

102TL

ABSCESO AMEBIANO HEPÁTICO: RELATO DE CASO.

Otávio G. Paz, Tatiana M. Lima, Inara C. Costa, José C.S. Henriques, Mayra C. Costa, Hamilton M. Cardoso. Hospital Ofir Loyola & Universidade do Estado do Pará – Belém – Pará.

Introdução: Devido a sua grande freqüência em países em desenvolvimento o abscesso amebiano do fígado deve ser pesquisado em pacientes com febre de origem obscura. **Objetivo:** Relatar um caso clínico de abscesso amebiano hepático de excelente evolução. **Material e métodos:** Realizou-se a revisão do prontuário e o acompanhamento de um paciente com diagnóstico de abscesso hepático amebiano, internado no setor de Clínica Médica do Hospital Ofir Loyola, no período de 4 a 12 de janeiro de 2003. **Resultados:** Paciente do sexo masculino, 55 anos, solteiro, apresentando febre intermitente de moderada intensidade sem predominância de horário, associada a calafrios e epigastralgia. Foi realizado no paciente ultra-sonografia e tomografia computadorizada na região abdominal, que revelaram imagem única hepática compatível com abscesso. Realizou-se drenagem guiada por ultra-sonografia, sendo que o material aspirado revelou a presença de trofozoítas. Paciente evoluiu satisfatoriamente, tendo alta hospitalar após tratamento com Metronidazol. **Conclusão:** O tratamento clínico precoce e a drenagem foram fundamentais para a excelente evolução deste quadro característico de abscesso amebiano hepático.

103TL

CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DE ROTAVÍRUS EM BELÉM, PARÁ.

André M. Caniceiro, Amanda G. Bayma, Euzeni Menezes, Yvone B. Gabbay, Antônia S. Alves, Alexandre C. Linhares, José P.G. Leite, Joana D.P. Mascarenhas. Instituto Evandro Chagas/FUNASA Belém, Pará.

Introdução: Os rotavírus do grupo A são os principais agentes etiológicos envolvidos nas gastroenterites infantis, ocasionando cerca de 680.000 mortes por ano nos países em desenvolvimento. Os rotavírus são membros da família *Reoviridae*, sendo constituídos por um genoma com 11 segmentos de dupla fita de RNA (ds RNA); apresentam capsídeo interno formado pela proteína VP6 e capsídeo externo formado pelas proteínas VP4 e VP7, que determinam os genótipos P e G, respectivamente. Estudos conduzidos no Brasil revelam a ocorrência dos rotavírus pertencentes aos quatro sorótipos G mais importantes epidemiologicamente, circulando em várias regiões do país. Contudo, também têm sido registrado a implicação de outros sorótipos G envolvidos em significativa proporção de casos de diarreia entre crianças brasileiras. **Objetivos:** Caracterizar os genótipos G e P de rotavírus entre crianças participantes de vigilância intensiva em Belém, Pará, antes e após implementação de uma vacina contra esses agentes. **Material e Métodos:** No período de maio de 1998 a maio de 2000 foram coletados 902 espécimes fecais (533 do Hospital Santa Terezinha e 369 do Posto de Saúde do Marco). As suspensões fecais foram preparadas e o dsRNA foi extraído pelo método da sílica e submetido a eletroforese vertical em gel de poliacrilamida a 5% (PAGE) para determinação dos eletroferotipos e posterior caracterização em genótipos G e P pela reação em cadeia da polimerase (RT-PCR). **Resultados:** Cento e oitenta amostras foram analisadas pela RT-PCR para o genótipo G de rotavírus sendo tipadas 89 (49,4%) e 91 não tipadas (50,5%). Nas amostras tipadas foi possível a determinação dos genótipos G1, G2, G3, G4, G5 e G9 em 12,2%, 19,4%, 1,7%, 3,3%, 1,1% e 11,7% dos casos, respectivamente. Para o genótipo P, 281 amostras foram analisadas, sendo 179 (63,7%) tipadas e 102 (36,3%) não tipadas. Das amostras tipadas 30,6% foram associadas ao tipo P[4], 6,4% ao P[6] e 26,7% ao P[8]. A combinação binária foi determinada em 70 amostras, 58,6% associadas aos genótipos usuais: G2P[4] (80,5%), G1P[8] (12,2%), G3P[8] (2,4%) e G4P[8] (4,8%); e 41,4% associadas aos genótipos não usuais: G9P[8] (44,8%), G9P[6] (10,3%), G1P[4] (10,3%), G4P[6] (10,3%), G5P[4] (3,4%), G1P[6] (3,4%), G3P[4] (3,4%), G3P[6] (3,4%), G4P[4] (3,4%), G9P[4] (3,4%) e G1+G2P[8] (3,4%). Foram determinados 5 casos de infecção mista: G1+G2 (1 caso), P[4]+P[6] (1 caso) e P[8]+P[6] (3 casos). **Conclusões:** A combinação binária usual de rotavírus foi detectada em 58,5% dos casos, com o genótipo G2P[4] sendo o mais prevalente (80,5%). É importante relatar a freqüência elevada com que os genótipos não usuais foram detectados no presente estudo: 41,4%, sendo o genótipo G9P[8] presente em 44,8% das amostras. Os resultados obtidos revelam a importância de se proceder a caracterização molecular de amostras de rotavírus em nossa região.

