencial quanto ao desenvolvimento de fármacos, a partir dos seus extratos, com propriedades antibacteriana e antiparasitárias.

SILVA, Mariana Albuquerque da (2014) *Schistosoma mansoni* e resistência ao Praziquantel em modelo animal. Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

A shistosomose é uma doença tropical de grande impacto socioeconómico e um grave problema de saúde pública em diversas partes do globo. Endémica em 78 países, afeta mais de 200 milhões de pessoas.

A infeção do hospedeiro definitivo faz-se pelo contato direto com águas contaminadas por cercárias do parasita do género *Schistosoma*. Nas primeiras semanas após a infeção o parasita percorre o organismo do hospedeiro definitivo, desencadeando uma resposta imunológica do tipo Th1. Com o início da oviposição, principal razão da patologia desta parasitose, começa a desenvolver-se uma resposta mais acentuada do tipo Th2.

O Praziquantel tem sido o fármaco de eleição para o tratamento e o controlo da schistosomose. Porém têm aparecido indícios de uma diminuição da suscetibilidade do parasita a este fármaco em algumas partes do mundo como no Egito, Quênia e Senegal.

Como consequência, têm surgido vários trabalhos que abordam este tema e inclusive já foi comprovada a possibilidade destes parasitas desenvolverem resistência ao Praziquantel, em laboratório.

O presente trabalho teve como objetivo comparar parâmetros morfológicos, hematológicos, imunológicos e histológicos entre a infeção por uma estirpe de *Schistosoma mansoni* sensível ao tratamento com Praziquantel e outra resistente a este fármaco até 120 mg/Kg, em três tempos de infeção (6, 8 e 10 semanas). Avaliou-se então o peso do fígado e do baço, a carga parasitária, os valores de hemoglobina, hematócrito, o número de eritrócitos e os níveis séricos das imunoglobulinas IgG1 e IgG2a. Também foram estudados três parâmetros histológicos como: a medição, quantificação e classificação dos granulomas hepáticos.

Foram encontradas diferenças estatisticamente significativas no peso do fígado, tamanho e fase de desenvolvimento dos granulomas hepáticos. O fígado apresentou um peso superior nos murganhos infectados com a estirpe de *S. mansoni* sensível ao Praziquantel às 6 e 10 semanas de infecção. Também na infecção por esta estirpe o tamanho dos granulomas hepático foi superior às 10 semanas. A percentagem de granulomas hepáticos nas fases dominantes de desenvolvimento nas 6ª e 8ª semanas foi superior nos murganhos infectados com a estirpe de *S. mansoni* sensível ao Praziquantel.

Dos resultados obtidos podemos inferir que a infecção pela estirpe resistente ao Praziquantel foi menos severa do que a infecção pela estirpe sensível, o que pode indicar uma debilidade e redução do *fitness* desta estirpe, resultante da ação do Praziquantel.

SILVA, Rita Magano da (2014) Caracterização Clínica e Radiológica da Tuberculose Pulmonar em Crianças Infectadas e não infectadas por VIH na Guiné-Bissau. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

A incidência de tuberculose em crianças em 2011, segundo dados da Organização Mundial de Saúde, foi estimada em 490000, 6% da incidência total. Ao “potencial” epidémico da tuberculose, associa-se a dificuldade diagnóstica pela inespecificidade clínica, radiológica e pela baixa sensibilidade dos exames microbiológicos disponíveis em países em vias de desenvolvimento. Nas crianças, a elevada prevalência de outras causas de infecção respiratória e a dificuldade na colheita de amostras biológicas são com frequência fonte de atraso no diagnóstico. A co-infecção com o vírus da imunodeficiência humana (VIH) condiciona a orientação diagnóstica, pela sua incidência e apresentação clínica e radiológica atípica, e terapêutica, pelas interações farmacológicas.

O estudo realizado teve como principal objectivo identificar critérios clínicos, laboratoriais e radiológicos para diagnóstico de tuberculose em crianças e adolescentes entre os seis meses e os 17 anos infectadas e não infectadas por VIH. Este trabalho teve um componente retrospectivo (crianças diagnosticadas entre Janeiro de 2011 e Dezembro de 2013) e um componente prospectivo (diagnóstico efectuado entre Janeiro e Abril de 2014). Após dois meses de tratamento as crianças foram reavaliadas clínica e radiologicamente. Foram colhidos dados retrospectivos de 103 crianças, acompanhadas 9 crianças em tratamento e efectuado o diagnóstico de tuberculose pulmonar a 6 crianças. No estudo retrospectivo verificou-se que 29,4% apresentaram serologia positiva para infecção VIH. Foram identificados critérios clínicos de tuberculose nas crianças infectadas VIH e não infectadas, cujos resultados são comparáveis a estudos efectuados em África e na América Latina. Em critérios como a perda de peso e a descoloração cutâneo-mucosa as crianças VIH apresentaram frequências estatisticamente superiores às das não infectadas. Os padrões radiológicos mais frequentes nesta amostra foram a consolidação unilateral e o infiltrado micronodular bilateral, menos frequentes em outros estudos. A identificação do *M. tuberculosis* foi possível em 30% das crianças VIH e em 22,2% das não infectadas VIH. Foi realizada a prova

tuberculínica em todas as crianças com diagnóstico de Tuberculose entre Janeiro e Abril de 2014, observando-se menor enduração na criança VIH positiva. Pretendeu-se com este estudo identificar e analisar os critérios clínicos, radiológicos e bacteriológicos das crianças observadas por Tuberculose no Hospital de Cumura entre Janeiro de 2011 e Abril de 2014 e propor estratégias para aumento da efectividade diagnóstica.

TAVARES, Maria de Fátima (2014) Vacinação: Conhecimentos e atitudes da população dos bairros carenciados do Concelho do Seixal. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

INTRODUÇÃO: As vacinas permitem salvar mais vidas e prevenir mais casos de doença do que qualquer outro tratamento médico (PNV, 2012).

O não cumprimento do Programa Nacional de Vacinação pode dever-se a vários fatores, entre eles: à falta de acesso aos cuidados de saúde; à falta de informação acerca da sua importância e periodicidade, principalmente nos grupos vulneráveis, a mitos sobre a segurança das vacinas e mais recentemente ao aparecimento de movimentos anti-vacinação.

OBJETIVOS: Caracterizar as estratégias atuais de promoção de vacinação da equipa da Unidade Móvel de Saúde e dos Centros Comunitários que trabalham nos bairros carenciados do Concelho do Seixal; caracterizar conhecimentos e atitudes da população adulta e dos pais dos bairros carenciados sobre a vacinação; reavaliar as necessidades de aprendizagem após a sessão de educação para a saúde; comparar conhecimentos e atitudes de mães cujos filhos frequentam o infantário de um bairro carenciado com mães não carenciadas com filhos a frequentar um colégio privado; e propor estratégias de intervenção adaptadas à população carenciada em estudo.

MÉTODOS: Para a concretização dos objetivos propostos utilizaram-se dois métodos de estudo: o método de investigação quantitativa do tipo observacional e descritivo, através da aplicação de vários questionários (questionário aos residentes dos bairros; questionário aos participantes da sessão de educação para a saúde e questionário aos profissionais de saúde) e o método de investigação qualitativo através da técnica dos grupos focais.

RESULTADOS: No estudo quantitativo participaram 308 indivíduos, 67% (193) do género feminino; a idade média era de 43,2 anos, 40,5% nascidos em Portugal, e 37% nascidos em Cabo-Verde; 35,7%, com o 2º ciclo de escolaridade e 29,2% desempregados. Um quarto dos participantes diz que as vacinas servem para “proteger das doenças”; Três quartos afirmam que lhes foi explicado para que servia a vacina no ato vacinal, têm medo de ser vacinados e consideram que a vacinação deve ser obrigatória; 87,7% dos indivíduos ouviram falar da vacina contra o tétano, 64% têm essa vacina em dia, mas apenas 23,7% (73) acertaram no esquema;

Metade dos participantes já ouviram falar na vacinação para os viajantes, tendo mencionado a vacina contra a “malária”, contra a febre amarela e contra o “dengue”; Dos indivíduos que viajaram para África metade foi aconselhada a ir a uma consulta no âmbito da medicina do viajante; Cerca de metade dos participantes não ouviu falar no Programa Nacional de Vacinação; 78% dos pais ficaram esclarecidos em relação às vacinas administradas aos filhos, 77% não deixou de vacinar os filhos por estes terem uma doença aguda ligeira.

Realizaram-se dois grupos focais, um com seis residentes de um bairro carenciado e outro com oito mães não carenciadas com filhos num colégio privado. Tinham uma idade média de 35,1 anos, as mães do colégio apresentavam nível de escolaridades superior, as mães do bairro tinham uma média de 2,7 filhos e as do colégio de 1,1. De um modo geral, ambos os grupos apresentam conhecimentos e atitudes semelhantes sobre a vacinação. As diferenças são: todos os filhos de mães do colégio fizeram a vacina contra o *Streptococcus pneumoniae* e/ou vacina contra o rotavírus, ao contrário das outras crianças; e a maioria das mães com filhos no colégio receberam orientações em relação à vacinação através do pediatra, enquanto as mães do bairro receberam orientações por parte da enfermeira do centro saúde.

Na sessão de educação para a saúde participaram 10 moradores do bairro da Cucena, oito do género feminino, a média de idades é de 50,6 anos, cinco moradores com o 2º ciclo de escolaridade, oito cabo-verdianos, três desempregados. Algumas das dúvidas levantadas foram: como atuam as vacinas no nosso corpo? E como se faz a prevenção do paludismo?

As sugestões de estratégias de promoção de vacinação fornecidas pelos seis profissionais de saúde foram: maior divulgação da necessidade da vacina contra o tétano nos meios de comunicação social; promover a vacinação nas escolas; e nas consultas de saúde materna divulgar os benefícios da vacinação.

CONCLUSÕES: Os resultados obtidos permitem contribuir para o desenvolvimento, planeamento e implementação de políticas e estratégias de promoção de vacinação nestas comunidades, refletindo as suas necessidades específicas e, conseqüentemente, permitir efetivos ganhos em saúde. Tiram-se várias conclusões deste trabalho de investigação, que podem ser usadas pelos profissionais de saúde no seu dia-a-dia, nas sessões de educação para a saúde e nos futuros trabalhos de investigação sobre a vacinação, como por exemplo: as necessidades de aprendizagem detetadas ao longo do estudo; o medo da injeção, pelo medo da picada presente na maioria dos indivíduos; a maioria tem a perceção de que estar vacinado protege a comunidade; a vacinação dos filhos está atualizada, o que confirma que a moda de não vacinar tem uma dimensão pequena em Portugal; as doenças ligeiras não foram consideradas contra-indicação para vacinar os filhos; os conhecimentos e atitudes sobre a vacinação são muito semelhantes entre as mães do colégio e as mães do bairro, o baixo poder económico destas pode ser responsável pela não adesão às vacinas extra-Programa Nacional de Vacinação; e a baixa adesão da população à sessão de educação para a saúde, sugere que esta não é a melhor estratégia para chegar a estas comunidades.

TOMÁS, Ana Luísa Regatão (2014) Novas abordagens no diagnóstico serológico da pneumocistose. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A pneumonia por *Pneumocystis* (PPc) é uma importante infecção respiratória em doentes imunocomprometidos. O seu diagnóstico é baseado na visualização microscópica de quistos ou formas tróficas coradas e/ou na deteção de DNA de *Pneumocystis jirovecii* por PCR, em espécimes pulmonares normalmente obtidas por técnicas invasivas. O desenvolvimento de um teste serológico fiável e reprodutível é uma necessidade premente, pois permitirá o diagnóstico da PPc com recurso a amostras obtidas de forma minimamente invasiva, como o sangue.

Este estudo associou a síntese de um antigénio recombinante à técnica de ELISA (do inglês, *Enzyme-linked immunosorbent assay*) para deteção de anticorpos anti-*P. jirovecii*, procurando desenvolver uma nova abordagem laboratorial para o diagnóstico da PPc.

O antigénio recombinante sintético multiepítopo foi selecionado, desenhado e produzido com base no estudo da imunogenicidade do domínio carboxilo-terminal da glicoproteína *major* de superfície (MsgC) de *P. jirovecii*. O gene sintético codificante do antigénio recombinante foi clonado no vetor de expressão pLATE 31, através da tecnologia de clonagem independente de ligase. Este vetor permitiu a produção do antigénio recombinante sintético multiepítopo com uma cauda de poli-histidina terminal, o que permitiu a sua purificação por cromatografia de alta afinidade com iões níquel imobilizados e a sua utilização como ferramenta antigénica em uma técnica de ELISA. Esta técnica foi otimizada para a pesquisa de anticorpos totais e das imunoglobulinas IgG e IgM anti-*P. jirovecii*.

Foram estudados espécimes pulmonares e soros de 80 doentes imunocomprometidos, com suspeita de patologia pulmonar, e 17 soros de doadores de sangue (controlo). Os casos de PPc foram confirmados por imunofluorescência indireta com anticorpos monoclonais e por *nested* PCR. A informação clínica do diagnóstico presuntivo da PPc (sintomas, PaO₂, exames radiológicos) estava disponível.

Estatisticamente, os níveis de IgM anti-*P. jirovecii* estavam aumentados nos doentes com PPc ($p = 0,003$), o que nos fez rejeitar a hipótese nula de que a distribuição deste marcador seja idêntica entre doentes com e sem PPc. O teste ELISA com pesquisa de anticorpos totais e IgG anti-*P. jirovecii* não apresentaram resultados estatisticamente significativos ($p > 0,005$).

A análise da curva ROC (do inglês, *Receiver Operating Characteristic*) do teste ELISA com pesquisa de IgM anti-*P. jirovecii* mostrou que o *cut-off* que apresentou melhores resultados se situava numa absorvância (Abs) de 0,300 a 405 nm, com uma sensibilidade de 97 % e uma especificidade de 75 % ($p < 0,001$), quando associado ao diagnóstico clínico para a PPc.

Com esta abordagem inovadora, desenvolveu-se um novo método para deteção de *P. jirovecii*, sensível e específico quando associado ao diagnóstico clínico. Esta abordagem poderá funcionar como teste de rastreio da PPc, diminuindo a

necessidade de se obter amostras por técnicas invasivas, o que será um grande benefício para o doente e uma melhoria no controlo clínico da doença.

VICENTE, José Luís Cravo (2014) Estudo de parâmetros entomológicos com importância para a transmissão de malária por *Anopheles gambiae* s. l. na Guiné-Bissau. Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

espécies do complexo *Anopheles gambiae* são anteriores à distinção entre formas moleculares e, em estudos mais recentes, esta caracterização é maioritariamente efectuada na região litoral pelo que as possíveis diferenças associadas à transição entre biótopos se encontram por clarificar. Nesta região, verificam-se também, elevadas taxas de hibridação entre *A. gambiae* e *A. coluzzii* sugerindo a ocorrência de uma zona de contacto secundário.

Assim, o estudo da distribuição das espécies do complexo *A. gambiae* e a extensão geográfica onde ocorrem híbridos torna-se relevante, já que as várias espécies possuem diferentes padrões comportamentais e, por estarem adaptadas a diferentes biótopos, influenciam os padrões de transmissão de malária, a dispersão de genes de interesse, bem como a aplicação de estratégias de controlo vetorial.

Efetuarão-se colheitas entomológicas de mosquitos adultos num transecto Este-Oeste, percorrendo diversos biótopos na Guiné-Bissau. A identificação molecular das espécies foi realizada com recurso aos marcadores IGS e SINE. Foram pesquisadas mutações *kdr* (L1014S e L1014F) e a mutação G119S no gene *ace-1*. Foram ainda determinados índices de antropofilia e taxas esporozoíticas de *Plasmodium falciparum*, com recurso a técnicas de ELISA.

Na amostra total, *A. gambiae* foi a espécie mais abundante (50%), sendo a mais frequente nas regiões litoral e interior. *Anopheles coluzzii* foi a segunda espécie mais abundante (23%), predominando na região central. Observou-se uma frequência elevada de híbridos (21%) em particular na região litoral, confirmando estudos anteriores.

Anopheles melas e *A. arabiensis* foram também identificados, com frequências bastante inferiores, 5% e 1%, respetivamente. A presença de *A. arabiensis* na região litoral é um novo achado, podendo representar uma recente introdução ou ser o resultado da ocorrência de uma população reduzida, não identificada anteriormente pela não utilização de métodos de colheita apropriados.

Destaque ainda para as diferenças observadas na distribuição de mutações *kdr* em *A. gambiae*, sendo rara a presença da mutação L1014F na região litoral mas com uma frequência elevada na região interior, sugerindo uma subdivisão nas populações de *A. gambiae* como resultado da existência de barreiras ao fluxo genético (região florestal), da adaptação aos diferentes biótopos e a diferentes pressões seletivas. Para além de se ter verificado a presença de *A. arabiensis* na região costeira e em particular em Antula, verificou-se que esta população foi a única a apresentar a mutação L1014S juntamente com a mutação L1014F.

As espécies *A. gambiae* e *A. coluzzii*, consideradas altamente antropofílicas, apresentaram baixos níveis de antropofilia, sugerindo a presença de populações de mosquitos capazes de adaptarem o seu comportamento às condições ambientais

existentes, nomeadamente a procura por hospedeiros alternativos, com consequências nos padrões de transmissão de malária.

**ALBUQUERQUE, Andreia Filipa Ramos Ribeiro de Lemos (2013)
Comportamento biológico “in vitro” de “novas espécies” de
Leishmania no Velho Mundo. Dissertação de Mestrado em Ciências
Biomédicas, IHMT, Lisboa.**

As leishmanioses são um grupo de doenças causadas pelo parasita protozoário *Leishmania* sp. Na Bacia mediterrânica, *Leishmania infantum*, é a principal espécie causadora de leishmaniose visceral, a forma mais severa da doença, sendo *L. major* um dos agentes etiológicos da leishmaniose cutânea. Apesar de se considerar que estes parasitas têm uma reprodução essencialmente clonal, nos últimos 20 anos tem vindo a ser descrita a recombinação genética entre diferentes estirpes e espécies, com ocorrência de híbridos naturais, quer no Velho quer no Novo Mundo. Recentemente, em Portugal, foram isoladas e identificadas pela primeira vez, estirpes híbridas de *L. infantum/L. major*.

O presente estudo teve como principais objetivos, a pesquisa de “novas espécies” de *Leishmania* e a análise do comportamento “in vitro” de estirpes parentais e híbridas de *L. infantum* e *L. major*.

Numa primeira parte do trabalho efetuou-se a cultura e pesquisa de DNA de *Leishmania* sp., em amostras de sangue medular de 229 cães provenientes de uma região endémica de Portugal, utilizando diferentes marcadores moleculares (kDNA, ITS1 e SSU rRNA) e protocolos de PCR. Não foi encontrado DNA de espécies híbridas, tendo-se no entanto, identificado DNA de *Leishmania* sp. em 45,85% (105/229) das amostras, incluindo cães sem sinais clínicos.

Na segunda parte do trabalho, realizaram-se diversos ensaios “in vitro” com estirpes híbridas naturais *L. infantum/L. major* e parentais *L. infantum* e *L. major*. Em condições normais de crescimento, observou-se um padrão de crescimento distinto para cada estirpe estudada. Em condições de “stress” oxidativo, destacou-se uma diferença significativa entre as duas estirpes híbridas estudadas. Em condições de “stress” nutricional, as estirpes não apresentaram diferenças entre si. Após avaliação da suscetibilidade das estirpes na presença de Anfotericina B, todas se mostraram suscetíveis, com concentrações inibitórias (CI₅₀) entre 0.21 e 1.15 µg/mL. Após infeção em linhas celulares monocíticas, não se verificaram diferenças estatisticamente significativas na taxa e intensidade de infeção das estirpes híbridas em comparação às putativas parentais.

Os resultados obtidos, contribuíram para um melhor conhecimento sobre o comportamento biológico destas estirpes híbridas naturais *L. infantum/L. major*. Estas demonstraram um comportamento “in vitro” intermédio, relativamente às estirpes parentais. Estes resultados poderão servir de base para o desenvolvimento

de outros estudos com estas “novas espécies”, nomeadamente estudos de patogenicidade “in vivo” e o papel de biomarcadores de virulência, que permitam um potencial prognóstico da infeção e avaliação do seu risco epidemiológico.

ALVES, Cátia Filipa da Cruz (2013) Estudo de Avaliabilidade. Análise do contexto e lógica do projecto europeu “Investigação epidemiológica e prevenção do VIH/ISTs entre homens que têm sexo com homens – SIALON II”. Estudo de caso na Região de Lisboa e Península de Setúbal, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

A avaliação de projectos na área do VIH permite gerar informação pertinente para que os gestores consigam adaptar as intervenções ao tipo de população-alvo. Organizações internacionais como a ONUSIDA e a OMS têm trabalhado na elaboração de documentos de referência que orientem os processos de avaliação, mas continua a existir escassez de estudos sobre os efeitos e impacto das intervenções no âmbito do VIH. À semelhança de muitos países europeus, em Portugal tem-se registado um aumento da proporção de casos de infeção pelo VIH na comunidade de HSH. Este panorama alerta para a necessidade de se investir na intervenção, nomeadamente no acesso à informação, à prevenção da doença e ao acesso aos cuidados de saúde.

O presente trabalho teve como principal objectivo realizar um estudo de avaliabilidade do projecto europeu “Investigação epidemiológica e prevenção do VIH/ISTs entre Homens que têm Sexo com Homens – SIALON II”. Para a elaboração deste estudo recorreu-se a uma abordagem de estudo de caso, uma vez que é o tipo de estudo mais indicado na pesquisa qualitativa para a elaboração de avaliações em saúde. A recolha de dados para a realização da análise de contexto, construção do modelo lógico do projecto e respectiva validação foi feita através da análise de dados secundários recolhidos na fase de pesquisa formativa do projecto, de análise documental e da realização de entrevistas a informadores-chave.

Da análise de contexto foi possível verificar que as associações da comunidade local têm tido um papel activo na participação em projectos que proporcionaram, nos últimos anos, a recolha de dados bio-comportamentais e na organização de campanhas de prevenção junto da comunidade HSH. A par do contexto legislativo nacional alguns estudos desenvolvidos na temática da discriminação e estigma indicam que ainda existem problemas desta índole contra a comunidade LGBT em Portugal. A construção do modelo lógico e a respectiva validação junto de informadores-chave representou a coerência lógica entre os recursos, as actividades, os produtos e os resultados intermédios e finais do projecto europeu. Os recursos financeiros são escassos e apesar da sobrecarga de trabalho os recursos humanos encontram-se motivados. O ponto forte do projecto é a

oportunidade de se conhecer melhor a população HSH, enquanto as fragilidades passam pela questão do financiamento e dos problemas de estigma e preconceito face à homossexualidade e ao VIH.

O principal factor do contexto apresentado que podia influenciar a implementação do projecto na área de estudo foi a questão da mentalidade e da pouca abertura por parte da comunidade em falar da sua saúde sexual. Com a implementação do projecto espera-se que a população HSH se sinta sensibilizada para esta problemática e que o teste ao VIH comece a fazer parte de uma rotina de controlo e acompanhamento regular.

Recomenda-se o estudo da não aceitação em participar no projecto por parte dos proprietários dos locais de encontro gay; a introdução de avaliação contínua no ciclo de vida dos projectos; a promoção do envolvimento da comunidade na avaliação de impacto das intervenções em saúde; e a reavaliação da alocação de recursos para a sustentabilidade da participação das organizações da comunidade nos projectos.

AZEVEDO, Vanessa Sophia Saavedra (2013) Leptospirose e Fasciolose: interações imunológicas no polimorfismo do quadro clínico de doentes de São Miguel (Açores), Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

O arquipélago dos Açores apresenta nove ilhas vulcânicas, sendo São Miguel a maior e mais populosa. Nesta região insular portuguesa, a Leptospirose é uma zoonose endémica, que afeta acidentalmente o Homem por contacto direto ou indireto com leptospiras patogénicas. Clinicamente, esta patologia apresenta diversos sintomas que podem ser semelhantes a uma gripe ou evoluir até um quadro fulminante, daí a necessidade de um diagnóstico preciso com confirmação laboratorial. A Fasciolose é outra importante doença zoonótica nos Açores que tem sido descrita como endémica neste arquipélago, causada pelo parasita *Fasciola hepatica*. A infeção humana pode ocorrer devido ao consumo de vegetais e/ou águas contaminados. O diagnóstico não é fácil, pois a infeção pelo parasita pode apresentar uma larga variedade de quadros clínicos.

O objetivo deste estudo é contribuir para a clarificação de uma possível interação imunológica, ao nível da resposta humoral observada em indivíduos com diagnóstico clínico de Leptospirose e/ou Fasciolose, em pacientes da ilha de São Miguel que apresentam um quadro clínico e epidemiológico comum a ambas as patologias, contribuindo para um melhor diagnóstico diferencial.

A amostra utilizada no estudo é composta por 280 soros de indivíduos residentes na ilha de São Miguel, que foram analisados entre 2005 e 2010 pela TAM (Técnica de Aglutinação Microscópica), para deteção de aglutininas anti-*Leptospira interrogans* s.l.. Nas amostras de soro com resultado positivo e inconclusivo pela TAM foi

aplicada a técnica de rastreio micro-ELISA para o estudo da Fasciolose. Aplicou-se ainda a técnica de Imunoeletrodifusão (IED), como técnica confirmatória, nos soros com resultado positivo e em alguns inconclusivos (n=118) para a técnica micro-ELISA.

Os resultados da TAM, previamente conhecidos, para o total de indivíduos estudados foram os seguintes: 124 (44,3%) negativos, 73 (26,1%) inconclusivos e 83 (29,6%) positivos. Estes soros foram submetidos ao teste micro-ELISA, tendo-se obtido 31,1% (n=87) resultados positivos, 31,4% (n=88) resultados inconclusivos e 37,5% (n=105) com resultado negativo para Fasciolose. Foram analisados os inquéritos clínico-epidemiológicos estabelecido para o estudo da Leptospirose humana em São Miguel para as amostras anteriormente referidas, verificando-se que os homens lavradores em idade ativa são o grupo com mais casos positivos para ambas as patologias. Além disso, os sinais e sintomas mais comuns nos doentes com resultado positivo para as duas doenças são semelhantes aos de uma gripe, e analiticamente foi notório que as transaminases, a FA/ γ GT (apenas nos doentes com Leptospirose) e a leucocitose tinham níveis elevados. Os resultados revelaram uma provável coinfeção em 36 doentes. A técnica de IED foi positiva em 28 amostras de soro, sendo que cinco tiveram resultado positivo para as três técnicas utilizadas.

Estes resultados são promissores, demonstrando uma possível relação entre Leptospirose e Fasciolose, sendo que os respetivos agentes etiológicos partilham nichos ecológicos, o que justifica igualmente algumas semelhanças nos aspetos sociodemográficos e clínico-epidemiológicos na população afetada.

CARDOSO, João Nobre (2013) patologia e parâmetros oculares em doentes com infecção pelo VIH- Avaliação antes e após terapêutica Antirretrovírica Combinada, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

INTRODUÇÃO: As complicações oculares do VIH/SIDA são comuns e podem afetar qualquer tecido do olho. Na era da terapêutica antirretroviral combinada (TARc), houve uma redução drástica nas infeções oportunistas oculares. O impacto da terapêutica em outras alterações na visão de doentes VIH+ sem retinopatia infecciosa, como alterações na sensibilidade ao contraste (SC), visão cromática (VC) e nos campos visuais, sinal de uma disfunção microvascular retiniana, não está totalmente esclarecido.

OBJETIVOS: Determinar os efeitos da TARc em parâmetros e patologia oculares de doentes VIH+ que vão iniciar ou reiniciar TARc

MÉTODOS: Foi realizado um estudo observacional, longitudinal, transversal e prospetivo com a inclusao de 31 doentes VIH+ sem infecoes oculares oportunistas, que iam iniciar ou reiniciar TARc. Apos serem recolhidos alguns dados da historia clinica, foi feita uma avaliacao oftalmologica completa que incluiu: biomicroscopia do segmento anterior, acuidade visual com a escala de ETDRS, pressao intra-ocular com a tonometria de aplanacao de Goldmann, SC com o CSV-1000E, VC com o Farnsworth-Munsell 100 e perimetria com o programa 24-2 do OctopusR 900. Apos midríase farmacologica foram realizadas fotografias do segmento posterior, avaliacao da espessura da camada de fibras nervosas (CFN) e macular com o OCT Stratus™ e avaliacao da densidade do cristalino e do angulo irido-corneano pelo PentacamR. Cerca de 9 meses apos o inicio da TARc, foi realizada uma segunda observacao oftalmológica usando os mesmos metodos. Procuraram-se associacoes estatisticas entre vários parametros da infecao pelo VIH e a avaliacao oftalmologica.

RESULTADOS: Na primeira observacao, encontraram-se 15 olhos (24%) com complicacoes anteriores do VIH, 10 olhos (16%) com retinopatia do VIH, 15 (24%) com alteracoes vasculares retinianas e 6 (10%) com defeitos na CFN; nenhuma destas alteracoes estava relacionada com o nivel de linfocitos CD4+ ou carga viral. A SC, VC e perimetria estavam alteradas em 45%, 68% e 76% dos olhos, respetivamente.

Encontrou-se uma correlacao positiva entre valores mais elevados de linfocitos T CD4+ e melhor SC, sobretudo nos 6 e 12 ciclos por grau e no valor soma da SC ($p < 0,01$). A avaliacao pelo OCT revelou que os doentes com CFN fina tinham tendencialmente infecao mais antiga, niveis mais baixos de linfocitos CD4+ ($p < 0,05$) e pior SC ($p < 0,05$).

Foi possivel realizar segunda observacao em 16 doentes (52%). Apos 9 meses de TARc as alteracoes encontradas na primeira avaliacao mantiveram-se, com excecao da retinopatia do VIH que regrediu. As alteracoes na SC, VC, perimetria e na espessura da CFN mantiveram-se; a densidade do cristalino nao se alterou com a reconstituicao imunitaria apos TARc.

CONCLUSÕES: Foram detetadas alteracoes na avaliacao oftalmologica de doentes VIH+ sem retinopatia infecciosa e que parecem estar relacionadas com a existencia de microvasculopatia e disfuncao neuroretiniana associada. A reconstituicao imunitaria com a TARc nao parece levar a uma melhoria desta disfuncao apesar da recuperacao da imunidade para valores normais.

COSTA, Maria João Barbosa Berhan da (2013) Determinantes sociais das desigualdades na Saúde dos Portugueses: Estudo ao nível dos Municípios, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Antecedentes: As desigualdades na saúde estão associadas às desigualdades socioeconómicas, o que está demonstrado em farta literatura seja em comparações entre países, seja em comparações de populações e grupos sociais dentro dos países, evidenciando-se o triângulo fundamental riqueza-educação-saúde.

Objectivos: Analisar a relação existente entre a mortalidade prematura da população nos municípios portugueses e alguns determinantes socioeconómicos

Metodologia: Estudo ecológico transversal, utilizando indicadores publicados pelo INE para os 308 Municípios portugueses. Mediu-se a desigualdade das variáveis pelo rácio entre decis extremos (D10/D1) e testaram-se as associações existentes entre a mortalidade prematura e indicadores de rendimento, de educação e de desigualdade social pela correlação de ordem de Spearman.

Resultados: Os resultados revelam que existe desigualdade entre municípios para todas as variáveis estudadas. Entre o nível de educação e o rendimento e entre estes e a mortalidade prematura foram encontradas correlações estatisticamente significativas ($p < 0,01$ e $p < 0,05$) e de sinal consistente com as hipóteses colocadas de que a mortalidade varia inversamente com o nível de rendimento e com o nível de educação. A educação é a variável com maior efeito na mortalidade prematura, em especial sobre a mortalidade abaixo dos 65 anos, resistente ao controle do rendimento. A dimensão da população parece ter um efeito sobre todas as outras variáveis.

FAUSTINO, Ana Catarina (2013) Cultura Organizacional na área do Diagnóstico por Imagem – Percepção dos Coordenadores do CHLC, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Para fazer face a uma nova realidade, limitada pela crise financeira e organizacional em que se encontra o Serviço Nacional de Saúde, têm surgido várias tentativas de mudança dos modelos tradicionais de organização e de gestão nas Organizações de Saúde, a fim de se obterem organizações eficazes (Ferreira, 2011). Tendo como ponto de partida a premissa dos novos desafios impostos pelo sector da saúde, a gestão da Área de Diagnóstico Por Imagem (ADPI) do Centro Hospitalar Lisboa Central (CHLC) defronta-se com a crescente necessidade de traçar estratégias de mudança organizacional, com capacidade de adaptação à realidade vigente no sistema de saúde português. Como vários autores reiteram, o passo primordial para a introdução de mudanças organizacionais, passa pela identificação do tipo de cultura organizacional existente. Partindo desta lógica definiu-se a questão de investigação para o estudo, *“Qual a percepção da Coordenação da ADPI do CHLC face à cultura organizacional vigente e à considerada desejada face à mudança organizacional para tornar a organização mais eficaz?”*. Na mesma lógica, definiram-se como objectivos da investigação empírica, identificar as características da cultura organizacional da ADPI do CHLC de forma a criar estratégias de

mudança organizacional, reconhecer as características da cultura que influenciam a eficácia organizacional nos diferentes polos da ADPI do CHLC e comparar as percepções do coordenador e subcoordenadores da ADPI do CHLC, face à cultura organizacional vigente e à considerada desejada em função da mudança organizacional. Trata-se de um estudo exploratório e descritivo, seguindo a estratégia de estudo de caso único com uma abordagem quantitativa. Para o efeito, recorreu-se ao questionário *Organizational Culture Assessment Instrument (OCAI)* desenvolvido por Cameron & Quinn (1999), o qual se aplicou à população em estudo constituída por 14 indivíduos da coordenação da ADPI do CHLC. Os resultados demonstram que a cultura organizacional vigente na ADPI do CHLC é do tipo Clã, e que é este tipo de cultura que o coordenador e subcoordenadores consideram ideal para o futuro. Havendo diferenças significativas entre hospitais que devem ser exploradas aquando do desenho de uma intervenção de desenvolvimento organizacional.

FERNANDES, Camila Borges (2013) Caracterização de múltiplos polimorfismos de *Pneumocystis Jirovecii* por multiplex-PCR/Single base extension, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Pneumocystis jirovecii é conhecido por causar infecções específicas no aparelho respiratório de seus hospedeiros, principalmente em doentes imunocomprometidos, manifestando-se por uma pneumonia grave e por vezes fatal, normalmente designada por pneumonia por *Pneumocystis*. A caracterização da diversidade genética de *P. jirovecii* tem demonstrado que determinados polimorfismos de base única poderão ser reconhecidos como marcadores moleculares de eleição para o estudo da distribuição geográfica, vias de transmissão, resistência/susceptibilidade a fármacos, factores de virulência e genética populacional de subtipos genéticos. Este estudo teve como objectivo a caracterização de polimorfismos de *P. jirovecii*, através da metodologia PCR *multiplex*/Extensão de base única (do inglês *single base extension*), com a principal finalidade de constatar eventuais associações entre polimorfismos de base única, genótipos *multilocus*, e dados clínicos e demográficos da infecção. Sessenta e seis espécimes pulmonares, previamente considerados positivos para *P. jirovecii*, obtidos entre 2001 e 2012, a partir de doentes portugueses imunocomprometidos, foram seleccionados de forma aleatória para este estudo *multilocus*. PCR *multiplex* foi utilizada para a amplificação simultânea de três regiões genómicas: subunidade grande do rRNA mitocondrial, superóxido dismutase e dihidropteroato sintetase. Cinco polimorfismos de base única, previamente correlacionados com parâmetros da doença, foram genotipados por extensão de base única: *mt85*, *SOD110*, *SOD215*, *DHPS165* e *DHPS171*. Um total de 330 polimorfismos de base única e 29 genótipos *multilocus* putativos de *P. jirovecii* foram identificados e caracterizados nos espécimes pulmonares analisados.

Os padrões de distribuição dos polimorfismos foram analisados, sendo considerada a variação temporal e/ou geográfica das suas formas alélicas. Constatou-se grande diversidade genotípica entre os isolados de *P. jirovecii* que poderá ter influência a nível epidemiológico. Foram observadas associações estatísticas entre *mt85*/genótipos *multilocus* e parâmetros demográficos e clínicos. A correlação mais importante verificou-se entre *mt85C* e cargas parasitárias baixas a moderadas, enquanto *mt85T* foi associado com cargas parasitárias altas; MLG5, MLG9 e MLG13 foram associados com cargas parasitárias baixas, moderadas e altas, respectivamente. Tais associações demonstram que potenciais marcadores moleculares da infecção por *P. jirovecii* poderão existir e que polimorfismos/genótipos específicos poderão determinar perfis epidemiológicos da pneumonia por *Pneumocystis*. A análise genética cruzada permitiu verificar associações entre polimorfismos de base única. Os polimorfismos *SOD110T* e *SOD215C*, *SOD110C* e *SOD215T*, *DHPS165A* e *DHPS171C*, *DHPS165G* e *DHPS171T* foram associados estatisticamente. Os genótipos *multilocus* mais prevalentes foram considerados para o teste recombinatório d1. Dois genótipos *multilocus* (MLG7 e MLG9) foram observados com elevada frequência, e a análise genética indicou que estes se encontravam sobre-representados na população de *P. jirovecii* estudada. Estas evidências indicam que o fenómeno de desequilíbrio de ligação e a propagação clonal de subtipos genéticos é frequente, considerando que a espécie *P. jirovecii* poderá ser representada por uma população com estrutura epidémica. O presente trabalho confirmou a importância do estudo de polimorfismos em *P. jirovecii*, sugerindo que a caracterização *multilocus* poderá fornecer informação relevante para a compreensão dos padrões, causas e controlo da infecção, melhorando assim a investigação deste importante patógeno.

FERREIRA, Daniela (2013) Sequenciação e análise do genoma de um presumível flavivírus isolado de Aedes (Ochlerotatus) caspius, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

O género *Flavivirus* (*Flaviviridae*) inclui mais de setenta vírus com genoma a RNA de cadeia simples, muitos dos quais são importantes agentes patogénicos para o Homem e os outros animais. A maioria dos flavivírus podem ser transmitidos por carraças, mosquitos ou, aparentemente, restringir-se a vertebrados (Cook e Holmes, 2006). No entanto, um grupo de flavivírus designados “não clássicos”, não parece ter hospedeiro vertebrado conhecido. Estes últimos são comumente colocados junto à raiz de árvores filogenéticas do género *Flavivirus*, sendo frequentemente isolados em mosquitos, justificando a sua designação de vírus específicos de insectos (ISF, do inglês *insect-specific flaviviruses*) (Farfan-Ale *et al.*, 2009). A classificação dos

ISF como flavivírus tem sido suportada por semelhanças ao nível da sua organização genómica, perfil de hidropatia proteica, locais de clivagem conservados da sequência da poliproteína que codificam, e domínios enzimáticos. No entanto, são distintos em termos antigénicos, partilhando o mesmo nível de distância genética quando comparados com outros membros do género que quando comparados com outros dois outros géneros da família *Flaviviridae* (Cook e Holmes, 2006; Gould *et al.*, 2003).

Esta tese apresenta uma caracterização inicial, que inclui a obtenção da sequência genómica quase completa, de um novo ISF. Este vírus, com a designação proposta de OCFV_{Pt}, foi isolado de mosquitos adultos classificados como *Aedes (Ochlerotatus) caspius* (Pallas, 1771), os quais são encontrados em densidades elevadas nas zonas costeiras estuarinas dos distritos de Faro e Setúbal (Almeida *et al.*, 2008).

Este vírus replica rapidamente na linha celular C6/36 (derivada de *Aedes albopictus*), e, como esperado, não replica em células Vero. Contrariamente a outros ISF, o OCFV_{Pt} aparentemente causa efeito citopático óbvio em células C6/36, as quais, depois de infectadas, rapidamente se separam do suporte sólido da placa de crescimento, ficando pequenas e redondas. Análises por microscopia electrónica de secções finas de células C6/36 48h após infecção com OCFV_{Pt} revelaram uma hiperplasia nuclear acentuada com aumento do espaço entre as cisternas da membrana nuclear, no qual podem ainda ser encontradas vesículas de várias dimensões.

O genoma do OCFV_{Pt} tem, no mínimo, 9.839 nt e codifica para uma única poliproteína com as características normalmente associadas aos membros do género *Flavivirus*. As árvores filogenéticas geradas após alinhamento de sequências virais mostram que o OCFV_{Pt} forma, juntamente com HANKV (Huhtamo *et al.*, 2012) um grupo monofilético distinto dentro da radiação dos ISF.

JOÃO, Esmeralda Clarisse Beth Sacato (2013) Etiologia das infecções fúngicas vaginais na região de Lubango – Huíla e a resistência aos fármacos antifúngicos. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas,

A candidíase vulvovaginal é uma das infecções oportunistas mais comuns do tracto genital feminino. *Candida albicans* é o agente etiológico mais frequentemente isolado desta infecção, embora seja observado um aumento significativo da prevalência de infecções provocadas por outras espécies do género *Candida*. Mais recentemente a espécie *Candida africana* tem sido detectada em amostras biológicas desta origem a qual, vulgarmente, é identificada como sendo *C. albicans*. Esta pesquisa teve como objectivo principal a detecção e identificação rápida e específica de diferentes espécies de leveduras de interesse médico do género

Candida presentes em amostras clínicas de exsudados vaginais e no estudo dos padrões de resistência aos fármacos antifúngicos. Foram estudadas 159 amostras de exsudados vaginais provenientes de doentes que acorreram às consultas de Ginecologia e Obstetrícia da Maternidade Irene Neto, Lubango, Huíla, Angola e somente 98 isolados clínicos foram estudados. O diagnóstico convencional de todos os isolados, permitiu a identificação de *C. albicans* pelo teste da Blastese. Os isolados clínicos que não filamentaram foram identificados por testes morfológicos, bioquímicos e moleculares. O meio Agar de Eosina e Azul Metileno utilizando a técnica de Dalmau permitiu a identificação a partir das estruturas micromorfológicas das leveduras. A identificação molecular por PCR Multiplex e por RFLP da região ITS do rDNA permitiu a identificação dos isolados de *C. albicans* que não filamentaram. Para a diferenciação de *C. africana* em relação aos isolados clínicos *C. albicans*, foi utilizado um método molecular baseado em PCR. Nesta pesquisa, a partir dos exsudados vaginais recolhidos de pacientes observadas nas consultas da Maternidade Irene Neto, Lubango, Huíla em Angola foram identificadas as espécies *C. albicans*, *C. africana*, *C. parapsilosis*, *C. glabrata*, *C. guilliermondii*, *C. tropicalis*, *C. lipolytica*, *C. pelliculosa*, *Saccharomyces cerevisiae* e *Trichosporon asahii*. Foi estudada a sensibilidade *in vitro* de todos os isolados clínicos aos antifúngicos fluconazol, voriconazol, caspofungina e posaconazol pelo método de Kirby-Bauer de acordo com a norma M44-A do CLSI. A aplicação de métodos moleculares no diagnóstico de candidíase vulvovaginal revelou ser mais sensível e específica, e apresentou resultados mais rigorosos que a convencional, para além de permitir a detecção da nova espécie *C. africana*. A aplicação da metodologia de difusão a partir de disco a todos os isolados clínicos africanos demonstrou a existência de uma elevada susceptibilidade aos antifúngicos estudados.

LEAL, Ana Moreira (2013) Migração de enfermeiros portugueses na Europa. Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

A migração entre os profissionais de saúde Portugueses, e mais concretamente, entre os Enfermeiros, constitui uma problemática já confirmada quer na comunicação social, quer interrogando os próprios profissionais, tendo-se transformado, tal como refere BUCHAN (2007), num tema central de debate sobre a política de saúde à escala mundial.

Por outro lado, a população Europeia, considerada como a mais envelhecida a nível mundial, é motivo de grande preocupação. Devido a este envelhecimento, estima-se que irá haver uma maior prevalência de doenças crónicas entre a população e serão os enfermeiros os principais cuidadores responsáveis por dar resposta a esta problemática. Contudo, e devido às necessidades destes profissionais nalguns

países com escassez de enfermeiros, houve uma globalização das práticas de enfermagem, criando-se fluxos migratórios. Assim, os enfermeiros são formados num país de origem e vão exercer a sua atividade num país de acolhimento, facto que corresponde ao conceito de *brain drain* ou 'fuga de cérebros', que consiste na saída de profissionais altamente qualificados do seu país de origem, onde se formaram, para um país de acolhimento, onde irão utilizar as competências adquiridas num universo laboral mais atrativo e com mais opções disponíveis.

