

Pandemias na Era da Globalização

10º Congresso & VI Congresso Nacional de Virologia

10, 11 e 12 de Maio de 2023

Hotel Vila Galé | Coimbra

Livro de Resumos



Índice

COMUNICAÇÕES ORAIS.....	2
CO1 Imunidade humoral contra o SARS-CoV-2: 1 ano de seguimento de uma coorte de profissionais de saúde.	3
CO2 SARS-CoV-2 em gatos: Comprovada Infecção e Imunidade contra o vírus	4
CO3 Ensaio de neutralização de SARS-CoV-2: uma plataforma versátil, segura e de fácil implementação para medir infecção.....	5
CO4 Data de início da epidemia de COVID-19 em Portugal.....	6
CO5 Efetividade da vacina contra a gripe tetravalente em Portugal durante a época 2022/23	7
CO6 Dez anos de Infecção do Sistema Nervoso Central por Vírus Herpes Simples	8
PÓSTERES	9
P1 Diagnóstico laboratorial de mpox em Portugal: análise dos casos confirmados pela UREB	10
P2 Ectima: um diagnóstico a considerar.....	11
P3 Hepatite C e Sequenciação de Nova Geração: avaliação de resistências em variantes minoritárias da NS5A	12
P4 Crise supra-renal e COVID19: um caso que ilustra uma relação íntima.	13
P5 Malária severa por Plasmodium falciparum: um caso a relembrar.....	14
P6 Neutropenia grave com blastos circulantes induzida por antibioterapia - uma reação adversa rara numa puérpera	15
P7 Estudo do Conhecimento da Infecção Congénita pelo Citomegalovírus numa População Universitária.....	16
P8 Jovem sexualmente ativo com queratoconjuntivite hiperaguda: não esquecer o Gonococo!.....	17
P9 Infecção Congénita por CMV: a Importância da Serologia Pré-natal na Mãe - Relato de Caso	18
P10 Aspergilose Invasiva – Um Desafio Diagnóstico	19
P11 Encefalite a HHV-7 em Adolescente Saudável: Valor do PCR multiplex em Tempo Real para Vírus Neurotrópicos.....	20
P12 Detecção de vírus neurotrópicos em indivíduos com suspeita de infecção no SNC.....	21
P13 COVID-19 em Portugal: Efeito da vacinação na casuística de um laboratório da região centro	22
P14 Infecção a Enterovirus em idade pediátrica e a Pandemia de COVID-19.....	23
P15 Seroprevalência para o vírus Varicela-Zoster numa população imunodeprimida – 4 anos em revisão (2019-2022)	24
P16 O Citomegalovírus (CMV) no Centro Hospitalar Baixo Vouga nos últimos 2 anos (2021	25
P17 A Hepatite C no Centro Hospitalar Baixo Vouga nos últimos 10 anos (2013-2022)	26
P18 Tuberculose e o Papel do Controlo de Infecção em Meio Hospitalar	27
P19 Avaliação de Diferentes Algoritmos Bioinformáticos para o Alinhamento e Mapeamento de Leituras de NGS do HIV-1....	28
P20 Vírus JC: Possível transmissão por via respiratória entre crianças com idades inferiores a seis anos	29
P21 Detecção e quantificação de BKV - Comparação de duas metodologias de PCR.....	30
P22 Sintomas de COVID-19 durante predominância da variante Delta versus Ómicron: coorte prospetiva de profissionais de saúde	31
P23 Caracterização da imunidade ao SARS-CoV-2 em cães e gatos provenientes de agregados familiares com casos confirmados de COVID-19	32
P24 Infecção congénita por Citomegalovírus: casuística do CHUC – 2017-2022.....	33
P25 Um caso de bacteriemia por Streptococcus sanguinis e espondilodiscite como apresentação inicial de neoplasia do cólon	34
P26 Transmissão de mutações de resistência do VIH-1 na região centro de Portugal, 2020-2022	35
P27 Padronização e validação de ensaio quantitativo de RNA para aplicação na gestão clínica da Hepatite Delta	36
P28 Hepatite Delta: uma infecção que importa conhecer melhor	37
P29 Nocardiose em Portugal – a experiência de um hospital terciário.....	38

COMUNICAÇÕES ORAIS

CO1 | Imunidade humoral contra o SARS-CoV-2: 1 ano de seguimento de uma coorte de profissionais de saúde.

Autor Apresentador: Camila Valadas Henriques

Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Aryse Martins Melo¹, Ana João Carvalho dos Santos², Camila Henriques¹, Inês Costa¹, Rita Matos¹, Ana Paula Rodrigues², Irina Kislaya², Anabela Santos Silva³, Carla Nunes³, Carla Roque¹, Joaquim Aguiar³, Fátima Graça³, António Silva Graça⁴, Ausenda Machado², Raquel Guiomar¹

1 Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 2 Departamento de Epidemiologia, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 3 COVID-19 workgroup do Porto, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Porto, Portugal; 4 Serviço de Saúde Ocupacional, Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal.

Introdução: A vacinação é considerada uma importante medida para o controlo da COVID-19. A 27 de dezembro de 2020, Portugal deu início ao programa de vacinação contra a COVID-19, no qual os profissionais da saúde (PS) foram considerados como grupo prioritário. Dessa forma, uma coorte de PS do Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge (INSA) foi seguida durante 12 meses.

Objetivo: Descrever a dinâmica de anticorpos anti-SARS-CoV-2 em PS desde a primeira dose da vacina contra a COVID-19 até 30 dias após a primeira dose de reforço.

Metodologia: O estudo longitudinal prospectivo seguiu uma coorte de 200 PS entre janeiro de 2021 e fevereiro de 2022. A quantificação de anticorpos do tipo IgG anti-Spike/RBD contra SARS-CoV-2 foi realizada por imunoensaio enzimático de quimioluminescência em amostras de soro obtidas: antes da 1ª dose (T1), 30 dias após 1ª dose (T2), 20-70 dias após 2ª dose (T3), 150-210 dias após 2ª dose (T4), 240-300 dias após 2ª dose/antes do reforço (T5) e 20-60 dias após dose de reforço (T6). Valores superiores a 7,1 BAU/mL foram considerados positivos. Foi estimada a média geométrica do título de anticorpos (GMT, 95 CI) e avaliadas as diferenças entre os vários momentos de avaliação através do teste não-paramétrico de Wilcoxon. Participantes com infeção por SARS-CoV-2 confirmada por PCR foram excluídos da análise. **Resultados:** Observou-se um aumento significativo de 10 vezes da GMT após a 2ª dose da vacina (GMT=982,8BAU/mL), comparativamente à 1ª dose ($p<0.000$). Observou-se um decréscimo progressivo na GMT em T4 e T5 (GMT= 245,4BAU/mL e GMT= 75,2BAU/mL, respetivamente, $p<0.000$). Após o reforço da vacina (T6), foi observado um valor (2213,1BAU/mL), mais de 2 vezes superior ao observado após o T3 ($p<0.000$).

Conclusão: O reforço vacinal conferiu um aumento do título de anticorpos nos profissionais de saúde, no momento de emergência da variante Ómicron, que foi responsável por uma grande onda de infeções em Portugal. Os dados dos estudos imunológicos desenvolvidos durante a pandemia da COVID-19 pretendem contribuir para definição e calendarização das campanhas de vacinação futuras bem como para a definição dos grupos que melhor podem beneficiar da vacinação.

E-mail: camila.henriques@insa.min-saude.pt

CO2 | SARS-CoV-2 em gatos: Comprovada Infecção e Imunidade contra o vírus

Autor Apresentador: Isa Moutinho ^{1,2,3};

1 Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal (CIISA), Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa (FMV-ULisboa), Portugal; 2 Laboratório Associado para a Ciências Animal e Veterinária (AL4AnimalS); 3 Instituto de Investigação do Medicamento (iMed.Ulisboa), Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa (FF-ULisboa), Portugal

Outros Autores: Mafalda Henriques ^{1,2}; **Luís Tavares** ^{1,2}; **Solange Gil** ^{1,2}; **Telmo Nunes** ^{1,2}; **Frederico Aires da Silva** ^{1,2};

1 Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal (CIISA), Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa (FMV-ULisboa), Portugal; 2 Laboratório Associado para a Ciências Animal e Veterinária (AL4AnimalS)

Introdução:

O SARS-CoV-2 e a doença resultante, COVID-19, constituem uma das maiores preocupações de saúde pública em todo o mundo. São já vários os estudos a reportar a suscetibilidade de diferentes espécies animais à infecção por este vírus. Os gatos, em particular, têm sido objeto de vários estudos devido ao contacto próximo e coabitação com o homem e à sua elevada suscetibilidade à infecção. Neste estudo, realizado numa população de gatos em Lisboa, pretendemos caracterizar a resposta imunológica humoral dos gatos ao SARS-CoV-2. Assim, tivemos como objetivo determinar a seroprevalência contra o SARS-CoV-2 nestes animais e avaliar o potencial de neutralização dos anticorpos contra o vírus.

Objetivos:

Determinar a seroprevalência de anticorpos contra o SARS-COV-2 numa população de gatos da região de Lisboa;

Avaliar o potencial dos anticorpos produzidos pelos gatos em resposta à infecção por SARS-CoV-2 na neutralização do vírus.

Metodologia:

Tendo como base animais internados no Hospital Escolar Veterinário (HEV) da FMV-ULisboa construiu-se um biobanco de amostras de soro de gato. As amostras recolhidas foram testadas por ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) contra a proteína de superfície (S) e domínio de ligação ao recetor (RBD) do SARS-CoV-2. As amostras positivas no ELISA foram submetidas a um teste de seroneutralização (sVNT). Por fim, as amostras com anticorpos com elevada atividade de neutralização seguiram para um ensaio de infecção com partículas virais pseudotipadas com a proteína S das várias variantes do SARS-CoV-2.

Resultados:

Das 614 amostras de soro testadas, 97 (15,8%) tiveram resultado positivo no ELISA. Essas 97 amostras seguiram para o sVNT onde 21 (21,6%) apresentaram anticorpos neutralizantes contra o vírus. As amostras de soro destacadas no ELISA e sVNT como tendo um título de anticorpos mais elevado mostraram maior capacidade de inibição da infecção nos ensaios com vírus pseudotipados.

Conclusões:

Este estudo atesta a suscetibilidade dos gatos à infecção por SARS-CoV-2 e o desenvolvimento de anticorpos de elevada potência de neutralização por parte destes animais. Gatos naturalmente infetados podem constituir uma fonte promissora para o desenvolvimento de anticorpos recombinantes contra o vírus. Podem ainda ser usados como um excelente modelo de infecção/doença natural e para avaliação de respostas imunitárias.

E-mail: isadoraia@fmv.ulisboa.pt

CO3 | Ensaio de neutralização de SARS-CoV-2: uma plataforma versátil, segura e de fácil implementação para medir infeção

Autor Apresentador: Marta Alenquer

Católica Biomedical Research Centre, Católica Medical School, Universidade Católica Portuguesa, Lisboa, Portugal & Instituto Gulbenkian de Ciência, Oeiras, Portugal

Outros Autores: Filipe Ferreira; Maria João Amorim

Católica Biomedical Research Centre, Católica Medical School, Universidade Católica Portuguesa, Lisboa, Portugal & Instituto Gulbenkian de Ciência, Oeiras, Portugal

INTRODUÇÃO: Os ensaios de neutralização de vírus são uma ferramenta importante para monitorizar a resposta imunitária, testar fatores que bloqueiem a entrada de vírus na célula hospedeira, incluindo compostos com potencial farmacêutico, ou estudar a biologia dos vírus. As partículas pseudo-virais são frequentemente utilizadas em ensaios de neutralização como alternativa a vírus que requeiram manipulação em laboratórios com elevado nível de biossegurança, que sejam difíceis de manipular ou propagar em cultura, permitindo a testagem em larga escala de uma forma rápida e segura.

OBJETIVOS: O objetivo deste estudo foi desenvolver um ensaio de neutralização do vírus SARS-CoV-2 com base em partículas pseudo-virais.

METODOLOGIA: Foram desenvolvidas partículas pseudo-virais quiméricas não-replicativas, com a estrutura e genoma de um lentivírus e a glicoproteína spike de SARS-CoV-2 como única proteína de superfície. Uma vez que a glicoproteína spike medeia a entrada do vírus nas células através da ligação ao recetor ACE2, estes pseudo-vírus comportam-se como o SARS-CoV-2 nativo no que diz respeito aos passos de entrada na célula hospedeira. Além disso, expressam o gene-repórter GFP (Green Fluorescent Protein), que permite a quantificação direta dos níveis de infeção através da medição de fluorescência.

RESULTADOS: Este método foi já utilizado em diferentes estudos com aplicações diversas, nomeadamente para medir os níveis de anticorpos neutralizantes no soro após infeção ou vacinação, analisar a eficácia da resposta imunitária face à evolução do vírus e aparecimento de novas variantes, prever e testar mutações importantes para a evasão da resposta imunitária (Alenquer et al., 2021, <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009772>), quantificar anticorpos neutralizantes no leite materno (Gonçalves et al., 2021; <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2021.100468>) ou cordão umbilical (Gonçalves et al., 2022; <https://doi.org/10.1101/2022.08.23.22279113>). Está também a ser utilizado numa plataforma inovadora para identificar moléculas que inibam a entrada do vírus, incluindo vários tipos de anticorpos com potencial terapêutico.