104TL

CARACTERIZAÇÃO DOS VIRUS INFLUENZA A(H1N2) HUMANOS ISOLADOS NA FRANÇA EM 2002.

Rita Medeiros,¹ Jean-Claude Manuguerra,¹ Valérie Lorin,¹ Maryse Tardy-Panit,¹ Sylvie van der Werf¹. ¹Unité de Génétique Moléculaire des Virus Respiratoires - Institut Pasteur, Paris, França. ²Universidade Federal do Para/ Instituto Evandro Chagas, Belém, Para.

Introdução: Os vírus influenza de tipo A são responsáveis por epidemias de gripe a cada ano. Seu genoma é constituído por 8 segmentos de RNA de fita simples, os quais codificam para 11 proteínas. As duas glicoproteínas virais, a hemaglutinina (H1-H15) e a neuraminidase (N1-N9), são os principais alvos dos anticorpos neutralizantes e responsáveis pela grande diversidade dos vírus de tipo A. Os vírus influenza H3N2 surgiram na população

humana em 1968; os vírus H1N1, que já haviam circulado na população humana até 1957, reapareceram em 1977 e desde então, H3N2 e H1N1 cocirculam e são responsáveis pela maioria dos casos de gripe no mundo. Durante o inverno de 2001/2002 no hemisfério norte, vírus A(H1N2), resultantes do rearranjo genético entre H1N1 e H3N2, foram isolados a partir de surtos epidêmicos ou de casos isolados em diversos países do mundo. **Objetivo:** Descrever as características fenotípicas e genotípicas dos vírus H1N2 isolados na França durante a epidemia de gripe de 2001/2002. **Material e métodos:** 13 cepas de vírus H1N2 foram isoladas na França entre janeiro e abril de 2002. As cepas foram amplificadas em células MDCK, e a partir do sobrenadante das mesmas foram realizados RT-PCR e sequenciamento, com posterior análise filogenética. Foram ainda analisadas as características fenotípicas das glicoproteínas virais através da aglutinação de diferentes hemácias e da medida da atividade neuraminidase, com posterior caracterização antigênica das mesmas. **Resultados:** Dos 19 vírus supostamente H1N1 isolados em 2002 na França, 13 eram na verdade H1N2. Estes possuíam uma H1 próxima antigenicamente e geneticamente da cepa A/New Caledonia/20/99 (H1N1); enquanto que a N2 era próxima da cepa A/Moscow/10/99 (H3N2); os 6 outros genes foram relacionados geneticamente com os vírus H3N2 recentes. A análise filogenética mostrou que, apesar dos vírus H1N2 estarem relacionados com vírus recentes, eles formaram grupos diferentes daqueles compostos por vírus isolados nos últimos 3 anos. As principais substituições específicas do grupo H1N2 foram Ala193Thr e Lys431Asn observadas nas sequências da hemaglutinina e da neuraminidase, respectivamente. Tais substituições podem estar relacionadas com as características fenotípicas das cepas, uma vez que a atividade neuraminidase e as características de hemaglutinação mostraram um perfil diferente daqueles observados para os vírus H1N1 e H3N2 isolados recentemente. **Conclusão:** a evolução genotípica e fenotípica dos vírus H1N1 e H3N2 recentes parece ter favorecido o rearranjo entre os mesmos, estabelecendo vírus H1N2 com potencial de fixação na população humana, ao contrário de outros vírus H1N2 isolados de forma esporádica no passado.