Neste estudo optou-se por uma metodologia qualitativa, tendo sido constituída uma amostra não probabilística de enfermeiros que se encontram, atualmente, a exercer a sua profissão noutro país da Europa. Esta amostra foi obtida através do sistema de amostragem por bola de neve, tendo sido os enfermeiros submetidos a uma entrevista semiestruturada.

Pretendíamos envolver, não apenas, alguns dos motivos de emigração dos enfermeiros portugueses para outro país da Europa, como também, identificar e compreender as características pessoais deste grupo de profissionais que os incitaram a tomar essa decisão. Por sua vez, os fatores que impediriam a partida para o país de acolhimento e os fatores que impulsionariam o regresso foram, igualmente, importantes no nosso estudo, uma vez que queríamos obter alguns dados que permitissem, num futuro próximo, colaborar na elaboração de políticas de recursos humanos que permitissem reter estes profissionais em Portugal

Foram abordados os principais motivos para emigrar relacionados com a vida profissional, com a estabilidade e segurança financeira, a proximidade com experiências migratórias, a proximidade cultural, os dividendos da experiência migratória e, ainda, com a possibilidade de uma nova experiência de vida. Estes resultados por um lado, suportam a informação teórica obtida antes da realização das entrevistas e, por outro complementam os dados já existentes sobre esta temática.

MARTINS, Raquel Alexandra Carita Machado Mota (2013) Detecção de *Neisseria gonorrhoeae* em amostras de urina de utentes de uma consulta de venereologia, Dissertação de Mestrado de Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Introdução: A vigilância epidemiológica dos agentes infecciosos é fundamental como atividade de controlo das doenças sexualmente transmissíveis. A gonorreia é uma das infeções sexualmente transmissíveis (IST) mais comum e é causada pela bactéria *Neisseria gonorrhoeae*. Os dados sobre os diferentes microrganismos causadores de IST são escassos em Portugal e a vigilância tradicional não é suficiente. Em muitos casos de infeção por *N. gonorrhoeae*, os pacientes são

tratados empiricamente através de uma abordagem sindrômica por vezes sem recurso a análises laboratoriais que confirmem a infeção e, além disso, existem os casos assintomáticos que contribuem para a contínua propagação da infeção por *N. gonorrhoeae*. A gonorreia é tratável e curável mas não está disponível uma vacina. Consequentemente, o controlo desta doença depende da identificação e tratamento de indivíduos infetados e dos seus contactos na rede de transmissão. Por outro lado, quando é efetuada cultura os resultados apresentam ocasionalmente falsos negativos, devido às características exigentes de crescimento da *N. gonorrhoeae in vitro* ou à automedicação prévia do doente.

Objetivos: Avaliar a ocorrência de infeções por *Neisseria gonorrhoeae* entre utentes de uma consulta de venereologia, nos primeiros seis meses de 2011.

Métodos: Estudo transversal. Amostragem consecutiva, cálculo do número de amostras pela fórmula de *Wald* para um nível de confiança de 95% e um erro de previsão de 3,3%. Foram analisadas 145 amostras de urina utilizando técnicas de amplificação de ácidos nucleicos com alvos diferentes. A identificação de *Neisseria gonorrhoeae* foi efetuada pela deteção de uma sequência do pseudogene *porA* de *N. gonorrhoeae* por técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) em tempo real e pela deteção de uma sequência do gene *ccpB* de *N. gonorrhoeae* por técnica de PCR. Critérios de exclusão: recusa em participar ou apresentar problemas para o entendimento do consentimento livre e informado.

Resultados: Foi detetada *Neisseria gonorrhoeae* em 8 doentes – 5,5 % de prevalência global. A prevalência entre indivíduos com infeção sexualmente transmissível prévia (n = 35) foi significativamente mais elevada (p = 0,032). Neste grupo detetou-se *N. gonorrhoeae* em 4 doentes (11,43 %). Em doentes com queixas de exsudado uretral (n = 29), foi detetada *N. gonorrhoeae* em seis (20,69 %), demonstrando que a prevalência entre os indivíduos com este sintoma é, também, significativamente mais elevada (p = 0,001). A coinfeção com *Chlamydia trachomatis* foi observada em 1,4 % dos casos (2/145). A percentagem de casos assintomáticos foi de 12,5 % (1/8). As técnicas de PCR utilizadas neste estudo demonstraram-se igualmente específicas para a deteção de *N. gonorrhoeae* e ambas mais sensíveis relativamente à cultura. Neste estudo as estirpes isoladas em cultura apresentaram resistência a penicilina em 25 % dos casos, 37,5 % a tetraciclina e 12,5 % eram produtoras de β -lactamases.

Conclusões: A prevalência determinada neste estudo encontra-se superior ao esperado. Os resultados deste estudo indicam a existência de um importante problema de saúde pública e a necessidade de considerar a implementação de rastreios em grupos específicos de população. Este estudo confirma que as técnicas de PCR com os alvos *porA* e *ccpB* são satisfatórias para a deteção de *Neisseria gonorrhoeae* em amostras de urina. Apesar da percentagem de estirpes resistentes a tetraciclina e penicilina ser elevada não foram demonstradas resistências a fluoroquinolonas ou cefalosporinas nas estirpes estudadas.

MOREIRA, António Lima (2013) Diagnóstico tardio da infecção por VIH na Ilha de Santiago, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

OBJETIVO: Caracterizar os casos com diagnóstico tardio da infecção por VIH na ilha de Santiago, no período de 2004 à 2011, com a descrição de sua distribuição e dos factores associados a esse diagnóstico.

MÉTODOS: Foram descritos 368 indivíduos, desses 191 foram identificados como casos e 177 como controlos registados no Polo Regional de Sotavento, localizado na cidade da Praia, criado com o intuito de enfrentar a epidemia da SIDA, desde julho de 2004. Realizou-se estudo caso-controlo não pareado, com dados colectados por entrevistas presenciais que não estavam disponíveis nas bases de dados existentes, comparando pacientes com diagnóstico tardio da infecção por VIH com aqueles com diagnóstico precoce da infecção por VIH. Foram analisadas as variáveis: características sociodemográficas e comportamentais. Utilizou-se análise univariada, bivariada e regressão logística binária, hierarquizada na análise multivariada, com *odds ratio* como medida de associação e intervalo de confiança de 95%.

RESULTADOS: Na ilha de Santiago, 51,9 % dos indivíduos realizaram o diagnóstico tardiamente, com maior proporção de diagnóstico tardio em mulheres do que em homens (57,6 % vs 42,4 %). A população de 40 a 49 anos vem realizando exames tardiamente (34,5 %).

No estudo caso-controlo não foram encontradas diferenças estatisticamente significativas na distribuição do sexo, estado civil e acesso aos serviços de saúde entre casos e controlos.

CONCLUSÕES: O estudo indica necessidade de novas abordagens na prevenção e diagnóstico precoce para as populações de maior vulnerabilidade e a manutenção da oferta do teste de VIH.

PATROCÍNIO, Gilberta Maria Inácio (2013) Prevalência de anticorpos Anti-*Toxoplasma gondii* em grávidas na Província de Luanda, Angola, e estudo dos factores de risco. Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A toxoplasmose é uma zoonose com ampla distribuição mundial e cujo agente etiológico é o protozoário *Toxoplasma gondii*. Esta infeção tem como principais vítimas mulheres grávidas e doentes imunodeprimidos, sobretudo VIH positivo, e

permanece como um problema para a Saúde pública. A prevalência desta infeção e o estudo dos fatores de risco representam uma ferramenta importante para o controlo e prevenção da doença. Estudos demonstraram taxas relativamente mais ou menos elevadas de prevalência de anticorpos anti-*T.gondii* em grávidas de várias regiões do mundo, o que parece estar relacionado com os hábitos alimentares, culturais e com o clima das regiões estudadas. Esta infeção é responsável pelas altas taxas de seroprevalência em grávidas nas regiões tropicais e subtropicais.

Apesar da sua ampla distribuição, não existem estudos de prevalência sobre a toxoplasmose em Angola, nem estudos acerca dos fatores de riscos. Assim, o objetivo deste estudo foi determinar a prevalência de anticorpos anti-*T.gondii* em grávidas provenientes da consulta externa de obstetrícia da Maternidade Lucrecia Paim em Luanda, Angola, bem como, estudar os fatores de riscos associados à infeção.

A pesquisa de anticorpos anti-*T.gondii*, das classes G e M, foi efetuada com recurso a *kits* comerciais específicos. O estudo dos fatores de risco foi realizado pela associação estatística entre os dados obtidos com a serologia e os inquéritos submetidos a 300 mulheres grávidas. Do total de grávidas estudadas, 27,3% revelaram a presença de anticorpos anti-*T.gondii*, sendo que 25,3% possuíam infeção crónica e 2% infeção aguda. Deste modo, 72,7% das mulheres demonstraram ser seronegativas, logo, suscetíveis à infeção.

Constituem fatores de risco na população estudada a quantidade de animais no domicílio, o contacto com animais fora de casa, o contacto com o local onde os gatos defecam, bem como, o consumo de laticínios pasteurizados. Em conclusão, os resultados obtidos para a infeção por *T. gondii* nas grávidas estudadas, realçam a importância da divulgação de medidas de sensibilização, no sentido de serem postas em prática estratégias de prevenção e controlo, que reduzam a prevalência destas infeções e sua possível transmissão vertical em Angola.

PINTO, Liliana Maria Granja Ventura (2013) Determinantes sociodemográficos e comportamentais do consumo e da variedade de fruta e vegetais em adolescentes, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa

Introdução: Existe consenso internacional de que um consumo maior e mais variado de fruta e vegetais (F&V) promove a saúde e previne algumas doenças crónicas mas a generalidade da população, incluindo os adolescentes, não atinge as recomendações. O conhecimento dos determinantes do consumo e da variedade de F&V é fundamental para se planearem estratégias que favoreçam uma ingestão adequada.

Este trabalho teve como objectivo avaliar determinantes sociodemográficos e comportamentais do consumo e da variedade de fruta e vegetais em adolescentes de 13 anos.

Material e Métodos: O presente estudo incluiu adolescentes nascidos em 1990 e inscritos nas escolas públicas e privadas do Porto no ano lectivo 2003/2004 (coorte *EPITeen*). Características sócio-demográficas e comportamentais foram obtidas por questionários estruturados. O consumo de F&V foi avaliado através de um questionário de frequência alimentar que incluiu 15 itens de vegetais e 12 de fruta e foi categorizado em <5porções/dia (consumo inadequado) e ≥5porções/dia. Desenvolveu-se um índice de variedade de F&V variável entre 0-27 pontos e os adolescentes foram classificados como tendo maior e menor variedade F&V (<mediana do índice de variedade).

Foram incluídos 1522 adolescentes (815 raparigas e 707 rapazes) com informação completa para F&V. Calcularam-se *odds ratio* (OR) e intervalos de confiança a 95% (IC 95%), por regressão logística não condicional.

Resultados: A proporção de adolescentes com ingestão <5 porções/dia F&V foi de 57,4% e <variedade de 49,3%. Após ajuste para as variáveis com efeito mais relevante no consumo e variedade, verificou-se que o consumo inadequado de F&V se associou de forma significativa e inversa com a escolaridade da mãe (>12anos vs. <6anos: OR=0,44, IC95%:0,30-0,64), ter experimentado bebidas com álcool (experimentou/bebe vs. nunca bebeu: OR=0,73, IC95%: 0,58-0,93), com a toma do pequeno-almoço (sim vs. não: OR=0,49, IC95%: 0,28-0,85) e a ingestão energética total (4º quartil vs. 1º quartil: OR=0,10, IC95%: 0,06-0,14). Encontrou-se uma associação significativa e directa entre o consumo inadequado F&V e o sexo (rapazes vs. raparigas OR=1,58, IC95%: 1,26-1,99) e com os hábitos tabágicos dos pais (fumador vs. nunca fumou: OR=1,33 IC95%: 1,01-1,74 para a mãe e OR=1,40 IC95%: 1,04-1,88 para o pai).

A <variedade F&V associou-se significativa e inversamente com a escolaridade da mãe (9-12 anos vs. <6anos:OR=0,67, IC95%: 0,48-0,95), IMC do pai (excesso de peso vs. normoponderal: OR=0,76, IC95%: 0,58-0,99) e a ingestão energética total (4º quartil vs. 1º quartil: OR=0,70, IC95%: 0,50-0,97) e associou-se directamente com o sexo (rapazes vs. raparigas OR=1,39, IC95%: 1,10-1,77) e com a idade do pai (40-45 anos vs. <40anos: OR=1,74, IC95%: 1,20-2,53).

Conclusões: Aproximadamente 60% dos adolescentes apresentaram um consumo inadequado de F&V. Os adolescentes que apresentaram maior inadequação de F&V eram do sexo masculino, tinham mães menos escolarizadas, progenitores fumadores, não tomavam habitualmente o pequeno-almoço, nunca experimentaram bebidas com álcool e apresentavam uma menor ingestão energética diária. A <variedade F&V foi encontrada nos rapazes, em adolescentes de ambos os sexos com pai mais velho e mãe menos escolarizada. Adolescentes que se encontravam no 3º quartil de ingestão energética total e cujo pai tinha excesso de peso apresentaram maior variedade F&V.

SOUSA, Carina Pires de (2013) Caracterização bioquímica de metaloproteínases de parasitas tripanosomatídeos, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

A identificação e caracterização de processos mediados por metaloproteínases de uma grande variedade de eucariotas está a avançar rapidamente, tanto a nível molecular como celular – e os muitos papéis que as proteases desempenham nestes organismos estão a ser trazidas para o foco. As metaloproteínases de matriz executam tarefas de —*housekeeping*” comuns a muitos organismos, bem como funcionam a um nível muito mais específico no ciclo de vida dos parasitas, por exemplo. Papéis pivotais foram propostos em diferentes processos, como invasão e egressão de células, enquistação e desenquistação, catabolismo de proteínas, diferenciação, progressão do ciclo celular, citoaderência, e ainda estimulação e evasão ao sistema imune.

No presente estudo, é feito o reconhecimento e a caracterização de metaloproteínases de dois diferentes extractos de parasitas protozoários: *Trypanosoma brucei brucei* e *Leishmania infantum*. A classificação de metaloproteases foi obtida a partir da inibição diferencial da actividade destas proteases sobre diferentes substratos (gelatina e caseína), tendo sido efectuada uma prospecção de inibidores selectivos com potencial para serem empregues em novas estratégias de quimioterápica contra estes agentes. Adicionalmente, é feito um estudo bioinformático sobre uma metaloproteínase comum aos parasitas aqui abordados, alargando o estudo a outros organismos relacionados.

Os resultados obtidos demonstram a presença de metaloproteínases capazes de degradar proteínas de matriz em ambos os extractos estudados, sendo possível inibir a sua actividade com concentrações relativamente moderadas de inibidores. Além disso, sugerem que em todos os eventos patológicos abordados neste estudo, a presença de metaloproteínases activas é estável no seu ciclo de vida e provavelmente na progressão da patologia provocada pelos diferentes agentes em estudo. A análise de todos os resultados e observações poderá possivelmente levar à identificação e integração de elementos comuns nos processos de invasão celular e progressão parasitária aqui abordados. Por essa razão, a compreensão destas interacções permanece um desafio importante.

TEIXEIRA, Ana Filipa Gonçalves (2013) Clonagem e expressão génica de potenciais candidatos antigénicos de *Trypanosoma brucei brucei*, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

A doença do sono ou tripanossomose humana africana é uma patologia parasitária exclusivamente africana, cujo agente etiológico do género *Trypanosoma* é transmitido pela picada da mosca tsé-tsé, pertencente ao género *Glossina*. Afeta milhões de pessoas e animais anualmente, representando um grande fator de atraso no desenvolvimento do continente africano. Caracteristicamente negligenciada, poucos fundos são disponibilizadas para o controlo e investigação da Tripanosomose Africana. Não existe vacina para a doença e os fármacos disponíveis para o tratamento são pouco eficientes e apresentam elevada toxicidade.

Amplificou-se a partir de cDNA extraído de formas sanguíneas de *T. b. brucei* a sequência génica da enzima TSA, sugerindo a expressão da enzima TSA em formas sanguíneas de *T. b. brucei*. Duas proteínas recombinantes de *T. brucei* – Glicoproteína Invariável de Superfície (ISG) e a região N-terminal da *Trans*-sialidase (nTSA) foram subclonadas no vetor comercial pET28a. Através da subclonagem dos genes de interesse ISG e TSA neste plasmídeo de expressão procariota - pET28a - foi possível produzir as proteínas recombinantes ISG e nTSA em *Escherichia coli*. Expressaram-se as proteínas recombinantes em várias linhagens celulares de *E. coli* e imunoidentificaram-se ambas através de *immunoblot* com soro de animais positivos para *T. b. brucei*. Imunidentificou-se a proteína recombinante nTSA através de *immunoblot* frente a soro de animais imunizados com o plasmídeo capacitado de expressão em sistema eucariota nTSApVAX1. Avaliou-se o potencial imunogénico dos plasmídeos ISGpVAX1, nTSApVAX1 e PLCpVAX1 através de imunização génica do modelo experimental da THA. Processou-se soro de animais imunizados com estes plasmídeos através de ELISA para deteção de anticorpos anti-*T. b. brucei*.

Os três protótipos vacinais utilizados neste estudo foram capazes de induzir anticorpos da classe IgG reativos ao extrato proteico de *T. brucei brucei*, sugerindo então a expressão em formas sanguíneas do parasita dos antigénios ISG, TSA e PLC.

Contrariamente ao que tem sido sugerido pela literatura até então, foi possível amplificar de cDNA de formas sanguíneas de *T. b. brucei* o gene TSA, sugerindo pela primeira vez a expressão deste gene nas formas sanguíneas de *T. b. brucei*.

VIDEIRA, Marco André Moras (2013) Estudo dos antiporters Na⁺/H⁺NhaC e NhaE de Neisseria meningitidis, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Os antiporters Na⁺/H⁺ são proteínas membranares, encontradas em todos os reinos e envolvidas na homeostasia do Na⁺ e do pH. Dois antiporters Na⁺/H⁺, denominados NmNhaC e NmNhaE foram identificados no genoma da bactéria patogénica, *Neisseria meningitidis*, e estudados através da sua expressão heteróloga numa

estirpe de *E. coli* deficiente em antiporters Na^+/H^+ , a estirpe *E. coli* KNabc. Os antiporters Na^+/H^+ de *N. meningitidis*, foram capazes de conferir resistência ao Na^+ , a esta estirpe, sugerindo que os dois possam contribuir para a homeostasia do Na^+ e pH. O NmNhaE é também capaz de transportar Li^+ , e parece ser o principal antiporter Na^+/H^+ a contribuir para este papel em *N. meningitidis*. O NmNhaE tem atividade de antiporter Na^+/H^+ entre valores de pH 6.5 a 9, e a atividade $\text{Na}^+(\text{Li}^+)/\text{H}^+$ ótima é observada a pH 7. Além disso, verificou-se que o NmNhaE tem maior afinidade para o Na^+ . Com o objetivo de encontrar resíduos importantes na função e estrutura do NmNhaE, dez resíduos de aminoácidos foram selecionados apartir de comparações de alinhamentos entre sequências de aminoácidos, e também através de estudos anteriores de mutagénesse dirigida noutros antiporters Na^+/H^+ , tendo as mutações pontuais sido intruzidas no gene *nhaE*, resultando nas mutações E91Q, H161L, G174S, D182N, H201L, V258T, H272L, H356L, H361L e G413S. Quando a expressão dos mutantes foi induzida em *E. coli* KNabc, todos os mutantes, com exceção dos mutantes G174S e H201L, foram capazes de complementar a estirpe KNabc, permitindo que esta crescesse em meio LBK líquido com NaCl 500 mM. Este facto sugere que as mutações G174S e H201L podem impedir a atividade de antiporter Na^+/H^+ . Nos mutantes E91Q, V258T e H361L o K_m determinado a pH 7, para o Na^+ , é semelhante ao determinado no NhaE selvagem, contudo o seu V_{max} sofreu uma descida de quase duas vezes. Além disso, a atividade medida a pH 7 para os mutantes V258T e E91Q, e a atividade medida a 7.5 para o mutante V258T, diminuiu relativamente ao NhaE selvagem. Este resultado juntamente com as atividades medidas a pH 7 e 7.5, sugerem que os resíduos E91, V258, H361 estejam envolvidos na resposta ao pH. No mutante H272L, verificou-se um aumento no K_m determinado para o Na^+ a pH 7 para quase o dobro, enquanto o V_{max} se manteve inalterado em relação ao NhaE selvagem. Os parâmetros cinéticos e as atividades medidas a pH 7 e 7.5 sugerem que o resíduo H272 pode estar envolvido no transporte de Na^+ e também na resposta ao pH. Nos restantes residuos não se verificou atividade de antiporter Na^+/H^+ . Este trabalho contribuiu para uma melhor compreensão do transporte de Na^+ nos antiporters Nha de *N. meningitidis*, nomeadamente no funcionamento e estrutura do NhaE. No futuro, este trabalho pode fornecer informação relevante quanto ao papel do Na^+ na infeção e sobrevivência desta bactéria no hospedeiro.

VIEIRA, Patrícia Manuela da Silva (2012) Caracterização genética de cryptosporidium spp. em amostras biológicas de humanos e animais provenientes da Roménia: comparação com as características dos organismos obtidos das populações humana e animal portuguesa, Dissertação de Mestrado em ciências biomédicas, IHMT, Lisboa.

As espécies de *Cryptosporidium* são parasitas apicomplexa ubíquos e importantes agentes etiológicos de doença gastrointestinal. A infecção por *Cryptosporidium* spp. pode ser adquirida por diversas vias de transmissão, sendo a diarreia o sinal mais frequente de doença. Uma grande variedade de animais e os humanos são infectados, sendo os imunocomprometidos e os jovens os grupos mais susceptíveis à infecção. Os humanos são infectados principalmente por duas espécies, *Cryptosporidium hominis* (transmissão antroponótica) e *Cryptosporidium parvum* (transmissão antroponótica ou zoonótica), enquanto o gado doméstico pode ser infectado por várias espécies de *Cryptosporidium*. Nos últimos anos, as ferramentas moleculares têm permitido aprofundar o conhecimento acerca da epidemiologia destes parasitas. O elevado polimorfismo apresentado por alguns *loci* têm permitido caracterizar a diversidade genética ao nível do subtipo, conduzindo a uma melhor compreensão das fontes de infecção e dinâmicas de transmissão em humanos e animais. Com este trabalho pretendemos caracterizar geneticamente as espécies de *Cryptosporidium* de origem humana e animal provenientes da Roménia através da técnica de *nested-PCR* aplicada a dois *loci*, a subunidade pequena do ácido ribonucleico ribossómico e a glicoproteína de 60-kDa, com a finalidade de compreender os principais reservatórios presentes neste país. No presente estudo, a frequência geral de infecção em crianças foi 36,4% (4/11), em vitelos foi 62,1% (18/29), e em porcos 25% (2/8). A análise das sequências revelou que todos os isolados são *Cryptosporidium parvum*. Duas famílias de subtipo foram identificadas, Ila e Ild. O subtipo IldA22G1 de *C. parvum* foi o único caracterizado nas crianças (n=4). Em vitelos foram identificados os subtipos IldA27G1 (n=8), IldA25G1 (n=5), IldA22G1 (n=2), IldA21G1a (n=1) e IlaA16G1R1 (n=1), enquanto nos suínos apenas foi identificado o subtipo IldA26G1 (n=1). Estes resultados mostram uma perspectiva epidemiológica muito diferente dos estudos romenos anteriores, uma vez que os cinco subtipos da família Ild identificados neste estudo nunca foram identificados anteriormente no país, mostrando que a dinâmica de transmissão na Roménia é mais complexa do que as conclusões anteriores. Por sua vez, em Portugal parece existir uma maior diversidade genética de isolados de *Cryptosporidium* spp. Até à data foram identificadas quatro famílias de subtipo de *C. parvum*, Ila, Ilb, Ilc e Ild, verificando-se que o subtipo IlaA15G2R1 foi o mais frequente em ambas as populações. Além deste foram identificados quatro subtipos na família Ild, dois dos quais são comuns ao nosso estudo, nomeadamente IldA21G1 e IldA22G1. A comparação entre os nossos resultados e aqueles encontrados em Portugal revela que apesar de existirem algumas diferenças relativamente à dinâmica de transmissão na população humana de Portugal e do distrito de Timis da Roménia, no geral, os reservatórios e os modos de transmissão em ambos os países são bastante semelhantes.

FERRÃO, Ana Filipe (2012) Estudo Piloto sobre a prevalência da doença de Chagas em grávidas latino-americanas em Portugal, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa

Resumo: A Doença de Chagas é causada pelo protozoário *Trypanosoma cruzi* e pode ser transmitida aos humanos através do insecto vector triatomíneo (apenas na América latina), de mãe para filho, por transfusão ou por transplante. Após uma fase aguda de algumas semanas de duração, a doença evolui durante décadas de forma assintomática. Cerca de 40% dos indivíduos nesta fase progridem para a fase crónica, caracterizada por insuficiência cardíaca progressiva e/ou dilatações do trato digestivo.

O deslocamento de um número cada vez mais elevado de migrantes da América Latina para a Europa faz com que a Doença de Chagas seja actualmente um problema de saúde pública nesta região. Importa conhecer a sua epidemiologia através de inquéritos serológicos de forma a permitir uma adequada e atempada actuação das autoridades de saúde. Em Portugal o número de imigrantes latino-americanas tem aumentado ano após ano, destacando-se o Brasil como país de origem. No entanto, o número de migrantes infectados por *T. cruzi* no nosso país não é conhecido, apontando as estimativas para a existência de cerca de 500 a 1000 indivíduos chagásicos. Neste estudo multicêntrico foi avaliada a prevalência da infecção por *T. cruzi* em grávidas latino-americanas em três serviços hospitalares de Lisboa, onde a percentagem de imigrantes latino-americanos é a mais elevada do país. Mais de 95% da amostra estudada é originária do Brasil. Não foram encontrados neste estudo casos positivos para Doença da Chagas. No entanto, foi possível elucidar os profissionais de saúde sobre o impacto da Doença de Chagas, avaliando a necessidade de implementação de programas de rastreio continuado.

A comparação entre testes laboratoriais corresponde a um dos métodos utilizados na validação de técnicas, sendo que em Portugal esse tipo de estudo nunca antes havia sido efectuado para a Doença de Chagas. Foi realizada uma comparação entre dois testes serológicos de rastreio (ELISA) para Doença de Chagas das empresas *REM* e *OrthoClinicalDiagnostics*. Concluiu-se que as diferenças entre os sinais obtidos não diferem significativamente.

FIGUEIRA, Ana de Sousa (2012) Análise por RAPD PCR de genes envolvidos na resistência ao Praziquantel em *Schistosoma Mansoni*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A Schistosomose é uma doença parasitária, transmitida por parasitas da classe Trematoda, do género *Schistosoma*. A doença afecta cerca de 207 milhões de pessoas em todo o mundo, sendo em particular as crianças e as mulheres as mais vulneráveis à infecção. A cronicidade desta doença tornou-se um importante

problema de Saúde Pública a nível mundial, afectando as actividades diárias do homem e consequentemente o crescimento económico dos países em vias de desenvolvimento.

A identificação e caracterização de marcadores moleculares que possam estar envolvidos no processo de fenótipo de resistência a fármacos em qualquer das fases do ciclo de desenvolvimento parasitário constituem um importante desafio para a melhoria do tratamento farmacológico e controlo da Schistosomose.

Este estudo tem como objectivo contribuir para a distinção através da técnica de RAPD-PCR de possíveis polimorfismos existentes entre cercárias produzidas a partir de moluscos infectados com miracídio obtidos de vermes adultos fenotipicamente sensíveis ou resistentes ao Praziquantel.

A utilização da técnica de biologia molecular RAPD-PCR permitiu identificar e analisar a existência de bandas polimórficas através da comparação dos padrões de bandas obtidos em gel de poliacrilamida a 6% representantes de amplificação do DNA, extraído de cercárias produzidas a partir de moluscos infectados com miracídios obtidos de vermes adultos sensíveis ou resistentes ao Praziquantel utilizando vários *primers* distintos.

Foram utilizados 7 *primers*, previamente descritos por Tsai *et al* (2000), como tendo uma boa eficácia na amplificação de amostras de DNA de *Schistosoma mansoni* tendo alguns deles a particularidade de darem origem a padrões diferenciados nas bandas obtidas após electroforese de DNA de cercárias obtidas para os ensaios de resistência e sensibilidade ao fármaco Praziquantel.

Os resultados obtidos, ainda que preliminares, indicam já uma variação genética entre os dois ensaios de resistência e sensibilidade ao Praziquantel.

GOMES, Filipa Bento (2012) Determinação e comparação de genótipos de *Candida albicans* pelo método de PCR com base nos polimorfismos da região 25S rDNA e das sequências ALT/RPS, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: As leveduras da espécie *Candida albicans* são comensais do ser humano, podendo em certos casos, como a toma prolongada de antibióticos de largo espectro, a diminuição da imunidade, ou a quimioterapia, causar infecções severas. Estas infecções classificam-se em superficiais ou sistémicas, consoante a zona anatómica ou os órgãos afectados. As infecções hospitalares por fungos, nomeadamente as causadas por *C. albicans*, têm vindo a aumentar nos últimos anos, assim como a mortalidade e a morbilidade associadas, e ainda os custos relacionados com os cuidados de saúde. Torna-se por isso importante a implementação de terapêutica de uma forma rápida, eficaz e correcta. Assim, é imperativo que os laboratórios de microbiologia clínica possuam métodos de

diagnóstico rápidos, simples e económicos em relação a uma correcta identificação ao nível de espécie e em relação ao estudo da sensibilidade aos antifúngicos. Contudo, esta identificação ao nível de espécie não permite averiguar a origem das infecções, facto importante para a compreensão da evolução das infecções nosocomiais. Para tal, é necessário realizar um estudo ao nível de estirpe através de métodos moleculares que permitam fazer a distinção acurada entre isolados de *C. albicans*.

Os métodos moleculares têm vindo a desenvolver um papel importante no diagnóstico de infecções: são rápidos, sensíveis, precisos e possuem a vantagem de se poder trabalhar pequenas quantidades de amostra. Têm no entanto a desvantagem de ser métodos caros, por vezes demasiado elaborados para serem instituídos num laboratório de microbiologia clínica com grande volume de amostras diárias.

O principal objectivo deste trabalho consistiu na diferenciação de estirpes de *C. albicans* através de uma metodologia molecular inovadora, nunca antes efectuada no ocidente, simples e rápida, por meio de simples amplificações por PCR. Para tal, foram seleccionados 60 isolados clínicos de leveduras obtidas a partir de amostras clínicas de três localidades: Covilhã (Centro Hospitalar Cova de Beira, E.P.E) Lisboa (Instituto Português de Oncologia e Hospital de Santa Maria, E.P.E) e Viseu (Hospital de São Teotónio).

O trabalho baseou-se na genotipagem de isolados clínicos de *C. albicans* por amplificação por PCR com primers dirigidos às sequências 25S rDNA e às regiões ALT das sequências RPS. Foi possível a sua diferenciação e distinção em estirpes, fazendo deste método um bom recurso para estudos epidemiológicos.

Realizou-se ainda um estudo de sensibilidade *in vitro* das estirpes de *C. albicans* aos antifúngicos Fluconazol e Voriconazol pelo método de difusão em disco, segundo os procedimentos padronizados e publicados pelo CLSI. Através deste estudo foi verificada elevada susceptibilidade aos antifúngicos estudados.

Com este trabalho conclui-se que a diferenciação ao nível de estirpe é muito importante para compreender padrões de surtos de infecções e ainda para averiguar a origem, endógena ou exógena, destas infecções nosocomiais. Como tal, este estudo epidemiológico torna-se essencial para definir um controlo mais rigoroso das infecções.

GUIMARÃES, Raquel Xavier (2012) Vulvovaginites em gestantes atendidas em centros de saúde do Município de Sobral Ceara Brasil, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa

Resumo: Neste trabalho pretendeu-se identificar a prevalência das alterações de flora vaginal em gestantes, sua associação à sintomatologia referida, factores de risco e associação com a estratégia TREVO. É um estudo quantitativo, descritivo e

transversal, desenvolvido no serviço público de atenção básica de Sobral, Ceará, no ano 2011, em 214 gestantes, amostradas de forma estratificada por unidade de saúde. Realizou-se uma entrevista com formulário estruturado, e foram coletados os resultados das análises nos prontuários. A prevalência de flora vaginal alterada foi de 50,9%, sendo as mais frequentes: vaginose bacteriana (36,4%), candidíase vaginal (13,6%) e trichomoníase vaginal (0,93%). Os dados apontam elevada prevalência das alterações de flora vaginal, com os fatores de risco como baixas condições socioeconómicas, idade, escolaridade e com pouca associação à sintomatologia, ainda que a sintomatologia referida não se associou ou se associou de forma inesperada a essas alterações, o que pode ser explicado pela subjetividade inerente à percepção de sinais e sintomas. Considerando-se as repercussões maternas e perinatais indesejáveis e a prática laboratorial exequível, sugere-se promover ações em todos os níveis de atenção, especialmente na atenção básica, no que diz respeito a estratégias de prevenção e controle da trichomoníase, que é uma IST, assim como também informações sobre fatores de risco e auto-cuidado no programa saúde da mulher.

MARQUES, Bertina Antunes (2012) Diagnóstico da tuberculose latente na região de Almada: comparação dos resultados de utilização do teste tuberculínico com o teste IGRA, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: A tuberculose, apesar de todos os avanços científicos e tecnológicos, continua a constituir, mais do que nunca, um grave e importante problema de saúde pública a nível mundial.^{1,2} Uma vez infectado por *M.t.*, o indivíduo permanece infectado durante muitos anos, provavelmente para o resto da vida.⁴ Nestes indivíduos infectados mas saudáveis e assintomáticos, a única evidência de infecção pode ser um teste cutâneo de tuberculina ou teste interferão-gamma positivos.⁵

Este estudo é constituído por 32 indivíduos, com uma média de idades de 34 anos, a maior parte dos indivíduos em idade activa.

Da população estudada, 43,8% tinha comportamentos de risco, a maior percentagem referiu o consumo de tabaco como o principal comportamento de risco.

Verifica-se que todos os indivíduos com comportamentos de risco tiveram um resultado positivo no TST (n=14), esse resultado só se manteve positivo em cerca de 1/3 do mesmo número de indivíduos quando utilizado o teste IGRA.

Os conviventes representam cerca de 2/3 da população estudada (n=19), referindo, na sua maioria, terem um contacto próximo com o caso índice (n=17). Destes, 14 tiveram contacto com um doente com baciloscopias positivas.

Dos inquiridos, 84,4% tinham registo ou cicatriz vacinal do BCG, em 9,4% a vacina BCG era desconhecida e 6,3% não tinham registo nem cicatriz do BCG. Dos indivíduos vacinados mais de metade (n=14) teve um resultado negativo para IGRA. Enquanto que, o inverso se verifica no resultado final do TST.

Mais de 50% dos indivíduos tiveram um resultado negativo para IGRA, apenas 37,5% teve um resultado positivo e 9,4% um resultado indeterminado. Sendo o IGRA determinante na maior parte dos indivíduos para o resultado final do rastreio, e dada a alta especificidade do QFT-GIT, o estudo denota um desempenho mais favorável para detectar exposição ao *M.t.* do QFT-GIT comparando com o TST. Apenas 34,4% da população total iniciou tratamento para ILTB e 12,5% quimioprofilaxia. Foram detectados dois casos de TB doença, mas cujo resultado final do rastreio de um deles não teve qualquer influência do IGRA, uma vez que este foi negativo.

Este trabalho é apenas uma pequena parte do fenómeno em estudo e os resultados obtidos podem constituir uma base para o desenvolvimento de outros estudos de investigação.

NAZÁRIO, Carlos da Silva (2012) Desenvolvimento de métodos moleculares para deteção de *Trypanosoma* spp em glossinas (Diptera Glossinidae) da República da Guiné Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa

Resumo: As moscas do género *Glossina* são vetores de patologias provocadas por várias espécies de parasita do género *Trypanosoma*, como a Tripanossomose Humana Africana e as Tripanossomoses Animais. A correta identificação destes tripanossomas é um ponto fulcral quando se procura determinar o risco de doença que determinadas populações de glossinas podem provocar.

No presente trabalho foram utilizadas e adaptadas diversas metodologias de diagnóstico molecular, nomeadamente o PCR em tempo real e o PCR-RFLP, que permitiram, através da utilização de *primers* genéricos, a determinação da carga parasitária e a correta identificação dos tripanossomas presentes no vetor. Os *primers* denominados Tryp18SF e Tryp18SR foram desenvolvidos especificamente para serem utilizados na identificação das espécies de tripanossoma utilizando PCR em tempo real com metodologia SYBR® *Green I* e PCR-RFLP. Os *primers* denominados Tryp18S2F, Tryp18S2R e sonda Tryp18S2P foram desenvolvidos para a quantificação dos parasitas presentes nas amostras utilizando PCR em tempo real com metodologia *Taqman*®.

Foi estudada uma amostra de 762 glossinas provenientes do território da República da Guiné-Bissau, zona atualmente considerada como estando livre de Tripanossomose Humana Africana, mas onde não são realizadas atividades de recenseamento de casos desde o final da ocupação portuguesa.

Das 762 glossinas utilizadas, 241 estavam infetadas com tripanossomas, o que representa uma percentagem de infeção geral de 31,6 %. Destas glossinas, 28.63 % encontravam-se infetadas com *Trypanosoma grayi*, 14.11 % com *Trypanosoma congolense*, 7.05 % com *Trypanosoma vivax* e 0.83 % com *Trypanosoma brucei brucei*, tendo as infeções mistas representado 1.66 %. Não foi possível a identificação conclusiva ao nível da espécie em 48.13 % das amostras positivas, tendo estas ficado consideradas como *Trypanosoma* spp. Não foram identificados vetores infetados com tripanossomas responsáveis pelas patologias humanas.

A utilização de *primers* genéricos para a identificação permitiu obviar o número de reações necessárias para identificar corretamente o parasita responsável pela infeção, e este trabalho é de resto a primeira descrição da utilização de *primers* genéricos que permitam a identificação de *Trypanosoma grayi*.

Esta é também a primeira descrição da utilização de PCR em tempo real com metodologia *Taqman*® para quantificação de tripanossomas, e a sua utilização com *primers* genéricos aumenta a aplicabilidade em estudos epidemiológicos de grande escala.

OLIVEIRA, Dinamene de Matos (2012) Prevalência de parasitas intestinais em crianças a frequentar a escola primária no Bairro Lucrecia no Lubango Angola e sua relação com o estado nutricional e anemia, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: Introdução: Os parasitas intestinais são responsáveis por morbilidade em crianças de todo mundo, em especial nos países de baixa renda. Os estudos têm vindo a demonstrar o seu impacto negativo no estado nutricional e o seu contributo na etiologia da anemia.

Pretendeu-se determinar a prevalência de parasitas intestinais em crianças dos 5 aos 12 anos de idade, a frequentar a escola primária no Bairro Lucrecia, no Lubango, Angola, e explorar a sua relação com o estado nutricional e anemia.

Material e Métodos: Foi efectuado um estudo observacional, transversal e analítico, cuja colheita de dados se realizou entre Setembro e Outubro de 2010. A amostra foi constituída por 328 crianças. Realizou-se a detecção microscópica de parasitas intestinais e identificação molecular dos parasitas *Entamoeba histolytica* e *Entamoeba dispar*. O estado nutricional foi avaliado através dos z-scores do peso para a idade, da estatura para a idade e do IMC para a idade. A concentração de hemoglobina foi determinada através de um hemoglobinómetro portátil.

Resultados: A prevalência de parasitas intestinais patogénicos foi de 44,2%, destacando-se *Ascaris lumbricoides* com 22,0%, *Giardia lamblia* com 20,1% e *Hymenolepis nana* com 8,8%. Na microscopia foi encontrada uma prevalência de *Entamoeba histolytica/dispar* de 13,7%, tendo sido posteriormente identificada, por

diagnóstico molecular, uma prevalência de 13,1% para *E. dispar* e 0,3% para *E. histolytica*.

A prevalência de baixo peso, subnutrição crónica e subnutrição aguda foi de, respectivamente, 36,1%, 41,5% e 30,2%. A probabilidade das crianças terem subnutrição crónica ou subnutrição aguda aumentou com o facto de terem 10 anos ou mais. As crianças co-infectadas por protozoários e helmintas apresentaram uma maior probabilidade de terem subnutrição crónica.

A prevalência de anemia foi de 21,6%, encontrando-se a mesma significativamente associada à infecção por *H. nana*. A probabilidade das crianças estarem anémicas aumentou com o facto de terem menos de 10 anos.

Adicionalmente nas crianças desparasitadas com albendazol ou mebendazol há 2 meses e meio ou menos verificou-se uma maior prevalência de infecção por *G. lamblia* (28,6%) em comparação com as desparasitadas há mais de 2 meses e meio (13,7%), tendo sido essa diferença estatisticamente significativa.

Discussão e Conclusões: Emergiu deste estudo a importância da co-infecção com helmintas e protozoários no aumento da probabilidade das crianças terem subnutrição crónica e foi encontrada uma associação estatisticamente significativa entre a infecção por *H. nana* e a anemia. Será importante desenhar futuros estudos que investiguem o poder patogénico do *H. nana* e o modo como é efectuada a desparasitação com albendazol ou mebendazol, pois ao ser eficaz contra a infecção por *A. lumbricoides*, poderá aumentar a susceptibilidade à infecção por *G. lamblia*.

PINTO, Antónia Trindade (2012) Resistência mediada por efluxo em *Escherichia coli*: novas estratégias terapêuticas utilizando antibióticos e inibidores de efluxo, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: As bactérias desenvolveram ao longo do tempo, mecanismos que lhes permitem superar os efeitos nocivos causados por uma grande variedade de compostos antimicrobianos. Os sistemas de efluxo e a permeabilidade reduzida da parede celular são dois desses mecanismos.

Para se estudar a resistência aos antibióticos mediada por efluxo em *Escherichia coli*, a influência dos inibidores de efluxo na resistência, os mecanismos de acção desses inibidores, a sua relação com a bioenergética e a competição entre substratos de efluxo, usaram-se duas estirpes de *E. coli*: a estirpe AG100, com o sistema de efluxo AcrAB-TolC funcional, e a estirpe AG100A, com o sistema AcrAB-TolC inactivo. Os inibidores testados foram a cloropromazina, tioridazina, ortovanadato sódio, arilpiperazina, carbonil cianeto m-clorofenilhidrazona e o verapamil. Estes compostos foram avaliados i) quanto à sua capacidade para inibir o sistema de efluxo AcrAB-TolC, através de um método fluorométrico semi-automático; ii) quanto à capacidade para diminuir a susceptibilidade de *E. coli* aos antimicrobianos, através da determinação de concentrações mínimas inibitórias

na presença e ausência de inibidores de efluxo; iii) quanto ao seu efeito ao nível da membrana celular, nomeadamente, interrupção do potencial de membrana, por microscopia de fluorescência. Para além disso, estes inibidores foram usados em ensaios de competição entre o brometo de etídio e os antibióticos tetraciclina, ofloxacina e oxacilina.

Os resultados demonstraram que todos os compostos estudados foram capazes de diminuir a actividade de efluxo. Os compostos que apresentaram um efeito mais relevante foram a cloropromazina e o ortovanadato sódio. Contrariamente, as arilpiperazinas demonstraram um maior efeito na redução dos valores das concentrações mínimas inibitórias dos antibióticos testados realçando o facto de que o efeito destes compostos tidos como inibidores nem sempre corresponde à inibição real de efluxo. Para além disso, foi possível dividir os inibidores em dois grupos: (i) dependentes da acção da glucose – NMP e VP, e (ii) independentes da acção da glucose – CCCP, CPZ, Na₃VO₄. Os resultados de microscopia de fluorescência demonstraram que todos os compostos testados possuem um efeito imediato ao nível da produção de energia celular, afectando o potencial de membrana. Por último, os ensaios de competição entre substratos demonstraram a existência de um efeito sinérgico, nomeadamente com tetraciclina e ofloxacina, uma vez que permitiram a retenção de mais brometo de etídeo no interior das células.

Os resultados obtidos evidenciam a relação entre a resistência aos antibióticos por efluxo activo em *E. coli*, em particular pelo sistema AcrAB-TolC, e a sua dependência de energia fornecida pela hidrólise de ATP. Deste modo, podemos concluir que os inibidores de efluxo podem ser potenciais alvos para o desenvolvimento de novas terapias no combate à resistência em *E. coli*.