CONCLUSÕES: Estabelecemos um método seguro e eficiente para testar, em larga escala, fatores que bloqueiem a entrada de SARS-CoV-2 na célula hospedeira. Esta plataforma pode ser rapidamente adaptada a outros vírus, como o vírus da gripe ou outros coronavírus, permitindo-nos responder rapidamente numa próxima pandemia.

E-mail: malenquer@ucp.pt

CO4 | Data de início da epidemia de COVID-19 em Portugal

Autor Apresentador: Fernando da Conceição Batista

Instituto Politécnico de Leiria, Leiria, Portugal

Outros Autores: Americo Barbosa da Cunha Junior

Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil

Introdução:

O aparecimento de vários casos positivos com coronavírus SARS-CoV-2 em vários países da Europa anteriores à primeira notificação oficial em Portugal (2 de março de 2020), permitiu o levantamento da suspeição que o vírus já estaria em circulação em Portugal. Neste sentido, o presente trabalho insere-se no esforço de tentar compreender melhor a dinâmica inicial da COVID-19 em Portugal.

Objetivos:

Analisar toda a informação pública veiculada pelas autoridades de saúde e usando modelos matemáticos estimar a data provável de início do surto epidêmico em Portugal.

Metodologia:

A partir dos dados dos relatórios diários da DGS foram identificados vários indicadores que permitiram a identificação da data em que foi encontrada a curva epidémica da primeira onda da pandemia. Os indicadores foram: rácio entre testes positivos e testes negativos, estabilização dos sintomas, pico de início de sintomas e evolução do R_t . Usando apenas o número de casos após essa data e um modelo logístico, foram desenvolvidos modelos para estimar a curva epidémica, com a respetiva incerteza.

Resultados:

Com esses dados verificou-se que no dia 29 de março de 2020 houve uma alteração clara dos indicadores. Com essa data foram testados vários modelos logísticos e com algumas métricas estatísticas foi estimada a data de 27 de janeiro como início da pandemia no país.

Conclusões:

Os modelos permitiram inferir um intervalo para a ocorrência do primeiro caso em Portugal, apontando para a última semana de janeiro. Há outros autores que chegaram a mesma conclusão, mas por outras vias. Foi o caso do INSA que realizou um estudo genómico do vírus em vários pacientes e concluiu que a maioria dos casos foram na última semana de fevereiro e existindo um grande potencial de contágios no fim de janeiro. Utilizando o número de óbitos de vários países e assumindo o desfasamento de 15 dias, Delatorre estimou os finais de janeiro para os primeiros casos em Espanha.

Referências:

[1] Borges V, et al., The early dynamics of the SARS-CoV-2 epidemic in Portugal, 2021, DOI:10.1101/2021.02.22.21252216.

[2] Delatorre, Edson et al., Tracking the onset date of the community spread of SARS-CoV-2 in western countries, 2020, DOI: 10.1590/0074-02760200183.

E-mail: fernando.batista@ipleiria.pt

CO5 | Efetividade da vacina contra a gripe tetravalente em Portugal durante a época 2022/23

Autor Apresentador: Ana Paula Rodrigues

Departamento de Epidemiologia, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Irina Kislaya¹, Licínia Gomes², Aryse Melo², Ausenda Machado¹, Raquel Guiomar²

1. Departamento de Epidemiologia, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 2. Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Introdução: A vacinação contra a gripe é fundamental na redução do impacto da gripe na população. Em 2022/23, a vacinação contra a gripe em Portugal foi iniciada na semana 36/2022, abrangendo pessoas de maior risco (≥ 65 anos, grávidas, doentes crónicos). A epidemia de gripe ocorreu mais cedo do que em épocas anteriores; teve o seu pico no mês de dezembro e afetou, em especial, crianças e adultos jovens. Apesar da variação esperada da efetividade vacinal (EV) ao longo da época, as estimativas da EV numa fase precoce da epidemia são úteis para ajustar as medidas de proteção no decurso da epidemia.

Objetivo: Este estudo pretendeu estimar a EV contra a gripe numa fase precoce da epidemia.

Metodologia: Foi desenvolvido um estudo caso controlo teste-negativo com dados da vigilância da gripe colhidos entre as semanas 41/2022 e 2/2023 em 76 unidades dos cuidados de saúde primários. Foram selecionados doentes com infeção respiratória aguda (≥ 18 anos) a quem foi colhida uma amostra respiratória e aplicado um questionário. Foram considerados como casos os doentes com gripe confirmada laboratorialmente, e como controlos aqueles com resultado laboratorial negativo para gripe. Os participantes foram considerados vacinados se tivessem tomado a vacina contra a gripe há mais de 14 dias antes do início dos sintomas. A efetividade vacinal foi calculada como $VE = 100\% \times (1 - \text{odds ratio})$ de estar vacinado nos casos versus controlos.

Resultados: Foram recrutados 680 doentes, dos quais 453 preencheram os critérios de participação. A EV contra gripe do tipo A ou B foi de 49,0% (IC95: 4,8 a 72,7%) e de 43,9% (IC95: -6,4 a 70,5%) contra o subtipo A(H3) que foi predominante em Portugal.

Conclusões: As estimativas da EV contra gripe foram mais elevadas do que as observadas em épocas anteriores com circulação predominante de A(H3), o que pode dever-se à semelhança entre as estirpes vacinais e as circulantes e à circulação mais precoce do vírus da gripe.

E-mail: ana.rodrigues@insa.min-saude.pt

CO6 | Dez anos de Infecção do Sistema Nervoso Central por Vírus Herpes Simples

Autor Apresentador: Sara Ribas Moura

Unidade Local de Saúde de Matosinhos, EPE | Hospital Distrital de Santarém, EPE; Portugal

Outros Autores: Margarida Monteiro, Valquíria Alves.

Unidade Local de Saúde de Matosinhos, EPE; Matosinhos, Portugal.

Introdução

O vírus herpes simples (VHS) é uma causa rara de infecção do sistema nervoso central (SNC), embora seja um vírus prevalente e facilmente transmissível. Esta é causada pela disseminação olfatória ou hematogénica do VHS tipo 1 ou 2.

Objetivo:

Estudo epidemiológico retrospectivo, de 10 anos, das infeções herpéticas (VHS-1 e 2) do SNC numa Unidade Local de Saúde.

Material/Métodos:

Análise retrospectiva e unicêntrica de amostras de líquido cefalorraquidiano (LCR), de doentes hospitalizados, com pesquisa de VHS por PCR em tempo real (RealStar® HSV PCR alta Diagnostica) entre janeiro de 2013 e janeiro de 2023.

Os dados foram obtidos através do Sistema Informático Laboratorial Clinidata® e caracterizados clinicamente através do SClínico.

Resultados:

Neste período analisamos 934 amostras (n=934) com uma taxa de positividade de 2.9%, identificando 27 doentes, 22 por VHS-1 e 5 por VHS-2; correspondendo a 17 encefalites, 8 meningoencefalites e 2 meningites.

A distribuição dos casos foi uniforme ao longo dos anos e sem característica sazonal.

Do total, 37% eram doentes do sexo feminino (n=10) e 63% do sexo masculino (n=17); com idades entre os 39 e os 89 anos, com uma mediana de 62 anos. Quanto aos fatores de risco: 3 doentes eram imunocomprometidos (2 VIH positivo), 9 com hábitos alcoólicos, 1 institucionalizado e 1 com antecedente de encefalite herpética.

A análise citoquímica do LCR revelou 85% dos casos com proteinorráquia; 85% com pleocitose (56% com >50 células/mm³) e, dos que efetuaram o diferencial leucocitário, 74% com predomínio de células mononucleares.

A média de dias de internamento foi 27. Todos cumpriram terapêutica com aciclovir, sendo a taxa de mortalidade de 26%. 6 doentes com diagnóstico tardio (22%) e a taxa de mortalidade nestes foi de 67%.

Conclusão

O VHS-1 é a causa mais comum de encefalite esporádica, não sazonal e fatal.

A PCR é essencial para um diagnóstico rápido.

A taxa de mortalidade foi semelhante à da literatura e a maioria dos casos fatais teve diagnóstico tardio.

E-mail: sara.moura@hds.min-saude.pt

PÓSTERES

P1 | Diagnóstico laboratorial de mpox em Portugal: análise dos casos confirmados pela UREB

Autor Apresentador: Rita Cordeiro

1 Unidade de Resposta a Emergências e Biopreparação, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge Lisboa, Portugal; 2 Instituto de Saúde Ambiental, Faculdade de Medicina da Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Ana Pelerito^{1,2}; Isabel Lopes de Carvalho^{1,2}; Equipa de Apoio ao Diagnóstico Laboratorial de mpox^{3,4} (Sílvia Lopo³; Raquel Neves⁴; Raquel Rocha³; Paula Palminha⁴; Maria José Borrego³); Maria Sofia Núncio^{1,2}

1 Unidade de Resposta a Emergências e Biopreparação, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 2 Instituto de Saúde Ambiental, Faculdade de Medicina da Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal; 3 Laboratório Nacional de Referência das Infecções Sexualmente Transmissíveis, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 4 Laboratório Nacional de Referência de Doenças Evitáveis pela Vacinação, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal.

Introdução

Mpox é uma doença zoonótica causada pelo vírus mpox (MPXV). Desde o início de maio de 2022, vários casos de mpox têm sido notificados em diferentes países onde a doença não é endémica. Portugal foi um dos primeiros países a notificar casos de mpox, tendo sido notificado o primeiro caso a 16 de maio de 2022.

Objetivos

O presente trabalho tem como objetivo a análise dos casos confirmados em Portugal pela Unidade de Resposta a Emergências e Biopreparação (UREB) do Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge.

Metodologia

O diagnóstico laboratorial de mpox é realizado preferencialmente pela técnica de PCR em Tempo Real, devido à sua precisão e sensibilidade. A amostra adequada para confirmação laboratorial é o exsudado (exs.) de lesão, sendo também recomendada a colheita de um exs. orofaríngeo. Dependendo das manifestações clínicas do doente, podem ser consideradas outras amostras para investigação, tais como: exs. genital e/ou anal, urina e sêmen.

Resultados

Até à data, foram confirmados laboratorialmente e notificados 953 casos, na sua maioria no grupo etário 30-39 anos (n=420; 44,1%), do sexo masculino (n=944; 99%) e afetando principalmente os homens que têm sexo com homens. Apenas ocorreram nove casos (1%) no sexo feminino, dois deles em mulheres grávidas. Foram detetados casos positivos em todas as regiões do país, mas foi na região de Lisboa e Vale do Tejo (n=753; 79%) que se registou o maior número. A deteção de MPXV foi mais frequente no exs. de lesão (n=986; 58,1%), exs. orofaríngeo (n=596; 35,1%), exs. anal (n=75; 4,4%) e urina (n=14; 0,8%). As amostras de exs. de lesão e exs. anal apresentaram os valores médios de Ct (cycle threshold) mais baixos, Ct=24 e Ct=25, respetivamente, sugestivos duma maior carga viral, comparativamente com exs. orofaríngeo (Ct=30) e urina (Ct=29).

Conclusão

A UREB é o laboratório de referência dos Orthopoxvirus e implementou um algoritmo laboratorial que garante uma resposta precisa e rápida. Este algoritmo permitiu o diagnóstico dos primeiros casos de mpox e é periodicamente testado por vários sistemas europeus de controlo de qualidade, desempenhando um papel essencial no sucesso da resposta nacional ao surto.

P2 | Ectima: um diagnóstico a considerar

Autor Apresentador: Joana Martinez

Centro Hospitalar do Baixo Vouga, Aveiro, Portugal

Outros Autores: António Pedro Machado¹, Lorrane Viana², Cristina Soeiro³, António Guerra Maio⁴, Jorge Velez⁵

1 Centro Hospitalar do Baixo Vouga, Aveiro, Portugal; 2 Centro Hospitalar do Baixo Vouga, Aveiro, Portugal 3 Centro Hospitalar do Baixo Vouga, Aveiro, Portugal; 4 Centro Hospitalar do Baixo Vouga, Aveiro, Portugal; 5 Centro Hospitalar do Baixo Vouga, Aveiro, Portugal

Introdução: As infeções cutâneas podem ser provocadas por uma grande variedade de microrganismos. A ectima é uma infeção cutânea que atinge a epiderme e a derme, surgindo habitualmente como uma lesão sobre-elevada, com margens violáceas, ocasionalmente crostosa. O *Staphylococcus aureus* e o *Streptococcus pyogenes* estão classicamente associados a estes quadros, embora possam ocorrer lesões semelhantes por diversos agentes, motivando a necessidade de estudo criterioso nestas situações.

Objetivo: Descrever o diagnóstico e evolução de um caso de ectima.

Metodologia: Descrição de caso clínico.

Apresenta-se o caso de uma mulher de 40 anos, sem antecedentes pessoais, trabalhadora em empresa de seca de bacalhau. Com possível impacto epidemiológico, referia ter efetuado limpeza manual de canalização com entupimento, na empresa, alguns dias antes do início do quadro clínico. Posteriormente desenvolve lesão cutânea no antebraço, inicialmente papular, com agravamento progressivo – sem sinais/sintomas sistémicos. Recorreu aos cuidados primários onde foi medicada com amoxicilina/clavulanato, que cumpriu durante dois dias sem melhoria. Deslocou-se então ao Serviço de Urgência, onde apresentava lesão nodular com 3 cm de diâmetro e 1 cm de altura, centro ulcerado e bordos eritematosos, sem flutuação ou drenagem. Proposto internamento breve, onde realizaria biópsia cutânea e colheita de pus, tendo alta sob ácido fusídico tópico e cuidados de penso, mantendo acompanhamento em consulta de Infeciologia. A cultura da biópsia cutânea identificou *Staphylococcus aureus* multissensível, com pesquisas negativas para fungos e micobactérias. O estudo anatomopatológico mostrou um infiltrado inflamatório neutrofílico inespecífico. Iniciou antibioterapia dirigida com flucloxacilina 1g 8/8h PO, durante 8 dias, verificando-se evolução local francamente positiva, com diminuição da ulceração e progressiva cicatrização. Após um mês do início do quadro, teve alta da consulta, apresentando re-epitelização evidente e mantendo cicatriz.