105TL

VIGILANCIA DE VIAJEROS INTERNACIONALES Y PESQUISAJE DE ENFERMEDADES EXOTICAS PARA CUBA. INSTITUTO DE MEDICINA TROPICAL "PK" "1982 – 2002.

Lázara A. Berrio, Antonio. P. Rodriguez, Ivett M. Serpa, Andres Fernandez. Instituto de Medicina Tropical "Pedro Kourí" /MINSAP – Habana, Cuba.

Introducción: En la vigilancia de enfermedades exóticas para Cuba, la Vigilancia de Viajeros Internacionales es un componente imprescindible para la prevención y control de la introducción de estas enfermedades, que cuentan con condiciones favorables en la ecología de sus hospederos intermediario, La vigilancia a comenzó a funcionar en Cuba en 1977, obteniéndose resultados aceptables, y los cambios en la relaciones internacionales con áreas endémicas han favorecido a su perfeccionamiento. Esta vigilancia de viajeros se basa en la detección oportuna de los reservorios a su arribo al país, y comienza por las fronteras y finaliza en el nivel local de Atención Primaria. **Objetivos:** Identificar las acciones realizadas por el sistema de vigilancia de viajeros internacionales y describir el comportamiento de las enfermedades pesquisada en el periodo 1982 – 2002. **Material y Métodos:** La información de las actividades de vigilancia de viajeros se obtuvo de los registros y datos automatizados que existen en archivos del Grupo de Vigilancia del IPK, que permitió construir los flujogramas de estructura y de información útiles para el análisis. El universo quedó constituido por los casos de enfermedades como Malaria (2823), Esquistosomosis (1454), Leishmaniosis (42), Filariosis (661), Tripanosomosis (18) y otras, que están registrados y notificados por la sección de estadísticas del hospital.. Se elaboró para cada enfermedad un formulario con las variables; país de procedencia, nacionalidad, especies y fecha de notificación. La información fue almacenada en los programas Excel y MAPINFO y analizadas a través de tablas, gráfico y mapas temático. **Resultados:** Las actividades de mayor trascendencia en la vigilancia de viajeros fueron: los Centros de Control en la Fuente (control de viajeros antes de su entrada al país), atención especializada a grupos de extranjeros en escuelas, incorporación de las unidades de Atención Primaria, y en 1985 la cobertura con médicos de familia donde se introduce la dispensarización del viajero para definir el riesgo y seguimiento por dos años. En el periodo 82 –86 hubo una entrada importante de viajeros y se controló el 96% y en el IPK se examinó el 30% (35 652). La malaria representó el 53,3% del total de las enfermedades pesquisadas, la especie predominante fue el *P. falciparum* de los países de África y el *P. vivax* de Centro América. La esquistosomosis se diagnóstico en 1454 (28,9%) viajeros. En el periodo 87 – 91 se reportó el mayor número de casos (702) el índice de reducción comparado con el periodo 97 – 2001(14) fue de 98%. La especie *E. haematobium* predominó en cubanos y extranjeros para un 91,7% y 55,5% respectivamente. De 23 países de África se reportaron más del 95% de los casos, Angola (46%) y Mozambique (21%). Se diagnosticaron 661 viajeros con filariosis, el 90,7% en extranjeros. La especie predominante fue *M. pertans* con 432 (65%) y *W. bancrofti* 107 (16%). Leishmaniosis aportó 48 casos, el 77% en el periodo 82 - 86, el índice reducción fue 89%. De nicaragua se reportaron 40(83%). La Dracunculosis, Tripanosomiasis y tracoma se reportó en 16, 18 y 4 casos respectivamente de viajeros procedentes de países africanos. **Conclusiones:** El perfeccionamiento permanente de la vigilancia de viajeros contribuye a la disminución del riesgo de introducción de enfermedades. El seguimiento de pacientes y la dispensarización permiten un nivel de seguridad en las áreas donde existen condiciones favorables para la transmisión, fundamentalmente de la malaria y la filariosis.