REQUIXA, Maria Teresa (2012) Investigação sobre a Malária em Moçambique: utilização dos resultados na tomada de decisão dos programas de controlo, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa

Resumo: É cada vez mais reconhecida a importância da utilização da pesquisa na área da Saúde para a formulação de políticas. Os factores de promoção e de impedimento que influenciam o uso da pesquisa no processo decisório têm vindo a ser sistematizados na literatura; no entanto, nos países em desenvolvimento esses factores ainda são pouco conhecidos, como é o caso de Moçambique.

Neste país, após a independência, houve uma grande aplicação de fundos, predominantemente externos, para o apoio à investigação científica e a estruturas de investigação em Saúde, como a Universidade Eduardo Mondlane, o Instituto Nacional de Saúde, o Centro de Investigação em Saúde de Manhica e o Centro Regional de Desenvolvimento Sanitário. Os resultados da investigação sobre a

malária têm vindo a ser publicados, embora muitos documentos existam apenas sob a forma de relatórios técnicos (literatura cinzenta).

O presente estudo analisa a utilização dos resultados da investigação sobre malária na tomada de decisão dos programas de controlo em Moçambique, no período de 1975 a 2010.

Para a realização desta análise procurou-se fazer um levantamento da produção científica, através da identificação dos principais documentos formais e informais. Ao mesmo tempo, tentou-se compreender os mecanismos de divulgação/disseminação dos resultados da investigação, as relações entre os investigadores e os formuladores de políticas/decisores, bem como a origem do financiamento para a investigação e a relevância das prioridades de pesquisa para as necessidades de conhecimento do Programa Nacional de Controlo da Malária.

Recorrendo a uma abordagem do tipo qualitativo, o método seguido foi o estudo de caso, através do qual se pretendeu conhecer em profundidade o fenómeno em estudo, utilizando como técnica entrevistas semi-estruturadas aos actores-chave, complementada pela revisão documental.

Embora seja um estudo baseado em dados qualitativos e, portanto, não possa ser representativo de todos os investigadores e formuladores de políticas/decisores de Moçambique, alguns aspectos emergiram dos discursos dos entrevistados, nomeadamente opiniões contraditórias sobre as relações de diálogo e consenso entre os grupos, sobre a influência das agências doadoras na definição de prioridades, e sobre a aceitabilidade e reconhecimento da evidência científica nacional pelos formuladores de políticas/decisores.

Os elementos que favorecem a comunicação entre ambas as partes para a tomada de decisão incluem a criação de um espaço para o diálogo, a análise crítica do problema com base em informações científicas relevantes, a análise comparativa e a identificação de opções alternativas, a análise e construção de opções de mudança, a melhoria dos mecanismos de transferência, divulgação e disseminação dos resultados e a transmissão destes resultados através de uma linguagem perceptível pelo receptor.

O objecto de pesquisa quanto à utilização da evidência pelos decisores é o da actualização dos protocolos profilácticos e terapêuticos para a malária. Os primeiros casos de malária resistente foram detectados em 1983 e, apesar de se terem continuado a realizar estudos que evidenciavam a resistência à cloroquina – único antimalárico utilizado na 1.^a linha de tratamento –, a substituição por SP (sulfadoxina+pirimetamina)

+AQ (amodiaquina) só foi introduzida em 2002. No entanto, depois disso, em menos de cinco anos houve três mudanças nas linhas terapêuticas.

Verificou-se, através da análise dos custos dos medicamentos antimaláricos, que o factor financeiro pode ter tido influência sobre a dificuldade e os atrasos nas decisões sobre mudanças das linhas terapêuticas.

SEIXAS, Gonçalo Rocha (2012) *Aedes Stegomyia aegypti* (Diptera Culicidae) da Ilha da Madeira: origem geográfica e resistência aos insecticidas, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Linnaeus, 1762) é o principal vector da febre amarela e da dengue assim como um agente de incomodidade. Esta espécie invasora está actualmente presente na ilha da Madeira (Portugal). Foi detectada pela primeira vez em Outubro de 2005, mas a origem geográfica da população de mosquitos é desconhecida. Apesar das medidas de controlo vectorial implementadas na região, *Ae. aegypti* continua a expandir-se. Isto pode ser devido à presença de resistência aos insecticidas aplicados no controlo vectorial desta espécie. Assim, os objectivos deste estudo foram: (i) avaliar o nível de sensibilidade da população de *Ae. aegypti* aos insecticidas; (ii) caracterizar possíveis mecanismos de resistência envolvidos e; (iii) estabelecer a sua origem geográfica através do uso de marcadores de ADN mitocondrial (COI e ND4).

De acordo com os resultados dos bioensaios da OMS, *Ae. aegypti* da ilha da Madeira apresenta alta susceptibilidade ao malatião, com taxas de mortalidade das fêmeas expostas de 99.0%. No entanto, a população mostrou um alto nível de resistência ao DDT e permetrina, com valores de mortalidade de 29.4% e 33.3%, respectivamente. Observou-se também uma marcada resistência à deltametrina, com uma taxa de mortalidade de 65.2%. Os ensaios de garrafa do CDC com alfacipermetrina e ciflutrina mostraram uma alta susceptibilidade de *Ae. aegypti* a estes insecticidas, com taxas de mortalidade de 100%.

A sequenciação do gene do canal de sódio de *Ae. aegypti*, local alvo dos piretróides e DDT, revelou a presença de apenas uma mutação associada à resistência, V1016I (mutação *kdr*). A baixa frequência alélica (6%) desta mutação sugere que outros mecanismos podem estar presentes na resistência a estes insecticidas.

Ambos os genes COI e ND4 apresentaram níveis baixos de variabilidade genética consistente com a recente introdução de *Ae. aegypti* na ilha. Observou-se dois haplótipos mitocondriais. A rede de haplótipos de ambos os genes sugere dois cenários para o estabelecimento de *Ae. aegypti* na região: i) ocorreram pelo menos duas introduções independentes correspondendo a cada haplótipo; ii) o estabelecimento de ambos os haplótipos ocorreu simultaneamente, no mesmo evento de colonização. Baseado na distribuição geográfica dos haplótipos e da mutação *kdr* observada na ilha, assim como a população humana migrante da Madeira, o Brasil e a Venezuela são os locais mais prováveis de origem da população de *Ae. aegypti* local.

A frequência dos alelos *kdr* e análise filogeográfica suportam a hipótese de que a resistência a insecticidas detectada na população da ilha da Madeira já existia na população de *Ae. aegypti* que colonizou a região.

SERINGA, Maria Margarida (2012) Utilidade clínica do (1→3)-β-D-glucano como marcador laboratorial no diagnóstico de pneumonia por *Pneumocystis jirovecii*, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: A pneumonia por *Pneumocystis jirovecii* (PPc) é uma das principais causas de morte em doentes imunocomprometidos, revestindo-se assim de elevado interesse o diagnóstico precoce desta infecção, por forma a instaurar a terapêutica adequada. Actualmente, os meios laboratoriais de diagnóstico baseiam-se fundamentalmente na detecção directa deste microrganismo nas secreções pulmonares dos doentes, o que implica a realização de procedimentos invasivos. É nessa perspectiva que surge o doseamento do β-glucano no soro de doentes com presumível infecção, uma vez que, este composto é um dos principais componentes da parede dos quistos de *P. jirovecii*.

Neste estudo procedeu-se ao doseamento do β-glucano em amostras de soro de 66 indivíduos e verificou-se que, nos 47 indivíduos que confirmaram o diagnóstico de PPc, a mediana de β-glucano obtida foi de 314,5 pg/mL, enquanto nos restantes 19 foi de 63,7 pg/mL. Estatisticamente obteve-se uma forte correlação entre níveis elevados de β-glucano no soro de doentes e a presença de infecção por *P. jirovecii*. Em relação ao diagnóstico clínico, os resultados obtidos demonstraram correlação entre um diagnóstico clínico sugestivo de PPc e níveis elevados de β-glucano no soro. Constatou-se ainda que, para a infecção por *P. jirovecii* o cut-off que apresentou melhores resultados para o teste Fungitell® situa-se nos 100 pg/mL, obtiveram-se resultados de sensibilidade de 89% e especificidade de 74%.

Estudos preliminares apontaram para o facto de níveis elevados de β-glucano no soro corresponderem a níveis elevados de parasitémia e uma evolução clínica negativa da doença.

SILVA, Ana Abreu (2012) Infecções sexualmente transmissíveis em utentes que recorrem à consulta de DST no Centro de Saúde da Lapa: relação entre conhecimentos, atitudes e práticas de prevenção e a prevalência de infecções sexualmente transmissíveis, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, 2012.

Resumo: As Infecções sexualmente transmissíveis possuem distribuição mundial e são um grave problema de saúde pública, com difícil controlo. Estas infecções apresentam-se como causa de mortalidade e morbilidade significativas e propiciam

a transmissão do HIV. Assim, foi realizado um estudo quantitativo, descritivo, exploratório e não interventivo a partir de uma amostra não probabilística por conveniência de 556 utentes que recorreram à consulta do Centro de Saúde na Lapa no período de 1 de Fevereiro a 30 de Julho de 2011.

Verificou-se que os utentes participantes no estudo são maioritariamente jovens, do género masculino e heterossexuais, detentores do ensino secundário ou superior, naturais de diversos países e residentes no concelho de Lisboa e Setúbal. Verificou-se ainda, que esta população apresenta bons conhecimentos, uma atitude de baixo risco para adquirir uma IST, uso inconsistente do preservativo e uma prevalência de infecção de 331 casos por cada 1.000 utentes.

Concluiu-se, com este estudo, que os conhecimentos tendem a influenciar as atitudes, porém tanto as atitudes, como os conhecimentos não se associam estatisticamente com a prática de prevenção e a prevalência de ISTs. Apesar de em algumas situações, os utentes com menos conhecimentos ou com atitudes de maior risco, apresentarem maior percentagem de infecção. Desta forma, há que manter (no mínimo) o investimento que tem sido feito até ao momento. A criação de outras consultas com a mesma filosofia seria positiva e uma mais-valia para toda a comunidade.

SILVA, Carolina Antero da (2012) Parasitoses intestinais e sua relação com a desnutrição moderada e severa em crianças dos 0 aos 59 meses internadas no Hospital Pediátrico do Lubango Angola, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: Introdução: A desnutrição e as parasitoses intestinais nas crianças constituem um importante problema de saúde, principalmente nos países em desenvolvimento, como é o caso de Angola. Contudo, e não obstante a relevância, há escassez de estudos de base hospitalar sobre esta questão. A problemática em estudo é a associação entre as infecções por parasitas intestinais em crianças dos 0-59 meses e a desnutrição severa e moderada, internadas no Hospital Pediátrico do Lubango, Angola.

Material, População e Métodos: O estudo realizou-se durante o mês de Março de 2011 no Hospital Pediátrico do Lubango, onde se avaliou o estado nutricional de 92 crianças, com desnutrição moderada e severa ($Z\text{-score} < -2$) para pelo menos um dos indicadores antropométricos de desnutrição: aguda, baixo-peso e crónica. Efectuou-se a análise microscópica das fezes para a detecção de parasitas intestinais, bem como a realização do teste rápido de detecção de antígeno de *Entamoeba* spp., *Giardia* e *Cryptosporidium* spp. A exploração da associação entre a desnutrição moderada e severa e a infecção por parasitas intestinais foi efectuada recorrendo a métodos estatísticos.

Resultados obtidos: Em 92 crianças, 54 (58,7%) eram do sexo masculino e 38 (41,3%) do sexo feminino, tendo-se verificado que 43,5% (40/92) tinha até 12 meses, 41,3% (38/92) entre 12 e 24 meses e 15,2% (14/92) entre 24 e 59 meses de idade. Foram identificadas 65,2% (60/92) de crianças com desnutrição aguda moderada a severa, 68,6% (48/70) com baixo-peso moderado a severo e 68,5% (63/92) com desnutrição crónica moderada a severa. O exame parasitológico das fezes identificou que 20,7% das crianças (19/92) estavam parasitadas com infecções simples por: *Giardia* (14,13%), *Entamoeba* spp (1,09%) e *Ascaris* (2,17%); e com infecções mistas por *Giardia* e *Entamoeba* spp. (2,17%) e *Giardia* e *Schistosoma haematobium* (1,09%). Entre as crianças parasitadas por *Giardia lamblia* (*simples e mistas*) observou-se uma diferença considerável na sua distribuição pela desnutrição aguda moderada e severa: 6,25% (1/16) e 50% (8/16), respectivamente. Não foi encontrada associação estatisticamente significativa entre o grau de desnutrição severa e moderada e a infecção por parasitas intestinais patogénicos, a infecção simples e mista por *Giardia lamblia* (microscopia) e a presença de antígeno para *Giardia lamblia*.

Discussão e Conclusões: Destaca-se a diferença observada entre as crianças com desnutrição aguda severa infectadas com parasitas intestinais quando comparadas com as crianças com desnutrição aguda moderada, apesar da associação não ter sido estatisticamente significativa. O número reduzido da amostra e o tempo limitado do estudo podem ter contribuído para o facto de não se ter encontrado nenhuma associação entre as infecções e outros tipos de desnutrição. Contudo, dada a escassez da informação sobre esta problemática, este estudo de investigação contribuiu com os seus dados, a partir do qual se podem desenhar outros estudos de base hospitalar.

VELEZ, André Marques (2012) Produção de Virus Like Particles (VLPs) do vírus Chikungunya (CHIKV), Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: O vírus Chikungunya (CHIKV) é um alfavírus, transmitido por mosquitos, que causa infecção aguda no Homem caracterizada por febre, mialgia e poliartrite dolorosa e incapacitante que pode durar meses ou anos. Descrito pela primeira vez na Tanzânia em 1952, tornou-se endémico em África, Índia e sudeste Asiático. Desde 2005, os surtos no oceano Índico e no continente Asiático têm atingido proporções e virulência atípicas, com muitos milhares de indivíduos infectados e mortalidade associada. A mobilidade de indivíduos infectados e a alteração dos padrões de distribuição e abundância dos vectores devido a alterações climáticas, tornaram o CHIKV uma ameaça global sem estratégias de controlo eficazes. Uma abordagem para o controlo da transmissão será o desenvolvimento de uma vacina eficaz. As *virus-like particles* (VLPs) são uma classe segura e eficaz de vacinas que

simulam a estrutura nativa das partículas virais. Neste trabalho pretendemos obter um vector de expressão recombinante, capaz de induzir a síntese de VLPs de CHIKV quando transfectado em culturas celulares, como fonte da sequência codificante da poliproteína estrutural para clonagem em baculovírus e produção de VLPs em células de insecto. A ORF estrutural de CHIKV foi amplificada por RT-PCR como um fragmento SacI-NotI e clonada no vector de expressão pLEXm a jusante do promotor forte da beta actina de galinha. Obtiveram-se vários clones com o tamanho correcto do inserto, os quais foram usados para transfectar células HEK 293T usando polietilenimina como agente de fusão. A análise por imunofluorescência indirecta (IF) e *Western blotting* (WB) de células transfectadas, usando um soro policlonal anti-CHIKV, demonstrou que cinco vectores recombinantes expressavam antigénios virais. Um clone apresentou níveis elevados de fluorescência apenas quando da permeabilização celular e induz, muito provavelmente, a síntese de uma glicoproteína E2 truncada (26 kDa) que não é transportada até à membrana citoplasmática. Três clones deram origem a intensidades de fluorescência relativamente fracas que poderão estar correlacionadas com menor taxa de tradução e/ou processamento incompleto. As células transfectadas com pLCHIKS67 revelaram fluorescência e padrão proteico em WB semelhante aos de células infectadas com CHIKV. Ainda, o seu sobrenadante de cultura quando precipitado com PEG 8000 revelou (WB) uma composição de antigénios virais idêntica ao precipitado correspondente de células infectadas com CHIKV. A análise por microscopia electrónica de transmissão de células infectadas com CHIKV e de células transfectadas com pLCHIKS67 demonstrou a presença de VLPs nestas últimas, com dimensões e morfologia idênticas às partículas virais, e ainda um extenso rearranjo de membranas intracelulares, observado igualmente nas células infectadas, o qual deverá estar associado à tradução, processamento e transporte das proteínas estruturais. De acordo com os resultados obtidos, pLCHIKS67 será uma boa fonte da sequência nucleotídica da poliproteína estrutural para usar na geração de baculovírus produtores de VLPs de CHIKV.

ABREU, Paulo José Alves (2011) Transição de saúde e nutrição na Era da globalização e da urbanização – Avaliação do perfil antropométrico de crianças e adolescentes escolares e percepções das alterações alimentares dos respectivos encarregados de educação, Ilha do Fogo, Cabo Verde, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT Lisboa

Resumo: Nesta nova era da Globalização e da urbanização, em que as fronteiras se abrem ao mundo, pessoas e bens circulam, costumes e tradições são

partilhados, os países em desenvolvimento começam a ver a sua realidade alterada. Esta é, simultaneamente, uma realidade dos países desenvolvidos.

A transição nutricional surge e com ela as alterações dos comportamentos e atitudes alimentares da população. Como consequência directa, mas não imediata de todo este processo, emergem as doenças crónicas, associadas a uma modificação do perfil de saúde das pessoas – excesso de peso e obesidade na população adulta, e também nas crianças e adolescentes. Este processo revela-nos um variado espectro de padrões socioeconómicos e demográficos que produzem rápidas mudanças na dieta, no comportamento alimentar e na actividade física nas mais variadas regiões do globo.

Estas alterações têm consequências e impactos positivos e negativos não só a nível dos próprios países, mas também, a nível do estado de saúde das populações.

Cabo Verde surge neste contexto por ser um país do continente africano que se distingue de todos os outros PALOP's pelos sinais mais fortes de transição nutricional e em saúde que tem vindo a revelar; pela transição epidemiológica que tem vindo a passar; pelo forte histórico que têm com os processos de emigração, nomeadamente para países como os Estados Unidos da América (USA) e Portugal; e por ser um ponto estratégico politicamente estável com fortes e variadas relações externas. A Ilha do Fogo emerge em todo o arquipélago como a ilha mais rural de todas mas também como a mais jovem. Se no meio urbano o processo de transição nutricional é já visível em outros países, como será em Cabo Verde, mas num meio urbano menor?

Este estudo teve como objectivos determinar o estado nutricional das crianças com idades entre os 6 e os 14 anos, que frequentam o EBI nas zonas Urbanas de São Filipe, Cova Figueira e Mosteiros, da Ilha do Fogo em Cabo Verde; e compreender as percepções das alterações dos comportamentos e dos hábitos alimentares dos encarregados de educação de crianças e adolescentes escolares destas mesmas crianças e adolescentes.

Foram utilizadas duas componentes metodológicas distintas, mas que se complementam: uma quantitativa – através da qual se realizou a avaliação dos parâmetros antropométricos de 300 crianças e adolescentes, e foi aplicado um recordatório sobre a sua ingestão alimentar nas últimas 24h; e uma outra qualitativa, onde foram feitas entrevistas semi-estruturadas a 13 encarregados de educação dessas mesmas crianças e adolescentes, para recolher as suas percepções de como é que o desenvolvimento e a urbanização estão a influenciar os hábitos alimentares nos seus agregados familiares.

Os resultados obtidos mostram que não há consenso nas respostas dadas pelos encarregados de educação. O grupo de entrevistados divide-se em dois subgrupos os que por um lado defendem de uma forma bastante forte os hábitos e os comportamentos tradicionais, e os que já aceitam e vivem com as alterações resultantes da influência dos processos de globalização e urbanização. Apesar de estar ainda numa fase muito inicial da sua transição em saúde, e de ser um meio pequeno e mais rural, a ilha do Fogo em Cabo Verde apresenta já alguns indícios de que o processo está já instalado e que agora é uma questão de tempo até que

tudo se comece a desenrolar. Os recordatórios sobre ingestão alimentar nas últimas 24h aplicado às crianças e adolescentes revelam que os hábitos alimentares variam consoante o lugar de acesso, a forma de acesso, o ter dinheiro e a presença dos encarregados de educação.

A avaliação do perfil antropométrico demonstra que todos os parâmetros da avaliação encontrados se enquadram no que é definido pela Organização Mundial de Saúde (OMS) e pelo National Center for Health Statistics (NCHS) como valores normais. Valores antropométricos médios encontrados para o sexo feminino são sempre ligeiramente superiores aos encontrados para o sexo masculino.

Assim sendo é possível afirmar que, mesmo num meio rural como é a ilha do Fogo em Cabo Verde, é notória alguma influência dos processos de globalização e urbanização na alteração dos comportamentos alimentares das pessoas. E embora isso ainda não se manifeste no perfil antropométrico das crianças e adolescentes avaliados, é provável que o processo de transição nutricional não possa ser parado dado que as pessoas manifestam alguma disponibilidade para acolher a novidade e os produtos importados que lhes são oferecidos.

Inverter este ciclo poderá ser uma missão impossível, tanto mais que o modo de vida urbano se beneficia da maior disponibilidade e variedade de alimentos. No entanto, se forem tomadas medidas nacionais e internacionais, com a definição de políticas públicas na área da saúde, educação, economia, e comércio, com uma perspectiva de saúde pública de partilha e de cooperação intersectorial e multidisciplinar, será possível minimizar os efeitos e as consequências destes dois processos na alteração dos comportamentos alimentares da população fogueense.

ALMEIDA, António Pinto (2011) Produção e caracterização de antigénios de “*Fasciola gigantica*” e sua avaliação no imunodiagnóstico de Fasciolose, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa

Resumo: O diagnóstico da fasciolose é feito principalmente por métodos serológicos, devido ao polimorfismo do quadro clínico e à baixa sensibilidade dos métodos parasitológicos. Contudo, estes métodos apresentam algumas limitações, pelo que a melhoria dos testes imunológicos, nomeadamente, a utilização de antígeno homólogo, pode ser um factor relevante para a especificidade do diagnóstico.

Este estudo teve como objectivo a produção e avaliação de antígenos total e deslipidizado de *F. gigantica* no imunodiagnóstico da fasciolose pelos métodos de Micro-ELISA e Western-blot, em comparação com os de *F. hepatica*.

Foram analisados 111 soros de indivíduos cabo-verdianos e 67 de indivíduos residentes em Portugal, de ambos os sexos, com suspeita clínica de fasciolose. Os antígenos, total e deslipidizado, foram produzidos a partir de vermes adultos de *F. gigantica* recolhidos de bovinos na ilha de Santiago (Cabo Verde).

Os antígenos totais das duas espécies de *Fasciola* apresentaram a mesma sensibilidade (100%), mas a especificidade foi superior para o antígeno total de *F. gigantica* (95,2%), na detecção de IgG. À semelhança dos antígenos totais, os deslipidizados demonstraram uma sensibilidade de 100%. Contudo, a especificidade foi superior (95,2%) quando se utilizou o antígeno deslipidizado de *F. hepatica* em relação à obtida com *F. gigantica*, cujo valor foi de 90,5%. Quanto à detecção de IgM anti-*Fasciola*, os valores de sensibilidade e especificidade foram de 97% e 90,5%, respectivamente, para os antígenos totais dos dois parasitas. Na pesquisa de IgM anti-parasita, as sensibilidades foram 94% e 83% para os antígenos deslipidizados de *F. gigantica* e *F. hepatica*, respectivamente, com uma especificidade de 90,5% para ambos os antígenos deslipidizados.

No *Immunoblotting*, a fracção antigénica de 24 kDa foi comum nas quatro preparações antigénicas, quer para IgM quer para IgG anti-*Fasciola*, pelo que a sua caracterização poderá ser relevante para o desenvolvimento de métodos com maior especificidade e reprodutibilidade, melhorando significativamente o diagnóstico. A banda de 26 kDa, presente apenas no antígeno total de *F. gigantica*, parece ser específica deste parasita. Este facto leva-nos a concluir que esta banda poderá ser objecto de mais estudos, no sentido de vir a ter-se um diagnóstico diferencial entre as duas espécies de *Fasciola*.

AMARAL, Ana Marta (2011) Contributos para o planeamento de uma política de Recursos Humanos da Saúde para Moçambique – Análise de situação sobre os processos de gestão e o que deve ser contemplado num Plano de Desenvolvimento dos Recursos Humanos da Saúde em Moçambique segundo um grupo de responsáveis pela gestão de nível provincial, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa

Resumo: Esta tese é sobre os Recursos Humanos da Saúde (RHS) em Moçambique, sem os quais não é possível haver prestação de cuidados de saúde. Moçambique gasta a maioria do seu Produto Interno Bruto (PIB) na saúde pública (4 por cento), mas apesar de ter registado melhorias significativas dos seus indicadores de saúde nos últimos anos (OMS, 2010), continua a enfrentar o desafio de um Sistema de Saúde (SS) debilitado (MSF, 2007), com fraca capacidade de resposta às necessidades de saúde da população. Actualmente a atenção do Governo moçambicano centra-se na expansão, fortalecimento e melhoria do Serviço Nacional de Saúde (SNS), mas os problemas existentes com os RHS continuam a ser a maior barreira para alcançar estes objectivos (OMS, 2010). O SS enfrenta problemas de densidade, distribuição e desempenho destes recursos (Ferrinho & Omar, 2006).

Finalidade e objectivos

Esta tese tem como finalidade obter contributos para o planeamento de uma política de Recursos Humanos da Saúde para Moçambique.

Com o objectivo geral de conhecer as percepções que os responsáveis pela gestão de nível provincial têm dos processos de gestão utilizados e o que consideram ser os temas mais importantes a contemplar no planeamento de uma política de RHS, a tese foi desenhada para responder aos seguintes objectivos específicos: 1.Descrever as estruturas organizacionais de nível provincial e explorar a percepção dos responsáveis pela gestão sobre a adequação destas; 2.Descrever as funções das Direcções Provinciais de Saúde, Departamentos de Recursos Humanos e Departamentos de Formação e explorar considerações importantes decorrentes da experiência dos gestores responsáveis por aquelas; 3.Descrever os instrumentos de gestão utilizados na organização e no planeamento pelos responsáveis pela gestão e o eventual envolvimento destes na sua elaboração; 4.Descrever o processo de monitoria e avaliação existente e explorar considerações importantes decorrentes da percepção dos responsáveis pela gestão; 5.Explorar a percepção dos responsáveis pela gestão sobre questões relacionadas com os Recursos Humanos da Saúde da Província, nomeadamente aspectos como temas prioritários a considerar, a sua dotação, formação e sistemas de gestão de informação existentes; 6.Obter recomendações e propostas dos responsáveis pela gestão para os aspectos que deverão ser considerados numa política de RHS para Moçambique.

Métodos

Para alcançar a finalidade e os objectivos enunciados foi efectuado um estudo descritivo por inquérito, no âmbito do qual foram aplicadas entrevistas semi-estruturadas a um conjunto de sujeitos seleccionados por amostragem intencional. Os sujeitos que integram a amostra são responsáveis pela gestão de nível provincial em quatro províncias de Moçambique (Maputo Cidade, Maputo Província, Nampula e Niassa).

Resultados

Foi constatada uma variabilidade de funções, autonomia e envolvimento dos entrevistados na prossecução das suas actividades, tendo sido identificadas diferentes sinergias ao nível do planeamento nas quatro províncias. A insuficiência de recursos financeiros, a libertação tardia de fundos e a sobreposição de actividades, foram identificados como problemas sobre os quais os entrevistados não têm poder de controlo e que afectam negativamente as actividades da província. Factores como a formação, a necessidade de criação de mecanismos de motivação e envolvimento dos RHS, bem como, a necessidade de desbloqueio dos processos administrativos com impacto directo na carreira dos RHS, foram identificados como problemas que afectam a província. Em relação aos RHS das províncias foram ainda identificados problemas de densidade, distribuição, fracas capacidades técnicas, desmotivação e fuga de capital humano para outros sectores.

Conclusões

O trabalho aqui apresentado permitiu revelar os principais problemas relacionados com os RHS enfrentados pelo Ministério da Saúde (MISAU), conforme estes são percebidos por um grupo de responsáveis pela gestão de nível provincial.

Os principais problemas referidos pelos entrevistados referem-se à densidade, distribuição e desempenho, mas também, alguns problemas transversais.

No âmbito deste estudo, e como pontos de partida principais, realça-se a importância de potenciar o planeamento com base em evidência e minimizar o por vezes fraco envolvimento de todos os stakeholders chave do MISAU no planeamento estratégico, directamente relacionado com os RHS.

Dada a realidade de poucos recursos financeiros, humanos e de infra-estruturas de que Moçambique dispõe, afigura-se de primordial importância um planeamento coerente, que permita ao nível central a tomada de decisão e delimitação de planos de acção baseados em evidências. Por outro lado, o envolvimento de todos os stakeholders chave propicia o alinhamento entre os planos estratégicos e os planos operacionais elaborados ao nível da província e dos distritos.

BANDEIRA, Rita Sá da (2011) Caracterização clínica e molecular da infecção por *Giardia duodenalis* em crianças em idade pré-escolar da cidade de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa

Resumo: As parasitoses intestinais, quer provocadas por protozoários quer por helmintas, afectam humanos a nível ubíquo, independentemente do sexo, estrato social ou faixa etária, constituindo um verdadeiro problema de Saúde Pública. Dentro dos protozoários, *Giardia duodenalis* destaca-se por ser um dos principais agentes responsáveis pela doença diarreica infecciosa, afectando milhões de indivíduos em todo o mundo. Apesar da sua maior incidência nos países em vias de desenvolvimento, esta parasitose é actualmente considerada como uma infecção reemergente nos países desenvolvidos, particularmente em crianças frequentadoras de creches e jardins-de-infância.

O presente estudo foi desenvolvido com o objectivo de realizar a caracterização clínica e molecular da giardíase em crianças de idade pré-escolar da cidade de Lisboa. Decorreu de Abril a Julho de 2009 e teve como população alvo 685 crianças dos três aos seis anos de idade, frequentadoras de 10 jardins-de-infância da rede de escolas públicas da capital. Participaram voluntariamente, com resposta aos inquéritos protocolares, preenchimento de consentimento informado e fornecimento de amostras biológicas de fezes, 317 crianças. Em oito delas, correspondendo a uma prevalência de 2,5%, e num familiar (irmão) foi identificada infecção por *Giardia duodenalis*. Salienta-se que este foi o único parasita com potencial patogénico identificado nas amostras de fezes recolhidas. Através de técnicas de genotipagem constatou-se que cinco dos isolados pertenciam ao genótipo A, três ao B e numa

amostra não foi possível identificar o genótipo. Dentro da mesma escola as crianças infectadas apresentaram o mesmo genótipo de *Giardia*. O espectro de manifestações clínicas variou entre flatulência, diarreia aguda, anorexia, dor abdominal recorrente e distensão abdominal, não se conseguindo correlacionar com a variabilidade genética da *Giardia duodenalis* encontrada. Uma das tinha má progressão ponderal. Todas as crianças infectadas foram tratadas com metronidazol, sem efeitos adversos conhecidos, e o controlo, efectuado duas semanas depois, foi negativo.

Em todas as escolas foram realizadas acções de formação de Educação para a Saúde para as crianças, pais, educadores e funcionários das escolas incluídas no estudo, sobre a temática em estudo.

Este estudo contribuiu para um melhor conhecimento epidemiológico da giardíase em Portugal.

BEJA, André (2011) Problemas de saúde nos países desenvolvidos e planeamento estratégico: evolução das políticas e estratégias de prevenção e combate à pré-obesidade e obesidade infantil e dos jovens em Portugal, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa

Resumo: A obesidade é uma doença crónica e constitui um factor de risco para outras patologias, como a diabetes ou as doenças cardiovasculares, contribuindo para a diminuição da qualidade de vida de adultos, crianças e jovens, e para o aumento dos custos directos e indirectos com a saúde. Entre as suas múltiplas causas, destacam-se as mudanças comportamentais, nomeadamente as alterações ao padrão alimentar e a diminuição da actividade física, que resultam num balanço energético positivo.

A pré-obesidade e obesidade são um grave problema de saúde nos países desenvolvidos e em desenvolvimento, sendo consideradas como epidemia global e um dos maiores desafios da saúde pública do início do século XXI. Verifica-se que a obesidade tem efeitos negativos imediatos na saúde individual dos mais jovens, aumentando-lhes também o risco de obesidade e suas co-morbilidades na idade adulta. O crescimento do problema entre crianças e jovens, bem como uma maior facilidade na introdução de mudança aos seus comportamentos, está na base de recomendações para que seja dada prioridade à prevenção e combate à pré-obesidade e obesidade nestas faixas etárias. Em Portugal, diversos estudos indicam o agravar do problema entre a população, sendo a prevalência entre crianças e jovens uma das mais ao nível europeu. Este facto, associado aos custos individuais, sociais e económicos da doença, constitui um foco de interesse para quem estuda a evolução dos sistemas de saúde.

Com esta investigação procurou-se compreender a evolução das políticas e estratégias de prevenção e combate à pré-obesidade e obesidade infantil e dos jovens e como ela se projecta no futuro. Para tal, fez-se uso de uma metodologia qualitativa, através da análise da semântica e conteúdos de um *Corpus* documental que incluiu, entre outros, a Estratégia de Saúde para o Virar do Século (1998-2002), o Plano Nacional de Saúde 2004-2010 e a versão preliminar do Plano Nacional de Saúde 2011- 2016.

Os resultados mostram que o aumento de prevalência de excesso de peso na população portuguesa levou a que o problema ganhasse importância nas preocupações das autoridades de saúde. Verifica-se no entanto que a preocupação com o aumento da prevalência nas crianças e jovens se reflectiu mais tardiamente nos documentos estratégicos.

Conclui-se ainda que a centralidade política da prevenção e combate ao problema, em particular, nas idades infanto-juvenis, surge após a aprovação da *Carta Europeia de Luta Contra a Obesidade* (WHO-Europe, 2006), de que Portugal é signatário. É possível estabelecer uma correspondência entre os princípios da *Carta* e as orientações estratégicas do PNS 2011-2016, recomendando-se o reforço deste alinhamento.

BETTENCOURT, Joana (2011) Factores associados ao Teste do Vírus da Imunodeficiência Humana numa Amostra de Homens que têm sexo com homens em Portugal, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT; Lisboa

Resumo: Com o advento da terapêutica antirretrovírica, os indivíduos podem aceder a esquemas terapêuticos eficazes se acederem efectivamente aos serviços de diagnóstico e tiverem conhecimento do seu estatuto serológico positivo para o Vírus da Imunodeficiência Humana. No entanto, muitas pessoas mantêm-se sem diagnóstico ou são testados numa fase tardia da infecção. O grupo de Homens que têm Sexo com Homens (HSH) é um dos mais afectados pelo VIH, apresentando, globalmente, elevadas taxas de incidência e prevalência da infecção.

Este estudo teve como objectivo caracterizar a proporção do teste VIH numa amostra de Homens que têm Sexo com Homens portugueses e identificar os factores associados ao teste VIH neste grupo.

Uma amostra de 1046 homens com idades superiores aos 18 anos que declararam ter sexo com homens seleccionados através do método *Snowball* em quatro regiões do país (Grande Porto, Grande Lisboa, Centro e Sul) respondeu de forma anónima e confidencial a um questionário construído para o efeito, integrando indicadores da UNGASS, ECDC e OMS.

Procedeu-se à comparação de proporções utilizando o teste de Qui-Quadrado ($\alpha=0,05$). Para a avaliação da magnitude das associações entre as categorias de

variáveis foram calculados *odds ratios* com intervalos de confiança de 95%, usando a regressão logística.

Cerca de 88% dos participantes referiu ter feito o teste VIH pelo menos uma vez na vida e 70% no último ano. Os HSH que mais frequentemente reportaram terem feito o teste situam-se na faixa etária entre os 26 e 35 anos. A maioria dos inquiridos (95%) referiu ter conhecimento de que o teste VIH pode ser gratuito e confidencial, 60,6% fez o teste tradicional e 31,5% realizou-o num Centro de Aconselhamento e Detecção Precoce (CAD). Os mais jovens (18-25 anos), que nunca recorreram a serviços para obter informação sobre o VIH/sida nem por suspeita de estar infectado, que não foram abrangidos nem fizeram parte de nenhuma campanha nos últimos 12 meses e aqueles que não vivem com um parceiro reportaram mais frequentemente que nunca fizeram o teste.

A procura de informação sobre VIH/sida nos serviços de saúde, ter sido abrangido por uma campanha no último ano e viver com um parceiro estavam significativamente associados à realização do teste VIH no último ano. A baixa percepção do risco de infecção foi uma das barreiras mais citadas, seguida do medo de saber o resultado e o receio da quebra do anonimato e da confidencialidade.

Estes resultados sugerem importantes contributos para o desenvolvimento de programas culturalmente adaptados, dirigidos à promoção do teste VIH entre os Homens que têm Sexo com Homens em Portugal.

BRANCO, Sofia Isabel (2011) Estudo dos flebótomos (*Diptera, Phlebotominae*), vectores de *Leishmania* sp. No Concelho de Torres Novas, Portugal, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: Os flebótomos são insectos vectores de vários agentes patogénicos, dos quais se destacam os protozoários do Género *Leishmania*. Em Portugal, as leishmanioses, canina e humana, são causadas por *L. infantum*, sendo o cão o principal reservatório e *Phlebotomus perniciosus* e *P. ariasi* os vectores comprovados do parasita. São conhecidos três focos de doença, mas casos de leishmaniose canina têm sido reportados em outras regiões nas quais se desconhecem as espécies flebotomínicas presentes e respectivas taxas de infecção.

Neste trabalho, efectuou-se a primeira prospecção flebotomínica no Concelho de Torres Novas, Distrito de Santarém, localizado na região Centro de Portugal. Os principais objectivos foram determinar a fauna flebotomínica do Concelho, os aspectos bioecológicos, as taxas de infecção por *Leishmania* e os factores de risco para a transmissão vectorial.

De Junho a Novembro de 2010, 275 biótopos foram prospectados com armadilhas CDC. As capturas foram realizadas em 91 localidades, nas 17 freguesias do

Concelho, e incluíram habitats domésticos, peridomésticos e silváticos. Os exemplares capturados foram identificados morfológicamente, as fêmeas utilizadas para detecção molecular de DNA de *Leishmania* e identificação das refeições sanguíneas. Análises de regressão simples e múltipla foram utilizadas para avaliação dos factores de risco para a presença das várias espécies flebotomínicas. Testes não paramétricos foram usados para comparar densidades.

Dos 1262 flebótomos capturados, quatro espécies foram assinaladas com as seguintes abundâncias relativas: *P. perniciosus* 73,69%, *P. ariasi* 8,16%, *P. sergenti* 6,58% e *Sergentomyia minuta* 11,57%. Em 82% das localidades prospectadas foi detectada pelo menos uma espécie flebotomínica e em 71,4% destas foi capturada pelo menos uma das espécies comprovadamente vectoras de *L. infantum*. *P. perniciosus* foi assinalado em todas as 17 freguesias do Concelho.

Os factores de risco identificados foram: temperaturas elevadas e humidades relativas baixas, locais abrigados e ausência de vento forte, presença de pinheiros como vegetação dominante, biótopos peridomésticos, particularmente currais de ovelhas e coelheiras, ou na proximidade de ovelhas, aves de capoeira e ninhos com andorinhas.

A taxa de infecção flebotomínica por *L. infantum* foi de 4% para *P. ariasi* e de 0,32% para o total de fêmeas capturadas.

A maioria das fêmeas para as quais se identificou a origem da refeição sanguínea pertencia a *P. perniciosus*. Esta espécie apresentou um comportamento oportunista, alimentando-se numa grande variedade de hospedeiros vertebrados.

A elevada abundância e distribuição das espécies vectoras, juntamente com a seroprevalência de *Leishmania* nos cães do Distrito (5-10%), e a captura de uma fêmea grávida de *P. ariasi* (infectante), sugerem que o Concelho de Torres Novas é um foco de leishmaniose no país.

A maior abundância relativa de *P. sergenti*, comparando com prospecções realizadas noutras áreas da região Centro de Portugal, sugere que este potencial vector esteja a expandir-se para latitudes mais elevadas, aumentando o risco de introdução de *L. tropica* no território, por contacto com imigrantes ou viajantes infectados de áreas endémicas.

A monitorização flebotomínica, e dos hospedeiros vertebrados, deverá ser continuada no Concelho para que medidas eficazes de controlo possam ser definidas e implementadas.

CABRAL, Henrique Mendes (2011) Impacto da ecografia de bolso no diagnóstico e gestão terapêutica em zonas remotas, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: Nos países em desenvolvimento, particularmente nas zonas remotas, os exames médicos imagiológicos são quase inexistentes devido ao elevado custo de aquisição e manutenção. A Organização Mundial de Saúde (OMS) considera

essencial a difusão da ecografia por ser um exame imagiológico de baixo custo, rápido e de grande fiabilidade, se realizada por um técnico formado. O advento da ecografia portátil diminuiu os custos, aumentando a flexibilidade da ecografia. Assim como o estetoscópio revolucionou a semiologia, é de prever que os ecógrafos de bolso se introduzam como complemento ao exame físico, permitindo a validação do diagnóstico semiológico.

Durante um período de 4 meses utilizou-se um ecógrafo de bolso na prática clínica de uma missão humanitária em zona remota no distrito de Angolares em São Tomé e Príncipe. O clínico, através de um formulário de relato de caso (FRC), registou o *diagnóstico*, *confiança no diagnóstico* (escala de Likert) e *gestão terapêutica*, baseado na semiologia, sendo esta informação reavaliada após a ecografia de bolso.

Foram realizados 84 exames em 76 pacientes (12,8% dos pacientes observados). Os FRC foram revistos por pares, determinando a *contribuição com informação relevante* em 79,8% dos casos, alteração do *diagnóstico* em 52,4% e *gestão terapêutica* em 59,5%. Foi descrito um aumento na confiança do clínico no diagnóstico ($p < 0,01$) e diminuição nos custos globais da gestão terapêutica ($p < 0,05$).

Do primeiro período de dois meses para o segundo verificou-se um aumento do risco relativo da ecografia não contribuir com informação relevante [4,31; 95% CI 1,5-12; $\chi^2 = 9,87$, $p < 0,01$] e em simultâneo um decréscimo de exames por paciente observado.

Neste contexto, a ecografia de bolso aumentou a qualidade do diagnóstico clínico e diminuiu os custos com a gestão terapêutica, reduzindo o tempo até ao diagnóstico definitivo e os riscos inerentes a terapêuticas desnecessárias. Esta tecnologia, como complemento do exame físico, embora dependente do observador, aparenta ser benéfica para os pacientes em zonas remotas. O aumento da exactidão de diagnóstico semiológico durante o estudo sugere a necessidade de investigação sobre a aprendizagem informal e ecografia de bolso.

CARVALHO; Eliane Arez de (2011) Estrutura Genética de Populações de *Glossina palpalis gambiensis* (Diptera: Glossinidae) na República da Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Glossina palpalis gambiensis* é o principal vector de Tripanossomose Humana Africana (THA) na África Ocidental e a mosca tsé-tsé mais comum na Guiné-Bissau. Apesar da sua ampla distribuição, nenhum caso de THA tem sido reportado no país desde finais dos anos 70 do século XX. Populações naturais do Grupo *palpalis* demonstraram diferentes níveis de variação intraespecífica que podem influenciar a sua capacidade vectorial. Portanto, o conhecimento exacto

acerca da identidade das espécies e estrutura populacional é essencial para prever o possível restabelecimento e propagação da transmissão de THA na Guiné-Bissau. A variação genética foi analisada em amostras de *Glossina palpalis gambiensis* de cinco regiões da Guiné-Bissau, com recurso a microssatélites. Três das regiões pertencem à parte continental e duas representam a parte insular do país. No total, 261 moscas tsé-tsé do sexo feminino foram genotipadas para 11 *loci* microssatélites.

Baixos níveis de diferenciação genética foram observados entre as populações de *G. p. gambiensis* da Guiné-Bissau ($F_{ST} = 0,006$, $P = 0,002$). Este resultado está de acordo com a análise de agrupamentos, que revelou a presença de um único *cluster* agrupando todas as amostras, independentemente da origem geográfica. De um modo geral, estes resultados sugerem uma baixa subestruturação populacional em *G. p. gambiensis* nesta região. Análises de equilíbrio mutação-deriva sugerem ainda a ocorrência de expansão populacional recente.

As evidências genéticas sugerem consideráveis níveis de fluxo genético entre as populações continentais e entre as populações insulares e continentais da Guiné-Bissau. No caso do restabelecimento de focos de transmissão de THA, a possibilidade de disseminação do protozoário *Trypanosoma*, através da dispersão activa das moscas tsé-tsé, deve ser tida em conta no planeamento de estratégias de controlo vectorial na Guiné-Bissau.