Conclusões: A ectima pode ocorrer em qualquer faixa etária e sexo. Extremos de idade, presença de imunossupressão, más condições de higiene e quebras da barreira cutânea são alguns dos fatores de risco que aumentam a probabilidade de ocorrência desta patologia. O diagnóstico diferencial, pela sua abrangência, dificulta a definição etiológica do quadro, obrigando a uma colheita microbiológica adequada para maior sucesso terapêutico. Estas lesões, habitualmente localizadas, respondem rapidamente a antibioterapia tópica e/ou oral.

E-mail: joana_125@hotmail.com

P3 | Hepatite C e Sequenciação de Nova Geração: avaliação de resistências em variantes minoritárias da NS5A

Autor Apresentador: Diogo Ramos

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Miguel Pinto¹; Rodrigo Sousa Coutinho²; Carolina Silva¹; Miriam Quina¹; João Paulo Gomes¹; Elizabeth Pádua¹

1 Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 2 Associação Ares do Pinhal - Associação para a Reabilitação de Toxicodependentes, Lisboa, Portugal

Introdução: A Hepatite C não tratada tem uma elevada taxa de progressão crónica, causando danos severos no fígado e podendo conduzir ao transplante hepático. Este cenário pode ser evitado em aproximadamente 95% dos doentes tratados. Os restantes 5%, quando submetidos a retratamento, apresentam uma taxa de cura muito reduzida. Este facto, pode ser explicado pela seleção de variantes contendo mutações de resistência (MR) que escapam à ação dos antivirais, tornando-se dominantes na infeção (SHARED, 2022). Este evento conduziu à implementação da pré-avaliação da resistência aos antivirais em alguns países, antes do início do tratamento (STOP-HCV Consortium).

Objetivos: O presente estudo teve como objetivo avaliar o perfil de resistência a antivirais da NS5A, nas variantes (prevalentes e minoritárias) que caracterizam a infeção por VHC, numa população vulnerável de doentes crónicos e naïve a antivirais.

Metodologia: Amostras anonimizadas colhidas em 2016, foram epidemiológica e clinicamente caracterizadas (n=84). Do RNA extraído foram obtidos amplicões NS5A, submetidos a Sequenciação de Nova Geração (SNG) e análise bioinformática dos dados.

Resultados: Considerando quasispecies presentes em frequências entre 10%-1%, observou-se resistência ou redução de suscetibilidade para todos os inibidores da NS5A. Foram detetadas MR em 42,9% das amostras, correspondentes a 44 mutações em 36 doentes infetados com diferentes subtipos de VHC. As mutações identificadas foram K24R, M28V, Q30H/R, H58D/P/Q/R (subtipo 1a), L31M e P58S (subtipo 1b), A30S/T e Y93H (subtipo 3a) e P58L (genótipo 4). Detetou-se ainda um recombinante 2k/1b e uma infeção mista pelos subtipos 1a e 3a do VHC na população em estudo.

Conclusões: Para melhorar a eficácia do tratamento e contribuir para o cumprimento do Objetivo 3 da Agenda 2030 da ONU, justifica-se implementar uma nova estratégia de combate à Hepatite C, tirando partido das vantagens da SNG. Esta técnica permite determinar o perfil de resistências de base, em variantes minoritárias, e assim administrar o regime terapêutico adequado, evitando o problema de seleção de variantes resistentes. Para o suporte laboratorial necessário ao desenvolvimento desta estratégia, a metodologia de SNG está a ser aprimorada no INSA, abrangendo a análise simultânea dos 3 principais alvos (inibidores NS3, NS5B e NS5A) que integram os atuais regimes terapêuticos.

E-mail: diogo.ramos.ebi@gmail.com

P4 | Crise supra-renal e COVID19: um caso que ilustra uma relação íntima.

Autor Apresentador: José Henrique Pinho

Centro Hospitalar Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

Outros Autores: Magda Gonçalves; Margarida Prata; Raquel Gonçalves; Eduardo Rabadão

Centro Hospitalar Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

INTRODUÇÃO

A crise suprarrenal manifesta-se por sinais e sintomas, como hipotensão, dor abdominal, náuseas/vómitos, diarreia, hiponatremia e hipoglicemia, configurando uma emergência endocrinológica potencialmente fatal. Pode ser precipitada por diferentes fatores, havendo evidência crescente da infeção por SARS-CoV-2 como causa relevante de insuficiência suprarrenal.

Os autores descrevem um caso de crise suprarrenal precipitado por infeção por SARS-CoV-2 de gravidade ligeira, numa doente sem patologia endocrinológica conhecida.

DESCRIÇÃO

Doente de 35 anos, com antecedentes de Esclerose Múltipla Surto-Remissão, sob terapêutica imunossupressora com Ocrelizumab.

Apresenta-se ao serviço de urgência do CHUC com queixas de tosse emetizante, febre com 3 dias de evolução, sem resposta a antipiréticos e odinofagia. Registo de infeção por SARS-CoV-2 na plataforma SINAVE, onze dias prévios à vinda à urgência. À admissão, encontrava-se febril e hemodinamicamente estável. Excluiu-se insuficiência respiratória por gasometria, e pneumonia, através de Angio-TAC torácico. Analiticamente, destaca-se PCR 27.36mg/dL com PCT 2.51ng/L, com neutropenia grave (leucócitos $1.8 \times 10^9/L$, com 0% Neutrófilos). Após colheita de rastreio sético, é internada no serviço de Doenças Infecciosas, sob Ceftriaxone, Azitromicina, Remdesivir e Dexametasona 6mg/dia. Apresentou boa evolução, sendo possível a alta ao final de 5 dias. Retorna 2 dias após a alta, com queixas de astenia marcada, tonturas, dor abdominal e lipotímia, acompanhadas de tensão arterial sistólica <90mmHg, taquicardia, glicemia 54mg/dL, Na⁺ 130mmol/L. Assumida insuficiência suprarrenal aguda, sendo medicada com hidrocortisona 100mg 8/8h, com melhoria marcada. Dada a suplementação com corticóide, não foram efetuadas medições de ACTH ou cortisol em contexto agudo.

DISCUSSÃO

A crise suprarrenal pode ocorrer em consequência de infeções graves e suspensão de corticoterapia prolongada. Este caso adquire relevância pela apresentação atípica, não sendo explicado pelo quadro infeccioso prévio, dada a sua ligeira gravidade, nem pela suspensão de corticoterapia, que foi efetuada em baixas doses e por apenas 5 dias. A infeção SARS-CoV-2 tem sido apontada como causa de enfarte e hemorragia suprarrenal, condicionando disfunção desta glândula, mesmo em casos de infeção ligeira.

CONCLUSÃO

A infeção Sars-CoV-2 tem consequências multiorgânicas, cujas dimensões se começam apenas agora a conhecer. Este relato de caso pretende alertar para possibilidade de insuficiência suprarrenal precipitada por infeção SARS-CoV-2, mesmo em apresentação como doença ligeira-a-moderada.

P5 | Malária severa por Plasmodium falciparum: um caso a lembrar

Autor Apresentador: José Henrique Pinho

Centro Hospitalar Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

Outros Autores: Magda Gonçalves; Margarida Prata; Raquel Gonçalves; Eduardo Rabadão

Centro Hospitalar Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

INTRODUÇÃO

A malária foi responsável por mais de 600000 mortes em 2021. Entre os protozoários causadores de malária, o Plasmodium falciparum destaca-se, pela morbi-mortalidade que condiciona. Viajantes para zonas não endémicas encontram-se em especial risco de manifestações graves de doença.

Reporta-se um caso de malária severa por Plasmodium falciparum, que condicionou admissão em cuidados intensivos.

DESCRIÇÃO

Mulher de 25 anos, sem antecedentes médicos de relevo. Encaminhada ao serviço de urgência por alteração do comportamento. Encontrava-se em Portugal há 2 meses, após estadia de 1 ano na Tanzânia, sem realização de profilaxia para malária.

À admissão, encontrava-se obnubilada, com comportamento agressivo e hostil, identificado como anormal pelos pais. Apresentava tensão arterial 86/46mmHg, frequência cardíaca 134bpm e Temperatura 39.1°C. Analiticamente apresentava Cr 1.25mg/dL, AST 101U/L, ALT 39U/L, BT 2.3mg/dL, pancitopenia com Hb 7,4g/dL, PCR 20.79mg/dL e hiperlactacidemia de 4.7mmol/L. Evidência de numerosos trofozoítos em esfregaço de sangue periférico, compatíveis com Plasmodium falciparum, corroborado por teste de antígeno positivo. Parasitémia estimada em 34,6%.

Doente apresentava ainda queixas de dor intensa ao nível do 4º e 5º dedo do pé esquerdo, com evolução para necrose ao longo do internamento.

Dada a disfunção multiorgânica, a doente é admitida na Unidade de Cuidados Intensivos, com necessidade de ventilação invasiva, suporte aminérgico e suporte transfusional.

Por indisponibilidade hospitalar de artesunato, iniciou-se terapêutica com quinino 20mg/kg EV, posteriormente alterado para artesunato 2.4mg/kg EV às 0,12 e q24 horas até parasitémia <1%. Cumpriu, depois, 6 tomas de artemeter/lumefantrina.

Verificou-se boa evolução com alta hospitalar após 19 dias de internamento.

DISCUSSÃO

A infeção por Plasmodium falciparum pode provocar disfunção multiorgânica, tendo como base fisiopatológica a lise eritrocitária maciça e respetivo sequestro na microvasculatura, conduzindo a lesão de órgão disseminada, podendo culminar em falência multiorgânica.

O caso apresentado configura uma apresentação severa de malária, segundo a definição da Organização Mundial de Saúde, evidenciando que a infeção por Plasmodium falciparum pode representar uma verdadeira emergência, se não identificada a tempo.

CONCLUSÃO

Dada a morbimortalidade da malária, é essencial manter os clínicos alerta para os danos potenciais desta patologia, sendo essencial a sensibilização dos viajantes com vista a adoção de esquemas profiláticos eficazes.

P6 | Neutropenia grave com blastos circulantes induzida por antibioterapia - uma reação adversa rara numa puérpera

Autor Apresentador: João Luís Miranda

Centro Hospitalar Vila Nova de Gaia, Vila Nova de Gaia, Portugal

Outros Autores: Daniel Coutinho, Sofia Nunes, Mafalda Alpoim, Joana Fragoso, Tiago Teixeira

Centro Hospitalar Vila Nova de Gaia, Vila Nova de Gaia, Portugal

Introdução:

A toxicidade hematológica dos antimicrobianos é frequente e tem impacto na gestão clínica do doente. As grávidas e puérperas apresentam um ambiente inflamatório e imunológico próprio, por vezes com reações de reconstituição imune após a gravidez.

É apresentado o caso de uma jovem puérpera com infeção do sistema nervoso central após anestesia epidural, que durante antibioterapia desenvolveu uma reação hematológica exuberante com neutropenia grave e blastos em sangue periférico.

Caso clínico:

Mulher de 36 anos, sem antecedentes pessoais de relevo, submetida a cesariana para parto de termo com anestesia por via epidural. Três dias depois inicia quadro de lombalgias, febre e drenagem purulenta no local de punção. Também com cefaleias intensas, sem alteração do estado de consciência, e TC cerebral normal. Realizada punção lombar com colheita de LCR que revelou pleocitose (1797 células, 80% polimorfonucleares) e proteinorráquia com consumo de glicose. Ressonância magnética da coluna demonstrou pequena coleção epidural posterior, tendo sido assumido abscesso epidural com meningite nosocomial. Sem isolamentos microbiológicos em LCR ou periféricos.

Iniciou empiricamente antibioterapia com cefepima e vancomicina, tendo apresentado evolução favorável, com resolução da febre e dos sinais inflamatórios locais.

A doente continuou o seu tratamento antibiótico em hospitalização domiciliária. Aos 28 dias de antibioterapia desenvolveu subitamente neutropenia grave com alterações no esfregaço de sangue com blastos circulantes.

Levantadas as hipóteses de leucemia mielóide aguda ou toxicidade hematológica a antibiótico. Foi alterada antibioterapia para levofloxacina e clindamicina oral e realizado aspirado medular - medula hiper celular com desvio esquerdo, sem evidencia blastos "patológicos". Nos 4 dias seguintes recuperou a contagem de neutrófilos, sugerindo iatrogenia pela antibioterapia (provavelmente vancomicina).

Discussão

A toxicidade hematológica da vancomicina (e em menor grau do cefepime) é uma complicação descrita, mas a neutropenia grave com presença de blastos em sangue periférico é rara. Esta complicação em doentes com múltiplos antibióticos, infeções complicadas e no puerpério torna a sua gestão desafiante, tornando premente a exclusão de doença hematológica.