CARVALHO, Patrícia (2011) Prevalência de parasitoses intestinais nas crianças e conhecimentos, atitudes e práticas dos encarregados de educação - estratégias de intervenção (Ilha do fogo, Cabo Verde), Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: As doenças tropicais negligenciadas persistem exclusivamente em populações de baixa renda e marginalizadas, sendo esquecidos os progressos necessários para a sua prevenção, eliminação e erradicação. A lista destas doenças é extensa, na qual está incluída a doença parasitária intestinal com origem em agentes infecciosos como os protozários e os helmintas. De distribuição mundial, estas infecções ocorrem frequentemente em regiões quentes, húmidas e desprovidas de saneamento básico, afectando particularmente crianças e adultos jovens, devido à sua susceptibilidade e exposição. As infecções causadas por parasitas intestinais são muitas vezes assintomáticas ou com predomínio de sintomas inespecíficos, e dependendo da carga parasitária e do estado nutricional das crianças podem contribuir para o atraso de crescimento, défice ponderal e dificuldade de aprendizagem.

Neste contexto, foi realizado um estudo para determinar a prevalência de parasitoses intestinais nas crianças em idade escolar e os conhecimentos, atitudes

e práticas dos seus encarregados de educação, na Ilha do Fogo, Cabo Verde. A amostra abrangeu 200 crianças em idade escolar, sendo 41,7% do sexo masculino e 58,3% do sexo feminino, com idades compreendidas entre os 6 e os 16 anos. Foi observada uma amostra de fezes por cada indivíduo, tendo sido utilizadas as técnicas de laboratório de observação directa e a técnica de concentração de Ritchie, ambas com coloração de lugol. Às crianças do estudo foram também avaliadas as variáveis antropométricas, idade, estatura e peso. Aos encarregados de educação das crianças foi aplicado um questionário para identificação dos conhecimentos, atitudes e práticas relativamente à infecção por parasitas intestinais. Foram observados parasitas intestinais em 51,8% das crianças. Das sete espécies de parasitas intestinais encontradas as mais frequentes foram a *Entamoeba coli* e *Entamoeba histolytica/dispar*, seguindo-se a *Giardia intestinalis* e *Enterobius vermicularis* e, por fim *Iodamoeba buetschlii*, *Hymenolepis nana* e *Ascaris lumbricoides*. A associação parasitária mais frequentemente encontrada verificou-se entre as espécies *Entamoeba coli* e *Entamoeba histolytica/dispar*.

Cinquenta por cento das crianças apresentavam um estado de malnutrição aguda, 14,87% um estado de malnutrição crónica e 28,40% um estado de malnutrição global.

Os conhecimentos, atitudes e práticas de prevenção de infecções parasitárias intestinais por parte dos encarregados de educação, revelaram algumas deficiências.

A procura de diferenças/associações entre a variável *Estar parasitado* e outras variáveis em estudo, permitiu concluir que as crianças parasitadas viviam em habitações com menor número de quartos, não tinham o hábito de lavar *sempre* as mãos depois de defecar, não bebiam água desinfectada na escola, e não tinham casa de banho na habitação.

Consideramos três actores locais como indispensáveis na implementação das medidas de controlo das parasitoses intestinais na Ilha do Fogo: as delegacias de saúde, as delegações de educação e as autarquias dos três concelhos (S.Filipe, Santa Catarina e Mosteiros). Como grupos alvo e beneficiários directos da intervenção propomos a comunidade escolar (alunos, encarregados de educação, gestores, professores e cozinheiras) e os profissionais de saúde (médicos, enfermeiros, agentes sanitários e técnicos de laboratório). Como intervenções gerais definimos a formação, a educação para a saúde, a desparasitação regular, os rastreios, o diagnóstico e tratamento precoce, a melhoria do saneamento e da higiene.

CORREIA, Débora dos Santos (2011) Moluscos hospedeiros intermediários de tremátodes: Estudo molecular de *Helisoma* sp. (Gastropoda: Planorbidae) de diferentes áreas geográficas, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: Ao longo dos tempos a caracterização das diferentes espécies da classe Gastropoda baseava-se apenas em características fenotípicas (morfologia da concha e partes moles), as quais eram insuficientes para distinguir espécies e subespécies. Assim, a caracterização genética desenvolvida nos últimos anos, tem-se mostrado uma boa ferramenta aplicada á diferenciação molecular de espécies, permitindo uma melhor compreensão sobre moluscos com um importante papel como hospedeiros intermediários de tremátodes e qual a sua posição dentro da família Planorbidae.

Os objectivos deste trabalho foram, por um lado fazer um estudo comparativo de populações de *Helisoma* sp., de Portugal e Cabo Verde, baseado num estudo molecular utilizando marcadores moleculares, nomeadamente o gene COI do DNA mitocondrial (mtDNA) e o gene 16S do RNA ribossomal (rRNA) e a região interna transcrita (ITS) do DNA ribossomal, e recorrendo à técnica PCR-RFLP, direccionada para a região ITS para a identificação de possíveis polimorfismos e, por outro lado estabelecer uma relação filogenética entre as populações portuguesas e cabo verdianas de *Helisoma* e outros planorbideos, hospedeiros intermediários de tremátodes.

Os resultados obtidos, para os genes em análise permitiram a identificação de três regiões distintas: Cabo Verde, Madeira e Portugal Continental, esta última formada pelas amostras de Algarve e Coimbra, apesar da distante geográfica que separa cada umas destas duas áreas.

Os resultados obtidos para os genes COI e 16S e para a região ITS, mostraram uma elevada homologia com as espécies *Helisoma trivolvis* e *H. duryi*.

CORREIA, Mónica Alexandre Ramos (2011) Políticas de incentivo à natalidade, maternidade e parentalidade nos 27 países da União Europeia, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: A Europa depara-se com um envelhecimento demográfico nunca antes verificado. Esta situação deve-se, em parte, aos baixos níveis de fertilidade apresentados pelos 27 Estados Membros da EU, sem excepção. Esta tendência, a manter-se, trará graves problemas de sustentabilidade para a Europa. De modo a inverter esta situação, os políticos europeus tentam encontrar as melhores soluções. Este estudo, qualitativo, descritivo simples, tem como objectivo fazer uma análise comparativa de políticas de apoio à natalidade, maternidade e parentalidade

existentes nos 27 países da União Europeia. Utilizou-se a pesquisa documental e pesquisa bibliográfica como métodos de colheita de dados.

Existe uma grande variedade de licenças de maternidade, paternidade e parentais, nos 27 países da União Europeia, no que diz respeito a duração, pagamento, elegibilidade e flexibilidade

A relação entre as taxas de fertilidade e as políticas de incentivo à natalidade, maternidade e parentalidade não é linear. Contudo, existem algumas características das políticas de cada país que parecem ser fundamentais na influência sobre os níveis de fertilidade como a igualdade de género, quer no meio laboral, quer na vida familiar e a capacidade que os países têm para ajudar as famílias a conciliar a sua vida familiar com a laboral.

COSTA, Sónia Fernandes da (2011) Flaviviroses in mosquitoes from Southern Portugal, 2009-2010, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT Lisboa

Resumo: Os flavivírus são vírus pertencentes à família *Flaviviridae*, género *Flavivirus*. Estes formam um grande grupo caracterizado pela sua ampla distribuição e diversidade genética. Os flavivírus são, na sua maioria, transmitidos por artrópodes vectores incluindo agentes patogénicos para humanos e animais que podem potencialmente provocar grandes epidemias e causar elevadas taxas de mortalidade e morbilidade. Nos últimos anos, tem-se registado uma grande expansão a nível da distribuição geográfica dos flavivirus e diversidade dos seus hospedeiros. O vírus do Nilo Ocidental tem sido continuamente detectado em toda a Europa recentemente, e também isolado de mosquitos colhidos no Sul de Portugal, onde já foram registados casos humanos e animais.

O principal objectivo deste trabalho é o rastreio de flavivírus em mosquitos colhidos em duas regiões do Sul de Portugal, onde os mesmos foram anteriormente detectados.

As colheitas de mosquitos foram realizadas em 24 locais em zonas húmidas nos districtos de Faro e Setúbal, através de armadilhas luminosas tipo CDC com CO₂ e aspiradores mecânicos manuais para colheita de mosquitos em repouso em abrigos de animais.

Os mosquitos colhidos foram agrupados por lotes contendo aproximadamente 50 espécimens cada, e rastreados para a presença de flavivírus por *heminested* RT-PCR, direccionado à amplificação de um pequeno fragmento do gene NS5 usando oligonucleótidos degenerados específicos para flavivírus.

Entre Abril e Outubro de 2009 e 2010 foram colhidos no total 36273 mosquitos pertencentes às seguintes espécies: *Anopheles algeriensis*, *An.atroparvus*, *Aedes berlandi*, *Ae.caspius*, *Ae.detritus*, *Coquillettidia richiardii*, *Culex laticinctus*, *Cx.pipiens*, *Cx.theileri*, *Cx.univittatus*, *Culiseta annulata*, *Cs.longiareolata*, *Cs.subochrea*, e *Uranotaenia unguiculata*. As espécies mais abundantes foram

Ae.caspius, *Cx.theileri* e *Cx.pipiens*, respectivamente. Contudo, as densidades de mosquitos foram variáveis de acordo com o método de colheita e área de amostragem. As densidades de mosquitos colhidos em 2010 foram quatro vezes superior às registadas no ano anterior. No total foram analisados 745 lotes dos quais 31% testaram positivos para a presença de sequências de flavivirus.

As espécies que apresentaram taxas de positividade mais elevadas foram: *An.algeriensis* com uma Taxa Mínima de Infecção (TMI) de 56/1000 no Algarve em 2009, *Cs.annulata* TMI =22/1000 no Algarve em 2010, *Cx.theileri* e *Cx.pipiens* em Setúbal em 2010, TMI =20/1000. *An. atroparvus*, *Ae. caspius*, *Ae. detritus* e *Cx. univittatus* também produziram lotes positivos. No geral, a positividade foi maior no Algarve.

Análise das sequências virais obtidas revelou homologia das nossas sequências virais com sequências de referência de flavivirus específicos de mosquitos depositadas em bases de dados de acesso livre. A análise filogenética reflectiu a variabilidade genética dos flavivirus e revelou a relação genética das nossas sequências com as de outros flavivirus, especialmente os específicos de insectos.

Tendo em consideração os anteriores isolamentos do vírus do Nilo Ocidental, o aumento acentuado nas densidades de mosquitos, o aumento de temperaturas que se tem vindo a registar, os casos recentes de transmissão de flavivirus por toda a Europa e o padrão desconhecido e imprevisível dos surtos destes vírus, os programas contínuos de vigilância epidemiológica têm-se revelado uma ferramenta indispensável para a Saúde Pública.

CURTO, Ana Luísa (2011) Saúde ocupacional em Portugal: O Caso do Serviço de Saúde Ocupacional da Câmara Municipal de Almada, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Procuramos contribuir com uma perspectiva sistémica para a compreensão das condicionantes das formulações, políticas e práticas de Saúde Ocupacional em geral, utilizando o Serviço de Saúde Ocupacional da Câmara Municipal de Almada como Caso e os aspectos mais singulares do seu processo de implementação e de desenvolvimento das práticas e actividades de saúde. Para o efeito, recorreremos a metodologia compreensiva (ou qualitativa), com desenho de Estudo de Caso, de características exploratórias/explanatórias e intrínseco/instrumental.

Desenvolvemos duas abordagens prévias, para melhor contextualizar e compreender as singularidades do Caso em análise. Uma abordagem geral à Saúde Ocupacional, no âmbito da Saúde Pública e do modelo económico e social europeu, incluindo o esclarecimento de alguns conceitos - recorreremos a revisão da literatura sobre experiências e práticas nacionais e internacionais; e a informações e percepções de intérpretes do processo e das circunstâncias da institucionalização da Saúde Ocupacional no País, obtidos por entrevistas, diálogo e nossa reflexão. Como segunda abordagem, o desenvolvimento de um quadro de referência

conceptual, suportado na revisão bibliográfica, no Estudo de Caso e reflexão, com as dimensões que condicionam o desenvolvimento de serviços e sistemas de Saúde Ocupacional.

Apresentamos os resultados da Dissertação com um formato próximo da narrativa. Como uma história preenchida por ambientes, pessoas e organizações, para uma leitura mais fácil e para que melhor se perceba a ligação da Saúde Ocupacional ao percurso das sociedades. Mas também para que no pensamento, reflexões e documentos que venham ser produzidos por quem aceda a este trabalho, a história da Saúde Ocupacional passe a estar ligada aos contributos de alguns protagonistas-chave, e a Almada.

Com este trabalho, foi possível conhecer e compreender melhor a contingência da Saúde Ocupacional, configurada como sistema de saúde nacional ou área de referência em alguns países, e quase desconhecida noutros, pese embora a maior visibilidade da relação saúde e trabalho, fruto das angústias contemporâneas do “planeta financeiro”, atento à sustentabilidade dos sistemas de protecção social, impacto das desigualdades sociais e de saúde nas capacidades produtivas e despesa dos Estados,

A evidência de ganhos de saúde e efectividade das medidas e cuidados de saúde ocupacional são escassos, mas a solidez dos raciais, o reconhecimento de que os ambientes de trabalho são um Determinante Social de Saúde susceptível de provocar e/ou agravar as desigualdades em saúde, e alguns exemplos de boas-práticas conhecidos, fundamentam a atenção das agências internacionais e as recomendações para que a área se desenvolva.

Em Portugal, apesar das dificuldades em reconhecer institucionalmente o mérito e os resultados, mesmo que validados por entidades de peritos independentes, destaca-se o Serviço de Saúde Ocupacional da Câmara Municipal de Almada. É um Caso que ilustra as dimensões que é necessário fazer coincidir para que a Saúde Ocupacional se possa desenvolver; a necessidade e vantagem de acção sistémica; a relevância das lideranças e da visão e da capacidade técnicas; e de como se podem concretizar os princípios gerais que vêm escritos nos livros, mesmo que nem sempre em consonância com as formulações legais, sobretudo se desadequadas dos ambientes e das necessidades de saúde.

Ao longo do texto, acentuamos as dificuldades quase generalizadas em inspirar e mobilizar acção inovadora neste domínio; em conjugar os saberes e competências que a área requer; e a necessidade de valorizar o que é invulgar e raro (Cisne Negro). Na discussão e conclusões, sublinhamos o potencial do Caso de Almada como exemplo de um sistema integrado de protecção e promoção da saúde no trabalho, e a vantagem de o utilizar como recurso para organizar soluções que permitam pensar, desenhar e realizar sistemas sociais e de saúde que contribuam para que em Portugal, na Europa e “por todo o lado”, indivíduos e comunidades vivam e se sintam bem.

FARINHA, Ana Cristina Oliveira (2011) Metaciclo­gênese de *Leishmania* sp in vitro – Análise cinética e morfológica, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: Foi só em 1984 que, Sacks&Perkins, demonstraram *in vitro* e no vector o desenvolvimento de promastigotas de *Leishmania tropica* de um estadio não infeccioso (procíclicas) para formas infecciosas (metacíclicas). Este processo foi denominado de metaciclo­gênese. As formas metacíclicas são caracterizadas por possuírem um corpo celular pequeno e fino e um flagelo muito longo, e ocorrer em maior número durante a fase estacionária de crescimento em meio de cultura (Sacks&Perkins, 1984; Franke *et al.*, 1985; Da Silva&Sacks, 1987; Sacks, 1989; Grimm *et al.*, 1991; Saraiva *et al.*, 2005). Diversos estudos sugerem o comprimento celular como um parâmetro eficaz na distinção das formas procíclicas das metacíclicas (Grimm *et al.*, 1991; Saraiva *et al.*, 2005; Späth&Beverley, 2001).

Neste estudo, foram analisadas diariamente seis culturas axénicas, duas *L. braziliensis* (1794 e LC2452cl8), três *L. infantum* (IMT151, IMT260 e IMT373) e uma *L. peruviana* (HR78cl8) de forma a ser possível, no final, obter uma curva de crescimento para cada estirpe, isto é, a cinética e a concentração dos parasitas em função do tempo, bem como o perfil da metaciclo­gênese de cada uma. O crescimento foi estudado em dois meios de cultura, Schneider e Grace, ambos suplementados com 10% de FBS e pH de 5.5. Foram realizados estudos de crescimento dos parasitas em cultura e estudos morfológicos dos promastigotas sendo a variável dependente a média do comprimento dos promastigotas e tendo como variáveis independentes a estirpe, o meio de cultura e a fase de crescimento.

O teste da Lise pelo Complemento foi usado como método de isolamento das formas metacíclicas em cultura (Franke *et al.*, 1985; Puentes *et al.*, 1988; Da Silva&Sacks, 1987, Sacks&Perkins, 1984; Sacks, 1989; Grimm *et al.*, 1991).

Os parasitas de todas as estirpes estudadas revelaram, em cultura axénica de meio Schneider, uma cinética de crescimento mais rápida, uma maior concentração de promastigotas, uma fase estacionária mais curta e um menor tempo de vida que as mesmas estirpes em meio Grace. Estes resultados sugerem que o meio de cultura usado influencia a cinética de crescimento e a longevidade de uma estirpe *in vitro*.

Relativamente ao perfil da metaciclo­gênese, foi também no meio de cultura Schneider que, todas as estirpes, apresentaram populações em cultura com percentagens de formas metacíclicas mais elevadas do que no meio Grace. A maior percentagem de formas metacíclicas foi atingida, para todas as estirpes, e independentemente do meio, durante a fase de declínio da curva de crescimento apesar do máximo de concentração de promastigotas em solução corresponder ao início da fase estacionária de crescimento.

Os resultados do estudo morfológico dos parasitas, mais precisamente a análise da evolução do comprimento destes ao longo da sua curva de crescimento, mostraram não existir uma diferença significativa do tamanho médio dos parasitas no meio de cultura Schneider do tamanho no meio de cultura Grace para uma mesma estirpe,

levando a concluir que o meio de cultura não influencia o tamanho dos promastigotas. Contudo, no que diz respeito às fases de crescimento das culturas – fase logarítmica e fase estacionária, verificou-se, para todas as estirpes, uma diferença significativa entre o tamanho médio dos promastigotas entre as duas fases de crescimento, independentemente do meio de cultura. O tamanho médio de parasita foi, para todas as estirpes, sempre significativamente inferior na fase estacionária.

Comparando os valores do comprimento médio dos promastigotas apresentados pelo teste do Complemento e os obtidos no estudo de cinética, para cada estirpe e na mesma fase de crescimento, verificou-se que foi com a aplicação do teste do Complemento que se obtiveram os valores mais baixos de tamanho médio dos parasitas, sugerindo que com a aplicação deste teste obtêm-se populações de formas metacíclicas mais homogêneas isto é, obtêm-se um eficaz isolamento destas formas. Assim sendo, obteve-se neste trabalho, um comprimento médio dos promastigotas metacíclicos de 6,98 μm para *L. braziliensis*, de 5,72 μm para *L. peruviana* e de 7,70 μm para *L. infantum*

FERREIRA, Susana (2011) Conhecimentos e comportamentos face à infecção do VIH SIDA em migrantes africanos e brasileiros residentes na área metropolitana de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: O processo de desenvolvimento económico de urbanização leva à procura de melhores condições de vida e ao aumento do fluxo migratório em Portugal. A população migrante considerada vulnerável depara-se no país de acolhimento com inúmeros factores sociais, culturais, religiosos e económicos, os quais podem contribuir para influenciar os comportamentos, nomeadamente na adopção de comportamentos sexuais de risco. O objectivo do presente estudo é identificar os conhecimentos e comportamentos face à infecção do VIH/SIDA em Africanos e Brasileiros, residentes na área metropolitana de Lisboa.

É um estudo de Conhecimentos Atitudes e Práticas (CAP) com uma abordagem quantitativa, cuja amostra é constituída por 289 participantes dos Países Africanos de Língua Oficial Portuguesa e do Brasil. Estes migrantes recorreram ao Centro Nacional de Apoio ao Imigrante (CNAI) e foram convidados a participar neste estudo através de um questionário estruturado. Os dados foram submetidos a uma análise estatística descritiva. Em toda a investigação existe uma abordagem transversal relativa ao género, de forma a identificar a existência ou não de diferenças entre homens e mulheres no âmbito dos conhecimentos e comportamentos. Segundo os resultados, as principais fontes de informação utilizadas pelos migrantes que contribuem para o conhecimento do VIH/SIDA são os *media* (TV, rádio e jornais); os amigos, familiares e conhecidos, e as campanhas de prevenção. Observa-se que os

participantes não referem utilizar os serviços de saúde para se informarem sobre o VIH/SIDA. No entanto, em caso de infecção recorreriam ao Hospital e ao Centro de Saúde. No âmbito das duas comunidades, os brasileiros são os que mais reportam utilizar o preservativo. Ambas as comunidades optam pela não utilização de qualquer método de contracepção, principalmente as mulheres africanas e os homens brasileiros. No que diz respeito às infecções sexualmente transmissíveis, mais de metade dos participantes responde ter “muito” receio de contrair uma Infecção Sexualmente Transmissível (IST), sobretudo os homens africanos e as mulheres brasileiras. Este estudo sugere que a comunidade brasileira tem mais conhecimentos sobre o VIH/SIDA e menos comportamentos considerados de risco face à infecção do VIH/SIDA do que a comunidade africana. Os resultados sugerem que é necessária uma abordagem na promoção de estratégias e políticas de educação de saúde que passem igualmente pelas campanhas de prevenção e, que sejam especialmente concebidas para este grupo específico de população, sobretudo e neste caso, para os migrantes africanos, os quais têm menos conhecimentos sobre o vírus do HIV/Sida. Essas medidas devem ser levadas a cabo pelas Instituições estatais e organizações não-governamentais ao nível local, uma vez que uma actuação local pode ter um impacto mais adequado e satisfatório junto da população migrante.

FILIPE, Lia Filipa Martinho e (2011) Nova abordagem no diagnóstico de infecções invasivas por fungos do género *Aspergillus*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: Nas últimas duas décadas tem-se verificado um aumento da incidência de aspergilose pulmonar invasiva, que se reflecte em taxas de mortalidade e morbidade extremamente elevadas.

Esta realidade resulta da elevada utilização de quimioterapia e de agentes imunossuppressores, usados sobretudo em doentes imunocomprometidos, principalmente, em doentes hemato-oncológicos e receptores de transplante de medula óssea.

Estas infecções fúngicas são provocadas por algumas espécies do género *Aspergillus* em que *Aspergillus fumigatus* é a espécie mais frequentemente isolada a partir de infecções humanas. Contudo, outras espécies como *A. flavus*, *A. niger*, *A. glaucus*, *A. nidulans*, *A. terreus* ou *A. versicolor* também podem ser responsáveis por infecções fúngicas no Homem.

Um factor determinante para o aumento da incidência de aspergilose invasiva consiste na incapacidade de se estabelecer um diagnóstico precoce definitivo para que, em tempo útil, possa ser instituída terapêutica antifúngica que vá seguramente melhorar o prognóstico desses doentes.

Actualmente, as técnicas convencionais (microbiológicas e histológicas) têm servido como linhas de orientação para o diagnóstico definitivo de micoses. No entanto, como se tratam técnicas morosas, o diagnóstico imunológico e molecular tem todas

as potencialidades para oferecer uma abordagem promissora no diagnóstico de infecções fúngicas.

Neste trabalho foram estudadas 37 amostras clínicas, das quais 45,9% pertenciam a indivíduos do sexo feminino, 54,1% do sexo masculino, maioritariamente com o diagnóstico clínico de leucemia mielóide aguda (75,7%).

O principal objectivo deste trabalho consistiu na comparação dos resultados obtidos por uma técnica imunológica utilizada no diagnóstico de aspergilose pulmonar invasiva (pesquisa do antígeno GM) com uma nova técnica molecular de diagnóstico (*nested*-PCR), com o intuito de avaliar a sensibilidade e especificidade dos resultados obtidos.

Dos 37 doentes do estudo, 35,1% revelaram presença do antígeno galactomanano e em 32,4% das amostras foi possível detectar DNA fúngico utilizando primers específicos numa reacção de *nested*-PCR. No final deste trabalho pode-se constatar que, em virtude do método molecular utilizando uma reacção de *nested*-PCR não se ter revelado mais sensível que a pesquisa do antígeno galactomanano, julgamos ser no entanto muito promissor no diagnóstico da aspergilose pulmonar invasiva, bastando apenas aperfeiçoar a sua optimização.

FRANCISCO, Samuel Nuno Furtado da Conceição (2011) Aplicação de sistemas moleculares na detecção rápida da MDR-TB e XDR-TB, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Mycobacterium tuberculosis* é o agente etiológico da tuberculose em humanos e segundo as estimativas da Organização Mundial da Saúde, um terço da população mundial está infectada com esta bactéria, calculando-se que no ano de 2008 aproximadamente 9,4 milhões de pessoas contraíram tuberculose activa. Associada a esta tendência, encontra-se o aumento alarmante da incidência de tuberculose resistente aos antibióticos, mais propriamente da tuberculose multirresistente e extensivamente resistente.

Nesta Dissertação estudaram-se três sistemas de detecção molecular (INNO-LiPA Rif. TB, Innogenetics, Ghent, Bélgica, MTBDRplus e MTBDRsl, GenoType, GmbH, Nehren, Alemanha), que permitem detectar o complexo *M. tuberculosis* e as mutações mais comuns associadas à resistência aos antibióticos de primeira e segunda linha. Para o efeito, na primeira parte do trabalho os três sistemas em estudo foram testados em 21 isolados clínicos pertencentes à colecção do Laboratório de Micobactérias do Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT, UNL), com o propósito de avaliar a sua capacidade para identificar o complexo *M. tuberculosis* e detectar mutações ligadas à resistência aos fármacos de primeira e segunda linha. Na segunda parte do trabalho, os sistemas INNO-LiPA Rif. TB e MTBDRplus foram testados em 33 amostras respiratórias com baciloscopia positiva, com o propósito de aferir a “performance” destes sistemas para a detecção directa de tuberculose multirresistente em amostras respiratórias.

Na primeira parte do trabalho os três sistemas em estudo apresentaram elevada sensibilidade na identificação do complexo *M. tuberculosis* em culturas, bem como na detecção de mutações ligadas à resistência aos antibióticos de primeira linha, com excepção do etambutol. No que diz respeito à detecção da resistência aos antibióticos de segunda linha, não foi possível calcular os valores de sensibilidade e especificidade.

Na segunda parte do trabalho, o INNO-LiPA Rif. TB demonstrou ser o sistema mais robusto para a análise directa de amostras respiratórias com baciloscopia positiva, para um diagnóstico precoce de tuberculose e detecção de resistência à rifampicina. O MTBDRplus não se mostrou uma alternativa viável ao INNO-LiPA Rif. TB, pois apresentou baixa sensibilidade para a identificação do complexo *M. tuberculosis* e vários problemas no passo de amplificação. O MTBDRsl não foi testado, por não ter sido detectada nenhuma amostra multirresistente.

FREITAS, Cláudia (2011) Estudo da actividade angiogénica na *nurse cell* de *trichinella spiralis* no decurso da triquinose em modelo roedor, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A triquinose é uma zoonose parasitária que é transmitida aos humanos e animais, através da ingestão de carne crua ou insuficientemente cozinhada, que contenha larvas infectantes de *Trichinella* spp., sendo actualmente considerada uma doença emergente e/ou re-emergente.

O sucesso do parasitismo do nemátode *Trichinella spiralis* está intimamente ligado com o processo de angiogénese, ou seja, a formação de novos vasos a partir de vasos pré-existentes.

Com o objectivo de estudar a actividade angiogénica na *nurse cell* de *T. spiralis*, realizaram-se técnicas imunohistoquímicas e imunofluorescentes para o factor de crescimento endotelial vascular (VEGF), molécula-1 de adesão celular endotelial a plaquetas (PECAM-1) e actina músculo liso (AML), em tecido muscular de *Rattus rattus* infectado com *T. spiralis*.

Através destas técnicas observou-se marcação intensa no infiltrado inflamatório adjacente à *nurse cell* e também na larva. Já o citoplasma da *nurse cell* apresentou uma marcação moderada. Este padrão de marcação manteve-se desde os 45 até aos 120 dias após a infecção.

A avaliação da densidade vascular (PECAM-1) e da densidade da expressão de células positivas para AML permitiu estabelecer uma correlação positiva entre o aumento da densidade vascular e o número de dias de infecção. Adicionalmente estabeleceu-se uma correlação negativa entre o aumento da densidade de células que expressam AML e o número de dias de infecção.

Os resultados indicam uma produção constante de VEGF pela larva, pelo citoplasma da *nurse cell* e pelo hospedeiro (infiltrado inflamatório), durante todo período de infecção, levando à formação de uma rede vascular crescente (com um

aumento médio de 79% face ao controlo), acompanhada de células murais que promovem a sua estabilização (com um aumento médio de 50% face ao controlo) com particular incidência no primeiro período estudado (45 a 55 dias).

GONÇALVES, Daniel (2011) Efeito da Minociclina em *Mus musculus* infectados com *Trypanosoma brucei brucei*, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa

Resumo: As patologias provocadas tanto em humanos como em outros mamíferos, pelo parasita hemoflagelado *Trypanosoma brucei* são um verdadeiro flagelo em África, matando milhares de pessoas e cabeças de gado todos os anos. No caso da terapêutica humana, todas as drogas foram implementadas em meados do século XX, sem novas patentes desde 1981. Urge portanto a descoberta de novas moléculas, que em esquema monoterapêutico ou em associação, possam de alguma forma intervir no controlo do parasita ou contra a inflamação provocada pelas sucessivas ondas de parasitémia.

Em estudos anteriores a minociclina, tetraciclina de 2^a geração, provou ser eficaz na protecção do sistema nervoso central (SNC) de ratos infectados com *Trypanosoma brucei brucei* (*T.b.brucei*), diminuindo a passagem pela barreira hemato-encefálica (BHE) de leucócitos e parasitas. No presente estudo, o efeito dessa droga parece estar relacionado com uma maior resistência à perda de vários componentes hematológicos como eritrócitos, leucócitos ou granulócitos em amostras de animais com vinte dias (20 DPI) de progressão de infecção com o parasita. Também as parasitémias são substancialmente mais baixas (cerca de dez vezes menores) nos animais tratados em 20 DPI. Em termos das citocinas interleucina 4 (IL-4), interferão gama (IFN- γ) e óxido nítrico (NO), parece existir um padrão de secreção diferente nos animais tratados e não tratados. A IL-4 parece neste caso estar associada a um perfil anti-inflamatório; o NO, importante no controlo do parasita, existe em maiores quantidades nos animais tratados, ao contrário do IFN- γ com quantidades mais elevadas nos animais controlos. Esta última citocina está escrita na literatura como factor de crescimento parasitário.

A expressão de metaloproteinases é aparentemente superior no baço quando comparada com tecido hepático, contudo sem aparentes diferenças entre os dois grupos persistindo um sistema de dupla banda compreendidas entre r de 30 e 40 kDa, valores de massa molecular, na maioria dos animais dos dois grupos. As metaloproteinases podem se endógenas do hospedeiro, mas com elevada possibilidade de serem secretadas pelo parasita no seu processo de invasão tecidual.

GREGÓRIO, João Pedro Bernardo (2011) Análise de cenários para o planeamento de recursos humanos da Saúde: o farmacêutico comunitário em Portugal, 2020, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: **CONTEXTO:** O Farmacêutico Comunitário português tem conseguido lidar com a mudança e com os novos desafios do sistema de saúde. Em 2007, nova legislação deu ao Farmacêutico Comunitário a possibilidade de prestar novos serviços, para além da dispensa de medicamentos. Juntamente com a actual tendência dos cuidados de saúde centrados no doente, com a inovação tecnológica e com a reforma dos cuidados de saúde primários, surge agora uma oportunidade para aperfeiçoar o papel que o Farmacêutico Comunitário pode ter no sistema de saúde português, sendo objectivo deste trabalho analisar as possibilidades de participação do futuro Farmacêutico Comunitário no Sistema de Saúde em Portugal.

MÉTODOS: Para a realização deste estudo, usámos o método de análise de cenários, visando definir cenários para o futuro dos Farmacêuticos Comunitários em Portugal. Convidámos profissionais conhecedores do contexto para a realização de 2 *workshops* de cenarização. Após identificarmos as principais incertezas que determinarão o futuro do Farmacêutico Comunitário, construímos 3 cenários plausíveis representando, cada um deles, 3 futuros alternativos.

RESULTADOS: A informação recolhida no primeiro *workshop* permitiu-nos identificar as incertezas críticas que irão influenciar o futuro do Farmacêutico Comunitário. Os eixos que parecem ser os que mais determinarão o futuro são: a Capacidade de Desenvolvimento de Serviços, reflectindo as diferenças em inovação e desenvolvimento de serviços entre farmácias; e o Ambiente Legislativo, reflectindo a maior ou menor tendência para a liberalização do mercado das farmácias e do próprio sistema de saúde. Esta análise permitiu-nos enquadrar o futuro do Farmacêutico Comunitário em três cenários que denominámos “Pharmacy-Mall”, “e-Pharmacist”, e “Reorganize or die”.

CONCLUSÃO: No cenário “Pharmacy-Mall”, o papel do Farmacêutico Comunitário será o de supervisionar a dispensa de medicamentos na farmácia, podendo ter severas implicações no emprego dos Farmacêuticos Comunitários. No cenário “e-Pharmacist”, o Farmacêutico Comunitário estará mais dedicado à prestação de serviços para o sistema de saúde, podendo exercer fora do contexto da farmácia. No cenário “Reorganize or die”, o Farmacêutico Comunitário será levado a desenvolver e vender novos serviços para assim aumentar os lucros da farmácia. Independentemente de qualquer dos cenários pode-se concluir que o Farmacêutico Comunitário terá de obter novas competências em áreas que tradicionalmente não são do âmbito do farmacêutico tais como, técnicas de gestão, domínio das tecnologias de informação e técnicas de marketing.

JOAQUIM, Filipa (2011) O Processo de tomada de decisão familiar de institucionalizar um parente idoso com demência e as equipas de cuidados primários de saúde, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Pretende – se com a proposta de investigação, estudar a gestão de transferência de um doente idoso com demência, para os cuidados de longa duração, através da análise do processo de tomada de decisão, levado a cabo pelas famílias destes pacientes, tendo como referência o Modelo Multidisciplinar de Avaliação e Tomada de Decisão de Beckingham e Baumann (1990) e Modelo de Utilização de Serviços de Saúde de Dutton (1986).

Ir-se-á explorar como as famílias experienciam este processo de gestão de transferência de cuidados, e o papel desempenhado pela equipa de cuidados primários de saúde.

Optou-se por uma abordagem qualitativa, com desenho de estudo de caso inclusivo, a realizar na Instituição Particular de Solidariedade Social (IPSS), Lar de S. Cristóvão, situada no concelho de Leiria, com duas unidades de análise embutidas: famílias (representadas pelos cuidadores principais do familiar doente) e equipas de cuidados de saúde primários.

Os métodos de recolha de dados utilizados são a entrevista semi-estruturada e focus-grupo. A análise dos dados é efectuada através dos métodos de análise de conteúdo e análise estatística.

A todos os participantes será pedido o seu consentimento livre e esclarecido, através de documento escrito, garantindo a sua privacidade e o sigilo das informações cedidas.

Com a presente investigação, pretende-se dar um contributo para a introdução de novas práticas de colaboração, acesso e melhoria da qualidade dos serviços, centrados na perspectiva do paciente, a fim de facilitar a transição entre os diferentes níveis de cuidados de saúde.

LACERDA, Teresa Margarida Morais (2011) Schistosomose em modelo murino: estudo sobre granuloma hepático causado por ovos de schistosoma mansoni, Dissertação de Mestrado de Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A schistosomose é uma doença parasitária que afecta cerca de 200 milhões de pessoas, com alta prevalência nos trópicos e que origina um grave problema de saúde pública.

Ao longo da infecção, o sistema imunitário tenta de várias formas combater a presença do parasita. Inicialmente ocorre uma resposta imune mediada por células do tipo Th1, com o progresso da infecção, a resposta é substituída por uma

resposta do tipo Th2 induzida durante a formação de granulomas. Este surge como resposta à presença de produtos tóxicos libertados pelos ovos do parasita retido nos tecidos. O fígado é o principal alvo do depósito de ovos, sofrendo alterações fisiopatológicas, e histológicas. O *Mus musculus* tem sido muito utilizado na infecção experimental por *Schistosoma mansoni*, para melhor se conhecer o papel da resposta imunitária na formação de granulomas hepáticos. No decorrer da infecção o granuloma sofre alterações desencadeadas pelas citocinas que o sistema imunitário produz. Estas alterações dividem-se em cinco fases: reacção inicial, exsudativa, exsudativa-produtiva, produtiva e involutiva granuloma.

O presente trabalho, estudou as alterações sofridas pelo granuloma hepático (quantidade, dimensão e fase do granuloma), em três diferentes períodos de infecção (55, 90 e 125 dias) no modelo animal *Mus musculus* infectado com *Schistosoma mansoni*, estirpe SmBh distribuídos por três grupos experimentais com diferente número de cercárias (50, 80, e 100).

Verificou-se que ao longo da infecção a quantidade de granulomas aumenta, as dimensões têm uma tendência inicial para aumentar mas a partir dos 90 dias após a exposição sofrem uma diminuição.

No grupo experimental com maior intensidade de infecção inicial a diminuição deu-se mais cedo.

Em relação às fases de desenvolvimento do granuloma este sofre alterações ao longo de toda a infecção. Assim, aos 55 dias predomina a fase exsudativa, aos 90 todos os grupos apresentam maior percentagem de granulomas na fase produtiva e por fim aos 125 dias prevalece a fase involutiva. Todos estes resultados sugerem que a caracterização do granuloma nas diferentes fases de infecção pode depender do número de cercárias da exposição.

LEONE, Cláudia (2011) Competências de Gestão dos profissionais de Saúde: estudo de caso sobre as percepções dos Directores Executivos dos agrupamentos dos centros de saúde no contexto da reforma dos cuidados Primários, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Num contexto de mudança organizacional, a crescente complexidade do sector da Saúde representa grandes desafios para aqueles que nela assumem actualmente as funções de gestão. Existe cada vez mais consenso de que a aposta na qualidade da força de trabalho em Saúde é um factor crítico para o sucesso de qualquer tipo de Reforma da Saúde. Partindo destas premissas, o objectivo desta investigação é estudar as percepções dos 73 Directores Executivos (DE) dos Agrupamentos dos Centros de Saúde (ACES) em Portugal na dimensão de conhecimentos, habilidades e atitudes, para assim obter um diagnóstico que permita perceber a sua contribuição como gestores no processo de Reforma dos Cuidados de Saúde Primários.

O estudo realiza-se em dois períodos, sendo o ponto de partida os dados de 2008 referentes ao início da função dos DE e os dados de 2009, após a participação no curso PACES, o ponto de comparação. Através de uma abordagem e metodologia de tratamento de dados essencialmente quantitativa, foram determinadas certas conclusões que permitem obter uma primeira aproximação a evolução dos perfis de gestores destes DE e a sua coerência com as recomendações realizadas pela Literatura.

Apesar de depois de um ano certas mudanças poderem ser observadas, a falta de ênfase na importância das pessoas certas nos lugares certos pode-se vir a converter num factor comprometedor. Num cenário onde a maioria dos DE são médicos de profissão com escassa formação em gestão, o desenvolvimento de competências de gestão e liderança é fundamental. A realidade dos ACES e os desafios enfrentados pelos seus líderes devem ainda ser mais explorados. No entanto, para facilitar a mudança e avançar na integração dos serviços de Saúde e eficiência necessária, deve-se focar no factor mais determinante de uma organização: as suas pessoas. Estudar as suas necessidades de gestão e as suas competências permite aproveitar melhor as oportunidades inerentes a um processo de mudança.

LIMA, Sónia (2011) Estudo de caso-controlo da associação entre a infecção por *Giardia duodenalis* e a desnutrição em crianças dos 0 aos 59 meses numa região rural da Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Introdução: As infecções por parasitas intestinais e a desnutrição são um importante problema de saúde infantil, em especial nos países em desenvolvimento, onde coexistem e contribuem para o ciclo da desnutrição-infecção-pobreza. A infecção por *Giardia duodenalis* e a desnutrição crónica são um exemplo potencial deste ciclo, ainda que poucos estudos tenham sido efectuados sobre a sua associação em África, em especial em crianças de zonas rurais.

A problemática em estudo no presente projecto consistiu em explorar a associação entre a infecção por *Giardia duodenalis* e a desnutrição crónica em crianças com idades entre os 0 e os 59 meses de uma comunidade rural da Guiné-Bissau, habitantes do Parque Nacional das Lagoas da Cufada.

Material, População e Métodos: Foi efectuado um estudo de caso-controlo em Março e Abril de 2010, em que os 31 casos correspondem a crianças com desnutrição crónica (zscore estatura para a idade <-2) e os 78 controlos a crianças com estatura adequada para a idade (zscore estatura para a idade > -2). Foi efectuada análise microscópica de amostras de fezes para a detecção de *Giardia*

duodenalis e de outros parasitas intestinais eventualmente presentes. Além da desnutrição crónica, foram igualmente avaliados outros indicadores nutricionais na amostra em estudo, tais como o peso para a idade, peso para o comprimento ou estatura e índice de massa corporal. A exploração da associação entre a desnutrição crónica e a infecção por *Giardia duodenalis* foi efectuada recorrendo a técnicas estatísticas.

Resultados obtidos: A análise microscópica de amostras de fezes colhidas nos meses de Março e Abril de 2010 permitiu obter uma taxa de prevalência de infecção por *Giardia duodenalis* de 29,0% (9/31) nos casos e de 35,9% (28/78) nos controlos. Não foi encontrada associação entre a infecção por *Giardia duodenalis* e a desnutrição crónica nas crianças em estudo.

Discussão e Conclusões: Os dados obtidos estão de acordo com diversos estudos em que não foi encontrada associação entre a desnutrição crónica e a infecção por *Giardia duodenalis*. Contudo, dadas as limitações associadas ao número limitado da amostra e ao poder do estudo, bem como a ausência de informação clínica e nutricional, sugerem que, não obstante a validade dos dados obtidos, será importante desenhar futuros estudos.

LOBO, Maria Teresa de Azevedo Figueiredo Nunes (2011) Contribuição para o estudo das parasitoses em Portugal: Helmintas intestinais em crianças escolares do concelho de Palmela, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: Nos últimos anos, os trabalhos desenvolvidos na área da epidemiologia parasitária em Portugal são escassos. Assim, este trabalho teve como objectivo contribuir para um melhor conhecimento das helmintoses intestinais presentes em crianças escolares, em Portugal e relacionar a situação parasitária de cada indivíduo com os resultados dos inquéritos sobre comportamentos e condições de vida.

Foi realizado um inquérito epidemiológico em duas escolas do Concelho de Palmela, abrangendo um universo de 223 crianças com idades compreendidas entre os 5 e os 12 anos, das quais 121 pertenciam ao sexo feminino e 102 ao sexo masculino. As escolas em estudo estão localizadas numa zona urbana (Escola de Palmela) com um total de 130 alunos e numa zona peri-urbana (Escola do Bairro Alentejano) com um total de 132.

Para a pesquisa de ovos de parasitas intestinais nas amostras de fezes foram utilizados dois métodos: a técnica de Willis e o *kit* comercial - *Easy-Copros*, concentrador para parasitas intestinais. Todas as amostras do presente estudo foram negativas.

A comparação dos resultados por nós obtidos com os relatados em publicações anteriores leva-nos a concluir que nos últimos anos tem ocorrido uma diminuição dos helmintas intestinais. Este facto, de acordo com os nossos dados, estará relacionado com uma melhoria das condições socioeconómicas das populações, uma rede de infra-estruturas de saneamento básico abrangente em parceria com os projectos desenvolvidos pelos Centros de Saúde, no âmbito da Saúde Escolar.

LOPES, Sérgio (2011) Agentes de saúde comunitária: Formar ou reformar? - Estudo longitudinal de avaliação do impacto da formação no desempenho dos agentes da Saúde Comunitária na região sanitária de Bolama, Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: A escassez de recursos humanos da saúde é um problema que afecta especialmente os países em desenvolvimento que recorrem frequentemente a programas baseados no trabalho de Agentes de Saúde Comunitária (ASC). Os ASC são pessoas escolhidas dentro das suas comunidades que são treinadas para dar resposta a pequenas enfermidades. Na Guiné-Bissau, as doenças diarreicas na infância são um dos principais problemas de saúde, tendo os ASC um papel fundamental no diagnóstico e tratamento destas doenças nas zonas mais rurais como a Região Sanitária de Bolama (RSB).

O presente estudo focou-se especificamente numa população de ASC da RSB, tendo participado 22 dos 28 ASC existentes na Região. Pretendia-se perceber qual o impacto que a formação realizada sobre doenças diarreicas tinha sobre a efectividade do diagnóstico e tratamento deste tipo de doenças realizado pelos ASC em crianças com menos de 5 anos. Para isso, realizou-se um estudo longitudinal tendo sido efectuadas três avaliações em três momentos distintos – uma avaliação antes da realização de uma formação sobre doenças diarreicas, uma avaliação um mês após a formação e uma última avaliação 3 meses após a formação.

Foi aplicada uma grelha de observação da consulta do ASC sempre que havia uma suspeita de uma criança com diarreia, em que se avaliou quais os *Sinais e Sintomas*, o *Diagnóstico* e os *Tratamentos* identificados pelo ASC. Uma grelha igual foi entregue ao médico, que funcionou como padrão de verificação externo. Foi aplicado ainda um questionário de identificação de características sócio-demográficas dos ASC em estudo.

Os dados recolhidos foram alvo de tratamento estatístico, tendo sido aplicada a análise de Variância de Friedman e o teste Q-Cochran para comparação dos sucessos obtidos pelos ASC na identificação de itens, nos diferentes momentos de avaliação. Foi ainda aplicado um modelo de regressão logística para averiguar a possível influência de algumas características sócio-demográficas dos ASC sobre a efectividade do diagnóstico.

Os resultados obtidos revelam que os ASC melhoram significativamente o seu desempenho imediatamente após a formação mas, 3 meses depois, a efectividade de diagnóstico e tratamento de doenças diarreicas diminui também de forma significativa. Não foi encontrada evidência estatística de que haja influência de alguma característica sócio-demográfica sobre a melhoria na efectividade do diagnóstico e tratamento de doenças diarreicas.

Os resultados obtidos demonstram que a formação feita aos ASC é, de facto, uma mais-valia para o seu desempenho mas, o impacto da formação acaba por se desvanecer 3 meses após a formação. Este facto pode ser justificável pela perda de competências e pela redução da utilização de algoritmos por parte dos ASC ao longo do tempo, e por factores relacionados com o suporte logístico e material que lhes é dado. A falta de acompanhamento, suporte e formação contínua podem ser também uma razão justificativa da diminuição da efectividade três meses após a formação.

É fundamental ter sempre em conta que a selecção, o acompanhamento dos ASC, o suporte logístico e material e a formação contínua destes Agentes é tão importante para o sucesso dos programas quanto a formação inicial ministrada.

LOPES, Sofia Castro (2011) Profissionais de saúde da Guiné- Bissau em Portugal por detrás do ir e voltar, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Introdução:* A migração, apesar de não ser um fenómeno recente entre as profissões de saúde assumiu nos últimos anos proporções significativas, sobretudo em África. Para a GB, a saída dos profissionais de saúde tem um impacto devastador no que concerne o desempenho do sistema de saúde e por conseguinte a saúde das populações. Portugal, pelas ligações históricas e pela proximidade que mantém com a GB, tem sido escolhido pelos profissionais de saúde como o país destino para a emigração. Neste sentido considerou-se importante aprofundar conhecimentos sobre o fenómeno migratório dos profissionais de saúde da GB para Portugal, incluindo as motivações dos profissionais de saúde, a realidade vivida em Portugal e os motivos para o regresso.

Objectivos: Caracterizar o fenómeno migratório dos profissionais de saúde guineenses para Portugal, ao longo de todo o processo migratório, desde a decisão de emigrar, à decisão de retorno.

Material e métodos: Este estudo teve por base uma abordagem qualitativa, optando-se pela realização de um estudo de caso único, com várias unidades de análise. O caso em estudo foi o fenómeno migratório, tendo como objecto de estudo os profissionais de saúde guineenses nele envolvidos. Utilizaram-se métodos não probabilísticos para a selecção das amostras. Foram realizadas um total de 4

entrevistas semi-estruturadas a profissionais de saúde, 3 grupos focais a enfermeiros e 3 entrevistas a informadores chave na GB. Em Portugal, foram realizadas 12 entrevistas semi-estruturadas. Posteriormente, realizou-se a análise de conteúdo e análise exploratória dos dados.

Resultados: As condições de trabalho, o acesso a formação, o crescimento e valorização profissionais, assim como, a estabilidade político-militar e melhores condições de vida, são factores essenciais para a motivação e empenho dos profissionais de saúde, e por conseguinte, funcionam como factores impulsionadores da emigração quando não existentes. Enquanto imigrantes, os profissionais médicos e enfermeiros não têm o mesmo percurso em termos de integração profissional. Os enfermeiros recentemente emigrados não obtêm o reconhecimento das suas habilitações ao contrário dos médicos. Contudo, a melhoria das condições de vida é, na generalidade, alcançada. Existe na maioria dos profissionais o desejo de regressar ao país de origem, estando a sua concretização dependente de condições tanto na GB como em Portugal.

Conclusão: O fenómeno migratório é algo complexo, com inúmeros factores e em constante evolução, dizendo respeito sobretudo à procura de melhores condições de trabalho e de vida. O presente estudo serviu para identificar alguns destes factores e caracterizar as etapas do processo migratório dos profissionais de saúde da GB para Portugal, desde a decisão de emigrar à decisão de regressar. Deixa também pistas para desafios que se impõem com a migração destes profissionais.

LUCENA, Aldina (2011) Fisioterapia em Portugal – As representações sociais dos médicos, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Assumimos como principal objectivo deste estudo identificar e caracterizar as representações sociais dos médicos acerca da fisioterapia e dos fisioterapeutas.

O enquadramento conceptual, epistémico e metodológico principal do estudo resultou da articulação entre a Teoria das Representações Sociais e a Análise do Discurso, valorizando os contributos da psicologia social e da sociologia, respectivamente, para o estudo dos grupos e dos processos de profissionalização.

Os participantes deste estudo foram médicos das especialidades de Medicina Interna e de Medicina Geral e Familiar, num total de 10, repartidos igualmente pelo contexto hospitalar e do centro de saúde. Para a recolha dos elementos de análise, foram realizadas entrevistas semi-estruturadas. As entrevistas foram gravadas, transcritas e analisadas através da análise de discurso.

A análise dos discursos dos médicos de ambas especialidades, permitiu caracterizar as suas representações sociais acerca da fisioterapia e dos fisioterapeutas, as quais partilham a maioria dos conteúdos. Os fisioterapeutas são representados enquanto profissionais com alguma especificidade técnica, geradora de resultados observáveis e úteis, mas a sua actividade é considerada subsidiária dos especialistas de Medicina Física e Reabilitação. Esta representação articula

dimensões aparentemente positivas – como a posse de diplomas superiores e a eficácia das intervenções – com a associação a um conjunto de áreas de intervenção que não cobrem a definição internacional da fisioterapia e as competências dos fisioterapeutas, salientando as fases da reabilitação e prevenção secundária, sobretudo nas patologias osteo-articulares, cardio-respiratórias e neurológicas, sobretudo junto dos idosos.

Relativamente à caracterização das práticas profissionais específicas, os médicos salientam a terapia manual e, como sinal de progresso, o uso de tecnologias, constituindo-se como um recurso válido, mas cuja recomendação ou prescrição é pensada como uma segunda escolha, depois ou antes de recorrer à farmacologia ou em substituição da cirurgia. Para construírem as suas representações, os médicos socorrem-se da comparação com o padrão da profissão médica e do que a torna dominante ao expressarem que a fisioterapia actual é científica, tecnicamente moderna e com validação académica.

Uma das conclusões importantes deste estudo é a de que a disponibilidade de um reportório positivo para representar os fisioterapeutas não impede, forçosamente, que estes sejam pensados pelos médicos como um grupo dominado; pelo contrário, a segurança quanto à sua posição de grupo dominante pode dispensar o recurso a traços negativos como estratégia de defesa de um estatuto e de um território exclusivo, para o qual têm contribuído anos de história e a eficácia das medidas políticas das últimas décadas.

Os resultados deste estudo poderão contribuir para uma compreensão aprofundada das representações sociais que os médicos possuem acerca da fisioterapia e dos fisioterapeutas em Portugal, e da sua potencial influência nos diferentes contextos de intervenção e nas actuais relações com os médicos.

Manteigas, Paulo (2011) Um ensaio para Estimar o Custo da Leptospirose na Ilha de São Miguel, Açores, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Introdução: Na ilha de São Miguel e Terceira (Arquipélago dos Açores) tem-se verificado nos últimos anos, uma incidência média anual da ordem de 11,1 casos de Leptospirose por 100.000 habitantes, o que representa um problema emergente de Saúde Pública, estimando-se com consequências económicas de grande dimensão. Os custos reais ou aproximados que esta doença acarreta para a sociedade e para os serviços de saúde nomeadamente ao nível hospitalar, onde se incidirá o objecto do presente estudo, são até à data desconhecidos em Portugal. O presente estudo nasce da necessidade de avaliar o peso económico da Leptospirose nos Açores, a região com mais ocorrência do País, através da estimativa dos custos da componente hospitalar.

Material População e Métodos: Foi estudada uma amostra de 309 doentes seleccionados a partir de suspeita de leptospirose no momento da admissão na urgência do Hospital do Espírito Santo em Ponta Delgada, no período decorrente entre 2004 e 2008. Destes 82 tiveram confirmação de Leptospirose, 102 diagnóstico negativo e 98 diagnóstico não conclusivo. Seguiu-se uma abordagem Custo da Doença (CdD) “*Cost of Illness*” retrospectivo baseado na metodologia de estudos *bottom-up* através de métodos directos de custo por doente. Foram considerados os custos imputáveis à consulta de urgência, o internamento nos diferentes serviços, as análises clínicas, o teste de diagnóstico da Leptospirose e a consulta de seguimento.

Resultados Obtidos: os custos hospitalares apurados para a Leptospirose na Ilha de São Miguel foram de 331.332,75€. O contributo mais significativo emerge dos 82 doentes com Leptospirose confirmada, que tiveram um custo global de 299.721,95€, correspondendo a um valor médio estimado por doente de 3 655,15€. A maior contribuição para este valor está relacionada com os custos de internamento (84%), seguido pelos custos das análises clínicas (12,2%), da consulta de urgência (2,70%) e por fim do seguimento (1,03%). Na globalidade, os custos relacionados com o rastreio nos restantes 201 doentes com diagnóstico final negativo ou não conclusivo foram de 31 610,80 euros, que representaram cerca de 10% do valor total apurado.

Discussão e Conclusões: Os custos hospitalares globais associados ao rastreio e tratamento da Leptospirose na Ilha de São Miguel, no período entre 2004 e 2008 foram superiores a 300 mil euros, para um total de 309 doentes. O facto do presente estudo não ter contemplado os custos indirectos e inatingíveis limita consideravelmente o impacte da avaliação dos custos. Considerando que os custos do internamento foram a maior componente deste valor, a prevenção e o despiste precoce parecem ser a via para a redução do impacte económico e em termos de Saúde Pública.

MENDONÇA, Joana Teixeira da Silva (2011) Risco de introdução de novas espécies de *Leishmania* na Região do Algarve, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT. Lisboa.

Resumo: As leishmanioses são doenças parasitárias causadas por protozoários do género *Leishmania*, transmitidas pela picada de flebótomos fêmeas e que causam uma elevada morbidade e mortalidade em África, América Latina, Ásia, e na Região Mediterrânica. A vigilância da prevalência das leishmanias e dos respectivos vectores, nas regiões endémicas e envolventes, são cruciais para prever o risco de introdução e disseminação de novas espécies de *Leishmania* que poderão dar origem a novos focos de doença(s). A monitorização da infecção por *Leishmania* nos flebótomos é importante para a compreensão da eco-epidemiologia e avaliação de programas de controlo. Por outro lado, a transmissão de *Leishmania* pode envolver um elevado número de hospedeiros vertebrados que podem ser identificados através da análise das refeições hemáticas dos vectores.

A Região do Algarve é considerada um foco endémico de leishmaniose(s), humana e canina, desde a década de 1980. O principal objectivo deste estudo foi actualizar a distribuição, a abundância relativa, a densidade e outros aspectos vectoriais das espécies flebotomínicas na Região Algarvia para uma possível aplicação na vigilância epidemiológica.

De Maio a Novembro de 2007, foram capturados 1595 flebótomos, de ambos os sexos, através de armadilhas luminosas tipo CDC, em 175 biótopos. Foram identificadas quatro espécies flebotomínicas: *Phlebotomus perniciosus*, *P. ariasi*, *P. sergenti* e *Sergentomyia minuta*. Após identificação realizaram-se PCRs com alvo no (i) kDNA e na região ITS-1 para detecção da presença de DNA de *Leishmania* nos flebótomos e (ii) gene do citocromo B mitocondrial para análise das refeições hemáticas.

A presença de uma fêmea de *P. perniciosus* infectada com *L. infantum* (taxa de infecção total de 0,12%) demonstrou que o Algarve continua a ser um foco de leishmaniose.

A presença de *P. sergenti* e *P. papatasi* (esta última, encontrada em estudos anteriores) poderão constituir indicadores de risco de introdução/disseminação de *L. tropica* e *L. major* devido à mobilidade de turistas e imigrantes (e outros) de áreas endémicas para esta região.

A realização, pela primeira vez em Portugal, de uma técnica de biologia molecular para estudo das preferências hemáticas, demonstrou ser uma ferramenta útil, que no futuro poderá eventualmente contribuir para verificar se os vectores apresentam capacidade de adaptação a novos hospedeiros vertebrados.

METZ, Dominik (2011) Beriberi epidemic within rural Muslim fishing communities in Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Medicina Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: Beriberi, ou cardiopatia e polineuropatia ligada à deficiência de tiamina, foi, antigamente, um flagelo nas populações. Os mais notáveis surtos de beriberi ocorreram após o advento da moagem de massa de arroz, em várias zonas da Ásia, no final do século XIX. Com a descoberta de vitamina B1, "anti-beriberi", e, subsequentemente, o enriquecimento de alimentos e as campanhas de sensibilização de saúde pública, a doença foi esquecida por muitos profissionais de saúde. Contudo, sabe-se que, hoje em dia, em diferentes partes do mundo, muitos casos de beriberi são os focos primários de epidemias de outras deficiências potencialmente fatais, em comunidades vulneráveis. Determinados alimentos, assim como o álcool, são conhecidos para reduzir a absorção de vitamina B1. A Encefalopatia de Wernicke, a deficiência de tiamina mais conhecida pelos médicos que trabalham em países desenvolvidos, está associada à ingestão de álcool. Estudos recentes demonstraram, por um lado, atrasos significativos do desenvolvimento neurolinguístico em crianças alimentadas com leite sem tiamina, assim como uma possível correlação entre malária grave e deficiência em Vitamina B1, o que reforça a importância desta vitamina na saúde das populações.

A Guiné-Bissau, um país fragilizado pelos conflitos coloniais e pós-coloniais, instabilidade política, tráfico de droga e deficiente acesso à Saúde, continua sendo um dos países mais pobres do mundo. A maioria da população vive da agricultura de subsistência, pesca e colheita de cajú. O Islão é praticado por quase metade da população, e as religiões animistas e cristãs compõem as outras religiões principais do país. De acordo com a fé islâmica, os muçulmanos da Guiné-Bissau praticam o jejum, em função da luz do dia, durante o mês de Ramadão. Existe pouca investigação publicada sobre os efeitos nutricionais e na saúde deste ritual. Este trabalho é o primeiro a relacionar uma deficiência de micronutrientes ao mês sagrado do Ramadão.

Esta tese apresenta casos clínicos de beriberi em comunidades rurais muçulmanas, que ocorreram no final da época das chuvas, que coincide com o mês de Ramadão. A análise dos dados mostra que, uma vez que alguns dos doentes apresentavam os mesmos sintomas, repetidamente, todos os anos, estes casos podem refletir a ponta do iceberg da ocorrência de beriberi na Guiné-Bissau. Parte da discussão centra-se na necessidade de mais investigação para confirmar o grau de deficiência na população em geral, efeitos de deficiência de tiamina relacionados com a malária, e consequências possíveis da deficiência marginal, a longo prazo, desta vitamina na saúde. A discussão apresenta ainda sugestões práticas para a redução da incidência da deficiência de vitamina B1 na Guiné-Bissau.

NETO, Eduardo de Oliveira Cunha (2011) Contribuição para o estudo de geohelmintas em parques infantis de Brasília – Brasil, Mestrado em Parasitologia Médica. IHMT, Lisboa.

Resumo: Com o presente trabalho pretendeu-se estudar o grau de contaminação por geohelmintas em parques infantis e áreas circundantes do Plano Piloto (Asa Norte e Asa Sul) e Ceilândia (P Norte e P Sul), em Brasília, Brasil. Em cada um dos 30 parques infantis estudados nas Asas Norte e Sul e nos 10 parques infantis da Ceilândia, foram retiradas 5 amostras de areia até uma profundidade de 5cm e 4 amostras de fezes de cães. Para a pesquisa de geohelmintas foram utilizadas, para as amostras de areia e fezes a técnica de flutuação Willis-Mollay e, somente para areia, as técnicas de Hoffmann e de Rugai.

Os exames de fezes, mostraram os seguintes resultados: *Ancylostoma* spp com prevalência de 16,7% na Asa Norte do Plano Piloto, de 7% na Asa Sul do Plano Piloto e de 20% na Ceilândia (P Norte e P Sul); *Toxocara* spp 2,5% na Ceilândia (P Norte e P Sul). Para além destes geohelmintas foram também identificados *Spirocerca* sp com prevalência de 15% na Asa Norte do Plano Piloto; *Isospora* sp com prevalência de 1% na Asa Norte do Plano Piloto, de 5% na Asa Sul do Plano Piloto e de 2,5% na Ceilândia (P Norte e P Sul). Nas amostras de areia não houve achados de geohelmintas agentes causais de zoonoses.

Os resultados obtidos demonstraram que os protocolos que estão a ser utilizados para o controlo de parasitas intestinais em cães e gatos tem dado resultados

positivos e que, por outro lado, as medidas preventivas utilizadas nestes parques infantis e as orientações dadas à população por profissionais da área de saúde vêm contribuindo para um controlo das zoonoses com origem em ovos e larvas de helmintas presentes nas fezes de animais, que contaminam o ambiente.

Assim, os procedimentos praticados nestas áreas de estudo, poderão ajudar a definir estratégias de controlo de helmintas agentes de zoonoses, em outras áreas.

PEQUITO, Joana Rita Ameixial (2011) Transglutaminases do mosquito *Anopheles gambiae*: Caracterização genética, bioquímica e funcional durante a infecção por *plasmodium berghei*, Dissertação de mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A malária constitui um problema de saúde pública, que tem vindo a agravar-se, sendo crescente a necessidade de estratégias renovadas para o seu controlo, como a interrupção do ciclo esporogónico. Deste modo, é essencial compreender as respostas imunológicas de *Anopheles* anti-*Plasmodium*. Demonstrou-se anteriormente, que a inibição de transglutaminases, enzimas que participam em vários processos biológicos ao catalisarem a formação de ligações covalentes entre péptidos, agrava a infecção em mosquitos pelo parasita.

O presente trabalho tem por objectivo caracterizar as transglutaminases AGAP009098 e AGAP009100 de *Anopheles gambiae*.

Os métodos utilizados para este efeito foram: a sequenciação de regiões dos genes AGAP009098 e AGAP009100; a clonagem molecular de fragmentos da região codificante do gene AGAP009098, usando o vector plasmídico pET-28a(+) e *Escherichia coli* como sistema de expressão; e PCR em Tempo Real para analisar a expressão relativa dos genes AGAP009098 e AGAP009100 nos diferentes os estádios de desenvolvimento.

AGAP009098 é expressa ubiquamente e AGAP009100 a partir do estágio pupa.

Estes resultados apontam para a conclusão de que AGAP009098 e AGAP009100 poderão desempenhar funções em processos biológicos relevantes, por exemplo na defesa imunitária, ou no desenvolvimento. Os péptidos recombinantes, obtidos a partir da clonagem com sucesso de fragmentos da região codificante do gene AGAP009098, constituem uma ferramenta importante para averiguar a função destas TGases, no futuro.

PINHO, Leonor Duarte (2011) Protecção individual à picada de mosquitos: Avaliação laboratorial e no campo do efeito repelente de vestuário tratado com insecticidas ou repelentes, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: O controlo vectorial representa uma parte importante da estratégia global actual para a prevenção das principais doenças transmitidas por insectos, como a malária, a febre de dengue ou do *West Nile*. Uma das vertentes do controlo vectorial é aquela que se associa à protecção individual dos hospedeiros contra a picada de insectos. É no âmbito desta problemática que surge o estudo aqui apresentado. Este teve como um dos objectivos testar em laboratório a eficácia de três compostos diferentes (permetrina, DEET e citronela) contra a picada de mosquitos *Anopheles stephensi* Liston, 1901, quando aplicados a tecidos de algodão. Com base neste estudo laboratorial, seleccionaram-se os tecidos mais eficientes que foram testados no terreno, na área da Comporta, em ensaios simuladores de uma situação real. Os resultados foram complementados com alguns ensaios preliminares efectuados em laboratório com a espécie *Culex theileri* Teobald, 1903. Nos primeiros ensaios laboratoriais, tecidos impregnados com permetrina mostraram induzir uma repelência mais eficaz do que tecidos com DEET e citronela micro-encapsulados. O efeito de repelência dos tecidos com permetrina manteve-se, mesmo quando estes foram sujeitos a vários ciclos de lavagem. No entanto, os ensaios de repelência/protecção efectuados no campo demonstraram que a eficácia do tecido impregnado com permetrina é afectada pelo número de lavagens. Testes laboratoriais realizados com *Cx. theileri*, a espécie mais abundante da área da Comporta, apontam para que a discrepância observada entre os resultados das experiências laboratoriais e de campo possa estar associada a um comportamento diferencial das espécies envolvidas nos dois tipos de ensaio. Em conclusão, embora o uso de vestuário tratado com microcápsulas de repelentes seja um método promissor na protecção contra as picadas de insectos, este terá de beneficiar de algum investimento futuro para que possa vir a ser considerado uma estratégia válida no controlo vectorial a larga escala. Há que melhorar o modo de incorporação e apresentação do composto activo nos tecidos de modo a obter-se um efeito repelente mais efectivo e prolongado e a procura de repelentes naturais, indutores de menor toxicidade e mais repelência, deve ser continuada.

RAMOS, Élia (2011) Estudo da actividade gametocitocida de derivados da primaquina, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: A malária é responsável pela morte de milhares de pessoas em todo o mundo. O bloqueio de transmissão do parasita ao vector, através da concepção de fármacos gametocitocidas, como é exemplo a primaquina, continua a ser uma das prioridades na luta contra a malária. Este trabalho apresenta os primeiros resultados sobre a actividade gametocitocida de novos derivados da primaquina – os primacenos – em murganhos infectados com *P. berghei* ANKA-GFP. Entre os seis compostos analisados, um deles bloqueou a transmissão em 100% dos casos estudados. A proteína verde fluorescente provou ser uma alternativa mais favorável na execução deste tipo de investigação, sobretudo na observação dos oocistos no intestino-médio dos mosquitos.

REGO, Inês Tomás (2011) Políticas Públicas saudáveis: Estudo de caso português, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Contexto: As sociedades actuais deparam-se, cada vez mais, com problemas complexos, isto é, problemas altamente resistentes a uma solução, como por exemplo, a toxicod dependência, a deficiência, o VIH/sida e a sustentabilidade dos sistemas de saúde. As abordagens utilizadas no século passado não são adequadas à resolução destes problemas, que necessitam de soluções inovadoras, de novas formas de pensar e trabalhar (Kickbusch & Buckett, 2010). Muitos dos factores causais destes fenómenos estão fora do controlo do sector da saúde. Assim, reconhecendo que os determinantes sociais da saúde são influenciados por políticas fora da exclusiva jurisdição do sector da saúde (Wismar, et al. 2006), é necessário desenvolver uma acção coordenada entre todos os sectores da sociedade que possibilite a implementação de estratégias que conduzam à obtenção de ganhos em saúde para a população. A presente investigação reconheceu o termo multidimensional de potenciais ganhos em saúde e identifica este potencial em políticas extra-sector da saúde.

Objectivos: Definiu-se como objectivo geral compreender o que foi feito pelo XVII Governo Constitucional em termos de reforçar estratégias de potenciais ganhos em saúde através de políticas extra-sector da saúde, durante o período de Março de 2005 a Outubro de 2009. Traçou-se como objectivos específicos: identificar estratégias de potenciais ganhos em saúde através de políticas extra-sector da saúde em Portugal, considerando como extra-sector os sectores contemplados nos Ministérios do XVII Governo Constitucional; e descrever o papel do Ministério da Saúde, formal e previsto na legislação, na implementação de estratégias de potenciais ganhos em saúde.

Material e Métodos: Para a concretização deste estudo recorreu-se a uma abordagem qualitativa, com um desenho de estudo de caso único e incorporado, ou seja, com múltiplas unidades de análise (Yin, 2001), sendo os dados recolhidos através de documentos e de informadores chave. As técnicas de recolha de dados utilizadas foram a análise documental e entrevistas de consulta, sendo a técnica de análise de dados a análise de conteúdo.

Resultados: Dos resultados obtidos salienta-se que foram identificadas 267 estratégias de potenciais ganhos em saúde. Relativamente à articulação observou-se que o Ministério da Saúde (MS) tem uma articulação mais evidente com o Ministério da Educação, Ministério do Trabalho e Solidariedade Social, Ministério da Presidência do Conselho de Ministros, Ministério do Ambiente e Ordenamento do Território, Ministério da Justiça e o Ministério da Administração Interna. Não foi verificada uma articulação entre o MS e o Ministério das Finanças e Administração

Pública e Ministério da Defesa Nacional. É ainda descrito o papel do MS na implementação de tais estratégias.

Conclusões: Este estudo constitui um ponto de partida para futuras investigações nesta área. Foram realizados esforços no sentido de implementar a saúde em todas as políticas em Portugal, no entanto, é essencial um maior envolvimento de todos os sectores da sociedade para a concretização e sucesso de tal abordagem. Foram enunciadas algumas linhas de acção.

SEVIVAS, Tânia Vanessa dos Santos (2011) Prevalência de anticorpos anti-Toxoplasma gondii em grávidas, na região de Lisboa e Vale do Tejo e estudo dos factores de risco, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A toxoplasmose é uma antropozoonose de distribuição mundial que afecta quase um terço da população humana, bem como os animais e é causada por um protozoário intracelular obrigatório, *Toxoplasma gondii*. A prevalência desta parasitose na população humana varia com os hábitos alimentares, nível sócio-económico e com o clima. A transmissão ao homem está associada à ingestão de oocistos infecciosos (esporulados) provenientes das fezes dos gatos, a partir da água, de alimentos e do solo contaminados, ingestão de quistos na carne crua ou mal cozida, via congénita ou transfusional e por transplante de órgãos e/ou de tecidos de dadores infectados com o parasita e, mais raramente, através do leite não pasteurizado. A transmissão materno-fetal do parasita só ocorre quando a infecção é adquirida pela primeira vez na gravidez, podendo provocar sequelas graves para o feto, nomeadamente, atraso mental e morte fetal.

O objectivo deste trabalho foi determinar a prevalência e os factores de risco associados à infecção por *T. gondii* em grávidas seguidas no Hospital Garcia de Orta. Este estudo teve a duração de 8 meses (Abril de 2010 a Janeiro de 2011) e foram contactadas 163 grávidas, das quais 140 (85,89 %) responderam ao questionário, tendo sido possível recolher soros de 155 (96,88%) grávidas. Os soros recolhidos foram testados para os anticorpos IgG anti-*T. gondii* pelo kit comercial Toxo-Screen Da e para os anticorpos IgM anti-*T. gondii* pelo kit comercial Toxo-ISAGA, ambos da bioMérieux®. Nas amostras seropositivas para o anticorpo IgM anti-*T. gondii* realizou-se a avidéz dos anticorpos IgG anti-*T. gondii* através do kit NovaLisa - *Toxoplasma gondii* IgG Avidity Test da Novatec™. Foi efectuada a análise descritiva dos dados, centrada essencialmente em frequências absolutas para cada variável. Para testar a associação entre as variáveis utilizou-se o teste Qui-Quadrado de Pearson ou o teste exacto de Fisher (IC 95%, $p \leq 0,05$).

A prevalência da toxoplasmose nas grávidas, neste estudo, foi de 21,94% (34), dos quais 50% (17) correspondem a grávidas seropositivas só para os anticorpos IgG (imunidade) e os outros 50% (17) correspondem a grávidas seropositivas para os

anticorpos IgG/IgM. Neste último grupo, realizou-se a avidéz e verificou-se que todas as grávidas eram portadoras de uma infecção antiga. Também, constatou-se que 78,06% das grávidas eram susceptíveis para a toxoplasmose, com risco de adquirirem a doença durante a gravidez. Na análise estatística entre os factores de risco e a infecção por *T. gondii* nas grávidas verificámos uma associação significativa ($p < 0,05$) entre o número de partos, o conhecimento da toxoplasmose, o contacto com gatos de familiares/amigos e o consumo de carne proveniente da caça (pássaros, coelhos, javalis etc.). Estes factores parecem ser de grande importância na aquisição da infecção por *T. gondii* nas grávidas, deste estudo, dentre os vários factores investigados.

Este trabalho pode constituir um alerta para que os profissionais de saúde insistam na prevenção primária, fornecendo informação (escrita e oral) sobre como evitar a infecção por *T. gondii* durante a gravidez e efectuar uma vigilância serológica, apenas quando esta se torna necessária, ou seja, nas grávidas não imunes à toxoplasmose.

SIMÃO, Ana Catarina (2011) Infecções por *Tinea capitis* em meios desfavorecidos da periferia de Lisboa – Estudo em crianças do Bairro de Santa Filomena, Concelho da Amadora

Resumo: Os fungos dermatófitos estão entre os mais disseminados e prevalentes das doenças causadas por fungos, afectam milhões de pessoas em todas as partes do mundo. A *tinea capitis* é a infecção fúngica mais comum na idade pediátrica, é contagiosa, havendo aumento do risco de infecção quando existe partilha de objectos e poucos cuidados de higiene. É uma infecção que afecta essencialmente crianças e pré-adolescentes, sendo que estes apresentam mais susceptibilidade e exposição à infecção.

É uma infecção com distribuição mundial, sendo muito comum em África. Anteriormente as áreas endémicas estavam mais definidas, mas com o aumento das viagens inter-continentais e da imigração novas doenças têm-se expandido nos países de acolhimento, daí o aumento da prevalência desta infecção nos países Europeus. Para além de ser uma doença com um impacto social marcado, levando as crianças à restrição de actividades sociais, como a ida à escola e todas as consequências que daí advêm, como por exemplo a exclusão.

Perante esta situação, realizou-se um estudo de forma a identificar a prevalência da *tinea capitis* em crianças com idades entre os 1-14 anos no Bairro de Santa Filomena, Concelho da Amadora, Portugal, e os conhecimentos (definição, diagnóstico e tratamento) dos encarregados de educação/responsáveis pela criança sobre a doença, para se poderem traçar estratégias de intervenção.

A população era composta por 127 crianças, que frequentavam a Associação da Encosta Nascente e o Centro de Catequese leccionado no Bairro de Santa

Filomena, sendo 44,9% do Sexo Masculino e 55,1% do sexo Feminino, com idades pré-escolar e escolar.

Utilizaram-se três técnicas de diagnóstico, observação clínica, microscopia e exame cultural. As amostras do couro cabeludo das crianças foram analisadas no Laboratório de Micologia do Instituto de Higiene e Medicina Tropical. A prevalência de crianças com doença activa foi de 17,3% e de portadoras 19,7%. Foram identificados dois agentes etiológicas, *Microsporum audouinii* e o *Tricophyton soudanense* (fungos de origem Africana).

Aos encarregados de educação/responsáveis pelas crianças aplicou-se um questionário sobre aspectos relacionados com a infecção por *tinea capitis*. Os respondentes mostraram poucos conhecimentos, alguns até incorrectos.

Tendo em vista o controlo da infecção, é necessário envolver vários parceiros, como os Centros de Saúde e Centros de Educação (Creches /Escolas/Catequese), para além dos encarregados de educação, intervindo na sua formação com Sessões de Educação, rastreios, diagnóstico e tratamento, medidas preventivas e melhorias das condições de higiene pessoal e ambiental.

SOUSA, Sara (2011) A relação entre o estatuto económico e os conhecimentos e comportamentos acerca da malária, na região de Gaza, Moçambique, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: A malária é o principal problema de saúde em Moçambique, a região do Chowé é uma zona hiperendémica da malária, contribuindo os factores geográficos, a pobreza e o difícil acesso aos cuidados de saúde, para as altas taxas de mortalidade e morbidade devidas à malária. A malária é uma doença relacionada com a pobreza e os factores económicos determinam os conhecimentos e comportamentos acerca da malária. O projecto Tisuna Muzototo – Programa de Controlo da Malária na Região de Chokwé, na província de Gaza, Moçambique e o acesso ao estudo dos Conhecimentos, Práticas e Cobertura (“KPC Study”), integrado no programa, permitiu desenvolver o estudo da relação entre o estatuto económico e os conhecimentos e comportamentos relacionados com a malária, na região do Chokwé. Este estudo é pertinente, no âmbito dos programas de controlo da malária na região, uma vez que identifica as diferenças nos conhecimentos e comportamentos relacionados com a malária mediante o estatuto económico, permitindo a integração das estratégias e recursos para as populações mais vulneráveis.

O estudo é de natureza observacional, descritivo, inferencial de carácter exploratório, transversal e com uma abordagem quantitativa. A amostra, decidida pela equipa do estudo dos Conhecimentos, Práticas e Cobertura, é constituída por 887 mulheres, grávidas, mães ou cuidadoras de crianças dos 0 aos 59 meses de idade, que representam os seus agregados familiares, na Província de Gaza, nas

aldeias dos distritos de Chokwè, Guijá, Massingir e Mabalane. O estatuto económico foi estudado, através do Índice de Riqueza (IR), construído segundo as recomendações de Rutstein e Jhonson (2004), a partir de variáveis que captem os padrões de vida dos agregados familiares. À semelhança do que tem sido descrito por alguns autores, construiu-se o Nível de Conhecimentos Acerca da Malária (NCAM).

Através da aplicação de testes paramétricos (Teste T de Student e ANOVA) e não paramétricos (Teste Mann-Witney-Wilcoxon e Kruskal Wallis), para um nível de significância de 5%, conclui-se que:

- Existe uma relação bivariada, estatisticamente significativa entre IR e: a escolaridade da mulher, a religião da mulher, a principal ocupação da mulher, a principal ocupação do marido e o meio onde habita (rural, urbano).
- A um IR médio/mediano é significativamente mais elevado nas mulheres/domicílios com NCAM Alto; que utilizam métodos de prevenção da malária (independentemente da sua eficácia); que utilizam um maior número de métodos de prevenção da malária eficazes; que possuem redes mosquiteiras em geral; que possuem redes mosquiteiras permanentes e que as mantêm as redes mosquiteiras em boas condições.
- Não existe uma relação estatisticamente significativa entre o IR e os comportamentos preventivos da malária na mulher durante a gravidez; os comportamentos relacionados com a gestão de casos de febre, das crianças com menos de 5 anos, pelas mulheres.

Na região do Chokwé, considera-se que é importante, para a gestão dos programas de controlo da malária, a compreensão global da influência de factores socioeconómicos, demográficos e dos conhecimentos nos comportamentos protectores da malária. Pelo que se sugere o desenvolvimento de estudos multivariados com a aplicação de metodologias qualitativas e quantitativas.

TAVARES, Isabel Farinha (2011) Concepções do viajante e adesão à quimioprofilaxia da Malária – Estudo em Consulta do Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: A não adesão à quimioprofilaxia da malária tem sido documentada como uma das principais causas que contribuem para os casos de malária. A consulta do viajante é um processo de avaliação do risco da viagem que fornece um conjunto de indicações de saúde ao viajante de acordo com risco local e necessidades pessoais. Neste trabalho pretendeu-se avaliar as concepções do viajante e a sua adesão à quimioprofilaxia da malária num grupo de viajantes que recorreram a consulta do viajante no IHMT, através de um questionário pré e pós-viagem. Num total de 96 (37,9%) de viajantes que não aderiram à quimioprofilaxia, 73 (76%) reduziram o

tempo de toma, 18 (18,8%) não tomaram nenhuma medicação. A não adesão foi maior ao longo e após o regresso da viagem a qual teve como principal destino Angola. Verificou-se que a maior causa de não adesão à quimioprofilaxia foi escolha deliberada por receio dos efeitos secundários (60,9%). Os viajantes alteram muito a sua concepção de risco subestimando o mesmo após o seu regresso. De acordo com a estatística da malária importada, em Portugal esta encontra-se em sentido crescente pelo que seria importante acompanhar clinicamente os viajantes que não aderiram à quimioprofilaxia e relevar procedimentos que salvaguardassem atitudes do viajante face aos efeitos secundários da medicação.

BRANCO, Cristina Vieira (2010) Caracterização genética de estirpes do vírus GBV-C circulantes na Região Metropolitana de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: O vírus GBV-C é um dos potenciais membros da família *Flaviviridae* sendo, essencialmente, transmitido por via parentérica. Apesar de inicialmente descrito como agente de hepatites, dados recentes parecem demonstrar a não patogenicidade deste vírus. Curiosamente, o GBV-C parece exercer um efeito benéfico nos indivíduos co-infectados com HIV, facto que estimulou a realização de inúmeros estudos sobre a biologia deste vírus.

A escassez de informação de carácter genético/molecular relativa aos vírus GBV-C circulantes em Portugal, motivou a caracterização genética das estirpes virais circulantes na Grande Lisboa.

Como corolário da abordagem utilizada, foi ainda possível avaliar a prevalência do GBV-C nesta área geográfica, tendo a análise efectuada recaído sobre num grupo indivíduos, na sua maioria utilizadores de drogas injectáveis co-infectados com HIV e/ou HCV. A aplicação de um método para análise semi-quantitativa da carga viral de GBV-C constituiu, também, um dos propósitos deste trabalho.

Foram analisadas 214 amostras do soro humano nas quais o RNA de GBV-C foi detectado por uma reacção de transcrição reversa seguida de amplificação da 5'UTR por *nested-PCR*. A taxa de virémia na população estudada foi de 40,65%, tendo esta sido estatisticamente associada ao consumo de drogas e idade. As monoinfecções por GBV-C foram detectadas em 22,99% das amostras analisadas enquanto que a taxa de infecções duplas GBV-C/HIV ou GBV-C/HCV foram de 19,54% e 16,09%, respectivamente. Finalmente, as infecções triplas (GBV-C/HIV/HCV) foram registadas em 41,38% das amostras analisadas.

A caracterização de duas regiões distintas do genoma viral (E1/E2 e NS5A/NS5B) incluiu, entre outras, a análise filogenética das respectivas sequências nucleotídicas, tendo por base três modelos de reconstrução filogenética. A análise da região E1/E2 de 45 sequências virais, evidenciou a segregação de 10 destas com referências do

genótipo 1 e 34 com referências do genótipo 2. Nestas últimas, um grupo de 16 sequências formou um putativo novo subtipo associado à área geográfica estudada, denominado G2*, e corroborado pela análise da região NS5A/NS5B.

A descoberta de novas variantes genómicas, a compreensão da sua distribuição, elucidação das suas características biológicas e interacção destas com outros vírus, dão ênfase à necessidade de continuidade dos estudos relacionados envolvendo o GBV-C.

CABANAS, Joaquim Soares (2010) Polimorfismos da Região da Integrase, do gene Pol, em doentes infectados por VIH-1, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A integrase do VIH-1 é a enzima responsável pela integração do ADN viral no ADN da célula hospedeira. Este processo é indispensável à replicação viral, desenvolvendo-se em duas etapas independentes, o processamento 3' e a transferência de cadeias catalisadas pela integrase. A compreensão das interacções entre a integrase e o ADN e a cinética da formação dos complexos de pré-integração evidenciaram a necessidade de descobrir inibidores das ligações do complexo integrase/ADN. Esta necessidade, permitiu desenvolver o Raltegravir e o Elvitegravir como inibidores potentes da transferência de cadeias e consequentemente da replicação viral *in vivo*. Estes fármacos porém, não escapam aos fenómenos de resistência.

Mais de 40 substituições na integrase foram associadas ao desenvolvimento de resistência ao Raltegravir e/ou elvitegravir, *in vitro*. Algumas destas alterações foram também encontradas *in vivo* em doentes com falência terapêutica aos inibidores da integrase. Os polimorfismos do gene da integrase ocorrem de forma natural, podendo ter implicações importantes no desenvolvimento de inibidores da integrase. Foi objectivo deste estudo a determinação da prevalência de polimorfismos em doentes não tratados com inibidores da integrase e a frequência de substituição de aminoácidos que ocorrem de forma natural em posições associadas a resistência. Foram indentificadas as posições polimórficas do gene *pol* da integrase em doentes não tratados com inibidores da integrase, confirmando-se a ausência de mutações associadas a resistência nestes mesmos doentes. A percentagem de polimorfismos variou de acordo com a região analisada, sendo a região C-terminal a mais variável. A análise mais detalhada do subtipo G contribuiu de forma significativa para caracterizar os polimorfismos existentes na população de doentes VIH-1 portuguesa. A utilização do índice de Jaccard permitiu de forma inequívoca demonstrar a associação entre posições polimórficas e verificar como essas associações poderão evoluir.

CARDOSO, Sheila de Almeida (2010) Schistosomose urinária e helmintoses intestinais: contribuição para o estudo clínico-epidemiológico e da resposta imune humoral na comunidade angolana: Província do Bengo (Ibéndua, Sungue e Úlua), Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A schistosomose urinária, causada por *Schistosoma haematobium*, é uma parasitose endémica em Angola e responsável por lesões graves a nível do aparelho urogenital. Contudo, poucos estudos têm sido efectuados com vista a um melhor conhecimento da sua extensão e morbilidade, visando a implementação de medidas de controlo necessárias e urgentes.

Neste estudo, objectivou-se avaliar a prevalência, morbilidade e factores determinantes da infecção, bem como os níveis de informação e o perfil da resposta imune humoral em indivíduos a partir dos cinco anos de idade. Pretendeu-se, ainda, avaliar a prevalência de helmintoses intestinais e sua inter-relação com a schistosomose.

De Março a Junho de 2009, 321 indivíduos, com idades compreendidas entre os 5 e os 75 anos de idade ($X=19,2\pm 15,3$), residentes nas aldeias de Ibéndua, Sungue e Úlua, na província do Bengo, foram submetidos a um inquérito clínico-epidemiológico.

A prevalência de *S. haematobium*, determinada pela observação de ovos utilizando o método de filtração da urina, foi de 61,9% (197/318). A infecção foi predominante no sexo feminino (61,9%), nos indivíduos dos 5-9 anos de idade (78,8%) e na aldeia de Úlua (83,2%). A maioria apresentava uma carga parasitária pesada (média geométrica $54,4\pm 9,39$ ovos/10 ml de urina), com diferenças estatisticamente significativas entre as três aldeias (Kruskal-Wallis, $P < 0,001$). No exame macroscópico e teste da urina com tira reactiva, identificou-se macrohematúria em 23,4%, microhematúria em 64,8% e albuminúria patológica em 68,6% dos casos.

A sintomatologia mais referida pelos participantes foi a hematúria (45,6%), seguida pela disúria e hipogastralgia (45,3% e 34,9%), respectivamente, as quais estavam significativamente associados à infecção e a intensidade de parasitismo (χ^2 , $P < 0,001$).

Nos exames coprológicos (Kato-Katz e Telemann-Lima), a prevalência de helmintas intestinais foi de 50,4% (126/250). *Ascaris lumbricoides* foi a espécie mais frequente, com 66,7% dos casos. Dos 126 com helmintas intestinais, 74 (58,7%) estavam co-infectados com *S. haematobium*.

A análise da resposta imune humoral demonstrou, em relação à IgE, IgG1 e IgG4, que o grupo etário dos 5-14 anos apresentava níveis séricos mais elevados (Kruskal-Wallis, $P=0,009$, $P=0,000$ e $P=0,006$, respectivamente). Em relação ao sexo, observou-se diferença, com significado estatístico apenas para a IgG1, apresentando os indivíduos do sexo masculino níveis mais elevados deste anticorpo (Mann-Whitney, $P=0,009$). Com respeito ao estado parasitológico, observaram-se diferenças estatisticamente significativas em relação às IgE, IgG1 e IgG4 (Mann-

Whitney, $P=0,003$, $P=0,042$ e $P=0,008$, respectivamente), apresentando os indivíduos parasitologicamente positivos níveis de anticorpos superiores aos negativos.