E-mail: joaoluism@gmail.com

P7 | Estudo do Conhecimento da Infecção Congénita pelo Citomegalovírus numa População Universitária

Autor Apresentador: Sofia Almeida

Faculdade Ciências da Saúde - Universidade da Beira Interior, Centro Hospitalar Universitário da Cova da Beira, Covilhã, Portugal

Outros Autores: Jéssica Rocha ¹; Sofia Almeida ²

1 Faculdade Ciências da Saúde - Universidade da Beira Interior, Covilhã, Portugal; 2 Faculdade Ciências da Saúde - Universidade da Beira Interior; Centro Hospitalar Universitário da Cova da Beira, Covilhã, Portugal

Introdução: O Citomegalovírus (CMV) é o principal agente de infeção congénita em todo o mundo, ocorrendo a infeção por este vírus em 0,2-6,1% dos nados vivos. No entanto, o baixo conhecimento sobre o CMV foi comprovado em vários estudos internacionais. Na ausência de uma vacina licenciada o Centers for Disease Control and Prevention (CDC) recomenda a implementação de medidas comportamentais com vista a reduzir a transmissão do vírus às grávidas. Estas medidas só poderão ser postas em prática se a problemática da infeção pelo CMV for conhecida e se as medidas forem divulgadas junto das grávidas e mulheres em idade fértil.

Objetivos: O objetivo deste estudo foi avaliar o grau de conhecimento relativamente à infeção congénita pelo CMV nos estudantes da Universidade da Beira Interior (UBI).

Metodologia: Foi enviado um inquérito, por email, a toda a população de estudantes da UBI entre Dezembro de 2022 e Março de 2023.

Resultados: Foram obtidos 208 inquéritos válidos. Dos alunos inquiridos, 21.2% identificam o CMV como agente responsável por infeção congénita. Relativamente às formas de transmissão, 48% dos inquiridos identificou a transmissão sexual, 40% o beijo, 36% o aleitamento materno e 17% a mudança da fralda. No que diz respeito às grávidas em maior risco de transmissão, apenas 8.2% dos estudantes inquiridos identificaram as grávidas seronegativas como estando em maior risco de transmitir o CMV ao recém-nascido. Relativamente ao rastreio nos recém-nascidos, 77% dos alunos inquiridos tem noção que não existe, e 99,5% considera que esse rastreio seria adequado (25%) ou importante (74.5%).

Conclusões: Verificámos que o grau de conhecimento relativamente à infeção congénita pelo CMV é de um modo geral baixo. Estes dados são ainda mais preocupantes considerando que estamos a falar maioritariamente de jovens em idade fértil a frequentar o ensino superior, alguns deles na área da saúde. Assim, consideramos importante a implementação de medidas de sensibilização junto das diferentes populações no sentido de melhorar o grau de conhecimento relativo ao principal vírus responsável por infeção congénita a nível mundial pois só deste modo as medidas atualmente em vigor para prevenir a infeção podem ser implementadas.

E-mail: s.sofia.almeida@gmail.com

P8 | Jovem sexualmente ativo com queratoconjuntivite hiperaguda: não esquecer o Gonococo!

Autor Apresentador: Constança Azeredo

Hospital Pedro Hispano, Matosinhos, Portugal

Outros Autores: Constança Azeredo, Renato Barbosa, Luís Moura, Sara Araújo, Eduarda Pena, Isabel Neves

Hospital Pedro Hispano, Matosinhos, Portugal

Introdução: A queratoconjuntivite por *Neisseria gonorrhoeae* (NG) faz parte do espectro da doença extragenital pela NG e afeta principalmente recém-nascidos e adultos sexualmente ativos. No adulto, esta infeção resulta de inoculação de secreções genitais infetadas.

Caso clínico: Doente do sexo masculino com 19 anos, sexualmente ativo (sexo com homens – HSH) e com abandono da consulta de profilaxia pré-exposição (PrEP) apresenta-se no Serviço de Urgência com edema palpebral e exsudado ocular purulento exuberante de instalação hiperaguda associado a diminuição significativa da visão. Foi observado por Oftalmologia tendo sido diagnosticada queratoconjuntivite grave de provável etiologia gonocócica. Iniciou ciprofloxacina oral e em pomada. Após 5 dias de tratamento, regressou por agravamento do quadro com envolvimento do olho contralateral. Foi internado e medicado com ceftriaxone endovenoso 1g/dia durante 5 dias e colírios de ceftazidima e vancomicina 1/1 hora. Teve alta medicado com azitromicina e cefuroxima oral, que não cumpriu.

Por persistência dos sintomas regressou ao Serviço de Urgência tendo sido internado sob ceftriaxone 2g/dia endovenoso que cumpriu 14 dias e colírios fortificados de ceftazidima e vancomicina 1/1h.

Do estudo realizado destaca-se vírus da imunodeficiência humana negativo, serologia da sífilis negativa, PCR de NG positivo no exsudado uretral e negativo no exsudado ocular.

Ficou com sequela de leucoma corneano denso central, ponderando-se realização de transplante de córnea no futuro. Reiniciou seguimento na consulta de PrEP.

Discussão e conclusão: A queratoconjuntivite gonocócica é uma patologia rara, mas com consequências graves. O tratamento recomendado é de toma única de ceftriaxone 1g intramuscular (com ou sem azitromicina oral 2g dose única). Neste caso houve recidiva dos sintomas com gravidade clínica tendo sido decidido esquema prolongado de antibioterapia com ceftriaxone endovenoso associado a tratamento tópico de espectro alargado em regime hospitalar.

É importante equacionar esta hipótese diagnóstica perante um jovem sexualmente ativo com queratoconjuntivite, sobretudo se for hiperaguda e com purulência exuberante. Neste caso o isolamento em exsudado uretral permitiu inferir etiologia gonocócica. A colheita de amostras para otimização de tratamento e avaliação célere por Oftalmologia podem ser determinantes, tendo em conta a possível evolução rápida com risco de sequelas cicatríciais corneanas com impacto grave na visão.

E-mail: constanca.azeredo@gmail.com

P9 | Infecção Congénita por CMV: a Importância da Serologia Pré-natal na Mãe - Relato de Caso

Autor Apresentador: Sílvia Lopo

Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Elsa Vinagre¹; Teresa Monteiro²; Luísa Gaspar², Maria João Virtuoso²

1 Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 2 Departamento de Pediatria do Hospital de Faro, Centro Hospitalar Universitário do Algarve, Algarve, Portugal

Introdução:

A infecção pelo Citomegalovírus (CMV) durante a gravidez é uma das causas mais comuns de infecção congénita, com um elevado grau de morbilidade na criança. Em 2001-2003, determinou-se uma seroprevalência do CMV de 77% em Portugal e um valor semelhante nas mulheres em idade fértil. Em 2006, a Direção-Geral da Saúde considera o rastreio para CMV no exame pré-concepcional, no entanto, este rastreio nem sempre é efetuado, ficando por conhecer o perfil imunitário da grávida.

Objetivos:

Descrição da apresentação e evolução clínica e laboratorial e da terapêutica efetuada numa criança com infecção congénita pelo CMV, com doença sintomática grave, num caso em que se desconhece se resultou de infecção materna primária ou não primária.

Metodologia:

Caso: recém-nascido (RN) com diagnóstico pré-natal de restrição do crescimento fetal e lisencefalia. Ao nascimento apresenta exantema petequeal, corioretinite bilateral, colestase, trombocitopenia e perda auditiva neurosensorial. Mãe sem rastreio pré-concepcional para CMV, mas com imunidade às 35 semanas de gestação.

Diagnóstico de infecção congénita pelo CMV por determinação da carga viral (CV), por PCR em tempo real, na urina do RN.

Após seis meses de terapêutica com valganciclovir, o follow-up clínico e laboratorial foi avaliado a cada 6 meses, com monitorização anual da CV do CMV.

Resultados:

A CV do CMV na urina foi de 25405959 cóp/ml ao nascimento, com descida para 499715 cóp/ml, após terminar terapêutica. As transaminases mantiveram-se elevadas durante e após o tratamento; aos 16 meses a criança apresenta um atraso global do desenvolvimento psicomotor e epilepsia, mas com melhoria na avaliação audiológica. A CV do CMV na urina mantém-se positiva.

Conclusões:

Em Portugal, o rastreio do CMV é recomendado no período pré-concepcional. Infelizmente, nem sempre é feita essa avaliação, nem são abordadas formas de prevenção que ajudem a gestante a reduzir o risco de infecção pelo CMV.

Na nossa criança persistiu uma excreção viral prolongada, com compromisso neurológico grave. A terapêutica com valganciclovir revelou modestos benefícios.

Estes resultados enfatizam a questão sobre a importância do rastreio serológico para o CMV (pré-concepcional e durante a gravidez), atuando preventivamente de forma a prevenir a infecção congénita e evitar sequelas potencialmente graves.

E-mail: silvia.lopo@insa.min-saude.pt

P10 | Aspergilose Invasiva – Um Desafio Diagnóstico

Autor Apresentador: Constança Azeredo

Serviço de Infeciologia da Unidade Local de Saúde de Matosinhos – Hospital Pedro Hispano, Porto, Portugal Outros

Autores: Pedro Reboredo ¹; Luís Moura ²; Eduarda Pena ²; Sofia Jordão ²; Isabel Neves ²

1 Serviço de Medicina Interna 1 do Centro Hospitalar e Universitário do Algarve – Unidade de Faro, Portugal; 2

Serviço de Infeciologia da Unidade Local de Saúde de Matosinhos – Hospital Pedro Hispano, Porto, Portugal

Introdução: a aspergilose é uma infeção causada pela inalação de conídios de *Aspergillus*, mais comumente *A. fumigatus*, podendo causar doença pulmonar (mais frequente) ou disseminada. Os sintomas poderão ser os mais variados, sendo a tríade febre, dor pleurítica e hemoptises os mais característicos. O diagnóstico passa pela suspeita epidemiológica e pelo isolamento do microrganismo.

Caso Clínico: sexo masculino, 92 anos de idade, com síndrome mielodisplásico sem excesso de blastos. A destacar três internamentos no espaço de 4 meses em 2022, apresentando febre, tosse hemoptóica e dispneia para esforços mínimos, tendo sido tratado com diversos ciclos de antibioticoterapia, sempre sem isolamento de bactérias e sem resposta terapêutica completa. No 3º internamento com sintomatologia similar, solicitada observação de Infeciologia e realizado diagnóstico de aspergilose invasiva, confirmada microbiologicamente, iniciando tratamento com voriconazol, com abandono precoce de tratamento de consolidação. Evoluiu com recidiva de febre e hemoptises, motivando novo internamento. Durante este internamento foi colhido lavado broncoalveolar para estudo bacteriológico e micológico, pesquisa de antigénio Galactomannan, baciloscopias, painel de vírus respiratórios, polymerase chain reaction (PCR) de vírus Herpes simplex e Citomegalovirus, que se revelaram negativos. Realizou tomografia computadorizada torácica que revelava infiltrado pulmonar altamente sugestivo de aspergilose invasiva. Iniciou tratamento com voriconazol endovenoso (4 mg/kg 12/12h), mas apesar de uma melhoria inicial, evoluiu desfavoravelmente e acaba por falecer por sépsis bacteriana.

Conclusões: os principais fatores de risco para aspergilose invasiva são a neutropenia grave e prolongada, corticoterapia em alta dose, agentes biológicos que comprometam a imunidade celular e doentes transplantados. Como tal, estes doentes caracterizam-se pela sua enorme fragilidade. Os sintomas poderão facilmente confundir com outras patologias e os achados imagiológicos não são patognomónicos. Apesar do diagnóstico definitivo ser obtido através da cultura da *Aspergillus* e a demonstração histopatológica de invasão tecidual, a biópsia nem sempre é viável. Como tal, o diagnóstico é muitas vezes clínico, devendo haver baixo limiar de suspeição na presença dos fatores de risco. O tratamento passa por terapêutica antifúngica precoce (embora habitualmente prolongada), cirurgia (casos selecionados) e redução da imunossupressão (quando possível).

E-mail: pedro_reboredo@hotmail.com

P11 | Encefalite a HHV-7 em Adolescente Saudável: Valor do PCR multiplex em Tempo Real para Vírus Neurotrópicos

Autor Apresentador: Sílvia Lopo

Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), Lisboa, Portugal

Outros Autores: Elsa Vinagre¹; Equipa do Serviço de Pediatria do CHBM² (Rita Parente²; Tânia Pessoa²; Paula Moita²; Sandra Santos²; Ana Cristina Pereira²; Sofia Castro²)

1Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), Lisboa, Portugal;

2Serviço de Pediatria do Centro Hospitalar Barreiro Montijo, Barreiro, Portugal

Introdução:

Os vírus são o principal agente etiológico de infeções do Sistema Nervoso Central (SNC), mas pouco se sabe sobre a associação ao Herpesvírus Humano 7 (HHV-7), com estudos relatando contribuição significativa do HHV-6 e HHV-7 em casos de encefalite.

A técnica de PCR é reconhecida como método de referência para o diagnóstico de infeções virais do SNC no líquido cefalorraquidiano (LCR). A ampla gama de vírus potencialmente responsável por infeções do SNC, o uso de testes específicos para cada agente biológico e o pequeno volume de LCR disponível, dificultam o diagnóstico rápido. O PCR multiplex em tempo real pode ser uma boa alternativa, uma vez que deteta simultaneamente os principais vírus neurotrópicos, com tempo de resposta rápido, volumes mínimos de produto e bons resultados analíticos.

Objetivos:

Descrição de caso de encefalite, associada ao HHV-7, em adolescente previamente saudável e importância do diagnóstico molecular diferencial por PCR multiplex em tempo real, para pesquisa de vírus neurotrópicos.