A iliteracia (OR = 0.40; IC 95% 0,2-0,8) e a falta de conhecimento (OR = IC 95% 0,25 -0,4) sobre as doenças em causa são importantes determinantes para a aquisição da infecção. As deficientes condições de saneamento básico estão entre os principais factores responsáveis pela ocorrência simultânea de schistosomose e helmintoses intestinais. Considerando a prevalência de *S. haematobium* em Angola e os resultados obtidos, urge a tomada de medidas de controlo integrado efectivas e adaptadas às comunidades, com o objectivo de diminuir a transmissão e a morbilidade, dadas as suas consequências.

CASTRO, Sandra Videira e (2010) Diversidade genética e resistência aos anti-retrovirais inibidores enzimáticos de vírus do Vírus da Imunodeficiência Humana Tipo 1 (HIV-1) de uma população de toxicodependentes por via endovenosa da Grande Lisboa, IHMT, Lisboa.

Resumo: Neste estudo procedeu-se à caracterização da diversidade genética das regiões codificantes da protease (PR), transcriptase reversa (RT) e integrase (IN) do gene *pol* do vírus da imunodeficiência humana tipo 1 (HIV-1), bem como à pesquisa de polimorfismos genéticos associados à diminuição da susceptibilidade aos anti-retrovirais inibidores enzimáticos, circulante numa população de 51 indivíduos utilizadores de drogas por via endovenosa (IDUs) da Grande Lisboa.

Em termos globais, a análise filogenética realizada com base em 38 sequências nucleotídicas concatenadas revelou que 12 (31,6%), 13 (34,2%) e 13 (34,2%) das sequências analisadas eram dos subtipos B, G/CRF14_BG e de formas genéticas não-B/não-G (1 F1, 4 CRF02_AG e 8 formas recombinantes únicas), respectivamente. Relativamente à pesquisa de mutações associadas a resistência (perfil genotípico), foram encontradas 15, presentes em 50,0% (22/44) dos indivíduos, com uma distribuição de 1-3/indivíduo (4, todas acessórias, na PR; 6 na RT; 5 na IN, uma principal e 4 acessórias). Todavia, apenas 26,7% (4/15) dessas mutações conferiam uma expressão fenotípica de resistência a uma das classes de inibidores (da RT ou IN), em 9,1% (4/44) dos indivíduos. Foi ainda observada uma elevada frequência de outros polimorfismos genéticos, mais frequentes em subtipos não-B, alguns dos quais considerados assinaturas de subtipo.

A homologia genética total ou parcial com os subtipos B e G, reconhecida neste estudo, reflectirá a sua predominância na população de IDUs. Este resultado sugere também que a epidemia de HIV-1 em Portugal poderá estar a evoluir para um padrão epidemiológico singular, no qual os subtipos B, G e suas formas recombinantes predominam.

A proporção observada de indivíduos portadores de vírus com mutações associadas a resistência, mesmo em indivíduos *naïve* relativamente à terapêutica, indica que a sua transmissão se encontra em curso entre a população de IDUs, tendo, certamente, um impacto relevante ao nível da abordagem terapêutica e monitorização da infecção.

CERCA, Pedro Rodrigues (2010) Identificação de micobactérias não tuberculosas através de métodos moleculares não comerciais, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Resumo: Embora *Mycobacterium tuberculosis*, o agente etiológico da tuberculose humana, seja a principal causa de micobacteriose no Homem, outras micobactérias não tuberculosas (MNT), podem também causar infecção em seres humanos, sendo cada vez mais frequentemente isoladas no laboratório de micobacteriologia. Dada a morosidade da identificação de MNT por métodos convencionais, torna-se essencial o desenvolvimento de métodos rápidos e fiáveis para a sua identificação.

Neste estudo foram comparados três métodos moleculares para a identificação de MNT, baseados na análise de restrição enzimática após amplificação de: (i) região rRNA 16S-23S “Internal Transcribed Spacer” (ITS), (ii) gene *hsp65*, e (iii) zona ITS e regiões adjacentes, 16S e 23S rDNA. Para este fim, avaliamos 50 isolados, correspondendo a 47 isolados clínicos de MNT e três estirpes de referência, representando as 11 espécies de MNT mais frequentemente isoladas no laboratório de Micobactérias do Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT, UNL) e uma estirpe referência de *M. tuberculosis*, e identificadas anteriormente utilizando o sistema comercial GenoType® Mycobacterium CM/AS (Hain Lifescience).

O PCR-RFLP do gene *hsp65* proporcionou os melhores resultados, identificando correctamente 42 dos 49 isolados de MNT, pertencentes a *M. avium*, *M. gordonae*, *M. intracellulare*, *M. kansasii*, *M. chelonae*, *M. fortuitum*, *M. abscessus*, *M. szulgai*, *M. peregrinum* e *M. xenopi*. O PCR-RFLP da região ITS identificou correctamente 28 dos 49 isolados testados, não distinguindo *M. intracellulare*/*M. scrofulaceum*, *M. avium*/*M. bohemicum* e *M. kansasii*/*M. szulgai*. Finalmente, o PCR-RFLP da região ITS e regiões adjacentes mostrou o pior desempenho, com apenas oito isolados correctamente identificados e falhando na amplificação de diversos isolados.

Dos três métodos testados, o PCR-RFLP do gene *hsp65* e da região ITS mostraram maior capacidade de identificação e reprodutibilidade. No entanto, a sua aplicação exige uma optimização cuidadosa das condições de análise e a sua aplicabilidade depende, em grande parte, da diversidade de MNT em cada laboratório. Verificaram-se também várias dificuldades a nível da interpretação dos resultados.

Assim, apesar das vantagens referidas na literatura para estes três métodos, verificou-se que o grau de variabilidade e dificuldade de interpretação associados aos padrões obtidos, limitam a sua implementação no laboratório de diagnóstico de micobacteriologia.

COPETO, Sandra Ferreira (2010) Contribuição para o Diagnóstico Molecular das Onicomioses, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: (não copiável)

COSTA, Susana Santos (2010) Caracterização preliminar da Bioenergética do Efluxo pelo sistema AcrAB-To1C em *Escherichia coli*, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa

Resumo: A resistência aos antibióticos em bactérias Gram-negativas pode ser aumentada pela extrusão de antibióticos através de sistemas de efluxo. Em *Escherichia coli*, o principal

sistema de efluxo é o AcrAB-To1C o qual tem como principal fonte energética a força proto-motriz. Este trabalho pretendeu estudar alguns aspectos essenciais da bioenergética na actividade de efluxo de *E. coli* usando três estirpes bem caracterizadas genotipica e fenotipicamente. Foi utilizado um método fluorimétrico semi-automático no qual a fluorescência do fluorocromo brometo de etídeo, substrato de bombas de efluxo foi seguida, permitindo a medição em tempo real da actividade de efluxo e acumulação de fluorocromo (inibição do efluxo). A utilização de brometo de etídeo é particularmente vantajosa pois emite baixa fluorescência no exterior da célula bacteriana tornando-se extremamente fluorescente no seu interior. Este método é uma nova aplicação do termociclador em tempo real RotorGeneTM 3000 que permite o cálculo da cinética de transporte reflectindo o balanço entre acumulação de substrato por difusão passiva através da membrana e a sua extrusão/efluxo, proporcionando uma detecção rápida e económica de inibidores de efluxo.

Os resultados obtidos mostram, para todas as estirpes, que a GLU e o pH afectam a acumulação e o efluxo do brometo de etídeo. De todos os inibidores de vias biossintéticas testados, o ortovanadato de sódio, foi o que demonstrou maior actividade inibitória, a qual é revertida na presença de GLU. Em conclusão, este estudo mostra que a actividade de efluxo de *E. coli* depende não só da fosforilação oxidativa por via da força proto-motriz mas também da energia proveniente da hidrólise de ATP pelas ATPases. O ortovanadato de sódio tem potencial para ser um novo inibidor de bombas de efluxo de largo espectro. A tecnologia utilizada neste trabalho demonstrou ser apropriada para a caracterização bioenergética da actividade de bombas de efluxo e permite a selecção de novos inibidores de bombas de efluxo em bactérias.

EVARISTO, Miguel do Rosário (2010) Biological activity of well defined hydantoin derivatives on efflux pump systems of bacteria and cancer cells, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Resumo: A multi-resistência a antibióticos e medicamentos usados em quimioterapia é um dos grandes problemas com os quais as instituições de saúde se debatem hoje em dia. A acção provocada por bombas de efluxo é uma das suas causas. Estas bombas têm uma importância fundamental, uma vez que, ao expelirem todo o tipo de tóxicos para o exterior das células, também expõem medicamentos, fazendo com que estes não tenham o efeito desejado dentro delas.

As bombas de efluxo são transportadores que se encontram nas membranas de todo o tipo de células. Existem dois grandes tipos de bombas de efluxo: as primárias e as secundárias. As primeiras conferem multi-resistência principalmente em células eucariotas, como as células do cancro em humanos, tendo como função a mediação da repulsa de substâncias tóxicas por intermédio da hidrólise de ATP. A primeira a ser descoberta e mais estudada destas bombas foi a ABCB1 que é o gene que codifica a glicoproteína-P (P de permeabilidade). Enquanto as secundárias, que são a maior fonte de multi-resistência em bactérias, promovem a extrusão de substâncias tóxicas através da força motriz de prótons. Neste tipo de bombas são conhecidas quatro famílias principais, das quais uma das mais importantes é a superfamília RND, uma vez que inclui a bomba AcrAB-TolC, que é muito importante no metabolismo xenobiótico de bactérias Gramnegativas, nomeadamente a *E.coli*.

Com o objectivo de reverter a multi-resistência, tanto em células eucariotas como procaríotas, têm-se desenvolvido estratégias de combate que envolvem a descoberta de substâncias que inibam as bombas de efluxo. Assim sendo, ao longo dos tempos têm sido descobertas variadas substâncias que cumprem este objectivo. É o caso, por exemplo, dos derivados de fluoroquinolonas usados como inibidores de bombas de efluxo em bactérias ou do Tamoxifen, utilizado na terapia de pacientes com cancro da mama.

Um dos grupos de substâncias estudados para o desenvolvimento de possíveis compostos que actuem como reversores de multi-resistência são os compostos derivados de hidantoínas. Estes, são conhecidos por possuírem uma grande variedade de propriedades bioquímicas e farmacológicas, sendo portanto usados para tratar algumas doenças em humanos, como a epilepsia. Nestes, estão englobados compostos com actividade anti-convulsão que constitui a sua grande mais-valia e, dependente da substituição no anel que os constitui, uma grande variedade de outras propriedades

farmacológicas como a anti-fúngica, a anti-arritmica, a anti-viral, a anti-diabética ou por exemplo a antagonização de determinados receptores, como os da serotonina. Apesar de pouco usados em estudos experimentais para desenvolver substâncias anti-carcinogénicas, existem alguns estudos com este efeito.

Objectivos: O presente projecto envolve o estudo de bombas de efluxo primárias e secundárias, em células eucariotas e procaríotas, respectivamente. Em bactérias,

foram usados quatro modelos experimentais: *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Enterococcus faecalis* ATCC 29212, *E. coli* AG 100 e *Salmonella* Enteritidis NCTC 13349. Em células de cancro foram usadas, células T de linfoma de rato parentais e células T de linfoma de rato transfectadas com o gene humano MDR-1.

O principal objectivo deste estudo foi a pesquisa de novos moduladores de bombas de efluxo presentes em bactérias e células do cancro, tentando assim contribuir para o desenvolvimento de novos agentes farmacológicos que consigam reverter a multi-resistência a medicamentos. Assim sendo foram testados trinta compostos derivados de hidantoínas: **SZ-2, SZ-7, LL-9, BS-1, JH-63, MN-3, TD-7k, GG-5k, P3, P7, P10, P11, RW-15b, AD-26, RW-13, AD-29, KF-2, PDPH-3, Mor-1, KK-XV, Thioam-1, JHF-1, JHC-2, JHP-1, Fur-2, GL-1, GL-7, GL-14, GL-16, GL-18.**

Como forma de atingir estes objectivos, a actividade biológica dos trinta compostos derivados de hidantoínas foi avaliada nas quatro estirpes de bactérias da seguinte forma: foram determinadas as concentrações mínimas inibitórias dos trinta compostos como forma de definir as concentrações em que os compostos seriam utilizados. Os compostos foram posteriormente testados com um método fluorométrico de acumulação de brometo de etídeo, que é um substrato comum em bombas de efluxo bacterianas, desenvolvido por Viveiros *et al.*

A actividade biológica dos compostos derivados de hidantoínas nas células de cancro foi demonstrada por diferentes métodos. O efeito anti-proliferativo e citotóxico dos trinta compostos foi avaliado nas células T de linfoma de rato transfectadas com o gene humano MDR-1 pelo método de thiazolyl de tetrazólio (MTT). Como o brometo de etídeo também é expelido pelos transportadores ABC, estes compostos foram posteriormente testados com um método fluorométrico de acumulação de brometo de etídeo desenvolvido por Spengler *et al* nos dois diferentes tipos de células eucariotas.

Resultados: A maioria dos compostos derivados de hidantoínas foi eficaz na modulação de bombas de efluxo, nas duas estirpes de bactérias Gram-negativas e nos dois diferentes tipos de células T de linfoma. Em contraste com estes resultados, nas duas estirpes de células Gram-positivas, a maioria dos compostos tiveram pouco efeito na inibição de bombas de efluxo ou até nenhum, em muitos dos casos. De uma maneira geral os melhores compostos nas diferentes estirpes de bactérias foram: **Thioam-1, SZ-2, P3, Rw-15b, AD-26, AD-29, GL-18, GL-7, KF-2, SZ-7, MN-3, GL-16 e GL- 14.** Foram portanto estes os compostos que provocaram maior acumulação de brometo de etídeo, inibindo assim com maior eficácia as bombas de efluxo.

No presente estudo, a maioria dos compostos conseguiu inibir a resistência provocada pela bomba de efluxo ABCB1, tanto nas células parentais bem como nas células que sobre-expressam esta bomba, causando a acumulação de brometo de etídeo dentro das células. As células que sobre-expressam a bomba ABCB1 foram posteriormente testadas com citometria de fluxo que é a técnica padrão para pesquisa de inibidores de bombas de efluxo.

Os compostos que foram mais efectivos na inibição da bomba ABCB1, causando assim maior acumulação de brometo de etídeo nas células que sobre-expressam

esta bomba foram: **PDPH-3, GL-7, KK-XV, AD-29, Thioam-1, SZ-7, KF-2, MN-3, RW-13, LL-9, P3, AD-26, JH-63** e **RW- 15b**. Este facto não corroborou totalmente os resultados da citometria de fluxo uma vez que os moduladores que provocaram maior inibição da bomba ABCB1 foram o **MN-3, JH-63** e o **BS-1**, sendo que o último não foi seleccionado como um bom composto usando o método fluorométrico de acumulação de brometo de etídeo.

Conclusão: Os compostos derivados de hidantoínas testados tiveram maior efeito nas estirpes de bactérias Gram-negativas do que nas Gram-positivas. Relativamente às células eucariotas, as estruturas mais activas apresentam substituintes aromáticos bem como alguns fragmentos aminicos terciários.

FREITAS, Ferdinando (2010) Desenvolvimento de um Ensaio de Hibridação Múltipla (MHA - *multiple region hybridization assay*) para indentificação presumível de vírus da imunodeficiências humana do tipo 1 (HIV-1) dos subtipos B, G E de formas recombinantes CRF14_BG E CRF02_AG em Portugal, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa

Resumo: *A maioria dos métodos utilizados na caracterização genética do HIV-1 baseia-se na análise de regiões específicas do genoma viral, fornecendo informação parcial sobre o mesmo e, por consequência, revelando-se inadequados para a identificação de vírus recombinantes. O único método que permite uma caracterização integral do genoma viral passa pela sua sequenciação completa. No entanto, este é um método dispendioso, laborioso e de difícil implementação quando se pretende a análise de elevados números de amostras. Como alternativa a este último, o conjunto de métodos genericamente designados de MHA (Multiple Region Hybridization Assay) baseiam-se na amplificação, por PCR em tempo-real, de várias regiões ao longo do genoma viral e na sua caracterização com sondas específicas (TaqMan). Tendo este modelo por base, o objectivo deste estudo foi o desenvolvimento de um ensaio de hibridação múltipla (MHABG0214) passível de ser aplicado ao estudo de um elevado número de amostras.*

Este método foi desenvolvido tendo como objectivo a genotipagem as estirpes circulantes dominantes na epidemia Portuguesa, nomeadamente os subtipos B, G e formas genéticas recombinantes CRF02_AG e CRF14_BG.

Com base em alinhamentos de sequências de referência de genoma completo, delinearam-se *primers* universais e subtipo-específicos para a amplificação de diversas regiões codificantes distribuídas ao longo do genoma do HIV-1 (Gag, Protease, Transcriptase Reversa, Integrase, Rev, Gp120 e Gp41). A optimização foi efectuada, inicialmente, para um conjunto de amostras de referência e seguidamente avaliada num conjunto de 50 amostras clínicas. O MHABG0214 foi implementado numa estratégia de PCR em tempo-real, numa detecção dependente

de SYBR® Green I para todas as regiões ou, como alternativa, usando sondas TaqMan (Gp41). Apresentamos ainda uma estratégia em que a análise de resultados se baseia, simplesmente, numa abordagem usando PCR/gel de agarose convencional. Estas abordagens constituem ferramentas úteis na identificação das estirpes de HIV-1 em Portugal.

GOMES, Fábria (2010) Implementação do método de suspensão quantitativa para avaliar a actividade bacteriana de desinfectantes químicos, de acordo com a Norma Europeia EN1040, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: As bactérias patogénicas presentes nos sistemas de processamento de alimentos podem ser potencialmente causadoras de doenças alimentares graves, quando sobrevivem à acção bactericida de desinfectantes. Esta acção depende da eficácia das substâncias activas que fazem parte da formulação do desinfectante e das condições ambientais onde se processa a interacção desinfectante – bactéria, sendo ainda específica para cada estirpe bacteriana.

Este trabalho teve, como propósito, a implementação de um método que permita avaliar, *in vitro*, a eficácia bactericida de desinfectantes comerciais contra estirpes bacterianas que são potencialmente causadores de doenças de origem alimentar. A eficácia do desinfectante foi avaliada seguindo a Norma EN1040 e aplicando o método de diluição-neutralização. Para além das estirpes recomendadas naquele documento normativo, nomeadamente, *Pseudomonas aeruginosa* e *Staphylococcus aureus*, foram também utilizadas *Escherichia coli*, *Enterococcus faecalis*, *Salmonella Typhimurium* e *Listeria monocytogenes*. Os desinfectantes foram seleccionados com base nas suas formulações, tendo sido escolhidos desinfectantes cujos princípios activos são, respectivamente: tensoactivos aniónicos; alcalis inorgânicos; hidrocloreto de biguanida polimérica; álcool etoxilado ou cloreto benzalcónio. Foram seleccionados como neutralizantes: tampão fosfato, tiosulfato de sódio, gema de ovo fresca e polisorbato 80 com histidina. Após cada ensaio, o número de bactérias sobreviventes foi obtido pelo cálculo da redução logarítmica decimal, a partir do número de unidades formadoras de colónia presentes em cada placa. A eficácia do desinfectante, na inactivação de cada estirpe alvo, foi classificada numa escala de redução logarítmica à qual 5 log corresponde a redução mínima aceitável do número de colónias quando o tempo de contacto é de 5 minutos, e a temperatura do ensaio é 20°C.

Conclui-se que o método de diluição-neutralização é sensível para todas as estirpes testadas. A gema de ovo fresca revelou ser o melhor neutralizante para desinfectantes contendo tensoactivos aniónicos, enquanto o tampão fosfato é mais adequado para neutralizar desinfectantes contendo alcalis inorgânicos. Porém, nenhum dos neutralizantes testados mostrou ser adequado para os desinfectantes contendo cloreto de benzalcónio ou hidrocloreto biguanida polimérica ou álcool

etoxilado. Conclui-se também que as condições laboratoriais implementadas são as adequadas para testar a acção bactericida de desinfectantes utilizados em sistemas de processamento de alimentos.

GUERREIRO, Cátia (2010) A adaptação ao Processo de Mudança da forma de Administração de Adalimumab 40mg- Perspectiva da Enfermeira, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Tendo a forma de apresentação do fármaco ADALIMUMAB 40 mg¹, comercializado pelo laboratório ABBOTT, sido alterada de Seringa Pré-Cheia (SPC) Humira para Caneta Humira, os doentes em esquema terapêutico vivenciaram um processo de mudança. Deste fizeram parte um ou diversos momentos de formação alusiva à alteração da forma de apresentação da terapêutica, e também a possibilidade de acesso a uma linha telefónica gratuita disponível 24h por dia para esclarecimento de eventuais questões alusivas ao tema. A primeira toma de medicação em Caneta Humira foi sempre feita com acompanhamento de enfermagem, constituindo um momento formativo. A linha de apoio telefónico funcionou ininterruptamente ao longo de 12 meses. O processo de mudança decorreu assente na intervenção de uma equipa multidisciplinar a trabalhar para um objectivo comum tendo o laboratório ABBOTT contratado um profissional de enfermagem para o apoio a este processo de mudança. Coube a este profissional de enfermagem assegurar a formação inerente ao processo e ainda o atendimento da linha telefónica de apoio.

Tendo o processo de conversão da forma de administração de Adalimumab decorrido entre Setembro de 2007 e Setembro de 2008, uma questão se levanta: *Como decorreu a adaptação ao processo de mudança da forma de administração de Adalimumab 40mg de SPC Humira para Caneta Humira?*

Assim, tendo por objectivo geral compreender a adaptação ao processo de mudança da forma de administração de Adalimumab 40mg, na óptica dos doentes medicados com SPG Humira que passaram a utilizar a Caneta Humira em substituição da SPC Humira, e dos enfermeiros em exercício profissional nos hospitais públicos do país implicados no processo, foi realizado o presente estudo.

Sendo os sujeitos de estudo os doentes que recorreram à linha de apoio telefónico e também aqueles que foram directamente observados aquando da primeira toma de medicação com Caneta Humira em substituição da SPC; cinco doentes que vivenciaram o processo de mudança; vinte e três enfermeiros

dos hospitais públicos do país, alvo e agentes de formação específica sobre a temática e também aqueles que foram directamente observados aquando da formação ministrada; e ainda o enfermeiro contratado pelo laboratório ABBOTT para acompanhar o processo de mudança; procedeu-se, recorrendo a uma abordagem qualitativa, a um estudo de caso único inclusivo, ou seja com múltiplas unidades de

análise embutidas (Yin, 2003), concretamente três, sendo elas doentes, enfermeiros e enfermeiro/investigador. Os métodos de recolha de dados utilizados foram: entrevista narrativa, entrevista semi-estruturada, inquérito por questionário e análise documental, sendo os métodos de análise de dados a análise de conteúdo e a análise estatística. Salienta-se o facto de o investigador ser o enfermeiro contratado pelo ABBOTT para a acompanhar o processo.

Os objectivos inicialmente traçados e as questões de investigação lançadas para este estudo foram respectivamente alcançados e respondidas. Dos resultados obtidos salienta-se que os dados recolhidos junto das três unidades de análise embutidas são concordantes, ou seja, os aspectos de particular importância são reforçados quando olhados pelos diferentes prismas apresentados. Importa sobretudo destacar que o processo de mudança em estudo decorreu de forma positiva e que para tal concorreram três aspectos concretos: as características da Caneta, a formação ministrada pelos enfermeiros e a linha de apoio telefónico. Com o presente estudo ficaram claras as vantagens da última.

Tratando-se de um estudo de caso, não é possível a extrapolação dos resultados obtidos a outras populações. A opção metodológica de triangulação de fontes de dados intensificou a validade interna do estudo.

Ficam lançados desafios ao Laboratório ABBOTT e são propostos temas de reflexão quer no âmbito da prestação de cuidados a doentes crónicos, quer nas possíveis opções de inovação na gestão de recursos, em locais onde os padrões de saúde e desenvolvimento são distintos dos actualmente vividos em Portugal.

LEAL, Silvânia da Veiga (2010) Aplicação da Técnica de “Nested PCR” durante o período pré-patente para identificação de *Schistosoma mansoni* no hospedeiro intermediário *Biomphalaria glabrata*

Resumo: *Biomphalaria glabrata*, molusco de água doce, desempenha um importante papel em Parasitologia Médica, por ser o hospedeiro intermediário de *Schistosoma mansoni*, trematode digenético responsável pela schistosomose intestinal. A detecção de moluscos infectados pelo *Schistosoma mansoni* tem uma grande importância em Saúde pública, porque identifica focos de transmissão da schistosomose. As limitações dos métodos clássicos para o diagnóstico de infecções pré-patentes fazem com que os métodos de biologia molecular sejam vistos como possíveis alternativas através da detecção de ADN do *S. mansoni* em moluscos hospedeiros. A detecção de sequências específicas de ADN por reacção de polimerase em cadeia (PCR) tem-se verificado ser de extrema importância para a análise genética e diagnóstico de várias doenças infecciosas. Neste estudo foi aplicada a técnica de Nested-PCR, com o objectivo de identificar, no período pré-patente,

S. mansoni em moluscos expostos a 1, 5 e 10 mirácidos em diferentes períodos de tempo. Foram utilizados moluscos das estirpes albina e selvagem de *B. glabrata*. Para a realização das técnicas de PCR e de Nested-PCR (NPCR) foram utilizados

dois pares de oligonucleotídeos desenhados especificamente para detectar o ADN de *S. mansoni*. Verificou-se amplificação do fragmento de ADN do parasita em 80% das amostras analisadas, independentemente da dose de miracidios e do período de exposição. O método utilizado é altamente sensível, mostrando ser uma ferramenta útil na detecção de hospedeiros intermediários de *S. mansoni*, consequentemente na identificação de focos de schistosomose intestinal.

LOBATO, Cristina (2010) Chlamydia trachomatis infecção na grávida e no recém-nascido, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A infecção urogenital causada por *Chlamydia trachomatis* é a doença bacteriana sexualmente transmissível mais comum na Europa, tanto em homens como em mulheres. Constitui um grave problema de saúde pública devido à elevada percentagem de portadores assintomáticos, às complicações clínicas que daí podem resultar e à possibilidade de transmissão vertical.

O presente trabalho teve como principais objectivos: i) avaliar a prevalência da infecção por *C. trachomatis* e por *Neisseria gonorrhoeae* num grupo de grávidas de 36 semanas atendidas na consulta externa de Obstetrícia do Hospital Amadora Sintra e nos recém-nascidos de mães infectadas, ii) identificar os serovares responsáveis pelas infecções por *C. trachomatis*, iii) verificar a distribuição da prevalência da infecção por *C. trachomatis* em função da idade e iv) avaliar a utilidade de uma técnica de PCR *multiplex* e de PCR *multiplex* em tempo real no diagnóstico desta infecção.

Foram testadas 1201 amostras de urina do primeiro jacto de grávidas e 18 exsudados oculares provenientes de recém-nascidos cujas mães estavam infectadas com *C. trachomatis*. Cada amostra foi testada pelas técnicas de PCR *multiplex* e de PCR *multiplex* em tempo real, tendo como alvos de amplificação um fragmento do plasmídeo críptico e outro do gene *omp1*. Todos os resultados positivos foram confirmados com uma técnica de *nested* PCR e posteriormente enviados para sequenciação para identificação dos serovares envolvidos. Em todas as amostras foi ainda pesquisada a presença de ADN de *N. gonorrhoeae* através de técnicas de PCR e de PCR em tempo real sendo que, na primeira, o alvo a amplificar foi um fragmento do gene *ccpB* do plasmídeo pJDI e na segunda o pseudogene *porA*. Os resultados positivos foram confirmados por RFLP.

A prevalência da infecção por *C. trachomatis* e por *N. gonorrhoeae* foi de 3,7% (45/1201) e de 0,08% (1/1201), respectivamente. Nos recém-nascidos, a prevalência foi de 0% para ambas as infecções, embora o número de recém-nascidos estudados (18/45) dificilmente seja representativo. O serovar mais prevalente foi o E (31,1%), seguido do G (15,6%), do D/Da (13,3%), do F, I/Ia e do J (11,1%). O serovar K foi identificado em 4,4% das amostras infectadas e o H em apenas 2,2%. A técnica de PCR *multiplex* em tempo real parece ser mais adequada para o diagnóstico da infecção por *C. trachomatis* do que a técnica de PCR

multiplex, tendo a primeira detectado 100% dos casos de infecção por este microrganismo (45/45), enquanto que a segunda detectou apenas 71% (32/45) dos mesmos.

MAGALHÃES, Zúzeca (2010) Infecção por *Chlamydia Trachomatis*: Conhecimentos, Atitudes e práticas de uma população de estudantes universitários das áreas da Saúde, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A infecção sexualmente transmissível (IST), causada por *Chlamydia trachomatis*, é considerada mundialmente como um importante problema de saúde pública, porque pode causar infertilidade e morbidade a longo termo, existindo a possibilidade de transmissão ao recém-nascido de mãe infectada.

Os indivíduos entre os 15 e os 24 anos de idade são os que se encontram em maior risco. Para além das suas consequências, a presença desta infecção sem tratamento pode potenciar até dez vezes a transmissão do vírus da imunodeficiência humana adquirida.

Contribuindo a consciencialização sobre os vários aspectos da saúde sexual e o conhecimento sobre este agente e suas sequelas para que os jovens em risco se protejam e admitindo o Plano Nacional de Saúde lacunas no conhecimento dos profissionais da área sobre este tema, o presente trabalho teve como objectivos: 1) estudar o conhecimento sobre a infecção por *C. trachomatis*, sinais, sintomas, sequelas e vias de transmissão das IST; 2) conhecer as atitudes e práticas associadas à transmissão de IST e 3) avaliar a prevalência da infecção por *C. trachomatis* e *Neisseria gonorrhoeae* numa população de estudantes universitários das áreas da Saúde. Para tal, utilizou-se um questionário, cuja avaliação sugeriu que estes jovens possuem um baixo conhecimento sobre os sinais, sintomas e sequelas deste agente e das outras IST, sendo preocupante verificar que existem estudantes que não reconhecem os diferentes tipos de relação sexual como vias de transmissão destas infecções.

A pesquisa dos microrganismos citados, efectuou-se através da aplicação de uma técnica de biologia molecular em amostras de urina e a presença de anticorpos anti-*C. trachomatis* efectuou-se através uma técnica de imunofluorescência indirecta no soro. Não foram identificados casos de infecção activa, mas registou-se uma taxa de 14,4% de títulos reactivos de anticorpos anti-*C. trachomatis*, o que indica uma percentagem considerável desta população já foi infectada por este agente.

Estudos futuros semelhantes a este, em diferentes populações, são necessários para avaliar a prevalência global de infecção por *C. trachomatis* em Portugal, assim como para relacionar as atitudes e práticas com a transmissão das IST e com o conhecimento entre a população portuguesa. Medidas básicas de prevenção como a informação à população parecem ser urgentemente necessárias.

MANSOA, Ana (2010) O erro nos cuidados de enfermagem a indivíduos internados numa unidade de cuidados intensivos – Estudo de caso sobre as representações dos actores de uma unidade pós cirúrgica de um Hospital Português, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Estima-se que em Portugal existam entre 1330 e 2900 mortes anuais devido a erros cometidos por equipas prestadoras de cuidados médicos, mais mortes do que por acidente de viação, 1145 no ano 2006, ou devido ao vírus da imunodeficiência humana (VIH), 873 no mesmo ano.

Vários autores afirmam que os enfermeiros são responsáveis por mais efeitos adversos evitáveis do que qualquer outro profissional de saúde, por representarem uma percentagem significativa dos recursos humanos da saúde e por passarem uma grande parte seu do tempo com os utentes.

A complexidade das funções desempenhadas, o stress, a imprevisibilidade e a elevada tecnologia que caracterizam uma unidade de cuidados intensivos são reconhecidos como factores indutores de erros humanos e do sistema.

Recorrendo a uma abordagem do tipo qualitativo, procurou-se compreender o erro em enfermagem numa Unidade de Cuidados Intensivos (UCI) dando voz aos actores directamente envolvidos. O método seguido foi o estudo de caso, através do qual se pretendeu conhecer em profundidade o fenómeno em estudo, utilizando como técnica o grupo focal, procedendo-se à posterior análise de conteúdo das gravações transcritas.

Foi possível constatar que os enfermeiros dão principal relevância aos erros de execução, comunicação e violação de procedimentos, considerando na sua maioria que os erros de execução se devem geralmente a lapsos e falhas, enquanto os erros de planeamento e violação de procedimentos têm origem essencialmente em falhas de informação e conhecimento. Embora pareça existir uma visão sistémica do erro, as consequências surgem frequentemente associadas ao profissional implicado.

MARTINS, Lisa Silva (2010) Variação genética de duas estirpes de *Biophalaria glabrata* SAVY, 1818 nos períodos pré e pós Exposição a Miracídios de *Schistosoma mansoni* Sambon, 1907.

Resumo A procura de marcadores associados à resistência e à susceptibilidade tem sido um dos grandes desafios propostos aos parasitologistas. Considerando que as estirpes albinas e selvagens de *B. glabrata* são susceptíveis à infecção por *S. mansoni*, o presente estudo tem como objectivo contribuir para o conhecimento da diferenciação genética das duas estirpes. O estudo integrou a observação da eliminação de cercárias num período de 12 semanas e a verificação das taxas de mortalidade e de infecção em diferentes moluscos não infectados e infectados. Para

a comparação genética recorreu-se a técnica de RAPD-PCR, com a aplicação de diferentes *primers* de modo a associar possíveis polimorfismos, a uma maior ou menor susceptibilidade do molusco à exposição a miracídios. Os resultados obtidos demonstraram que a estirpe albina possuía maior susceptibilidade através da libertação de maior número de cercárias, apresentando também uma maior taxa de mortalidade. A nível genético, com recuso ao coeficiente de Dice, verificou-se uma maior diferença genética entre as estirpes sugerindo uma adaptação genética distinta, em relação à diferença entre os períodos de pré e pós exposição a miracídios de *S. mansoni*, dentro da mesma estirpe.

MARTINS, Maria Margarida (2010) Conhecimentos e comportamentos sobre algumas infecções sexualmente transmissíveis dos alunos dos ensinos Básico e Secundário de uma escola da área Metropolitana de Lisboa.

Resumo: Os jovens são um grupo onde a prevalência e a incidência das Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST) é cada vez maior. Este facto parece dever-se a um grupo de factores determinantes, entre os quais se destaca o comportamento de utilização do preservativo, enquanto único método capaz de evitar a transmissão das IST.

A resolução do problema passa pela implementação de programas de prevenção e controlo ajustados à população juvenil. No entanto, a investigação dos factores determinantes das IST que estão na base destes programas tem sido escassa em Portugal.

O presente estudo do tipo observacional, analítico e transversal incidiu sobre a totalidade dos 1101 alunos de uma escola da periferia de Lisboa e teve como objectivos: descrever alguns conhecimentos e factores sociodemográficos, escolares e comportamentais determinantes das IST; averiguar se existem diferenças atribuíveis à idade e ao sexo nestes factores determinantes; averiguar se estes factores determinantes se encontram associados à utilização do preservativo.

Na colheita dos dados foi utilizado um questionário de auto-preenchimento, desenvolvido para o efeito, e no tratamento dos mesmos recorreu-se à estatística descritiva e analítica.

Os resultados obtidos no presente estudo demonstram que a principal fonte de informação sobre sexualidade dos alunos são os amigos, mas estes preferiam que fossem os profissionais de saúde. Para além dos vírus da imunodeficiência humana e do herpes genital, a identificação de outras IST foi insuficiente. Os conhecimentos sobre a transmissão sexual das IST foram satisfatórios, mas não se repercutem na utilização do preservativo pelos alunos durante as relações não coitais. O sexo e a idade dos alunos encontram-se significativamente associados a fontes de informação sobre sexualidade e a algumas dimensões do conhecimento sobre as IST, do comportamento sexual e da procura de tratamento médico. Todavia, a

maioria destes factores determinantes não está associada à utilização do preservativo pelos alunos.

MIGUEL, Elisa (2010) Estudo da prevalência da Malária na Mulher Grávida Submetida ao Tratamento Intermitente e Preventivo com Sulfadoxina e Pirimetamina e sua Associação com Anemia. Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: A malária é causada por parasitas de género *Plasmodium* e transmitida por mosquitos fêmea do género *Anopheles*. A doença é endémica em regiões tropicais e intertropicais e constitui uma das maiores causas de morbidade e mortalidade principalmente no continente Africano. Segundo os dados da OMS ocorrem anualmente 300 a 500 milhões de casos clínicos e um milhão de mortes. Durante a gravidez, a malária é frequente e mais grave, com maior incidência nos países da África subsaariana. As mulheres grávidas têm maior risco de contrair a doença e muitas vezes em formas mais graves com associação à anemia. O objectivo deste estudo foi caracterizar a ocorrência dos casos de malária em mulheres grávidas submetidas ao tratamento intermitente preventivo (TIP) com a Sulfadoxina/ Pirimetamina (SP) nas Províncias de Benguela e Huíla. Neste estudo constatamos que todas as grávidas que participaram tinham tido episódios de malária antes da gravidez quer na província de Benguela tal como na província da Huíla. No total, 633 mulheres grávidas foram analisadas e apresentavam um valor de hemoglobina abaixo dos 14g/dl.

A prevalência de malária em grávidas sujeitas a TIP foi significativamente menor ($p < 0.01$) do que nas grávidas que não a fizeram, respectivamente 4,5% e 10,0%, conforme esperado e descrito anteriormente por outros autores.

Todos os casos de malária detectados corresponderam a *Plasmodium falciparum*, não se tendo verificado nenhuma infecção mista, de acordo com os métodos utilizados.

O valor médio da hemoglobina nas grávidas foi inferior ao esperado em grávidas seguidas em consulta pré-natal, e existe uma diferença significativa entre os valores encontrados na Província de Benguela e da Huíla (significativamente mais elevados nesta última).

O teste rápido Paracheck-pf detectou a presença de *Plasmodium falciparum* em maior número do que a microscopia óptica. Por constrangimentos logísticos, o número de amostras submetidas a teste molecular (PCR) não foi suficiente para se tirarem conclusões

MOREIRA, Susana (2010) Estudo da prevalência de excesso de peso e obesidade da população escolar do ensino básico das escolas públicas do concelho do Barreiro e identificação de alguns determinantes, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Introdução: No presente trabalho, através da colaboração entre as escolas do concelho do Barreiro, do Centro de Saúde local (Divisão de Saúde Pública) e da Faculdade de Motricidade Humana foi avaliada a situação de excesso de peso e de obesidade na população das escolas públicas do ensino básico do concelho do Barreiro no ano lectivo de 2007/2008.

Métodos: A população em estudo corresponde à população escolar do ensino básico público, do ano lectivo de 2007/2008. O presente estudo tem carácter transversal, tendo sido efectuada uma amostragem aleatória. A amostra foi composta por 789 crianças de ambos os sexos (dos 5 aos 11 anos, sendo 49,2% do sexo masculino e 50,8% pelo sexo feminino). Foram aplicados questionários aos encarregados de educação para obtenção de dados sobre aspectos socioeconómicos, actividade física e consumo alimentar das crianças em estudo. Para melhor avaliar o estado nutricional foram efectuadas medições antropométricas (n=614) do peso, altura, pregas adiposas dos membros e tronco, perímetro do braço, cintura e anca e altura sentado. Inicialmente foi feita uma análise exploratória através dos programas SPSS e Epitools. Foram ainda analisadas as relações entre o estado nutricional e algumas variáveis independentes através do teste do qui-quadrado, regressão multinomial, modelos log-lineares e regressão gama.

Resultados: No que se refere à prevalência de baixo peso, risco de baixo peso, peso normal, excesso de peso e obesidade para o sexo masculino (M) e feminino (F), verifica-se que para a população estudada de onde se retirou a amostra os valores com IC a 95% foram: baixo peso (M-0,10 [0,07; 0,13] e F-0,08 [0,05; 0,12]), risco de baixo peso (M-0,09 [0,06; 0,13] e F-0,07 [0,05; 0,11]), peso normal (M-0,52 [0,46; 0,57] e F-0,47 [0,41; 0,52]), excesso de peso (M- 0,15 [0,11; 0,19] e F-0,22 [0,18; 0,27]), obesidade (M-0,15 [0,12; 0,2] e F-0,15 [0,12; 0,2]).

Verificou-se um conjunto de associações para as diversas variáveis analisadas. A nacionalidade dos pais tem uma relação estatisticamente significativa com as variáveis tarefas de casas, prática de desporto como *hobby*, prática de desporto fora da escola e consumo de diversos alimentos (refrigerantes, ovos, batatas fritas, saladas, doces e *fast-food*). A variável ser filho único também apresentou relações estatisticamente significativas com a prática de desporto fora da escola, consumo de ovos e consumo de salada. Por último, a prática de desporto fora da escola está relacionada com a etnia das crianças e o estado nutricional tem relação significativa com o consumo de refrigerantes e com o número de horas de sono.

Conclusões: Os resultados do presente estudo evidenciaram que as prevalências de excesso de peso e obesidade se enquadram nos valores actualmente descritos para a Europa. Torna-se, então, urgente desenvolver uma correcta política de educação

e prevenção, que deve passar não só pelos próprios jovens e crianças, mas também pelos pais, escola, profissionais de saúde e sociedade em geral. Propõe-se, assim, uma avaliação dos programas de educação alimentar iniciados pelo Centro de Saúde do Barreiro de modo a determinar se os recursos utilizados nestas intervenções estão a ser bem direccionados.

PEREIRA, Ana Paula Vicente (2010) Identificação Molecular de Candidoses invasivas no Centro Hospitalar Cova da Beira, E.P.E. – Métodos Convencionais vs. Métodos Moleculares, Dissertação de Mestrado Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Resumo: As leveduras são fungos oportunistas responsáveis pela maior parte das infecções fúngicas nos seres humanos. Este tipo de infecções é mais comum em indivíduos com o sistema imunitário comprometido e têm vindo a aumentar ao longo dos anos. A espécie *Candida albicans* é a mais frequentemente identificada, como sendo responsável por este tipo de infecções, no entanto, o número de infecções provocadas por outras espécies do género *Candida* ocorre cada vez com mais frequência.

As infecções hospitalares fúngicas constituem uma causa crescente de morbilidade e mortalidade em hospitais, afectando tanto doentes internados, como profissionais de saúde. Do ponto de vista etiológico, a grande maioria das infecções fúngicas hospitalares é causada por espécies do género *Candida*, principalmente *Candida albicans*, *C. parapsilosis*, *C. tropicalis* e *C. glabrata*. A sua identificação taxonómica, geralmente exige o seu isolamento inicial em meios de cultura, a realização de provas bioquímicas de assimilação *in vitro*, com a utilização de “kits” comerciais, ou a sua repicagem para meios cromogénios.

O principal objectivo deste trabalho foi a identificação rápida e eficaz de candidoses invasivas através de uma metodologia molecular de diagnóstico que fosse simples e fácil de implementar em laboratórios de diagnóstico microbiológico. Para tal, foram seleccionados 100 isolados clínicos de leveduras obtidas a partir de amostras clínicas enviadas para o Laboratório de Patologia Clínica do Centro Hospitalar Cova da Beira E.P.E. para o diagnóstico laboratorial de infecção fúngica durante um período de 8 meses, desde Novembro de 2008 até Junho de 2009.

O trabalho baseou-se na identificação molecular por PCR-RFLP de espécies do género *Candida*, e os resultados foram comparados com os obtidos pelos métodos de diagnóstico tradicionais (CHROMagar® *Candida* e VITEK® - bioMérieux) utilizados no laboratório hospitalar.

Foi ainda efectuado o estudo da sensibilidade *in vitro* de espécies do género *Candida* aos antifúngicos fluconazol, voriconazol, através dos métodos, de difusão em disco e E-Test®, segundo os procedimentos padronizados e publicados pelo

CLSI, tendo-se verificado elevada sensibilidade dos isolados para ambos os fármacos.

Com este trabalho concluiu-se que a eficiente e rápida identificação dos fungos clinicamente relevantes por parte dos laboratórios de patologia clínica deve ser uma tarefa fundamental para o controle das infecções. A identificação ao nível da espécie é importante para determinar a etiologia da infecção, para detectar novos agentes da doença, para prever resistências intrínsecas a agentes antifúngicos e para detectar causas de infecções nosocomiais. Face ao exposto, os estudos epidemiológicos são de extrema importância, assim como o diagnóstico das infecções fúngicas.

O diagnóstico das infecções fúngicas continua a ser efectuado por métodos tradicionais, que avaliam características fisiológicas e bioquímicas dos elementos fúngicos, mas que apesar de serem eficazes são, na sua maioria, demoradas impedindo um início rápido e atempado da terapêutica. Como tal, os métodos moleculares podem constituir uma alternativa mais viável ao diagnóstico micológico, nomeadamente de leveduras do género *Candida*, como se pode comprovar pelos resultados obtidos neste trabalho.

PEREIRA, Joel da Costa (2010) Avaliação do Impacto do Processo de Bolonha nos Enfermeiros em Portugal: Construção de um Modelo para Avaliação de Impacto de Políticas Intersectoriais, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Contexto:* Os recursos humanos são considerados por diversos autores como o elemento chave dos sistemas de saúde, apesar de nem sempre se lhes ter sido dada a devida atenção. O planeamento estratégico dos recursos humanos de saúde, num ambiente instável, como o que se vive actualmente, pode ser influenciado não só por reformas no sector da saúde mas também, por reformas de outros sectores. Neste sentido, seria útil que parte desse planeamento incluísse uma análise dos efeitos que as políticas intersectoriais têm ou terão nos RHS. Deste modo, pretende-se durante este trabalho contribuir para o desenvolvimento de um modelo que, permita avaliar o impacto que, políticas intersectoriais terão nos RHS, mais especificamente nos Enfermeiros em Portugal.

Objectivo: Construir um modelo de avaliação dos potenciais impactos de uma política intersectorial, na força de trabalho dos RHS em Portugal. Avaliar o impacto do Processo de Bolonha na força de trabalho dos Enfermeiros em Portugal.

Material e métodos: Para concretização deste estudo recorreu-se a métodos mistos qualitativos e quantitativos. O desenho proposto insere-se numa estratégia transformativa sequencial (Creswell, 2009), tendo o estudo sido desenvolvido ao longo de duas etapas principais. A primeira para construção e validação teórica do modelo de RHS que serviria de base à Avaliação de Impacto. Uma segunda etapa para aplicação do questionário construído ao Processo de Bolonha.

Resultados: O modelo seleccionado para Avaliação de Impacto foi considerado valido e consensual pelos respondentes, mas insuficiente para explicar todos os efeitos. Dos resultados da aplicação do questionário sobre o Processo de Bolonha, salientam-se entre outros alguma heterogeneidade nas respostas obtidas, os efeitos positivos nas subdimensões Planeamento, Recrutamento, Supervisão/gestão, Apoio Sistémico, Equidade e Capacidade de Resposta. Efeitos negativos nas subdimensões Planeamento, Educação/re-treinamento, Compensação e Equidade. Destas respostas sobressai, o facto de, os enfermeiros entrarem no mercado de trabalho apenas com o 1º ciclo como um dos factores mais referido pelos respondentes, como tendo, efeitos importantes, na Enfermagem em Portugal.

Conclusões: Apesar do Processo de Bolonha ser uma política em implementação, é importante ter em consideração os efeitos já descritos, que não estão explícitos na política. Existe carência de evidência para fundamentar alguns desses efeitos. No entanto, este trabalho dá algumas indicações sobre alguns efeitos que necessitam desde já de uma monitorização, tais como por exemplo, as potenciais desigualdades que podem surgir em comparação com outras classes de profissionais de saúde. De entre as recomendações sugeridas destacam-se, entre outras, a necessidade de adequar a formação às necessidades de cuidados de enfermagem da população e ao mercado de trabalho e a necessidade de garantir a qualidade do ensino e fomento da aplicação dos princípios de Bolonha.

PEREIRA, Maria Caetano (2010) Comparação dos Utentes do Antigo Hospital do Desterro com os Utentes do Hospital de São José no acesso à consulta de Medicina Interna, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Cenário: o presente estudo surge no contexto de encerramento do Hospital do Desterro (HD) sendo os seus serviços integrados nas restantes unidades que compõem o Centro Hospitalar de Lisboa zona Central (CHLzC), nomeadamente, o Hospital de S. José (HSJ), Hospital de Stº. António dos Capuchos, Hospital de Santa Marta e Hospital de D. Estefânia. No caso particular deste estudo, é focada a atenção na integração do serviço de Consulta Externa de Medicina Interna no Hospital de São José.

Objectivos: comparar o acesso à consulta externa de Medicina Interna (MI) do HSJ dos utilizadores da consulta externa de MI do HD (nos três meses que antecederam a transferência do serviço) com o dos sujeitos que já eram utilizadores da consulta externa de MI do HSJ, antes da integração de serviços; Averiguar qual a percepção do Grupo I (utilizadores dos últimos três meses do serviço de consulta externa de Medicina Interna do Hospital do Desterro) acerca dos efeitos do encerramento do Hospital do Desterro no acesso à consulta externa de Medicina Interna; Verificar se determinadas condições (falta de conhecimentos no que respeita à deslocação do domicílio ao HSJ, falta de conhecimentos no que respeita à deslocação até às

instalações do Serviço de consulta Externa de Medicina Interna, incompatibilidade do horário de funcionamento da consulta com a disponibilidade do utente, tempo de espera para ser atendido antes da consulta, tempo de espera entre a saída da consulta e a saída do HSJ, gastos totais de uma ida à consulta e tempo dispendido na viagem do domicílio para o HSJ) constituem razões para a não comparência do Grupo I (utilizadores dos últimos três meses do serviço de consulta externa de Medicina Interna do Hospital do Desterro) e do Grupo II (utilizadores da consulta externa de Medicina Interna do Hospital de S. José, no período acima descrito) à(s) consulta(s) de Medicina Interna marcada(s) em 2008 no HSJ.

População e Métodos: trata-se de um estudo epidemiológico, transversal e analítico, optando-se pelo método de amostragem aleatória proporcionalmente estratificada dos dois grupos em estudo, de acordo com o género e idade da população previamente analisados, e de dimensão igual a 256 elementos para cada um dos grupos.

A colheita de dados foi realizada através da aplicação de um questionário, por via telefónica, aos dois grupos de sujeitos precedida por o envio de uma carta registada com aviso de recepção explicando os contornos do estudo. Realizada a análise dos dados comparando os dois grupos através do teste de homogeneidade e independência do qui-quadrado, ANOVA *one-way*, e regressão ordinal.

Principais resultados: Existem diferenças estatisticamente significativas no acesso potencial entre o grupo I (HD) e o grupo II (HSJ) nomeadamente no que diz respeito à idade, às expectativas antes da última consulta, ao estado civil, ao número de crianças residentes na mesma casa do respondente, à escolaridade, à percepção sobre acessibilidade física ao HSJ, à distância e tempo de viagem do domicílio ao HSJ e à situação profissional.

Existem diferenças estatisticamente significativas no acesso realizado entre o grupo I (HD) e o grupo II (HSJ) nomeadamente no que toca ao número de consultas marcadas, em 2008 no HSJ a que o utente não compareceu, à percepção sobre a qualidade do atendimento pelo administrativo, ao tempo de espera antes da consulta, ao nível de qualidade percebida acerca das informações recebidas pelo médico sobre o seu próprio estado de saúde, ao envolvimento na decisão terapêutica, ao cumprimento das expectativas, à qualidade global percebida, à satisfação global, à lealdade e à probabilidade de recomendação do serviço de MI do HSJ a familiares, amigos ou colegas.

Após o encerramento do HD, é reportado pelos seu antigos utentes, um aumento do tempo de espera imediatamente antes da consulta, uma perda de qualidade global no serviço prestado, a perda de facilidade na obtenção da consulta de MI e um sentimento de prejuízo após a transferência da consulta de MI para o HSJ.

A percepção de uma perda na qualidade global do serviço após o encerramento do HD veio a diminuir a probabilidade de perceber tempos de espera imediatamente antes da consulta mais breves, a diminuir a probabilidade de seleccionar os níveis mais altos de qualidade do atendimento pelo médico no que respeita à disponibilização de informações acerca do estado de saúde, contrariamente ao que seria de esperar a aumentar a probabilidade de indicar altos

níveis de envolvimento na decisão terapêutica e a diminuir a probabilidade de ser leal à consulta de MI.

A percepção de uma perda de facilidade na obtenção da consulta de MI após o encerramento do HD veio a diminuir a probabilidade de seleccionar os níveis mais elevados de qualidade do atendimento pelo administrativo.

O sentimento de prejuízo após o encerramento do HD, veio a diminuir a probabilidade de superar as expectativas iniciais relativamente ao serviço prestado na consulta de MI no HSJ.

O tempo de espera imediatamente antes da consulta, o tempo de viagem e os gastos totais inerentes à realização de uma consulta constituem as principais razões para não comparecer a uma consulta marcada.

O facto de ter sido utente da consulta de MI do HD aumenta a probabilidade de faltar a consultas de MI no HSJ, diminui a probabilidade de percepcionar níveis elevados na qualidade do atendimento pelo administrativo, aumenta a probabilidade de percepcionar tempos de espera longos imediatamente antes da consulta, diminui a probabilidade de experimentar altos níveis de satisfação com o serviço recebido na consulta de MI no HSJ, diminui a probabilidade de ser leal à consulta de MI do HSJ e diminui a probabilidade de recomendar este serviço a familiares, amigos e colegas.

Conclusão: os presentes resultados constituem uma primeira obtenção de conhecimento relativamente ao efeito da decisão política que levou ao encerramento do HD no acesso da população aos serviços de saúde, nomeadamente, o acesso ao serviço de consulta externa de Medicina Interna. O encerramento desta unidade de saúde e a consequente transferência da consulta de MI para o HSJ teve um efeito negativo em importantes componentes de acesso realizado como sejam a utilização de serviços, a qualidade apercebida sobre o serviço prestado, a satisfação, a lealdade, e a recomendação a familiares, amigos ou colegas.

RAMOS, Jorge (2010) Transporte de brometo de etídio através da parede celular de *Mycobacterium smegmatis*: desenvolvimento e aplicação de metodologias de quantificação do transporte e correlação com a resistência aos antibióticos, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa

Resumo: O efluxo activo e a permeabilidade celular reduzida são consideradas as principais causas da resistência intrínseca micobacteriana a diversos antimicrobianos. Neste estudo comparámos a capacidade de extrusão do brometo de etídio (EtBr), um substrato universal de bombas de efluxo, pela estirpe selvagem *M. smegmatis* mc2155 com estirpes mutantes deletadas para LfrA e MspA, respectivamente a principal bomba de efluxo e porina de *M. smegmatis*, na presença e ausência dos inibidores de bombas de efluxo (IBEs) verapamil,

tioridazina, clorpromazina e carbonil cianeto mclorofenilhidrazona (CCCP) e correlacionámos estes resultados com a capacidade destes IBEs em reduzir a susceptibilidade de *M. smegmatis* a diversos antibióticos.

Os resultados obtidos mostram que, na ausência da principal porina de *M. smegmatis*, MspA, a acumulação de EtBr diminui e as células tornam-se igualmente mais resistentes a diversos antibióticos. Quando a principal bomba de efluxo de *M. smegmatis*, LfrA, é deletada a estirpe mutante apresenta um incremento na acumulação de EtBr e um aumento na susceptibilidade ao EtBr, isoniazida, rifampicina, etambutol e ciprofloxacina. Na presença dos IBEs testados, com excepção do CCCP, observa-se uma redução da concentração mínima inibitória para a estreptomicina, rifampicina, amicacina, ciprofloxacina, claritromicina e eritromicina.

Estes resultados colocam em evidência que a porina MspA é um canal importante para a entrada de EtBr e antibióticos nas células e que o efluxo activo através da bomba de efluxo LfrA está envolvido na resistência de baixo nível a diversos antibióticos e EtBr em *M. smegmatis*.

As metodologias desenvolvidas neste trabalho e os resultados obtidos proporcionaram um contributo para o melhor conhecimento dos dois principais mecanismos responsáveis pela resistência intrínseca micobacteriana a diversos antimicrobianos, considerada como um importante factor facilitador da aquisição e estabilização de um património genético que conduz ao desenvolvimento de resistência de alto nível em micobactérias.

REIS, Lúgia (2010) O conhecimento sobre o medicamento e a literacia em saúde – Um estudo em adultos, utentes de farmácias do concelho de Lisboa, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.-

Resumo: Estudos recentes realizados nas farmácias portuguesas evidenciaram elevadas percentagens de indivíduos que não aderem à terapêutica. Em consequência não controlam adequadamente o seu problema de saúde e geram desperdício do medicamento. A utilização do medicamento requer conhecimento, competências e motivação por parte do indivíduo-utilizador. A informação sobre o medicamento é disponibilizada de forma verbal e escrita, desconhecendo-se até hoje, na população portuguesa, em que medida as competências de literacia da saúde permitem a sua obtenção, o uso e a compreensão quando perante a necessidade de utilizar medicamentos.

Foi objectivo do presente estudo medir o conhecimento sobre o medicamento numa amostra de utentes de farmácia com idades compreendidas entre os 45 e os 64 anos, analisando de que forma está associado a competências de literacia da saúde. Realizou-se um estudo analítico transversal com a colaboração voluntária de

farmácias do concelho de Lisboa que recolheram os dados mediante inquérito por entrevista quando o utente se encontrava na farmácia a adquirir a sua terapêutica.

A amostra estudada foi constituída por 233 utentes com uma idade média de 57 anos ($dp=5,7$), maioritariamente do género feminino, activos, com uma escolaridade igual ou inferior ao 9º ano e com hábitos gerais de leitura referindo ler frequentemente (26%) ou muito frequentemente (30%). Em média responderam correctamente a 10,48 perguntas num total de 13 ($dp=1,779$), sendo este conhecimento independente do sexo ($p=0,791$) e da idade ($p=0,131$). O número de respostas correctas é, no entanto, maior quanto maior grau de escolaridade ($p=0,000$), a categoria profissional exercida ($p=0,000$), os hábitos de leitura ($p=0,000$), o índice de compreensão de informação ($p=0,003$), intensidade de leitura de informação sobre saúde ou medicamento ($p=0,005$), facilidade de utilização do folheto informativo do medicamento ($p=0,027$), intensidade de cálculo ($p=0,018$) e tempo de utilização do medicamento ($p=0,047$).

Do conjunto de indicadores de literacia analisados, o grau de escolaridade, o índice de compreensão da informação transmitida pelos profissionais de saúde e a intensidade de leitura de materiais escritos relacionados com o medicamento ou saúde, são os que mais contribuem para o conhecimento sobre o medicamento, embora se revelem fracamente preditivos do nível de conhecimento ($R^2=0,013$).

Evidencia-se neste estudo que o conhecimento que os indivíduos possuem sobre o medicamento é influenciado de forma positiva por competências de literacia em saúde. Em consequência, as intervenções que visam melhorar a utilização do medicamento e as estratégias de comunicação em saúde, tanto verbal como escrita, devem ter em consideração o nível de literacia em saúde da população.

REISINHO, Ana Teresa (2010) Actualização da prevalência de Leishmaniose canina nos concelhos de Setúbal e Palmela, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: A leishmaniose constitui uma das doenças tropicais mais negligenciadas em todo o Mundo. Na região Mediterrânica, a doença na forma visceral atinge preferencialmente crianças com idade inferior a três anos e adultos imunocomprometidos. É causada por protozoários da espécie *Leishmania infantum*. O cão é considerado o principal reservatório peridoméstico para a infecção humana, conferindo grande importância a esta zoonose em termos de Saúde Pública. A leishmaniose também possui elevada importância em Medicina Veterinária, por causar doença grave no cão. Não obstante, embora a infecção por *Leishmania infantum* esteja amplamente difundida na população canina das áreas endémicas, apenas uma fracção destes cães desenvolve doença clínica.

O diagnóstico e tratamento precoces da leishmaniose canina são essenciais, quer para controlar a expansão da doença, quer como parte integrante de um sistema de controlo da leishmaniose visceral humana zoonótica. Estudos realizados na Península de Setúbal na década de 1980 estabeleceram a seroprevalência da

doença na população canina em 11,5% (Abranches *et al*, 1983). Outro estudo, realizado na região de Lisboa entre Dezembro de 2002 e Dezembro de 2003, estimou a prevalência da infecção por *L. infantum* em 18,4% nos cães domésticos e 21,6% nos cães sem dono (Cortes *et al*, 2007).

Neste trabalho foi efectuada uma actualização da prevalência de leishmaniose canina nos Concelhos de Palmela e Setúbal. Realizaram-se colheitas de sangue periférico a uma amostra aleatória constituída por dois grupos de cães: 100 que se apresentaram à consulta a uma clínica veterinária localizada em Palmela (representando cães com dono) e 83 cães abrigados por uma associação de defesa de animais, situada em Setúbal (considerados sem dono). O rastreio serológico foi efectuado com recurso ao teste de aglutinação directa e os soros com resultados positivos naquela reacção foram também analisados por contra-immunoelectroforese e imunofluorescência indirecta. Também foi feita pesquisa parasitológica por PCR no sangue periférico. Determinou-se a seroprevalência total de leishmaniose de 7,1%, para a população canina estudada (5% no grupo de cães da clínica e 9,6% para o grupo de cães da associação). Utilizando o teste de qui-quadrado, não foram encontradas diferenças significativas entre os dois grupos estudados. Foi preenchido um questionário no acto da colheita das amostras biológicas, para avaliar a importância de determinados factores (género, porte, proveniência, tipo de *habitat*, uso de repelentes do vector e co-habitação com outros cães) envolvidos na infecção. Embora os testes aplicados sugerissem algumas tendências, nenhum dos parâmetros avaliados se revelou como factor de risco de forma estatisticamente significativa.

**ROCHA, Maria Raquel Baptista do Espírito Santo (2010)
Seroprevalência e subtipos do vírus da hepatite C circulantes em indivíduos co-infectados com o vírus da imunodeficiência humana, Dissertação de Mestrados em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.**

Resumo: Mundialmente, estima-se que 40 milhões de pessoas estejam infectadas com VIH, 5 milhões das quais cronicamente infectadas com VHC. A co-infecção com VIH aumenta a taxa de persistência do VHC, acelera a velocidade de progressão da doença hepática e reduz significativamente a resposta à terapia do VHC. O VHC possui extensa diversidade genética, sendo classificado em seis genótipos e cerca de 90 subtipos com padrões epidemiológicos e resposta à terapia distintos. Tendo isto presente e devido a serem limitados os dados relativos aos genótipos e subtipos do VHC circulantes em Portugal e ainda ao facto de os utilizadores de drogas injectáveis (UDIs) serem um grupo de risco importante para a co-infecção por VIH e VHC, realizámos um estudo retrospectivo para determinar a prevalência da infecção por VHC e a distribuição de subtipos deste vírus num grupo de UDIs infectados com VIH.

Amostras de plasma de 66 indivíduos (1998-2001) foram testadas para anticorpos anti-VHC (ensaio imunoenzimático) e RNA do VHC (amplificação da 5'UTR por RT-PCR). Para identificar os subtipos de VHC e detectar recombinantes, as amostras com RNA viral detectável foram sujeitas a amplificação, sequenciação e análise filogenética de sequências nucleotídicas parciais para C/E1 e NS5B.

Encontrámos que 86,4% dos indivíduos possuíam anticorpos anti-VHC, 93,0% dos quais com infecção activa. Todas as amostras, exceptuando duas, com RNA viral detectável originaram amplicões para C/E1 e NS5B. A análise filogenética permitiu incluir as estirpes de VHC nos subtipos 1a (43,8%), 1b (3,6%), 2a (1,8%), 3a (21,1%), 4a (8,8%) e 4d (15,8%), revelando um padrão epidemiológico semelhante ao dos UDIs de outros países do Sul da Europa. Apenas uma amostra apresentou discordância entre os subtipos das duas regiões (4d para C/E1 e 4a para NS5B) sugerindo um potencial recombinante intragenótipo.

No total, os subtipos 1a, 4a e 4d do VHC são responsáveis por 68,4% das infecções nos UDIs infectados com VIH analisados. Considerando que apenas 20-30% dos doentes positivos para VIH e co-infectados com os genótipos 1 e 4 respondem à terapia do VHC e que ocorre transmissão do VHC dos UDIs para a população em geral, são prioritários estudos alargados de vigilância epidemiológica e implementação de estratégias de prevenção para controlar ambos os vírus neste grupo de risco.

RODRIGUES, Rúben (2010) Aplicação de métodos moleculares ao diagnóstico de *Giardia lamblia* e de *Entamoeba spp.*, Dissertação de Mestrado em saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Entamoeba histolytica* e *Giardia lamblia* são protozoários com distribuição mundial que frequentemente infectam o Homem, sendo causadores de elevada morbidade associada com quadros de diarreia.

Este estudo consistiu na utilização de métodos moleculares na detecção e identificação destes parasitas em amostras de fezes recebidas no Laboratório de Patologia Tropical do Instituto de Higiene e Medicina Tropical (Lisboa, Portugal), no período decorrente entre Setembro de 2007 e Agosto de 2009. .

Foi igualmente avaliada a eficácia e custo-benefício de um método alternativo de conservação para material biológico fecal – o papel de filtro, para subsequente extracção de DNA.

Foram analisadas microscopicamente 80 amostras, 23,8 % (19/80) das quais positivas para *Giardia* e 27,5% (22/80) positivas para *Entamoeba spp.*. Através do método molecular da PCR, amplificou-se com sucesso DNA de *Giardia* para o gene *ssurRNA* em 94,7% (18/19) das amostras microscopicamente positivas. No que se refere às amostras positivas por exame microscópico para *Entamoeba spp* foi detectada *E. dispar* em 50,0% (11/22) das amostras após amplificação de parte do gene 16S *rRNA*. Adicionalmente foi também detectado DNA de *E. histolytica* em

20,0% (4/20) das amostras analisadas, microscopicamente negativas para *Entamoeba* spp..

Neste estudo realizou-se a genotipagem de *G. lamblia* utilizando parte dos genes *bg* (*beta-giardina*), *tpi* (*triose-fosfato isomerase*) e *gdh* (*glutamato desidrogenase*), que revelou haver 61,5% (8/13) dos isolados pertencentes ao genótipo B e 38,5% (5/13) do genótipo A.

A determinação de subgenótipos através da análise de SNP's para os 3 genes só foi possível para o gene *bg* do genótipo A, revelando 3 amostras correspondentes ao subgenótipo A2 e uma para o subgenótipo A3. Para os restantes genes não foi possível a determinação de subgenótipos devido à presença de polimorfismos genéticos para ambos os genótipos A e B.

Realizou-se também a análise filogenética concatenada que apenas permitiu a integração de três amostras identificadas com o genótipo A no subgenótipo All.

Os resultados obtidos neste trabalho demonstram que a microscopia associada às técnicas moleculares possibilita a diferenciação das espécies do complexo *Entamoeba* favorecendo o correcto diagnóstico desta patologia e consequente tratamento. Para além disso, o uso dos métodos moleculares contribuiu para o esclarecimento e compreensão dos genótipos de *Giardia* em humanos.

Neste estudo a utilização do método de conservação, papel de filtro apresentou um menor custo e elevada eficácia em relação aos métodos normalmente utilizados, conservação a -20°C. Sugerindo a sua utilização com sucesso em estudos epidemiológicos em especial em zonas endémicas de condições precárias.

SACCHETTI, Maria (2010) A malnutrição infantil numa área remota de Timor Leste influência das práticas e atitudes do enfermeiro e factores que as determinam, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Estima-se que Timor Leste atinge níveis de mortalidade infantil muito elevados, cerca de 60 por 1000 nados vivos. Entre as mais comuns causas de morte destas crianças, aponta-se a malnutrição. Mais de uma em cada dez crianças timorenses sofrem de malnutrição, das quais uma em cada duas padece de malnutrição crónica (Unicef, 2007).

Inadequadas práticas de cuidados de saúde materno-infantil são apontadas como causa subjacente do estado nutricional destas crianças, dada a provável existência de limitações no desempenho dos profissionais de saúde, em particular na sua intervenção face à malnutrição infantil. Competência, motivação, crenças e valores, feedback e atitude no trabalho, são apontados como alguns dos factores individuais que determinam o desempenho do enfermeiro.

Através de uma abordagem qualitativa, utilizando como metodologia o estudo exploratório descritivo etnográfico, procurou-se explorar a influência de factores individuais no desempenho do enfermeiro face à malnutrição infantil, no Distrito de

Lautem, em Timor Leste. Através da técnica de observação directa dos enfermeiros durante a prevenção, rastreio e tratamento da malnutrição infantil, reconheceram-se as suas práticas. Recorrendo posteriormente a entrevistas semi-estruturadas e análise de conteúdo das mesmas, identificaram-se as suas atitudes face à malnutrição infantil e factores determinantes presentes.

Foi possível constatar nos resultados a presença de crenças e valores determinantes nas práticas dos enfermeiros, na abordagem à criança durante os rastreios de malnutrição. A atitude no trabalho é marcada principalmente pela falta de empatia para com os pais das crianças e revelação de práticas imprudentes, associadas à falta de competências. A necessidade de formação profissional foi assumida pelos próprios enfermeiros, ao contrário do insucesso das suas intervenções, que não foi assumido, o que poderá vir a ser uma barreira ao processo de mudança necessário à reversão da situação. A ausência de feedback positivo declarada, associada à falta de supervisão adequada, foram também identificados como factores presentes. Por outro lado, os enfermeiros demonstram-se coesos, privilegiando o trabalho de equipa e funcionando em uniformidade. A capacidade para lidar com o stress e espírito de missão, foram também apontados como mais-valias.

SANTOS, Francisco Flores (2010) Neuropatia Incapacidade e Aspectos Ortopédicos da Lepra na Guiné-Bissau, Dissertação de Mestrado em Saúde Tropical, IHMT, Lisboa.

Resumo: A lepra resulta da infecção por *M. leprae*. Manifesta-se fundamentalmente por lesões cutâneas e dos nervos periféricos podendo, no entanto, atingir outros órgãos e sistemas. A neuropatia periférica a nível dos membros, com consequente disfunção sensitiva e motora, pode culminar em lesões deformantes e gravemente incapacitantes. A terapêutica médica e cirúrgica, bem como a reabilitação têm um lugar importante na prevenção e no tratamento destas lesões.

Este foi um estudo de carácter observacional, transversal e analítico, com o objectivo de caracterizar uma população de doentes com lepra no que se refere às sequelas do foro neuro-músculo-esquelético. Pretendeu-se avaliar o seu impacto em termos de incapacidade, de forma a determinar as necessidades no que respeita a intervenções preventivas e terapêuticas.

A população estudada incluía dois grupos de doentes com diagnóstico de lepra – novos doentes (ND) e antigos doentes (AD) – internados ou seguidos em ambulatório no Hospital de Cumura, onde confluem todos os casos de lepra reportados na Guiné-Bissau. Para a colheita de dados foi realizada a consulta de registos clínicos do hospital, bem como a avaliação de doentes segundo um protocolo elaborado para o efeito. Para a classificação da incapacidade foi usado o *Maximum Impairment Grade* da OMS e o *Eye Foot and Hand Score*.

A amostra consistiu em 82 doentes (54 ND e 28 AD). No grupo ND obteve-se 9,3% de indivíduos com idade inferior a 15 anos, 63,0% de indivíduos com doença do tipo

multibacilar (MB) e 29,6% de indivíduos com incapacidade grau 2. Neste grupo os indivíduos paucibacilares (PB) apresentavam 10,0% de incapacidade grau 2 e os MB 41,2%. No grupo dos AD a incapacidade grau 2 ocorreu em 80,0% dos casos. Os troncos nervosos mais frequentemente envolvidos foram, por ordem decrescente de frequência: 1) nos ND, o tibial posterior, o mediano, o cubital, o ciático popliteu externo e o radial; 2) nos AD, o tibial posterior, o cubital, o mediano, o ciático popliteu externo e o radial. Os troncos nervosos que mais se associaram a lesões/deformidades foram nos ND e AD: o tibial posterior, cubital e mediano. As lesões dos membros mais frequentes foram: 1) nos ND, feridas e úlceras das mãos e dos pés, mutilação de dedos das mãos; 2) nos AD, mutilação das mãos e pés e mão em garra. O pé pendente/equino ocorreu apenas nos AD. Após o diagnóstico a maioria dos AD foram abandonados pela família ou amigos e encontravam-se dependentes nas actividades domésticas. Globalmente, 78% não retomou a sua actividade profissional (na maior parte das vezes ligada ao trabalho rural) ou mudou de ocupação.

Os resultados obtidos sugerem que uma proporção importante de indivíduos está a ser diagnosticada tardiamente, o que pode corresponder a um maior número de casos detectados activamente em zonas antes não abrangidas pelas actividades de controlo da lepra. A maioria dos novos casos detectados eram MB, que correspondiam aos que apresentavam maior incapacidade. Os troncos nervosos mais atingidos foram os descritos na literatura, resultando nas lesões habituais. Estas são abordadas correctamente se passíveis de tratamento conservador, contudo parece escassear o recurso a soluções cirúrgicas. Estas lesões estiveram associadas a impacto negativo na qualidade de vida e integração social destes doentes.

O estudo sugere que a detecção precoce da lepra e das lesões incapacitantes a ela associadas podem ser optimizadas no hospital de Cumura. Existe lugar para o tratamento cirúrgico que pode alterar a história natural da doença e suas consequências físicas, familiares e sociais.

SERRAS, Ana Filipa Duque (2010) *Chlamydia trachomatis*: genótipos circulantes, comparação de métodos para o seu diagnóstico e necessidade do seu rastreio, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: As infecções urogenitais originadas por *Chlamydia trachomatis* têm aumentado nos últimos anos em todo o mundo, afectando essencialmente jovens adultos com vida sexual activa. O seu rastreio recomenda-se nas mulheres entre os 19-25 anos de idade em alguns países Europeus, desde que seja de custo eficaz, para prevenção das suas complicações (doença inflamatória pélvica e infertilidade). Os testes de amplificação de ácidos nucleicos (NAATs) são cada vez mais utilizados no seu diagnóstico pela sua elevada sensibilidade e especificidade.

Este estudo teve como objectivo conhecer a prevalência de infecção urogenital por *C. trachomatis* em populações de risco, através das técnicas de Multiplex PCR e de PCR em Tempo Real e identificar os genótipos de *C. trachomatis*. Pretendeu-se também conhecer a prevalência de anticorpos anti-*C. trachomatis* e verificar a necessidade de execução do rastreio da infecção urogenital por *C. trachomatis*.

C. trachomatis foi identificada em amostras de indivíduos da consulta de venereologia do Hospital de Santa Maria e da consulta da Unidade de DST do Instituto de Higiene e Medicina Tropical, com uma prevalência de 25% (10/40) e 6,8% (5/74), respectivamente, tendo sido identificados quatro genótipos diferentes, D, Da, E e F. A técnica de PCR em Tempo Real apresentou melhores resultados na identificação de *C. trachomatis* do que a de Multiplex PCR.

A prevalência de anticorpos anti-*C. trachomatis* da classe IgG com um título de 1:320 foi de 59,4% (57/96) e com um título de 1:1.000 foi de 39,6% (38/96). A prevalência de anticorpos da classe IgM, geralmente associada a infecção aguda, foi 35,9% (14/39) dos indivíduos.

No presente estudo verificou-se que, embora a pesquisa de anticorpos não pareça ser eficiente no diagnóstico de *C. trachomatis*, pode eventualmente ser útil como marcador epidemiológico de infecção.

O elevado número de anticorpos presente nos indivíduos do nosso estudo parece indicar a necessidade do rastreio da infecção urogenital por *C. trachomatis* neste tipo de populações.

SILVA, Alexandre Maciel da (2010) Prevalência de parasitoses intestinais em crianças e funcionários de uma creche comunitária na comunidade “Entra a Pulso” da cidade de Recife, Pernambuco, Brasil: detecção e identificação de *Cryptosporidium* spp e *Giardia* sp. através de técnicas de biologia molecular, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: Apesar do crescente desenvolvimento científico e tecnológico observado nos últimos anos, as doenças parasitárias ainda constituem um importante problema de saúde pública, principalmente nos países em desenvolvimento. Este estudo tem como objectivo verificar a prevalência de parasitoses intestinais em crianças matriculadas na creche comunitária Nossa Senhora de Boa Viagem, bem como os funcionários e seus filhos, para detecção e identificação de *Cryptosporidium* spp. e *Giardia* sp. através de técnicas de biologia molecular (*nested-PCR*/sequenciação de DNA). As amostras de fezes (94) foram obtidas de 58 crianças da creche, 18 funcionários e seus filhos (18). Estas amostras foram examinadas pelo método direto em esfregaços fecais após coloração com Lugol, utilizando o método modificado formol-éter. Para a identificação de *Cryptosporidium* as amostras foram coradas em lâmina pelo método Ziehl-Neelsen modificado (MT). Em amostras positivas por microscopia, o DNA dos ooquistos/quistos foi extraído pelo método

Mini-BeadBeater/silica. As espécies e genótipos dos isolados identificados foram determinadas por *nested-PCR* de um fragmento da subunidade menor (SSU) do gene rRNA.

Para subsidiar os resultados obtidos dessa colheita foi utilizado também um questionário, o qual foi aplicado às mães e/ou responsáveis pelas crianças e aos funcionários, contendo a identificação do paciente e fatores predisponentes às parasitoses (tipo de abastecimento de água, destino do esgoto, possuir animais domésticos, higiene das mãos e pessoal).

Os resultados dos exames coprológicos evidenciaram que do total dos parasitados 43 (45,8%) eram positivos para pelo menos um parasita. sete (16,3%) eram funcionários e 36 (83,7%) eram crianças, sendo 27 (62,8%) do sexo feminino e 16 (37,2%) do sexo masculino, sem que fosse detectada diferença significativa entre os gêneros. Em relação às espécies de parasitas, os dados evidenciaram maior prevalência de *Cryptosporidium* spp. (53,4%) seguida de *Giardia* sp. (44,2%). A caracterização genética dos isolados

evidenciaram presença de *C. parvum* e *Giardia duodenalis*.

Os resultados e os dados epidemiológicos obtidos, neste estudo, reforçam a importância do diagnóstico e controle das enteroparasitoses na população de crianças frequentadoras de instituições comunitárias assim como dos seus funcionários, representando, ainda, um grave problema de saúde pública em países em desenvolvimento.

SILVA, Inês Filipa Horta Pancada Lopes da (2010) Tipagem molecular de isolados clínicos e ambientais de *Cryptococcus neoformans*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: As micoses estão incluídas entre as doenças infecciosas mais ubíquas em todo o mundo, afectando todos os estratos sociais e todos os grupos etários numa variedade de manifestações superficiais, cutâneas, subcutâneas e sistémicas. Um diagnóstico rápido e eficaz destas doenças, com uma correcta identificação da espécie fúngica responsável pela infecção, é essencial para um planeamento do tratamento mais eficaz para o doente infectado. Tem-se registado um aumento da incidência das infecções fúngicas também em consequência do aumento do número de casos de doentes imunodeprimidos, devido particularmente à crescente utilização de terapêuticas imunossupressivas, procedimentos médicos invasivos, prescrição de tratamentos prolongados, entre outros aspectos. O aparecimento da epidemia da Imunodeficiência Humana no início da década de 80, causada pelo vírus VIH, contribuiu também decisivamente para o aumento das infecções fúngicas oportunistas.

A Criptococose é uma infecção fúngica, predominantemente oportunista e com uma distribuição epidemiológica mundial, causada por leveduras encapsuladas do género *Cryptococcus*. A espécie clinicamente mais relevante é *Cryptococcus neoformans*, cujas estirpes têm sido tradicionalmente classificadas em cinco

serotipos relacionados com os antigénios da respectiva cápsula polissacárida: A (*C. neoformans* var. *grubii*); D (*C. neoformans* var. *neoformans*); B e C (actualmente reconhecidos como uma espécie distinta mas filogeneticamente próxima, *C. gattii*); e AD (estirpes híbridas).

O presente trabalho teve como principal objectivo determinar retrospectivamente os tipos moleculares de uma colecção alargada de estirpes de *C. neoformans*, isoladas e mantidas durante os últimos 18 anos no Laboratório de Micologia do IHMT/UNL. A maioria das estirpes foi isolada de doentes imunodeprimidos com criptococose, existindo também algumas estirpes de origem ambiental. Foi utilizada a técnica de PCR-RFLP do gene *URA5* para diferenciar as estirpes de *Cryptococcus neoformans*, tendo sido detectados quatro tipos moleculares: VN1 e VN2 (relacionados com *C. neoformans* var. *grubii*, serotipo A); VN3 (relacionado com as estirpes híbridas de serotipo AD); e VN4 (relacionado com *C. neoformans* var. *neoformans*, serotipo D). Não foram encontrados entre os isolados de origem clínica perfis de restrição correspondentes aos tipos moleculares VG1, VG2, VG3 e VG4 (relacionados com *C. gattii*, serotipos B e C). O tipo molecular VN1 foi o mais abundante entre os isolados de origem clínica (45% dos isolados), seguindo-se o grupo de estirpes híbridas do tipo molecular VN3 (31%). Os tipos moleculares menos abundantes entre os isolados foram o VN2 (12%) e VN4 (12%). A standardização do método de tipagem molecular utilizado neste trabalho permite comparar os resultados obtidos com os de outros estudos epidemiológicos semelhantes, realizados noutras regiões do globo e publicados em anos recentes, contribuindo para um conhecimento melhorado da epidemiologia global deste importante fungo patogénico. Em Portugal obteve-se uma percentagem mais elevada de isolados dos grupos moleculares VN1 e VN3 em relação a outros países da Europa e América Latina, em que os tipos mais abundantes são VN1 e VN2. Nestas mesmas regiões, o tipo molecular VN4, relacionado com as estirpes de *C. neoformans* var. *neoformans* do serotipo D, é muito raro. Esta variedade é mais comum em zonas mediterrâneas e está muito associada a casos clínicos de infecções cutâneas associadas a infecções do Sistema Nervoso Central. Este tipo molecular parece ser também significativamente mais abundante no nosso país.

VELEZ, Ângela (2010) Bioecologia e caracterização molecular de *Bulinus globosus* de Angola, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: *Bulinus globosus*, hospedeiro intermediário do *Schistosoma haematobium*, foi o objecto deste estudo, procedendo-se ao seu estudo bioecológico e à sua caracterização molecular. Para tal, foi realizado um levantamento malacológico desta espécie em diferentes colecções de água doce, na Província do Bengo, em Angola.

Neste trabalho são considerados, em primeiro lugar, como introdução, embora muito sumariamente, alguns aspectos geográficos da província do Bengo, que possam ter

relação com a vida dos moluscos, seguidamente apresenta-se um estudo de conjunto, tendo em conta a morfologia e sistemática das espécies encontradas, mas também a sua biologia e ecologia.

Aborda-se resumidamente, a schistosomose, a sua prevalência no Mundo e distribuição geográfica, o ciclo de vida do parasita e faz-se uma pequena descrição dos métodos moleculares empregues neste trabalho. Depois de enumerados todos os objectivos do presente estudo, seguem-se os materiais e métodos, onde é feita uma descrição sobre todo o trabalho de campo realizado na Província do Bengo e também do estudo molecular realizado nos *Bulinus globosus* colhidos em quatro áreas distintas. Nos trabalhos laboratoriais foi aplicada a técnica de PCRRFLP com adição das enzimas de restrição *Msp1* e *RsaI* e feito um estudo biométrico.

Posteriormente, são apresentados os resultados não só relativamente à ecologia de *Bulinus globosus* colhidos, como também à caracterização das colecções de água.

Para a sequenciação das amostras foi amplificada a região ITS usando os “primers” ETTS 1 e ETTS 2. A aplicação da enzima de restrição *RsaI*, apresentou como resultado polimorfismos que variaram entre os 600 p.b. e 100 p.b., enquanto que no caso da enzima de restrição *Msp1* obtiveram-se polimorfismos entre os 700 p.b. e 100 p.b. Assim verificou-se a presença de polimorfismos genéticos intra-específicos para os diferentes habitats. Quanto à sequenciação das amostras, quando comparadas, as lagoas do Ibêndua e do Sungue evidenciam diferentes polimorfismos, podendo dizer-se que talvez os moluscos existentes nestas duas lagoas estejam sujeitos a uma pressão selectiva.

Para a sequenciação das amostras foi amplificada a região ITS usando os primers ETTS 1 e ETTS 2. Aplicando-se as enzimas de restrição, obteve-se, relativamente à enzima de restrição *RsaI*, polimorfismos que variaram entre os 600 p.b. e 100 p.b., enquanto que no caso da enzima de restrição *Msp1* obtiveram-se polimorfismos entre os 700 p.b. e 100 p.b. Assim verificou-se a presença de polimorfismos genéticos intra-específicos para os diferentes habitats. Quanto à sequenciação das amostras, quando comparadas, as lagoas do Ibêndua e do Sungue evidenciam diferentes polimorfismos, podendo dizer-se que talvez os moluscos existentes nestas duas lagoas estejam sujeitos a uma pressão selectiva.

VIEIRA, Carlota (2010) A reforma dos cuidados de saúde primários em Portugal – Caracterização das Unidades de Saúde em 2010, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: Introdução, Objectivos e Finalidade: Os cuidados de saúde primários (CSP) são o primeiro ponto de contacto dos cidadãos com o sistema de saúde. O reforço da qualidade desta primeira e fundamental interface é um dos mais importantes objectivos da Reforma de 2005 dos CSP em Portugal, abrindo caminho a uma necessária e profunda mudança organizacional. É neste sentido que surgem as unidades funcionais dos centros de saúde como parte integrante do processo de reestruturação e, muito em particular, as Unidades de Saúde Familiar (USF).

O presente estudo tem como objectivo geral caracterizar as USF quanto ao seu desenvolvimento organizacional e à opinião e satisfação dos seus profissionais em relação à Reforma de 2005 dos CSP em Portugal. Esta caracterização tem como finalidade contribuir para o planeamento da monitorização e do apoio à evolução da Reforma de 2005 dos CSP em Portugal. Os objectivos específicos são: medir a satisfação dos profissionais de saúde das USF em relação à Reforma de 2005 dos CSP em Portugal e à actividade da sua USF; identificar os parâmetros de qualidade da actividade das USF reconhecidos como importantes pelos coordenadores das USF; identificar as necessidades de formação dos profissionais das USF; descrever os instrumentos de apoio à gestão utilizados pelas USF; conhecer a opinião dos coordenadores das USF sobre o processo de contratualização da actividade destas com as Administrações Regionais de Saúde; medir a satisfação dos coordenadores das USF em relação às condições técnicas para a actividade das USF; identificar as áreas prioritárias de mudança na actividade das USF na perspectiva dos seus coordenadores.

População e Métodos: O estudo é observacional, descritivo, transversal e censitário. Utilizou-se um questionário semi-estruturado para recolha da informação, aplicado a todos os indivíduos que desempenhavam funções de coordenação de USF em actividade no território de Portugal Continental (N=230, a 8 Fevereiro 2010 [Missão dos Cuidados de Saúde Primários, 2010]). Na análise de resultados foi utilizada estatística descritiva - percentagens e frequências - das variáveis e a análise de conteúdo para os resultados das variáveis medidas por questões de resposta aberta.

Foram definidos como parâmetros de caracterização das USF e variáveis deste estudo, as dimensões: qualidade, formação profissional, sistemas de informação e comunicação e aplicações informáticas, articulação com as unidades parceiras (manual de articulação), processo de contratualização, condições técnicas (recursos físicos e humanos) e a satisfação. Tendo em consideração que a caracterização das USF sofre influência das suas condições territoriais, temporais e estruturais, a USF de cada participante foi identificada de acordo com a Administração Regional de Saúde a que pertencem, o tipo de modelo em que opera e o número de anos de actividade.

Para este estudo delineou-se uma estratégia de recolha de dados em que foi salvaguardado o anonimato dos dados recolhidos. Neste estudo não existiu qualquer conflito de interesses.

Resultados e discussão: A taxa de resposta obtida foi de 59,1% (n=136). Observou-se que a distribuição dos coordenadores de USF respondentes, em relação aos parâmetros Administração Regional de Saúde de pertença da USF e tipo de modelo das USF, é proporcional à distribuição dos coordenadores no universo, dando suporte à generalização das conclusões deste estudo para toda a população em estudo.

Conseguiu-se construir um quadro complexo correspondente à caracterização das USF em 2010, como reflexo actual do estado de implementação da Reforma de 2005 dos CSP em Portugal.

Os parâmetros referentes ao desenvolvimento organizacional das USF mostram que existe preocupação com a área da qualidade da prestação dos cuidados, uma utilização de instrumentos de gestão como manuais de articulação e de boas práticas, estudos de satisfação do cidadão ou de satisfação no trabalho e um reconhecimento de que o processo de contratualização de actividade para a USF actua como *um estímulo para trabalhar com maior qualidade*. Estes resultados indicam que o processo de mudança que decorre pode estar a corresponder a uma melhoria organizacional dos serviços de saúde.