Metodologia:

Caso: Adolescente de 16 anos de idade, admitida na urgência pediátrica com cefaleias, vômitos, agitação e desorientação. Tomografia craniana e exame neurológico normais, mas eletroencefalograma com alterações.

Amostras de sangue e LCR rastreadas para prováveis agentes etiológicos. Realizada a pesquisa de vírus neurotrópicos por PCR multiplex em tempo real e confirmação da presença de DNA do HHV-7, com quantificação, por PCR em tempo real específico para o vírus.

Resultados:

O diagnóstico diferencial, realizado no Hospital, excluiu infeções bacterianas, abuso de drogas e distúrbios metabólicos, tendo sido iniciado tratamento empírico para diagnóstico de encefalite. A pesquisa de vírus neurotrópicos no LCR, realizada no INSA, detetou DNA do HHV-7. A adolescente registou melhoras 12 horas após o início da terapêutica. Um mês depois da alta hospitalar não foi identificada outra potencial causa de doença nem detetadas sequelas.

Conclusões:

A deteção do DNA do HHV-7 no LCR, associada a doença neurológica e excluindo outras etiologias, suporta o HHV-7 como a possível causa da encefalite. A tecnologia multiplex para deteção de vírus neurotrópicos permite a pesquisa simultânea de um conjunto de vírus, mesmo os mais negligenciados, reduzindo custos, mão-de-obra, tempo de execução e consumo de LCR.

E-mail: silvia.lopo@insa.min-saude.pt

P12 | Detecção de vírus neurotrópicos em indivíduos com suspeita de infeção no SNC

Autor Apresentador: Raquel Costa

Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Portugal Outros

Autores: Ana Vaz¹; Célia Morais¹; Lurdes Correia¹; Ana Matos²; João Pereira-Vaz¹

1 – Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Portugal; 2 - Faculdade de Farmácia, Universidade de Coimbra, Portugal

Introdução

Os vírus neurotrópicos encontram-se entre os principais agentes etiológicos de meningites e/ou encefalites infecciosas. Estas infeções dependem da virulência do vírus assim como, do estado imunológico e idade do hospedeiro. O diagnóstico imediato da infeção é essencial devido à rápida progressão, associada a uma elevada taxa de complicações neurológicas e mortalidade.

Objetivo

Avaliar a prevalência de vírus neurotrópicos em diferentes grupos etários, num hospital de referência da região centro de Portugal.

Metodologia

Foram testadas por PCR em tempo real, um total de 3561 amostras de LCR de indivíduos com suspeita de infeção do SNC, colhidas entre janeiro de 2016 e fevereiro de 2023. A deteção de ácidos nucleicos foi realizada para vários vírus neurotrópicos, nomeadamente, Vírus Herpes Simplex (HSV) 1 e 2, Herpes Vírus Humano 6 (HHV-6), Vírus Varicela-Zoster (VZV), Enterovírus (EV), Parechovírus Humano (HPeV) e Citomegalovírus Humano (CMV).

Resultados

Os ácidos nucleicos virais foram detetados em 7% (239/3561) das amostras de LCR. Do total de amostras positivas, o vírus que registou a maior prevalência foi o EV com 35%, seguindo-se o VZV (28%), HHV-6 (14%), HSV-1 (10%), CMV (5%), HSV-2 (4%) e HPeV (4%).

Nos grupos etários ≤ 2 Anos e 3-18 Anos o EV foi o mais prevalente. No grupo populacional 19-65 Anos foram mais prevalentes o EV e o VZV. Na população >65 Anos foi mais prevalente a infeção por VZV, seguida de HSV-1 e HHV-6.

Relativamente aos diferentes grupos etários, na população ≤ 2 Anos foi encontrada uma prevalência de infeção de 20%, na de 3-18 Anos de 13%, na de 19-65 Anos de 5% e na >65 Anos de 5%.

Conclusões

Os dados apontam uma predominância de meningites/encefalites causadas por EV nos grupos etários ≤ 2 Anos, 3-18 Anos e 19-65 Anos. A elevada prevalência de EV na população pediátrica pode estar relacionada com a transmissão fecal-oral que facilmente ocorre nestas idades. A prevalência de VZV no grupo etário >65 Anos pode estar relacionada com a diminuição da eficácia do sistema imune.

A metodologia de PCR em tempo real permite um rápido diagnóstico de meningites/encefalites infecciosas melhorando o prognóstico clínico.

E-mail: raquelpirescosta_97@hotmail.com

P13 | COVID-19 em Portugal: Efeito da vacinação na casuística de um laboratório da região centro

Autor Apresentador: Ana Miguel Matos

Laboratório de Análises Clínicas da Universidade de Coimbra (LACUC), Portugal; Centro de Investigação em Engenharia dos Processos Químicos e dos Produtos da Floresta (CIEPQPF), Faculdade de Farmácia da Universidade de Coimbra, Portugal.

Outros Autores: Daniela Veiga¹; Joana Oliveira²; Ana Rodrigues¹; Daniela Saldanha¹; Ana Miguel Matos^{1,2}.

1 Laboratório de Análises Clínicas da Universidade de Coimbra (LACUC), Portugal; 2 Centro de Investigação em Engenharia dos Processos Químicos e dos Produtos da Floresta (CIEPQPF), Faculdade de Farmácia da Universidade de Coimbra, Portugal.

Introdução: Em Portugal, os primeiros casos de COVID-19 foram confirmados a 2 de março de 2020. De forma a prevenir e controlar este grave problema de saúde pública, várias medidas higiénico-sanitárias foram implementadas, incluindo a testagem de todos os casos suspeitos e contactos de casos positivos. O Laboratório de Análises Clínicas da Universidade de Coimbra (LACUC) assumiu um papel preponderante nesta missiva, assegurando o reforço da testagem na Região Centro de Portugal. A 27 de dezembro de 2020, Portugal deu início ao plano de vacinação contra a COVID-19, outra medida fulcral no controlo da pandemia.

Objetivo: Retratar o efeito do plano de vacinação na evolução da pandemia de COVID-19, através da casuística de um Laboratório da Região Centro de Portugal.

Metodologia: Análise dos resultados de RT-PCR obtidos para pesquisa de SARS-CoV-2 no LACUC, durante um período de dois anos: abril de 2020 a março de 2022. O período de tempo foi selecionado por forma a abranger os principais picos pandémicos. Os dados disponíveis foram agrupados por trimestre, e em função da idade dos utentes, tendo esta sido categorizada em <18, 18-24, 25-49, 50-64, 65-79 e ≥80.

Resultados: No período selecionado foram analisadas 144 911 amostras, com uma percentagem de positividade de 10%. Os valores mais elevados de positividade ocorreram durante o primeiro trimestre de 2021 e de 2022. Os elevados valores no primeiro trimestre de 2022 coincidem com o período em que os testes de RT-PCR passaram a ser maioritariamente utilizados para confirmar testes rápidos de antigénio positivos.

Adultos com idade ≥80 anos representaram o grupo etário com maior percentagem de casos positivos até ao 1º trimestre de 2021, altura em que teve início a vacinação deste grupo populacional. No 3º trimestre de 2021 voltou a ser este o grupo populacional com maior percentagem de casos positivos, tendência que foi revertida após reforço da vacinação.

Conclusão: Os dados obtidos confirmam que o número de casos de COVID-19 em Portugal, variaram em função do plano de vacinação e da variação temporal da proteção conferida pelas várias doses da vacina, enfatizando a importância da adesão aos programas de vacinação.

E-mail: anamatos@ci.uc.pt

P14 | Infecção a Enterovirus em idade pediátrica e a Pandemia de COVID-19

Autor Apresentador: Paula Palminha

1Laboratório Nacional de Referência de Doenças Evitáveis por Vacinação, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Raquel Neves¹; Carlos Ribeiro¹; Rita Côrte-Real²

1Laboratório Nacional de Referência de Doenças Evitáveis por Vacinação, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; 2Laboratório de Biologia Molecular, Patologia Clínica-Centro Hospitalar Universitário Lisboa Central, Lisboa, Portugal

Introdução:

As infeções por Enterovirus podem ser assintomáticas ou causar sintomatologia que pode variar de ligeira a grave. Desde 2010 e como complemento ao sistema de vigilância da Paralisia Flácida Aguda, foi desenvolvido pelo INSA, em colaboração com alguns hospitais, um sistema de vigilância laboratorial de Enterovirus.

Objetivos:

Análise dos resultados do diagnóstico laboratorial de casos suspeitos de infeção a Enterovirus recebidos no INSA entre 2019 e 2022.

Metodologia:

Foram analisadas 525 amostras de fezes cujo diagnóstico laboratorial foi realizado por isolamento viral em cultura celular com tipificação por neutralização ou sequenciação genómica.

Resultados:

Das 525 amostras de fezes analisadas foram identificados 166 (31,7%) casos de infeção a Enterovirus com a seguinte distribuição temporal: 60 casos (51,7%) em 2019; 16 (23,6%) em 2020; 20 (14,3%) em 2021 e 60 (38,0%) em 2022. Em 2019, foram identificados vírus Coxsakie B (n=5/16,1%), Echovirus (n=22/71%) e Enterovirus(EV) 71 (n=4/12,9%). Em 2020 e 2021 os vírus mais frequentes foram, respectivamente, os Coxsakie A (n=5/21,7% e n=15/83,3%) e os Echovirus (n=15/65,2% e n=3/16,7%). Em 2022, detectaram-se Coxsakie A (n=15/28,8%) e B (n=9/17,3%), Echovirus (n=24/46,2%), EV 71 (n=4/7,7%).

Relativamente à sua distribuição sazonal, em 2019 e 2022 esta foi idêntica à observada em anos anteriores enquanto que em 2020-2021 os Coxsakie A e os Echovirus só ocorreram na primeira metade de 2020 e no fim de 2021.

Discussão/Conclusão:

Observou-se que nos dois primeiros anos de pandemia houve uma diminuição na taxa de infeção a Enterovirus e na diversidade dos vírus identificados em comparação com o ano pré-pandemia e 2022. Não foram identificados casos de infeção entre Junho de 2020 e Setembro de 2021.

Observou-se igualmente uma alteração nos serótipos circulantes com o desaparecimento dos Coxsakie B e EV 71 em 2021 e reaparecimento em 2022, assim como a emergência dos Coxsakie A em 2020 que se tornaram os virus mais frequentes em 2021.

As alterações observadas nestes anos poderão ser associadas ao encerramento das creches e estabelecimentos de ensino durante os períodos de confinamento, mas sobretudo às medidas de higiene implementadas o que demonstra o seu impacto para além da contenção da COVID-19.

E-mail: paula.palminha@insa.min-saude.pt

P15 | Seroprevalência para o vírus Varicela-Zoster numa população imunodeprimida – 4 anos em revisão (2019-2022)

Autor Apresentador: Paula Palminha

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge Lisboa, Portugal

Outros Autores: Raquel Neves; Carlos Ribeiro

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge Lisboa, Portugal

Introdução: A infecção pelo vírus da Varicela-Zoster (VZV) pode ter duas manifestações clínicas distintas: varicela e zona. A varicela é uma doença benigna, contudo, no adulto e em indivíduos imunodeprimidos associa-se mais frequentemente a complicações graves. A zona ou Herpes Zoster, resulta da reactivação do VZV e afecta sobretudo adultos e imunodeprimidos. Nesta população a infecção é mais frequente e grave. A neuralgia pós-herpética é a complicação mais frequente desta doença. Outra das suas complicações é a encefalite em cerca de 0,2% a 0,5% dos casos.

Objetivos: Determinação da seroprevalência de anticorpos IgG contra o VZV, numa população imunodeprimida ou em imunossupressão.

Material e Métodos: Entre 2019-2022 foram estudados, para avaliação do estado imunitário contra a varicela, 1351 soros de uma população imunodeprimida ou em imunossupressão com idades compreendidas entre 12 e os 87 anos. A deteção de IgG foi efetuada por métodos imunenzimáticos utilizando reagentes comerciais.

Resultados: A população em estudo apresentava uma média e mediana de idades de 48 anos em que o indivíduo mais novo possuía 12 anos e o mais velho 87 anos. Da sua distribuição por género 766 (56,7%) pertenciam ao sexo feminino e 585 (43,3%) ao sexo masculino. Relativamente aos resultados laboratoriais verificou-se que 94,7% (n=1279) indivíduos possuíam anticorpos IgG e só 72 (5,3%) eram seronegativos não se tendo observado diferenças marcantes entre os sexos e grupo etário. Em relação aos 72 indivíduos não imunes à varicela, verificou-se que 47,2% destes indivíduos têm entre 21 e 40 anos sendo o grupo etário com maior proporção (27,8%) o dos 21 aos 30 anos.

Discussão/conclusão: Os resultados deste estudo indicam que 94,7% da população estudada é imune à varicela. Contudo é de referir que dos 72 indivíduos não imunes à varicela 47,2% possuem risco elevado de poder vir a contrair varicela e desenvolver uma forma grave. Desta análise pode inferir-se que a população em causa possui baixo risco relativamente à varicela, mas elevado risco de poder vir a desenvolver formas graves e exuberantes de zona devendo ser equacionadas medidas preventivas de forma a minimizar o risco da doença e a morbilidade que lhe está associada.

E-mail: paula.palminha@insa.min-saude.pt

P16 | O Citomegalovírus (CMV) no Centro Hospitalar Baixo Vouga nos últimos 2 anos (2021-2022)

Autor Apresentador: Patrícia Achando

CHBV, Aveiro, Portugal

Outros Autores: Pedro Silva; Priscila Silva; Ana Margarida Pereira; Elva Cardoso

CHBV, Aveiro, Portugal

Introdução

A infeção por CMV é uma das principais causas de infeção vírica no mundo. Estima-se que a seroprevalência nos adultos ronde os 40-60% na Europa.