Quanto à satisfação dos profissionais de saúde em relação à Reforma de 2005 dos CSP em Portugal, pode-se afirmar que os resultados obtidos são positivos e concordantes com um processo de mudança mobilizador dos profissionais (59,8% referem estar satisfeitos ou muito satisfeitos). Estes valores positivos são reforçados com os 83,3% de respostas de satisfação ou muita satisfação dos profissionais das USF em relação ao modo como decorre a actividade da USF, o que tem de ser considerado um sinal de que a componente organizacional das USF pode estar a conseguir garantir um adequado nível de qualidade de funcionamento das unidades. Foram, no entanto, assinaladas várias áreas em que se poderiam registar melhorias para a optimização da actividade das USF: maior autonomia funcional e financeira das USF, maior descentralização de competências das Administrações Regionais de Saúde para os Agrupamentos de Centros de Saúde, melhores sistemas de informação, entre outras.

Pode-se assim concluir que a evolução que se pretendia favorecer com a Reforma de 2005 dos CSP em Portugal está, de facto, a acontecer mas, ainda, com ritmos, condições e resultados desiguais.

VICENTE, Cristina Maria Teixeira (2010) A relevância do factor de transcrição YAP5 de *Saccharomyces cerevisiae* na resposta ao excesso de ferro, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Resumo: A capacidade que os organismos possuem de alterar os seus padrões de expressão de genes em resposta a alterações no meio ambiente é essencial para a sua viabilidade. A levedura *Saccharomyces cerevisiae*, em particular, possui um programa complexo e muito flexível de expressão de genes quando exposta a mudanças agressivas do seu meio ambiente. As células mantêm a sua homeostase através de mecanismos coordenados de regulação de vários factores de transcrição, cada um desempenhando funções específicas.

Neste trabalho foi estudada a relevância do factor de transcrição da família Yap de *S. cerevisiae*, o Yap5, na destoxificação do excesso de ferro na célula.

Os resultados obtidos neste trabalho mostram que após a incubação com elevadas quantidades de sulfato de ferro, embora o potencial de transactivação do Yap5

amente, os níveis da proteína diminuem, sendo esta diminuição dependente da concentração de ferro.

Demonstrámos também que embora a expressão do gene *CCC1* (que codifica para o único transportador vacuolar de ferro conhecido) seja dependente do Yap5 em condições de excesso de ferro, os níveis basais de expressão deste gene são suficientes para a sobrevivência nessas condições.

Observámos ainda que, ao contrário do que acontece em *Schizosaccharomyces pombe*, o factor de transcrição Hap4, não parece estar envolvido nesta regulação.

Através de deleções sequenciais da região promotora do *CCC1*, verificámos que os níveis de expressão ditados por uma região de 58pb a montante do codão de iniciação, ATG, são suficientes para a célula sobreviver sob concentrações elevadas de ferro.

Verificámos ainda que a região 3'UTR do gene é importante para a sobrevivência celular. Nessa região, identificámos uma estrutura em forma de "hairpin" que poderá estar envolvida na regulação do gene.

VIVEIROS, Bela da Conceição Costa (2010) Estudo Bioecológico do *Aedes (Stegomyia) aegypti* (díptera: Culicidae) no arquipélago da Madeira, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: Desde o seu registo no Funchal em 2005 que o *Aedes aegypti*, principal vector do vírus da dengue e da febre amarela, tem vindo a expandir-se territorialmente apesar da implementação de medidas de controlo pelas autoridades regionais.

Face a esta situação, tornava-se necessário conhecer a bioecologia desta espécie no Arquipélago da Madeira, de forma a criar um planeamento o mais adequado possível para o seu controlo.

De forma a contribuir para aquele conhecimento, o presente trabalho teve como principais objectivos o estudo da variação sazonal, a caracterização dos biótopos larvares e a detecção de eventuais preferências, a determinação das associações larvares e o padrão de distribuição do *Aedes aegypti* no Arquipélago da Madeira. Os trabalhos de campo realizaram-se entre Janeiro e Agosto de 2009, sendo colocadas 53 armadilhas para a detecção de posturas (oviposição), feitas 395 observações e prospectados os potenciais biótopos.

O estudo revelou a presença da espécie apenas em três dos pontos de amostragem localizados nos concelhos de Funchal e de Câmara de Lobos entre, 0 e 235 metros de altitude.

Aedes aegypti demonstrou uma variação acentuada na sua actividade ao longo deste período, sendo baixa na estação fria e alta na estação quente, com um pico em Agosto.

O estudo demonstrou igualmente que o *Aedes aegypti* colonizou 57,14% dos biótopos larvares detectados na área infestada, com preferência por biótopos larvares do tipo artificial, do subtipo plástico. Os biótopos larvares de *Aedes aegypti* eram maioritariamente de pequena capacidade, dependentes da água de rega, com água incolor e límpida e com presença de matéria orgânica vegetal.

CALDINHAS, Paula Costa (2009) A cirurgia de ambulatório e o tempo de espera para cirurgia electiva: um estudo ecológico, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa

Resumo: O tempo de espera para a cirurgia electiva constitui uma questão relevante no acesso aos cuidados de saúde, sendo considerado excessivo (superior a doze semanas, ou noventa dias), em vários países da OCDE. Verificou-se que o tempo de espera para cirurgia electiva em Portugal, no decurso das últimas décadas, foi superior ao registado noutros países do grupo OCDE, tendo chegado a ser superior a seis meses. O aumento da eficiência e efectividade da produção cirúrgica, e o aumento do número de procedimentos cirúrgicos, constituem assim alguns dos objectivos para melhorar o acesso e reduzir o tempo de espera para os utentes, nomeadamente através do desenvolvimento da cirurgia electiva em regime de ambulatório. Ao possibilitar que mais doentes sejam tratados por programa, necessitando de menos vagas hospitalares, e diminuindo o tempo de permanência hospitalar, a cirurgia de ambulatório tem vindo a instituir-se universalmente como uma das estratégias que se tem revelado eficaz, na redução dos tempos de espera cirúrgicos. No entanto, esta prática encontra-se ainda em fase de desenvolvimento em Portugal, sendo a percentagem de actos cirúrgicos praticados em regime de ambulatório muito inferior ao que se verifica noutros países desenvolvidos, verificando-se também a existência de um tempo de espera para cirurgia electiva mais prolongado. Propôs-se então a realização de um estudo, tendo por objectivo identificar padrões associativos entre o tempo de espera para cirurgia electiva e a cirurgia de ambulatório, de modo a responder à seguinte questão de investigação: *“qual a relação existente entre a percentagem de cirurgia de ambulatório realizada, e o tempo de espera para cirurgia electiva, nas unidades de saúde com serviço de cirurgia, do Serviço Nacional de Saúde, em Portugal Continental, no ano de 2006”*. Com este trabalho pretende-se demonstrar que existe uma associação entre a prática de cirurgia de ambulatório, e um menor tempo de espera para cirurgia electiva.

Material, População e Métodos:

Realizou-se um estudo observacional, ecológico, analítico, com delineamento por grupos, que tem por população as unidades hospitalares do Serviço Nacional de Saúde (SNS), dispondo de serviço de cirurgia, no ano de 2006. Caracterizou-se cada unidade de saúde, relativamente aos seguintes elementos (ou variáveis), considerados como possíveis determinantes do tempo de espera para cirurgia

electiva, de acordo com a literatura e outros trabalhos consultados: gestão hospitalar, organização, indicadores de produtividade, equidade e desempenho, infra-estruturas, recursos humanos, dimensão da população abrangida. Foram determinadas as associações existentes entre o tempo de espera cirúrgico e a percentagem de cirurgia de ambulatório realizada, bem como as eventuais associações com as outras variáveis em estudo, através de uma análise multivariada. Os dados utilizados foram cedidos pela Administração Central dos Serviços de Saúde (ACSS), Direcção-Geral de Saúde (DGS), Unidade Central de Gestão de Inscritos para Cirurgia (UGIC).

Resultados e conclusão:

Os principais resultados deste estudo são os seguintes:

Verificou-se uma correlação negativa, estatisticamente significativa (correlação de Spearman), entre a percentagem de cirurgia ambulatória e o tempo de espera para cirurgia electiva (média, em dias). Concluiu-se que existe uma relação entre a percentagem de cirurgia de ambulatório praticada e o tempo de espera para cirurgia.

O tempo de espera geral para cirurgia electiva diminuiu para 116 dias (média), com uma mediana de 106 dias, o que reflecte uma melhoria nos valores de tempo de espera, no ano de 2006, relativamente a anos anteriores.

Relativamente à percentagem de cirurgia de ambulatório realizada, encontrou-se, para o ano de 2006, um valor geral médio de 23% (mediana 24%), reflectindo também uma melhoria nos valores de tempo de espera, relativamente a anos anteriores.

A análise de correlação e regressão linear múltipla permitiu identificar outras variáveis também associadas ao tempo de espera cirúrgico; No entanto, estes resultados devem ser interpretados tendo em conta as limitações do estudo, sendo passíveis de carecer de uma análise mais aprofundada, fora do âmbito desta dissertação.

ELOI, Marisa Benedita (2009) Identificação molecular de espécies clinicamente relevantes de aspergillus, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa

Resumo: As aspergiloses são cada vez mais diagnosticadas em todo o mundo, nas suas diversas formas de apresentação, tanto pelo aumento da população susceptível como pela melhoria dos métodos de diagnóstico laboratorial. Estas infecções fúngicas são causadas por algumas espécies do género *Aspergillus*. A espécie *A. fumigatus* continua a ser a causa mais frequente de Aspergilose Invasiva.

No entanto, outras espécies como *A. flavus*, *A. terreus*, *A. niger*, *A. nidulans* e *A. versicolor* têm sido relacionadas com patologias no Homem. Estão descritos diversos casos em que estas espécies se têm tornado resistentes à medicação e,

por esta razão, tem sido também muito importante a sua rápida e correcta identificação. Um grande número de indivíduos é passível de cura após um diagnóstico nas fases iniciais da infecção e após aplicação dos tratamentos mais adequados.

Actualmente, as técnicas convencionais de diagnóstico são morosas devido ao facto do fungo *Aspergillus* demorar vários dias a crescer. Em adição, a identificação do fungo é depois muitas vezes dificultada devido à ambiguidade de muitas das características fenotípicas usadas na delimitação das espécies.

O principal objectivo deste trabalho foi desenvolver um método baseado em PCR que permitisse identificar as principais espécies de *Aspergillus* clinicamente relevantes: *A. fumigatus*, *A. flavus*, *A. terreus*, *A. niger*, *A. nidulans* e *A. versicolor*. O primeiro passo foi otimizar um método de extracção de DNA genómico mais eficiente para estas espécies, tarefa que se revelou bem mais complexa e demorada do que o inicialmente previsto. O segundo passo envolveu o desenho de sistemas de *primers* específicos para cada espécie, baseados na análise das regiões ITS (*Internal Transcribed Spacers* 1 e 2 e região 5.8S) do seu genoma, e a sua utilização em reacções de PCR. Os resultados preliminares obtidos com os *primers* desenhados revelaram-se promissores para a identificação das várias espécies, mas as reacções de PCR requerem ainda alguma optimização para melhoramento da sua especificidade. A utilização futura destes *primers* em reacções de PCR *multiplex* para a identificação simultânea das várias espécies de *Aspergillus* poderá assim vir a ser possível.

CLAIROUIN, Isabel Neves (2009) Estudo dos Culicídeos (Diptera: Culicidae) nos cemitérios das Ilhas da Madeira e Porto Santo, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: O estudo bioecológico dos culicídeos é de grande importância, pois deste modo, é possível detectar a presença de várias espécies de mosquitos vectores de agentes patogénicos para o Homem e outros animais. Além disso, os culicídeos podem ser considerados factor de incomodidade para as populações humanas, devido às reacções alérgicas provocadas pelas suas picadas e pela dor causada.

De Janeiro a Agosto de 2009 foram examinadas 415 armadilhas de oviposição e foram prospectados 700 recipientes artificiais nos 52 cemitérios das ilhas da Madeira e do Porto Santo.

Das 415 armadilhas de oviposição examinadas, 148 (35,7%) continham formas imaturas, e, apesar dos cemitérios serem considerados as principais fontes de certas espécies de mosquitos, apenas foram detectados 45 (6,4%) criadouros larvares nos 700 recipientes artificiais com água investigados.

Foram identificadas 4 espécies de mosquitos: *Aedes (Finlaya) eatoni* (Edwards, 1916), *Culiseta (Allotheobaldia) longiareolata* (Macquart, 1838), *Culex (Culex) pipiens* (Linnaeus, 1758) e *Culex (Culex) theileri* (Theobald, 1903).

Verificou-se a predominância de *Aedes eatoni* em relação às outras espécies. A distribuição dos mosquitos variou com a altitude e com a temperatura do ar, encontrando-se em maior abundância nos 200-300 metros e entre os 22-26°C.

Os recipientes de metal ($\chi^2=156,9$; $p=0,00<0,05$) e aqueles com capacidade até 0,5 litros ($\chi^2=9,925$; $p=0,0019<0,05$) foram os preferidos pelas formas imaturas. No entanto, os imaturos não mostraram preferência em relação à exposição solar dos recipientes ($\chi^2=0,799$; $p=0,671$).

Em relação à qualidade da água dos criadouros, verificou-se que a temperatura da água ($t=-1,39$; $p=0,16$) e o teor em oxigênio dissolvido ($z=-1,21$; $p=0,23$) não tiveram qualquer influência na presença dos imaturos, mas tiveram no pH ($z=-2,12$; $p=0,03<0,05$) e a salinidade ($z=-3,089$; $p=0,002<0,05$) que influenciaram a sua presença tendo os respectivos valores variado entre 6-8 e 0,1-1,7 g/L, respectivamente.

Verificou-se a existência de uma associação larvar entre *Culiseta longiareolata* e *Culex pipiens* ($\chi^2=32,05$; $p=0,00<0,05$) e entre *Culex pipiens* e *Culex theileri* ($\chi^2=118,71$; $p=0,00<0,05$).

O mosquito *Aedes aegypti* não foi encontrado durante o período de estudo que ocorreu de Janeiro a Agosto de 2009. No entanto, foi detectado nos cemitérios de Câmara de Lobos e do Caniço no decorrer de duas campanhas, nas quais a autora participou, nos meses de Outubro e Novembro do mesmo ano.

MACHADO, Diana Oliveira (2009) Dinâmica fisiológica e mutacional da multirresistência em *Mycobacterium tuberculosis*, Dissertação de Mestrado em Microbiologia Médica.

Resumo: A tuberculose multirresistente é causada por estirpes de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes à isoniazida e rifampicina, os dois principais antibacilares. Neste trabalho pretendemos compreender qual(is) o(s) mecanismo(s) que leva(m) ao desenvolvimento da multirresistência, expondo a estirpe de referência *M. tuberculosis* H37Rv e a estirpe clínica monorresistente à rifampicina 359/03 a concentrações constantes de isoniazida e rifampicina. As culturas iniciais e adaptadas foram caracterizadas fenotipicamente em termos de tempos de crescimento, testes de susceptibilidade e determinação de concentrações mínimas inibitórias, na ausência ou presença de inibidores de bombas de efluxo. A caracterização genotípica incidiu na pesquisa de eventuais alterações em zonas específicas dos genes *katG*, *inhA* e *rpoB*, por PCR e hibridação reversa e na quantificação da expressão dos genes de cinco bombas de efluxo por qRT-PCR. A análise comparativa das culturas iniciais e das culturas adaptadas a 0.1 µg/ml de isoniazida, revelou que, após 3 semanas de exposição à isoniazida, a cultura H37Rv tornou-se resistente a este antibiótico, sendo este fenótipo revertido pelo inibidor de bombas de efluxo verapamil. A análise por qRT-PCR desta cultura revelou a sobreexpressão de todos os genes de bombas de efluxo analisados. A cultura de H37Rv obtida no final do processo de adaptação mantém-se resistente à isoniazida,

apresentando uma deleção no gene *katG*. Com a exposição à isoniazida, a estirpe 359/03 tornou-se multirresistente. Novamente, este fenótipo é revertido pelo verapamil. A análise por qRT-PCR revelou a sobreexpressão de todos os genes de bombas de efluxo analisados, não tendo sido detectadas alterações nos outros alvos genéticos testados. Em relação à exposição das estirpes H37Rv e 359/03 a 1 µg/ml de rifampicina, não se verificaram alterações significativas, quer a nível fenotípico, quer a nível genotípico.

Os resultados obtidos ilustram *in vitro* diferentes estratégias através das quais *M. tuberculosis* pode responder quando exposto às concentrações clinicamente relevantes de um dado antibiótico e que podem resultar na emergência da multirresistência

MIRANTE, Maria Clara (2009) Contribuição para o estudo da caracterização molecular de uma colónia de *Glossina morsitans morsitans*, Westwood 1850 (Diptera: Glossinidae), Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: Com esta dissertação, pretendemos contribuir para um melhor conhecimento dos aspectos entomológicos da *Glossina morsitans morsitans* Westwood, 1850, existente no insectário da Unidade de Entomologia Médica do Instituto de Higiene e Medicina Tropical (UEM/IHMT), e para o início do estudo da sua análise molecular.

A dissertação está dividida em quatro partes e inclui ainda uma lista de siglas, abreviaturas, índices de figuras, tabelas, gráficos e quadros, assim como anexos que se julgou pertinente incluir.

A INTRODUÇÃO, consiste na primeira parte do trabalho, fazendo-se nela uma abordagem sobre o historial da mosca tsétsé, a nagana, a Tripanossomíase Humana Africana (THA) e a contribuição portuguesa para o seu estudo e também para o combate tanto da doença como para o combate do vector.

Referimo-nos aos aspectos da sistemática, da distribuição geográfica e de alguns factores condicionantes, como o habitat, o comportamento trófico das glossinas, a morfologia, a fisiologia e a bioecologia dos vectores.

São também abordados alguns aspectos de interesse em medicina dos agentes patogénicos e as suas relações inter hospedeiros vertebrados e modo de transmissão.

Ainda neste capítulo referimos a importância da metodologia na luta contra os vectores, integrada no controlo das tripanossomíases africanas.

Na segunda parte, MATERIAL E MÉTODOS, descrevemos o modelo experimental utilizado na nossa amostra, destacando a origem, as características e as técnicas de manutenção.

São descritos os materiais, as técnicas e as metodologias utilizadas para a extracção e amplificação do Ácido Desoxirribonucleico (ADN) genómico, seguindo-se a purificação e sequenciação dos produtos amplificados.

Na terceira parte, RESULTADOS, apresentamos os diferentes estudos realizados e resultados obtidos, durante a formação da colónia de glossinas que são utilizadas como amostra para o estudo, podendo apresentar a relação *sex ratio*, o número de glossinas adultas eclodidas macho e fêmea, assim como o número de pupas. Ainda neste capítulo apresentamos a análise molecular das amostras e a sua sequenciação.

Na quarta parte, descrevemos as CONCLUSÕES, gerais do trabalho, onde se demonstra que o *sex ratio* das *Glossinas morsitans morsitans*, criadas em colónia é idêntico ao existente no seu habitat natural e que a sua diversidade haplotípica é extremamente baixa.

A última parte, é constituída pelas REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS consultadas para esta dissertação

OLIVEIRA, Ana Cavalcante de (2009) Estudo delphi sobre o impacto das intervenções propostas ao “GAVI” para o fornecimento dos sistemas de serviços de saúde, Dissertação de Mestrado em Saúde e Desenvolvimento, IHMT, Lisboa.

Resumo: **CONTEXTUALIZAÇÃO:** A prestação de intervenções eficazes e sustentáveis a um maior número de crianças é crucial para a redução da mortalidade infantil e o alcance dos Objectivos do Desenvolvimento do Milênio. Entre 2006 e 2010, uma parte significativa dos fundos da *Aliança Global de Saúde para Vacinação e Imunização* será investida no fortalecimento dos sistemas de serviços de saúde (GAVI HSS), para atingir e dar sustentabilidade ao aumento da cobertura de vacinas e a outros serviços (com ênfase nos cuidados de saúde materna e infantil).

OBJECTIVO: Conhecer e analisar o possível impacto de uma amostra aleatória das intervenções propostas por 35 países ao Fundo da GAVI HSS, de Outubro de 2006 a Outubro de 2007, noutras áreas para além da vacinação.

SUJEITOS DO ESTUDO: 21 especialistas da OMS, UNICEF e UNFPA, seleccionados com base na sua experiência profissional na área de Saúde Pública, Saúde Materno e Infantil; participaram no estudo Delphi entre Abril e Agosto de 2008.

METODOLOGIA: O estudo foi realizado a partir de uma amostra aleatória de 10% das intervenções propostas por 35 países para o fortalecimento dos serviços e sistemas de saúde aprovados ao Fundo do “GAVI HSS”. A técnica de recolha de dados utilizada foi o Delphi. Os dados foram recolhidos em três rodadas, com o recurso a um questionário estruturado (com as intervenções seleccionadas) e a um semi-estruturado (questionário demográfico).

RESULTADOS: Foi alcançado consenso em 57 intervenções (70%), em que os especialistas consultados consideram que as mesmas terão um possível impacto em pelo menos uma das Atividades Relacionadas aos Cuidados de Saúde (ARCS) analisadas neste estudo (Atenção Integrada às Doenças Prevalentes da Infância; Cuidados Durante o Trabalho de Parto; Prevenção e Tratamento de Doenças Crônicas; Prestação de Serviços de Saúde; e Planeamento e Gestão de Serviços de Saúde). A maioria das intervenções que apresentará um possível impacto está relacionada com a “Prestação de Serviços de Saúde” e com o “Planeamento e Gestão de Serviços de Saúde”. O maior número de intervenções identificadas que possivelmente não apresentará impacto referem-se à “Prevenção e Tratamento de Doenças Crônicas”.

CONCLUSÕES: Segundo os especialistas consultados as intervenções analisadas que tiveram o consenso atingido, terão impacto positivo noutras áreas para além da vacinação. Quanto à abrangência deste impacto, foi identificado que haverá uma variação entre as Actividades Relacionadas com os Cuidados de Saúde analisadas. De uma forma geral, as intervenções apresentarão um maior impacto nas áreas de gestão em saúde do que nas áreas dos cuidados de saúde.

ROSADO, Joana de Carvalho (2009) Carne de consumo e risco de transmissão de *Toxoplasma gondii*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: O consumo de carne de suíno (*Sus domesticus*) é considerado o maior factor de risco para a transmissão da toxoplasmose aos humanos. No entanto, apesar dos suínos serem muito usados na gastronomia portuguesa, tanto pelo consumo de carne, como pelo de enchidos, pouco se sabe sobre a prevalência e caracterização genética de *Toxoplasma gondii* nestes produtos alimentares, no país. Neste trabalho, pretendeu-se determinar a seroprevalência de anticorpos IgG anti-*T. gondii* em suínos de consumo e detectar e diferenciar as estirpes de *T. gondii* isoladas em tecidos e em derivados de carne de suínos. Pela pesquisa de anticorpos IgG anti-*T. gondii*, a partir do teste de aglutinação directa modificada, com limiar de detecção de 4 IU/mL, detectou-se anticorpos IgG anti-*T. gondii* em 27 (7,1%) dos 381 suínos estudados. Dez (7,9%) dos 127 suínos da raça Large White e 17 (6,7%) dos 254 suínos estudados da raça Alentejana apresentaram anticorpos IgG anti-*T. gondii*. Verificou-se que os suínos, serologicamente positivos, eram provenientes das quatro (100%) explorações com práticas de produção intensiva, e de quatro (33,3%) das 12 explorações com produção extensiva, utilizadas na recolha das amostras, provenientes do Alto Alentejo. A pesquisa de *T. gondii*, efectuada através da amplificação do gene B1, por *nested*-PCR, permitiu detectar o parasita em sete suínos (sete encéfalos e dois diafragmas) e em dois produtos de carne de suínos transformados. Posteriormente, procedeu-se à caracterização genética das estirpes encontradas, a partir da amplificação do *locus* do gene SAG2, seguida de sequenciação. No entanto, não foi possível identificar as estirpes

presentes nestas amostras. As técnicas utilizadas, neste trabalho, para a caracterização genética das estirpes do parasita isoladas, demonstraram pouca sensibilidade. Contudo, a prevalência de anticorpos anti-*T. gondii* obtida, em suínos destinados ao consumo humano, e o facto de ter sido possível detectar *T. gondii* em amostras de tecido dos suínos e em produtos alimentares, vulgarmente consumidos pelo Homem, demonstram que estes produtos podem representar, ainda, um risco para a Saúde Pública de transmissão da toxoplasmose, no nosso país .-

RODRIGUES, Filipe Borges (2009) Estudo da colonização e infecção por estreptococos do grupo B em grávidas e recém-nascidos do Distrito de Santarém, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: Pela análise molecular das estirpes por *pulse field gel electrophoresis* verificou-se que não há uma correspondência entre a relação genotípica, os serotipos e fenótipos de resistência aos antibióticos. Da mesma forma verificou-se que existe uma grande heterogeneidade ou policlonalidade entre os isolados estudados.

A prevalência elevada de colonização por SGB entre as grávidas estudadas e a relevante presença de resistências aos antibióticos, enfatizam a importância da prevenção através da detecção da bactéria no final da gravidez e na selecção dos antibióticos apropriados, com especial atenção quando existe alergia à penicilina. Também se recomenda a realização de estudos para caracterizar a população de SGB com vista à criação de vacinas que cubram pelo menos os serotipos mais prevalentes.

BALDINO, Ana Coutinho (2008) Estudos da variabilidade dos níveis de expressão de genes envolvidos na metabolização de antimaláricos em mus musculus, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A falência terapêutica nos tratamentos antimaláricos depende de características do parasita (como a resistência por mutações no genoma do parasita) e do hospedeiro vertebrado (como a metabolização de fármacos). Este estudo teve como principal objectivo avaliar os níveis de expressão dos genes das subfamílias Cyp1A, 2B, 2C e 3A, dos transportadores de fármacos *mdr1a* e *mdr1b* e dos reguladores de transcrição CAR e PXR, em três estirpes de *Mus musculus*: Balb/c, CD1 e Rockefeller. Os animais foram submetidos a tratamentos com primaquina e artemisinina, colhendo-se amostras de sangue, fígado e intestino 24 horas após a última dosagem. Para o estudo de expressão dos genes, seleccionou-se a metodologia de PCR em tempo real. Analisando os resultados, verificou-se

uma expressão basal mais elevada de todos os genes, a nível hepático, nas estirpes Rockefeller e CD1, enquanto que no fragmento intestinal, numa maneira geral, ambas as estirpes possuem expressão das sub-famílias de citocromos mais baixa e dos transportadores de fármacos e reguladores de transcrição mais elevada que a referência (Balb/c). No estudo de expressão em resposta a antimaláricos, verificou-se que a nível hepático, após tratamento com artemisinina, ocorre expressão dos genes PXR, mdr1b e sub-famílias Cyp2B, 2C e 3A na estirpe CD1, mdr1a em Balb/c e inibição de Cyp2B em Rockefeller. No fragmento intestinal, quando submetidos ao mesmo tratamento, ocorre inibição de todos os genes estudados na estirpe Balb/c, inibição de CAR, mdr1a e Cyp2B, 2C e 3A em CD1 e inibição de PXR, mdr1a, Cyp2C e 3A e expressão de CAR e Cyp2B em Rockefeller. Quando submetidos a tratamento com primaquina ocorre expressão hepática de CAR e inibição de mdr1a na estirpe Balb/c e inibição de CAR em CD1. No fragmento intestinal, na estirpe Balb/c ocorre inibição dos genes mdr1a e da sub-família Cyp1A, em CD1 expressão de PXR e Cyp1A e em Rockefeller inibição dos reguladores de transcrição, mdr1b e Cyp1A e expressão de mdr1a. A variabilidade inter-estirpes no metabolismo de fármacos, pode contribuir para o sucesso ou falha terapêutica. Neste estudo confirmou-se a existência dessa variabilidade podendo ser relevante na selecção de modelos murinos para estudos de fármacos, na malária.

BERNARDES, Carlos Pimenta (2008) Estudo da expressão de genes de aminopeptidase de *Anopheles Gambiae* após refeição infectante por *Plasmodium Berghei*, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT. Lisboa.

Resumo: Neste estudo é analisada a expressão de 4 genes de aminopeptidase de mosquito *Anopheles gambiae* após uma refeição sanguínea infectante ou não infectante, pelo parasita da malária de roedor *Plasmodium berghei*. Não foram observadas diferenças estatisticamente significativas entre os valores de expressão dos genes após a refeição sanguínea, nem entre os valores de expressão da refeição infectante e não infectante.

Uma análise da totalidade dos genes da família aminopeptidase de *An. gambiae* seria pertinente para uma compreensão total da influência destas enzimas na invasão do epitélio do mosquito pelo plasmódio.

CARVALHO, Eduardo Esperança (2008) Diagnóstico laboratorial de micoses humanas métodos convencionais vs. métodos moleculares, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: Ao longo do último século, os métodos de diagnóstico e terapêutica têm contribuído para alterar a história natural das doenças infecciosas, nomeadamente as de origem fúngica. Para tal, muito tem contribuído um melhor diagnóstico laboratorial, permitindo identificar a espécie responsável pela infecção e orientar para o tratamento mais eficaz na sua cura.

O objectivo principal deste trabalho foi a aquisição de conhecimentos sobre as técnicas laboratoriais mais adequadas para um correcto diagnóstico micológico, principalmente na identificação e caracterização de leveduras do género *Candida* e de dermatofitoses. Para tal, ao longo de um ano, foram analisadas amostras provenientes de indivíduos com diagnóstico clínico de micose.

Relativamente às micoses oportunistas induzidas por leveduras do género *Candida*, foi feito o diagnóstico laboratorial de um elevado número de casos de candidose usando métodos tradicionais e métodos moleculares. Os resultados obtidos por ambos os métodos foram comparados, tendo-se concluído que os segundos são mais rápidos e igualmente seguros na correcta identificação das espécies. Contudo, apresentam mais especificidades ao nível do equipamento e material de laboratório necessário.

Para as leveduras do género *Candida*, foi ainda efectuado um teste de sensibilidade aos antifúngicos fluconazol e voriconazol, tendo-se verificado elevada sensibilidade dos isolados para ambos os fármacos. Verificou-se ainda que os isolados resistentes *in vitro* ao fluconazol foram sensíveis ao voriconazol.

Foi ainda realizado um estudo epidemiológico de onicomicoses e *Tinea Pedis* em agentes do Corpo de Intervenção da Polícia de Segurança Pública, tendo-se aferido que estas infecções podem agravar um problema de saúde pública pelo seu elevado poder contagioso, principalmente em áreas de fácil dispersão de fungo, como são os balneários ou os dormitórios frequentados diariamente por várias centenas de indivíduos.

Com este trabalho concluiu-se que a identificação laboratorial do fungo responsável pela infecção é um passo fundamental para o adequado diagnóstico clínico e consequente esquema terapêutico. Assim e apesar da tendência dos últimos anos indiciar a orientação para o uso mais intensivo de técnicas moleculares no diagnóstico micológico, estas não deverão ser usadas isoladamente dos métodos tradicionais, mas sim como técnicas complementares de diagnóstico, pois onde umas podem falhar, as outras podem responder adequadamente.

CHAREPE, Nácia Borges (2008) Impacto da sobre-expressão de bombas de efluxo de estirpes *E. Coli* MDR clínicas na resistência aos compostos antimicrobianos, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A multirresistência aos antibióticos é actualmente uma questão de enorme relevância clínica, que coloca sérias limitações em termos de opções terapêuticas.

Este problema tem ganho particular visibilidade em Enterobacteriaceas, assistindosea um aumento de infecções por estirpes de *Escherichia coli* multirresistentes.

Com este trabalho pretendem-se estudar os mecanismos fisiológicos deresistência aos antibióticos em *E. coli*, com particular ênfase na detecção equantificação da componente de efluxo nesta resistência.

Foram estudadas 8 estirpes clínicas de *E. coli* multirresistentes, isoladas noserviço de Patologia Clínica do Hospital dos SAMS, de pacientes internados nestehospital entre o último semestre de 2007 e o primeiro semestre de 2008. A presença de actividade de bombas de efluxo nestas estirpes foi avaliada por: (1) Determinação de concentrações mínimas inibitórias para a ciprofloxacina, trimetoprim e gentamicina na presença/ausência de inibidores de bombas de efluxo (Carbonyl cyanide m-chlorophenylhydrazone, phenylalanyl arginyl- β - naphthylamide, verapamil, tioridazina e clorpromazina); (2) Detecção da possível sobre-expressão de bombas de efluxo por aumento da extrusão de brometo de etídeo, um substrato de bombas de efluxo, por métodos qualitativos em placa e quantitativos por fluorimetria em tempo real, utilizando um termociclador em tempo real (Rotor-Gene 3000TM da Corbett). (3) Quantificação relativa dos níveis de expressão de mRNA (qRT-PCR) dos genes *acrA*, *acrB*, *acrE*, *acrF*, *marA*, *yhiV* e *emrB*, codificantes e reguladores de bombas de efluxo relacionadas com a resistência aos antibióticos em *E. coli*.

Das 8 estirpes de *E. coli* testadas, 4 demonstraram possuir um efluxo aumentado de brometo de etídeo, que é fortemente inibido pelos inibidores de bombas de efluxo testados, tendo-se verificado concomitante reversão/redução da resistência aos antibióticos nestas estirpes quando na presença de inibidores de bombas de efluxo. A análise por qRT-PCR das 2 estirpes com maior actividade de efluxo, foi possível verificar a sobre-expressão dos genes codificantes para as bombas de efluxo estudados, destacando-se a sobre-expressão (50x aumentado) do principal sistema de efluxo em *E.coli*, o sistema *acrAB*, numa das estirpes altamente resistente aos antibióticos.

Igualmente foi possível caracterizar uma estirpe clínica de *E.coli* multirresistente com actividade de efluxo aumentada devido à sobre expressão do sistema AcrEF.

Verificou-se que a sobre-expressão de bombas de efluxo é uma realidade nas estirpes clínicas de *E. coli*, contribuindo significativamente para a multirresistência aos antibióticos. A utilização de técnicas simples e rápidas com recurso a substratos fluorescentes, poderá contribuir para detectar precocemente a resistência aos antibióticos por sobre-expressão de bombas de efluxo. No futuro, o uso de inibidores de bombas de efluxo como compostos adjuvantes da terapêutica poderá vir a constituir uma opção clínica a considerar de forma a recuperar a actividade de antibióticos em estirpes resistentes.

FIGUEIREDO, Jacinta Chaves (2008) Contribuição para o estudo da epidemiologia e morbidade da Schistosomose Vesical na população adulta de Angola. Províncias de Luanda, Bengo e Kwanza Sul, Dissertação de Mestrado em Parasitologia Médica, IHMT, Lisboa.

Resumo: A schistosomose urinária, causada por *Schistosoma haematobium*, é uma parasitose endémica em Angola e responsável por lesões graves, por vezes irreversíveis, sobretudo a nível do aparelho urogenital. Atendendo à frequência e gravidade da patologia, e a sua ocorrência em idades mais jovens, o presente estudo teve como objectivos avaliar a prevalência e morbidade da infecção em adultos, e os potenciais factores de risco da transmissão. Em colaboração com o Ministério da Saúde de Angola, realizámos um estudo piloto nas províncias de Luanda, Bengo e Kwanza Sul, entre Novembro de 2007 a Fevereiro de 2008, numa amostra aleatória de 300 indivíduos com idades entre os 15 e os 75 anos, (média de idades $X = 30,6$ anos).

A prevalência de *S. haematobium*, determinada pelo método de filtração da urina, foi de 71,7% (215/300). A infecção foi predominante no sexo feminino (56,3%), nos indivíduos com idades entre os 15 e 24 anos (32%) e na província de Luanda (33%). A maioria apresentava uma carga parasitária moderada (média $X = 36,8$ ovos/10 ml de urina), não havendo diferenças significativas entre as três províncias (Kruskal-Wallis, $P=0,834$).

A disúria foi o sinal clínico mais frequentemente referido pelos indivíduos (91,2%), seguida pela hipogastralgia e hematúria macroscópica (88,7% e 87,1%) respectivamente. Estes sintomas estavam significativamente associados à infecção (χ^2 , $P=0,000$). Os exames ecográficos e cistoscópicos demonstraram alterações urológicas nos 29 pacientes (100%) observados.

Nos exames coprológicos (Kato-Katz e Telemann-Lima), a prevalência de helmintas intestinais foi de 67,3% (76/113), a maioria em co-infecção com *S. haematobium*. Na transmissão da schistosomose, a água, natural ou armazenada em tanques, era o principal factor de risco de infecção (OR=2,28 a 1,8).

As deficientes condições de saneamento básico, estão entre os principais factores responsáveis pela ocorrência simultânea de schistosomose e helmintoses intestinais. Considerando a prevalência de *S. haematobium* em Angola, a ocorrência de cancro da bexiga associado à schistosomose vesical, os resultados agora obtidos e o facto das campanhas de controlo da parasitose terem sido interrompidas durante longos períodos, concluímos que há necessidade de se estenderem os estudos sobre schistosomose vesical não só à população infantil/juvenil de outras regiões, mas também à população adulta em geral.

LOPES, Ana Laranjeira (2008) Variabilidade dos genes que codificam proteínas de adesão às bactérias Gram-negativas em mosquitos vectores de Malária, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: O mosquito *Anopheles gambiae* é o principal vector da malária humana em África, causada pelo parasita *Plasmodium falciparum*.

Avancos na manipulação genética de algumas espécies de insectos (Collins, 1994; Curtis, 1994), aliado à conclusão da sequência do genoma do *A. gambiae* na última década, permitiu entender os mecanismos que operam na relação mosquito-parasita, clarificando o papel do sistema imunológico inato como um potencial alvo no que se refere ao bloqueio no desenvolvimento do parasita (Osta et al, 2004).

O reconhecimento dos microrganismos pelo sistema imunológico é o primeiro passo da resposta a infeção. A família das GNBP que participam no reconhecimento e elaboração da resposta imunológica está representada em diversos grupos de insectos, sendo a GNBPB3 de *A. gambiae* de especial interesse, já que parece ter um papel importante na defesa contra *P. falciparum* e *Plasmodium berghei* (Warr et al., 2008) tornando-se um alvo de estudo importante.

Amplificou-se o gene que codifica para a proteína GNBPB3, de amostras provenientes de *A. gambiae* s.s. de sete regiões da África Subsaariana. O gene foi posteriormente sequenciado, com o objectivo de caracterizar a sua variabilidade e evolução molecular, assim como detectar divergências populacionais relativamente às duas formas moleculares (M e S) e às diferentes regiões geográficas. Este estudo teve também como finalidade determinar o tipo de selecção a actuar e a história evolutiva das populações em estudo.

Concluiu-se que todas as populações estão geneticamente separadas e que a distância entre as populações é provavelmente um factor determinante nas diferenças exercidas pela pressão selectiva, resultando assim, numa maior diferenciação entre as populações. Simultaneamente identifica-se que a forma molecular contribui menos para a diferenciação molecular das amostras em estudo, do que a sua localização geográfica. No que se refere ao tipo de selecção a actuar, os resultados indicam que o gene GNBPB3 está sob a acção da selecção purificadora.

MARQUES, Patrícia Dias (2008) Avaliação de antígenos de *Trichiella Spiralis* no decurso da Triquinelose em modelo murino, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: (inacessível)

REIS, Ana dos Santos (2008) Análise do gene codificante ubp-1 em isolados naturais de *Plasmodium falciparum*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: A Malaria é considerada um problema grave de saúde pública nas regiões onde é endêmica. A interrupção dos regimes terapêuticos e a ausência de farmacovigilância adequada levou ao surgimento de populações de parasitas resistentes, sendo este, um dos principais obstáculos ao controle eficaz desta doença. Atualmente a resistência em *Plasmodium falciparum* já existe para todas as classes de antimaláricos exceto no caso dos derivados da artemisinina. A estrutura genética da população de *P. falciparum* varia em diferentes áreas geográficas dependendo dos níveis de transmissão e endemicidade da infecção. Estudos prévios demonstraram que, mutações pontuais em dois genes em particular, *pfATPase6* e *pfubp-1*, poderão exercer uma influência moduladora da atividade antimalárica dos derivados da artemisinina.

As populações parasitárias de uma dada região poderão apresentar diversas combinações entre polimorfismos no gene *pfubp-1* e o genótipo do *pfATPase6* originando diferentes haplótipos entre alelos destes genes, ambos localizados no cromossoma 1 do parasita *P.falciparum*. O gene *ubp-1* codifica uma protease ubiquitina-específica. A sequenciação do gene *ubp-1* em isolados naturais de *Plasmodium falciparum*, provenientes do Brasil, Ruanda e São Tomé e Príncipe permitiu analisar a frequência de putativos polimorfismos genéticos e investigar potenciais haplótipos entre alelos dos genes *pfubp1* e *pfATPase6* nas amostras provenientes destas regiões. No conjunto dos isolados naturais estudados, foram encontradas duas mutações não-sinónimas que se localizam no domínio funcional da proteína codificada pelo gene *pfubp-1*. Adicionalmente, os resultados obtidos revelaram diferenças relativamente a frequência dos polimorfismos estudados e, na frequência de potenciais haplótipos entre alelos dos genes *pfubp1* e *pfATPase6* oriundos das diferentes regiões endêmicas estudadas.

Verificou-se uma menor variabilidade de polimorfismos e menor variabilidade haplotípica no Brasil comparativamente às duas regiões Africanas estudadas.

Os resultados deste trabalho deram a conhecer a estrutura populacional em termos do perfil de dois potenciais moduladores genéticos de susceptibilidade à artemisinina e derivados antes da utilização destes fármacos em larga escala. Deste modo, o presente estudo traduz-se como uma ferramenta que servirá de base a actividades de vigilância molecular continuadas, no intuito de preservar a eficácia prolongada desta importante classe de antimaláricos.

REIS, Mariana Alves (2008) *Toxocara canis*: procura de novos tratamentos na medicina tradicional - estudo *in vitro* e *in vivo*, Dissertação de Mestrado em Ciências Biomédicas, IHMT, Lisboa.

Resumo: Com o objectivo de encontrar novos tratamentos para combater o parasita *Toxocara canis* foram testados, tanto *in vitro* como *in vivo*, produtos naturais usados na medicina tradicional como anti-helmínticos. Assim, foram testados extractos de duas plantas (*Chenopodium ambrosioides* e *Pycnanthus angolensis*) e dois suplementos nutricionais (Nutridesintox® e Nutrifibraplus®), sendo o albendazol usado como fármaco de referência. No ensaio *in vitro*, o Nutridesintox® foi o produto que apresentou maior eficácia na imobilização das larvas de *T. canis*, seguido dos extractos de hexano e de diclorometano e da infusão de *C. ambrosioides*. O extracto metanólico, etanólico e de diclorometano obtidos da espécie *P. angolensis*, não mostraram ter eficácia como anti-helmíntico.

Todavia, os produtos naturais testados exibiram maior actividade biológica contra as larvas de *T. canis* que o fármaco de referência albendazol.

Tendo como base os resultados obtidos no ensaio *in vitro*, os suplementos alimentares, a infusão e o extracto de hexano de *C. ambrosioides* foram escolhidos para testar no ensaio *in vivo*.

Os produtos naturais foram administrados oralmente a murganhos CD1 experimentalmente infectados com ovos de *T. canis*. O esquema terapêutico foi iniciado no 10º dia após infecção, numa dose diária, durante três dias consecutivos. A eficácia dos tratamentos foi avaliada, no quinto dia após a última dose de tratamento, através da contagem do número de larvas recuperadas dos tecidos dos murganhos (cérebro, fígado, pulmões e musculatura). Concomitantemente realizou-se a detecção dos anticorpos das classes IgM e IgG pela técnica de ELISA. A dinâmica dos anticorpos nos grupos tratados mostrou ser semelhante ao grupo controlo, não sendo verificadas diferenças estatisticamente significativas. Não houve uma clara redução da carga parasitária nos órgãos dos murganhos dos grupos tratados. O cérebro foi o órgão em que se registou maior densidade de larvas, com a excepção do grupo tratado com a infusão de *C. ambrosioides*.

Os resultados deste trabalho mostram que a experimentação científica, tendo como base o conhecimento empírico da medicina tradicional, traz mais valias para a descoberta de novos produtos naturais contra a toxocaríase humana. Com base nestes resultados, outros estudos devem ser realizados, para esclarecimento do seu potencial de utilização prática.