A infeção por CMV ocorre em 1 a 4% das gestações, é a infeção congénita mais frequente, podendo causar lesões auditivas, oftálmicas e neurológicas.

O vírus permanece latente no organismo, no entanto os estados de imunossupressão prolongados podem levar à replicação descontrolada do vírus e desencadear doença grave. Os doentes com HIV constituem um grupo de risco.

Objetivo

Avaliar a origem dos pedidos de CMV IgG e IgM e respetivos resultados.

Nos CMV IgM positivos avaliar a origem dos pedidos e a sua distribuição por sexo e faixa etária.

Material e Métodos

As amostras foram processadas no Immulite 2000 da Siemens, o cut-off é 1.1, sendo que ≥ 1.1 o resultado é reativo, < 0.9 é não reativo e entre 0.9-1.1 o resultado é indeterminado.

Resultados

Os pedidos de CMV IgG e CMV IgM são oriundos essencialmente da consulta externa, no entanto os pedidos provenientes da urgência já têm uma expressão significativa. De salientar que no laboratório do CHBV o CMV IgG e o CMV IgM não são considerados parâmetros de urgência.

Houve um aumento do número de pedidos de CMV IgG e IgM em 2022.

Os resultados predominantes são CMV IgG reativo e CMV IgM não reativo. CMV IgG não reativo registou um aumento no ano de 2022.

As faixas etárias mais prevalentes para CMV IgM reativos são 0-4 anos e 21-30 anos em 2021 e dos 21-50 anos em 2022.

Os serviços que reúnem maior número de casos CMV IgM reativos são a medicina, obstetrícia e infecciosas tanto em 2021 como em 2022.

Conclusão

A percentagem de resultados CMV IgG reativo e CMV IgM não reativo vai de encontro à seroprevalência do CMV na Europa.

Em Maio de 2023 o CMV IgG e o CMV IgM passam a ser considerados parâmetros de urgência pelo laboratório do CHBV.

P17 | A Hepatite C no Centro Hospitalar Baixo Vouga nos últimos 10 anos (2013-2022)

Autor Apresentador: Patrícia Achando

CHBV, Aveiro, Portugal

Outros Autores: Sónia Ferreira

CHBV, Aveiro, Portugal

Introdução

A OMS estima que existam a nível mundial cerca de 58 milhões de pessoas infetadas com o vírus da hepatite C. O tratamento do HCV deve permitir a obtenção de uma resposta virológica sustentada, que se traduz por RNA-HCV indetetável ou $< 15\text{UI/ml}$, 12 ou 24 semanas após o término do tratamento. Em 2015, Portugal adotou a estratégia de tratar com antivirais de ação direta (DAAs), todas as pessoas infetadas com HCV. De acordo com o INFARMED já foram autorizados 31760 tratamentos, dos quais 30309 foram iniciados, com taxa de cura próxima dos 97%.

Objetivo

Avaliar a evolução dos pedidos de carga viral do HCV e respetivos resultados. Avaliar a relação entre a dispensa de DAAs e os pedidos de carga viral do HCV e respetivos resultados.

Material e Métodos

As amostras foram processadas até 2021 pelo sistema Realtime M2000 da Abbott, com limite de deteção $< 12\text{UI/ml}$. Atualmente, são processadas no Alinity M da Abbott com limite de deteção $< 15\text{UI/ml}$.

Resultados

Há um aumento do número de cargas virais HCV até 2016, verificando-se um decréscimo acentuado até 2020. A partir de 2016 verifica-se um aumento na % de cargas virais não detetadas e uma diminuição das cargas virais positivas. A partir de 2021 há um aumento nas cargas virais positivas assim como nas cargas inferiores ao limite de deteção. No ano de 2015, o CHBV dispensou 32 tratamentos para o HCV, este valor foi o mais alto até agora. Houve um decréscimo nos anos subsequentes, não tendo sido dispensado nenhum no ano de 2019. Em 2015 o tratamento mais prescrito no CHBV foi Ledipasvir + Sofosbuvir e em 2022 foi o Sofosbuvir + Velpatasvir.

Conclusão

O aumento das cargas virais não detetadas e inferiores ao limite de deteção suportam a elevada taxa de cura associada ao tratamento com DAAs. O aumento da dispensa de tratamentos para o HCV no ano de 2021 e 2022 traduz a retoma da atividade assistencial, reduzida com a pandemia. Será interessante continuar a acompanhar a evolução da Hepatite C no CHBV.

E-mail: patriciaachando@net.sapo.pt

P18 | Tuberculose e o Papel do Controlo de Infecção em Meio Hospitalar

Autor Apresentador: Ilda Devesa

Unidade Local de Saúde de Matosinhos, Matosinhos, Portugal

Outros Autores: Natália Pinheiro, Fernanda Vieira, David Peres, Isabel Neves

Unidade Local de Saúde de Matosinhos, Matosinhos, Portugal

Introdução: A OMS propõe uma redução em 95% do número de mortes por Tuberculose (TB) e 90% na taxa de incidência até 2035. Em 2021 ocorreu um aumento na taxa de incidência e de mortalidade a nível mundial. Em Matosinhos houve um aumento de novos casos em 2022 e uma inversão da tendência de decréscimo da taxa de incidência, em redução desde 2015. A ação dos Profissionais de Controlo de Infecção (PCI) é fundamental na contenção a disseminação desta doença em meio hospitalar, devendo existir circuitos específicos para admissão e internamento dos doentes, tal como capacidade para rastrear e notificar contactos em direta colaboração com a Unidade de Saúde Pública (USP).

Objetivos: Descrever a ação dos PCI no circuito da deteção, contenção e notificação de contactos de doentes com TB no Hospital Pedro Hispano.

Métodos: Aplicação das normas de atuação do SCIRA para avaliação de risco e contenção do doente com suspeita de TB, desde a sua admissão no Serviço de Urgência. Para exemplificar a aplicação do circuito de informação, perante um novo caso de TB no internamento, descreve-se um caso clínico.

Caso: Homem, 68 anos, admitido por fratura do colo do fémur e proposto para cirurgia. Radiografia de tórax denuncia massa tumoral, com suspeita de neoplasia do pulmão, sem clínica do foro respiratório. Foi submetido a broncofibroscopia, com colheita de lavado broncoalveolar. Tem alta, ainda sem resultados laboratoriais. Entretanto, recebido alerta com resultado positivo para *Mycobacterium tuberculosis*. A intervenção dos PCI consistiu na receção do alerta; estudo do percurso do doente; identificação de contactos (com mais de 40 horas cumulativas de exposição) e notificação aos médicos assistentes para rastreio dos contactos ainda internados, à USP daqueles que tiveram alta (para rastreio na comunidade) e ao Gabinete de Saúde Ocupacional (para rastreio dos profissionais expostos).

Conclusões: O investimento na prevenção primária e secundária da TB é fundamental. A organização em ULS facilita o circuito de informação entre nível de cuidados. A ação dos PCI em ambiente hospitalar é essencial na consolidação da luta contra a TB, contribuindo para a sua erradicação e atingimento das metas propostas pela OMS.

E-mail: ilda.devesa@ulsm.min-saude.pt

P19 | Avaliação de Diferentes Algoritmos Bioinformáticos para o Alinhamento e Mapeamento de Leituras de NGS do HIV-1

Autor Apresentador: João Pereira-Vaz

Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

Outros Autores: Anália Carmo ²; Alexandra Mendes ¹; Lurdes Correia ¹; Fernando Rodrigues ²; Vítor Duque ^{3,4}

1 Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal; 2 Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal; 3 Serviço de Doenças Infecciosas, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal; 4 Faculdade de Medicina, Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal

Introdução

As metodologias de sequenciação de nova geração (NGS) têm sido progressivamente utilizadas na genotipagem do HIV-1. No entanto, as variantes virais do HIV-1 (quasispécies) e a presença de várias regiões homopoliméricas no genoma viral, podem ser problemáticas para os algoritmos de alinhamento e mapeamento das leituras de sequenciação. Além disso, a qualidade do mapeamento é determinante para a correcta detecção e/ou quantificação das variantes genéticas resistentes (VRs) aos antirretrovirais, particularmente quando ocorrem como variantes minoritárias (<10%).

Objectivos

Avaliar e comparar o desempenho de quatro algoritmos bioinformáticos no alinhamento e mapeamento de leituras de sequenciação geradas por NGS a partir de isolados do HIV-1.

Metodologia

As leituras em formato FASTQ de 18 isolados do HIV-1, resultantes da sequenciação do gene pol através do ensaio Ion AmpliSeq HIV e do sistema Ion GeneStudio S5 (Thermo Fisher Scientific), foram processadas e alinhadas, usando os algoritmos ARUP HIVGenotyper, HIVdb-NGS, Genome Detective e HyDRA. As quatro sequências consenso resultantes para cada isolado em formato FASTA, com um limite de detecção de 10%, foram alinhadas ao nível dos aminoácidos (AAs) e comparadas com a sequência consenso correspondente obtida pelo método de Sanger (SS) e entre si. A detecção das VRs foi efectuada através da base de dados baseada na web HIVdb.

Resultados

Foram observadas medianas de concordância total ao nível dos AAs entre a sequência obtida por SS e as sequências resultantes dos diferentes algoritmos de 99,52%, 99,03%, 98,96% e 98,75% para o algoritmo ARUP HIVGenotyper, HIVdb-NGS, Genome Detective e HyDRA, respectivamente. As sequências consenso obtidas por NGS para cada isolado do HIV-1, apresentaram entre si uma mediana de 18 (2-29) posições de AA discordantes, tendo sido observadas 2 posições discordantes envolvendo VRs e resultantes de mapeamentos com o algoritmo HIVdb-NGS. Todos os algoritmos avaliados apresentaram problemas na detecção ou na localização de inserções/delecções de AA.

Conclusões

Os resultados deste estudo mostraram uma correlação aceitável entre os algoritmos bioinformáticos avaliados. No entanto, as discordâncias encontradas, nomeadamente em posições de AAs envolvendo VRs aos antirretrovirais, não são desvalorizáveis e sugerem a necessidade da definição de parâmetros de análise consensuais e do aperfeiçoamento destes algoritmos.

P20 | Vírus JC: Possível transmissão por via respiratória entre crianças com idades inferiores a seis anos

Autor Apresentador: Joana Oliveira

Faculdade de Farmácia da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; Centro de Investigação em Engenharia dos Processos Químicos e dos Produtos da Floresta, Coimbra, Portugal; Centro de Ecologia Funcional, Departamento de Ciências da Vida, Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal

Outros Autores: Joana Oliveira¹; Daniela Veiga²; Cristina Luxo³; Ana Miguel Matos⁴

1 Faculdade de Farmácia da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; Centro de Investigação em Engenharia dos Processos Químicos e dos Produtos da Floresta, Coimbra, Portugal; Centro de Ecologia Funcional, Departamento de Ciências da Vida, Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; 2 Laboratório de Análises Clínicas da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal 3 Faculdade de Farmácia da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; Centro de Investigação em Engenharia dos Processos Químicos e dos Produtos da Floresta, Coimbra, Portugal 4 Faculdade de Farmácia da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; Laboratório de Análises Clínicas da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; Centro de Investigação em Engenharia dos Processos Químicos e dos Produtos da Floresta, Coimbra, Portugal

Introdução: O vírus JC, um poliomavírus humano, é o agente responsável pela leucoencefalopatia progressiva multifocal (PML). Apesar da PML ser uma patologia rara, o vírus JC está amplamente distribuído pela população humana e os estudos de seroprevalência sugerem que a sua transmissão ocorre de modo simples e comum. No entanto, a forma exata como esta transmissão ocorre permanece por clarificar.

Objetivo: Avaliar a hipótese da transmissão de vírus JC ocorrer por via respiratória.

Metodologia: Amostras nasofaríngeas de 384 crianças (≤ 18 anos) e 207 adultos (> 18 anos), colhidas por zaragatoa entre setembro-2021 e fevereiro-2022, para diagnóstico de COVID-19, foram avaliadas para a presença de vírus JC através de PCR em tempo real. O diagnóstico laboratorial de COVID-19 foi confirmado em 224 dos indivíduos, incluindo 117 crianças e 107 adultos.

Resultados: O genoma do vírus JC foi detetado em 17 amostras nasofaríngeas de crianças (4,4%) e numa das amostras de adultos (0,5%) ($p < 0,05$). A deteção do vírus JC foi mais frequente em indivíduos sem confirmação laboratorial de COVID-19 ($p < 0,05$). Entre os indivíduos sem COVID-19, o vírus JC foi apenas detetado em crianças. Neste grupo, a deteção deste poliomavírus, ocorreu em 10% das crianças com menos de 6 anos de idade e em 5% das restantes crianças. Entre os indivíduos com diagnóstico laboratorial de COVID-19, o vírus JC apenas foi detetado na amostra de um indivíduo adulto (28 anos). Todas as estirpes de vírus JC detetadas foram identificadas como pertencendo ao tipo arquétipo.

Conclusões: Os resultados obtidos sugerem que a transmissão do vírus JC ocorre por via respiratória, principalmente entre crianças com menos de 6 anos de idade, sem outras infeções respiratórias associadas. Apesar de preliminares, estes dados estão de acordo com os estudos de seroprevalência realizados, que sugerem que a infeção primária por este poliomavírus acontece cedo durante a infância, após transmissão por uma forma simples e comum. Estudos com maior número de amostras serão necessários para corroborar estes resultados.

E-mail: joana.oliveira9@outlook.com

P21 | Detecção e quantificação de BKV - Comparação de duas metodologias de PCR

Autor Apresentador: Ana Alves

Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Portugal Outros

Autores: Alexandra Mendes; Célia Morais; Raquel Costa; João Pereira-Vaz; Lurdes Correia

Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Portugal

Introdução O diagnóstico e/ou monitorização do vírus BK (BKV) é de extrema importância em doentes imunocomprometidos, principalmente em recetores de transplante renal. A deteção e quantificação do DNA viral do BKV pode originar variabilidade de resultados quando utilizadas diferentes metodologias de PCR em tempo real, pois podem ter como sequências alvo diferentes regiões genómicas. Também os métodos de extração podem ter implicações nos desempenhos analíticos dos ensaios. **Objetivo** Comparar o desempenho analítico de duas metodologias de PCR em tempo real para a deteção e quantificação do DNA do BKV em amostras de plasma e urina. **Metodologia** Foram analisadas 121 amostras de plasma e 100 amostras de urina de indivíduos imunocomprometidos acompanhados num centro de referência da região centro de Portugal. Compararam-se metodologias de PCR em tempo real: RealStar BKV PCR Kit 1.0 e cobas BKV. Para o ensaio RealStar BKV PCR Kit 1.0 (Altona Diagnostics), a extração dos ácidos nucleicos foi efetuada na plataforma automática EZ2 Connect (Qiagen) e a amplificação e deteção do DNA foi realizada na plataforma CFX96 Real-Time System (Biorad). O ensaio cobas BKV foi realizado no sistema automático Cobas 6800 System (Roche Diagnostics). **Resultados** Nas amostras de plasma foi observada uma concordância de 81% nos resultados obtidos pelos dois ensaios. Das 23 amostras com resultados discordantes, 18 foram detetadas pelo ensaio cobas BKV, mas não pelo RealStar BKV PCR Kit 1.0, enquanto as restantes (n=5) foram apenas detetadas no ensaio RealStar BKV PCR Kit 1.0. Foi encontrada uma correlação de Pearson com um valor de $r=0,94$ ($t=31$; $P<0,001$). Nas amostras de urina foi observada uma concordância de 84%. Das 16 amostras com resultados discordantes, 13 foram detetadas apenas pelo ensaio cobas BKV, enquanto as restantes (n=3) foram somente detetadas no ensaio RealStar BKV PCR Kit 1.0. Foi encontrada uma correlação de Pearson com um valor de $r=0,94$ ($t=28$; $P<0,001$). **Conclusões** Com base nesta amostragem, apesar da boa correlação encontrada entre os ensaios, os dados sugerem que o cobas BKV apresenta maior sensibilidade. A automatização deste teste permite uma maior capacidade e rapidez no processamento das amostras, sendo uma mais-valia para a rotina laboratorial. 78ghnhf hjfjhjf hfhjfhjfguigug

E-mail: 5827@chuc.min-saude.pt

P22 | Sintomas de COVID-19 durante predominância da variante Delta versus Ómicron: coorte prospetiva de profissionais de saúde

Autor Apresentador: Ausenda Machado

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Vânia Gaio¹; Sara Ramalheira¹; Ana João Santos¹; Aryse Melo²; Raquel Guiomar²; Ausenda Machado¹

1Departamento de Epidemiologia, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge IP (INSA, IP), Lisboa, Portugal;

2Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge IP (INSA, IP), Lisboa, Portugal;

Introdução: A apresentação clínica da COVID-19, na maioria dos pacientes infetados, foi considerada como leve sem necessidade de hospitalização. No entanto, ao longo da pandemia, o padrão de sintomatologia variou, nomeadamente pela influência da introdução da vacina, mas também consoante a variante SARS-CoV-2 em circulação.

Objetivos: Neste estudo pretende-se comparar a sintomatologia autorreportada pelos profissionais de saúde num período de predominância (>50%) da variante Delta (PVD) comparativamente a um período de predominância da Variante Ómicron (PVO).

Metodologia: Foram utilizados os dados de um estudo de coorte realizado entre 1 de junho de 2021 e 26 de janeiro de 2022, no qual foram seguidos 3255 profissionais de saúde (PS) com idades compreendidas entre os 18 e os 70 anos. Foram comparados os sintomas autorreportados pelos PS que manifestaram doença sintomática (teste PCR positivo e autorreporte de sintomas) durante o período de PVD (1.6.2021 a 19.12.2021) comparativamente ao período de PVO (3.1.2022 a 26.1.2022). As diferenças entre os dois grupos foram analisadas usando o teste Qui-quadrado ou o teste exato de Fisher no caso de menos de 5 eventos.

Resultados: De entre o total de 3255 PS seguidos, 84 tiveram um teste positivo com reporte de sintomatologia durante o período do estudo (43 durante o período PVD e 41 durante o período PVO). Os sintomas febre, anosmia, e ageusia foram mais reportados durante o período PVD comparativamente ao período PDO (46,2% versus 21,6%, $p=0.04$; 64,3% versus 11,1%, $p<0.001$; 56,1% versus 17,1%, $p=0.001$). O sintoma dor de garganta foi mais reportado durante o período PVO do que no período PVD (9,0% versus 36,7%, $p=0.006$). As percentagens dos casos sintomáticos que tinham a 1ª dose de reforço da vacina foram de 45,7% e 91,4% nos períodos PVD e PVO, respetivamente.

Conclusões: Os resultados obtidos através deste estudo permitiram verificar que houve uma alteração nas frequências dos sintomas reportados pelos PS durante o período PVD comparativamente ao período PVO. É essencial o desenvolvimento e manutenção de estudos de seguimento que permitam monitorizar a evolução desta sintomatologia para reconhecer a apresentação clínica da doença e identificar possíveis causas virológicas e imunológicas para as alterações observadas.

E-mail: vania.gaio@insa.min-saude.pt

P23 | Caracterização da imunidade ao SARS-CoV-2 em cães e gatos provenientes de agregados familiares com casos confirmados de COVID-19

Autor Apresentador: Mafalda Henriques

Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal (CIISA), Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa (FMV-ULisboa), Portugal ; Laboratório Associado para a Ciências Animal e Veterinária (AL4AnimalS)

Outros Autores: Isa Moutinho^{1,2,3}; Sara Cardoso^{1,2}; Solange Gil^{1,2}; Telmo Nunes^{1,2}; Frederico Aires-da-Silva^{1,2}

1 Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal (CIISA), Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa (FMV-ULisboa), Portugal; 2 Laboratório Associado para a Ciências Animal e Veterinária (AL4AnimalS); 3 Instituto de Investigação do Medicamento (iMed.Ulisboa), Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa (FF-ULisboa), Portugal

Introdução:

O SARS-CoV-2, responsável pela doença COVID-19, é uma das grandes preocupações a nível de saúde pública numa escala global. Os animais domésticos, como o cão e o gato, têm sido alvo de vários estudos devido à sua proximidade com o Homem e à sua elevada suscetibilidade à infeção. Neste estudo, foi realizada uma pesquisa de anticorpos contra o SARS-CoV-2 em cães e gatos domésticos provenientes de agregados familiares com casos confirmados de infeção por SARS-CoV-2 e foi avaliado o potencial de neutralização destes anticorpos contra o vírus.

Objetivos:

Determinar a seroprevalência para o SARS-CoV-2 em cães e gatos provenientes de agregados familiares com casos confirmados de COVID-19;

Avaliar o potencial de neutralização à infeção por SARS-CoV-2 dos anticorpos produzidos por estes animais.

Metodologia:

Foi construído um biobanco com amostras de soro de 78 gatos e 75 cães provenientes de agregados familiares com casos confirmados de COVID-19. Estas amostras foram testadas contra a proteína RBD do SARS-CoV-2 das variantes alfa, delta e ómicron através de ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay). As amostras positivas no ELISA foram submetidas a um teste de seroneutralização (sVNT).

Resultados:

Das amostras testadas, 26/78 (33.3%) amostras de gato e 20/75 (26.7%) amostras de cão tiveram resultado positivo no ELISA. No sVNT, nenhuma das amostras de cão apresentou anticorpos neutralizantes contra o vírus, enquanto 18/26 (69.2%) das amostras de gato apresentaram anticorpos neutralizantes, tendo 4 destas amostras evidenciado anticorpos neutralizantes contra as variantes alfa, delta e ómicron.

Conclusões:

Quando comparado com o estudo anterior do mesmo grupo que avaliou amostras de gatos com estatuto de exposição ao vírus desconhecido, em que obtiveram uma seroprevalência de 15,8%, estas amostras provenientes de agregados familiares com casos confirmados de COVID-19 evidenciaram uma seroprevalência superior, de 26,7%. O nosso estudo confirma a suscetibilidade dos gatos à infeção natural por SARS-CoV-2 e o desenvolvimento de anticorpos potentes, podendo esta vir a ser uma abordagem promissora no desenvolvimento de anticorpos recombinantes contra o SARS-CoV-2.

Financiamento:

Este trabalho foi financiado pela Fundação para a Ciência e a Tecnologia, FCT IP (PTDC/CVTCVT/0149/2021 e 2020.08209.BD.). CIISA apoiou através do projeto UIDB/00276/2020, financiado pela FCT, e LA/P/0059/2020-AL4AnimalS.

P24 | Infecção congénita por Citomegalovírus: casuística do CHUC – 2017-2022

Autor Apresentador: Rodrigo Martins

Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

Outros Autores: João Pereira-Vaz¹; Maria Teresa Rodrigues²; Teresa Reis²; Lurdes Correia¹; Fernando Rodrigues²

1 Laboratório de Virologia, Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal; 2 Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

Introdução

O citomegalovírus (CMV) é a infeção congénita mais frequente globalmente, estimando-se uma prevalência em Portugal de 1,1%. Uma vez infectado, o recém-nascido (RN) excreta o vírus na urina, sendo possível fazer-se o diagnóstico pela pesquisa do DNA viral por PCR em tempo real. A mesma metodologia aplicada ao líquido amniótico (LA), pode sugerir infeção fetal. A realização de serologias para o CMV é sugerida na pré-conceção (DGS), não existindo, no entanto, indicação formal quanto à sua realização durante a gravidez.

Objetivos

1) estimar o número de RNs positivos para CMV em amostras de urina, processadas no Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra (CHUC); 2) averiguar qual o possível período de ocorrência da infeção in utero, através da pesquisa do DNA viral no LA e da realização de serologias das respectivas progenitoras.

Metodologia

Foi realizada uma pesquisa informática parametrizada e anonimizada, na base de dados do CHUC, relativa à pesquisa de CMV na urina de RNs até aos 21 dias de vida, no período de 1 janeiro de 2017 a 31 de dezembro de 2022. Posteriormente, foram cruzados os dados obtidos com os resultados de PCR em amostras de LA e as serologias das mães correspondentes.

Resultados

De um total de 250 amostras de RNs, 18 (7%) foram positivas para CMV na urina. Destes RNs, 4 tinham registo de pesquisa de DNA viral em LA, todos com resultado positivo. As serologias maternas apontaram para infeção ativa durante o 1º trimestre da gestação.

Conclusão

Apesar dos resultados sugerirem uma possível prevalência de infeção congénita superior ao descrito na literatura, a amostra incluída neste estudo apresentava já uma suspeita clínica aumentada de infeção por CMV, podendo existir um viés de amostragem. Em concordância com dados prévios, a infeção ativa durante o 1º trimestre da gravidez aparenta relacionar-se com uma maior probabilidade de ocorrência de infeção congénita, pelo que novos estudos podem ser úteis na aferição da importância de estratégias de rastreio durante a gestação.

E-mail: r.martins.md@gmail.com

P25 | Um caso de bacteriemia por *Streptococcus sanguinis* e espondilodiscite como apresentação inicial de neoplasia do cólon

Autor Apresentador: Francisca Bartilotti Matos

1 Serviço de Doenças Infecciosas, Centro Hospitalar Vila Nova de Gaia / Espinho, Portugal

Outros Autores: Joana Martins Cabral², Leonor Aparício³, Ana Filipa Figueiredo⁴, Catarina Pereira³, Cristóvão Figueiredo¹

1 Serviço de Doenças Infecciosas, Centro Hospitalar Vila Nova de Gaia / Espinho, Portugal; 2 Serviço de Oncologia Médica, Centro Hospitalar Vila Nova de Gaia / Espinho, Portugal; 3 Serviço de Medicina Interna, Centro Hospitalar Vila Nova de Gaia / Espinho, Portugal; 4, Faculdade de Medicina da Universidade do Porto, Porto, Portugal;

Introdução

O carcinoma colorretal é a segunda neoplasia mais mortal na Europa e a mais mortal em Portugal. Entende-se, assim, a necessidade de um rastreio populacional e oportunista e de reconhecermos as apresentações clínicas possíveis.

O *Streptococcus* (*S.*) *sanguinis* é um coco gram positivo do grupo viridans e reconhecido comensal do trato gastrointestinal superior, tendo sido igualmente isolado na mucosa cólica. A associação entre bacteriemia por *S. gallolyticus* e carcinoma colorretal já se encontra descrita na literatura, mas existem poucos casos diagnosticados em contexto de bacteriemia por *Streptococcus* do grupo viridans.

Caso Clínico

Homem de 80 anos com antecedentes de neoplasia gástrica curada em 2009, portador de prótese aórtica percutânea e internamento por bacteriemia por *S. gallolyticus* com ponto de partida indeterminado no ano anterior, recorre ao Serviço de Urgência por febre com duas semanas de evolução e agravamento de lombalgia crónica. Isolamento de *S. sanguinis* em hemoculturas e iniciada antibioterapia dirigida. Ecocardiogramas transtorácico e transesofágico sem evidência de endocardite. Ressonância magnética da coluna lombar compatível com espondilodiscite. Realizada endoscopia digestiva alta atendendo aos antecedentes, que não revelou alterações, e colonoscopia que identificou lesão a nível do cego, cuja biópsia permitiu o diagnóstico de adenocarcinoma invasivo de baixo grau. Tomografia computadorizada abdominopélvica sem evidência de metastização à distância.

Discussão / Conclusão

A associação entre bacteriemia por *S. gallolyticus* e neoplasia colorretal revelou-se de suma importância para o diagnóstico desta neoplasia no contexto que se descreve, levando os autores a indagar acerca da possibilidade de associação com bacteriemia por *Streptococcus* do grupo viridans, nomeadamente, *S. sanguinis*. Apesar da literatura ser escassa no que diz respeito à associação entre este microrganismo e neoplasia colorretal, há autores que defendem o seu rastreio por colonoscopia em todos os doentes com bacteriemia por estes agentes, após exclusão de endocardite.

E-mail: 15044@chbvng.min-saude.pt

P26 | Transmissão de mutações de resistência do VIH-1 na região centro de Portugal, 2020-2022

Autor Apresentador: José Sousa-Baptista

1. Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal; 2. Faculdade de Medicina da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal

Outros Autores: João Pereira-Vaz¹; Lurdes Correia¹; Fernando Rodrigues^{1,2}; Vítor Duque^{2,3}

1. Serviço de Patologia Clínica, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal; 2. Faculdade de Medicina da Universidade de Coimbra, Coimbra, Portugal; 3. Serviço de Doenças Infecciosas, Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, Coimbra, Portugal

Introdução

A transmissão de mutações associadas com a resistência (MARs) aos fármacos antirretrovirais pode limitar a eficácia dos esquemas terapêuticos iniciais, nos indivíduos com diagnóstico de infecção pelo VIH-1. A monitorização da diversidade viral e da resistência basal em indivíduos sem exposição prévia aos antirretrovirais é essencial para uma melhor adequação dos regimes terapêuticos.

Objetivos

Descrever e analisar a transmissão de MARs aos inibidores de protease e aos inibidores da transcriptase inversa em novos diagnósticos de VIH-1, em indivíduos acompanhados num centro de referência da região centro de Portugal, entre janeiro de 2020 e dezembro de 2022.

Metodologia

Os dados foram extraídos do sistema de informação laboratorial do Centro Hospitalar e Universitário de Coimbra, e foram analisados retrospectivamente. A frequência de MARs foi determinada de acordo com a lista de mutações da International Antiviral Society-USA (novembro 2022). Foram realizadas análises estatísticas univariadas através da aplicação de testes de Qui-Quadrado e foi considerado estatisticamente significativo um valor de $P < 0,05$.

Resultados

Foram incluídos 242 indivíduos. O subtipo B foi identificado em 28,9% dos indivíduos infectados, e as variantes genéticas não-B em 71,1% (26,9% por formas recombinantes únicas, 13,2% por subtipo A, 11,2% por subtipo G, 9,9% por subtipo C, 5,8% por subtipo F, 4,7% por formas recombinantes circulantes e 0,4% por subtipo H). Das sequências analisadas, 19,84% das sequências apresentaram pelo menos uma MAR, e estas foram mais frequentes no subtipo B (11,2%) do que nos subtipos não-B (8,7%), $P < 0,001$. As frequências de mutações encontradas foram: V82A 1,2%, D30N 0,8%, M46L 0,8% e V82F 0,4% (região codificante para a protease), e E138A 5,0%, K103N 3,7%, M41L 2,1%, V106I 1,7%, Y181C 1,7%, V179D 1,2%, G190S 1,2%, V108I 0,8%, L210W 0,8%, M184V 0,4%, T215Y 0,4%, K101E 0,4%, E138G 0,4%, E138K 0,4%, E138Q 0,4%, G190A 0,4%, H221Y 0,4%, F227L 0,4% e Y318F 0,4% (região codificante para a transcriptase inversa).

Conclusões

Estes resultados indicam uma transmissão alta de estirpes do VIH-1 contendo MARs (19,84%). No entanto, não se verificou um aumento relevante quando comparado com um estudo de natureza semelhante, realizado no mesmo centro hospitalar, e que incluiu sequências analisadas entre 2004 e 2011 (17,4%).

P27 | Padronização e validação de ensaio quantitativo de RNA para aplicação na gestão clínica da Hepatite Delta

Autor Apresentador: Helena Cortes Martins

Departamento de Doenças Infecciosas - Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Outros Autores: Inês João, Elizabeth Pádua

Departamento de Doenças Infecciosas - Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal

Introdução:

A quantificação da carga viral de vírus da hepatite Delta (VHD) é um importante marcador laboratorial, permitindo identificar infeções ativas e monitorizar a sua evolução. A recente administração de um novo fármaco específico contra VHD, renovou a importância de conhecer a carga viral VHD na gestão clínica dos doentes em tratamento.

O primeiro padrão internacional para VHD da Organização Mundial de Saúde (OMS-VHD) permite a validação de ensaios quantitativos e a conversão dos resultados em Unidades Internacionais/mililitro (UI/mL), tornando possível a comparação dos valores obtidos por diferentes metodologias.

Objetivos:

Pretendeu-se padronizar e avaliar o desempenho de um ensaio para quantificação de VHD, pelo cálculo do fator de conversão (FC) de cópias/mL para UI/mL e pela exatidão de resultados de amostras de controlo de qualidade para RNA VHD (QCMD/22).

Metodologia:

O padrão OMS-VHD puro (575.000 UI/mL) e as diluições (1:10; 1:100) efetuadas, assim como as amostras VHD do painel QCMD/22 foram submetidas, em duplicado, a extração do RNA VHD (400 µL de amostra eluída em 70 µL de tampão) numa plataforma automatizada, e posteriormente, amplificadas pelo kit comercial quantitativo de qRT-PCR para RNA de VHD, em validação. A análise da curva padrão e determinação dos valores para quantificação VHD das amostras foi efetuada no equipamento CFX Opus.

Foram realizados três ensaios experimentais sucessivos, com duplicados de amostras. As curvas de calibração de cada ensaio foram construídas com os resultados obtidos para os cinco padrões do kit comercial nas seguintes concentrações: QS1- 1×10^7 ; QS2- 1×10^5 ; QS3- 1×10^4 ; QS4- $0,5 \times 10^3$ e QS5- 1×10^2 cópias/RNA de VHD/reação. O FC foi calculado de acordo com a fórmula $FC = \text{concentração OMS-VHD (UI/mL)} / \text{média geométrica das diluições (cópias/reação)}$.

Resultados:

Os resultados quantitativos relativos às amostras testadas do padrão OMS-VHD, conduziram à determinação do FC de 0,32. A sua aplicação aos valores das amostras VHD do QCMD/22 obtidos no ensaio comercial, revelou estarem todos no intervalo de quantificação esperado (primeiro desvio padrão).

Conclusão:

O ensaio de quantificação de RNA de VHD realizado no INSA encontra-se validado e padronizado, tornando assim possível apoiar a gestão clínica dos doentes, bem como a monitorização da eficácia do novo fármaco para hepatite Delta.

E-mail: helena.cortes-martins@insa.min-saude.pt

P28 | Hepatite Delta: uma infeção que importa conhecer melhor

Autor Apresentador: Sofia Morais

Universidade Nova de Lisboa (UNL), Lisboa, Portugal. Instituto Nacional de Saúde Ricardo Jorge (INSA), Lisboa, Portugal.

Outros Autores: Carolina Silva; Inês João, Elizabeth Pádua

Instituto Nacional de Saúde Ricardo Jorge (INSA), Lisboa, Portugal.

O interesse da comunidade científica sobre o vírus da Hepatite Delta (VHD) foi renovado em 2020, pela disponibilidade de um fármaco -Bulevirtide- que possibilita o tratamento desta infeção. O VHD, estritamente dependente do vírus da Hepatite B (VHB), conduz à progressão rápida da hepatite, apresentando um prognóstico mais severo, comparativamente a outras hepatites virais. Raros estudos sobre a coinfeção/superinfeção pelo VHD são conhecidos, e pouco se sabe sobre a prevalência ou genótipos de VHD em circulação em Portugal.

A taxa de cobertura vacinal contra VHB na população portuguesa atinge 98%, o que indiretamente confere proteção contra a aquisição do VHD, sendo que os focos desta infeção são potencialmente as populações mais vulneráveis ou migrantes, oriundas de países onde a vacinação não foi ainda universalmente implementada.

O presente estudo visa conhecer a prevalência da infeção ativa por VHD (deteção de RNA viral) em excedente de plasmas anonimizados com AgHBs+, provenientes de diferentes instituições de saúde (Lisboa e Porto) e recebidas no INSA entre 2017-2021.

Foram analisadas 72 amostras, sendo que 31 amostras e 41 amostras, apresentavam respetivamente, DNA indetetável e detetável para VHB. Maioritariamente correspondiam a homens (95.8%; 70/72), com média de idade de 38 anos, sendo 37.5% naturais de Portugal, 9.7% oriundos de diferentes países europeus, 4.2% de países da América do Sul e 48.6% nascidos em África.

Foi sintetizado cDNA a partir de RNA extraído do plasma e amplificado o fragmento R0 utilizando os primers e as condições de reação descritas em Ivaniushina (2001). Para a genotipagem foi realizada amplificação e sequenciação do genoma completo do VHD com as condições descritas em Çelik (2011). As sequências foram analisadas por estimativa filogenética com recurso a ferramentas bioinformáticas.

Nesta abordagem exploratória foi detetado RNA VHD numa amostra, classificado em genótipo 1. Este caso corresponde a um indivíduo de sexo masculino, de 38 anos de idade, natural de Portugal e com infeção VHB controlada (DNA VHB indetetável).

No atual contexto, importa implementar o diagnóstico e a vigilância de populações infetadas por VHB, no sentido de identificar e proporcionar tratamento a doentes com RNA VHD, bem como realizar a monitorização da sua eficácia.

E-mail: sofiamorais99@sapo.pt

P29 | Nocardiose em Portugal – a experiência de um hospital terciário

Autor Apresentador: Bruno Besteiro

Serviço de Medicina Interna, Centro Hospitalar e Universitário de São João, Porto, Portugal

Outros Autores: Bruno Besteiro¹; Daniel Coutinho²; Joana Fragoso²; Cristovão Figueiredo²; Sofia Nunes²; Luis Malheiro².

2- Serviço de Doenças Infecciosas, Centro Hospitalar de Vila Nova de Gaia Espinho, Porto, Portugal

INTRODUÇÃO: A Nocardiose é uma infeção oportunista rara provocada por microorganismos do género *Nocardia*. Contudo, a sua incidência parece estar a aumentar, pelo que dados acerca da epidemiologia e do prognóstico são fundamentais.

MÉTODOS: Análise retrospectiva dos casos de nocardiose internados num Serviço de Doenças Infecciosas entre 01.2019-01.2023.

RESULTADOS: A positividade de *Nocardia* no exame cultural foi documentada em 25 doentes, sendo que em 18 casos se considerou doença. A maioria dos indivíduos eram do sexo masculino (77,8%) e a idade média foi de 64+-14 anos. Pelo menos 1 causa imunossupressora foi identificada em 70% dos doentes, sendo a diabetes mellitus tipo 2 (n=9) a mais frequente seguida das neoplasias sólidas ativas e doenças autoimunes (n=3). Dentro do grupo dos imunodeprimidos, 28,6% estavam sob corticoterapia em alta dose. A doença manifestou-se sob a forma de nocardiose disseminada (ND) em 27,8% dos casos (n=5). Todos os doentes com ND tinham causa imunossupressora identificável e todos apresentavam atingimento pulmonar. O pulmão foi o órgão mais frequentemente envolvido (77,8%) e a maioria das culturas foram obtidas do trato respiratório inferior (85%) e avaliadas para micobactérias em Middlebrook 7H9 Broth modificado. A linfopenia foi documentada em 38,9% dos casos. As espécies mais frequentemente isoladas foram *Nocardia nova/africana* (n=7), *N.cyriacigeorgica* (n=4) e *N.pseudobrasiliensis* (n=3). No que concerne ao tratamento, metade dos casos recebeu antibioterapia com cotrimoxazol (n=9) em monoterapia, 44,4% dos casos (n=8) receberam terapêutica antibiótica combinada e um doente recusou tratamento. A antibioterapia foi globalmente eficaz, sendo que, a linezolida e o cotrimoxazol apresentaram 100% de suscetibilidade antimicrobiana perante as estirpes identificadas. A duração mediana [IQR] do tratamento foi de 238 [45–720] e 170 [5–360] dias para nocardiose localizada e ND, respetivamente. A mortalidade ao fim de 1 ano foi de 25% (n=5) e preponderante no grupo com ND (80%).

CONCLUSÃO A nocardiose é uma infeção emergente e com prognóstico ominoso particularmente na ND. O presente estudo fornece informações epidemiológicas relevantes desta patologia. Os autores realçam que o reconhecimento precoce com a colheita dos produtos microbiológicos adequados e tratamento atempado e dirigido são fulcrais para melhorar o prognóstico.

E-mail: bruno.besteiro4@gmail.com