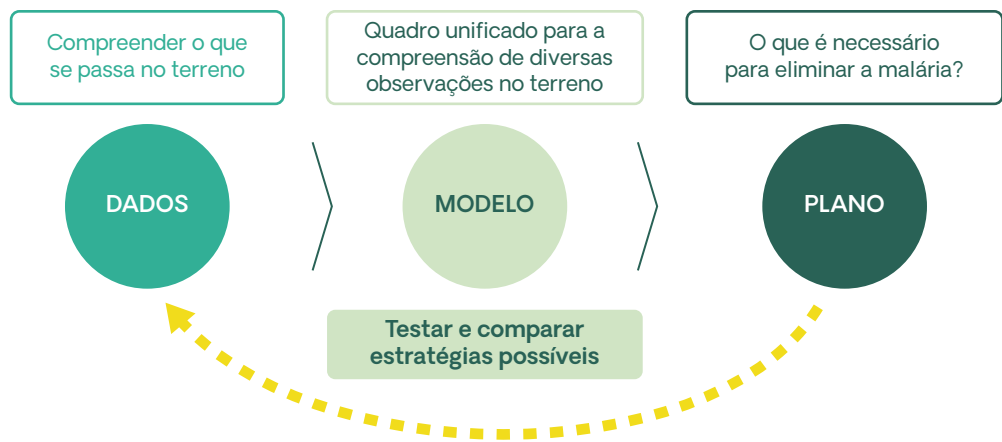


# Vigilância genómica da malária em Moçambique



## Modelos epidemiológicos para integrar os métodos de vigilância genómica em ferramentas usadas para a tomada de decisões programáticas

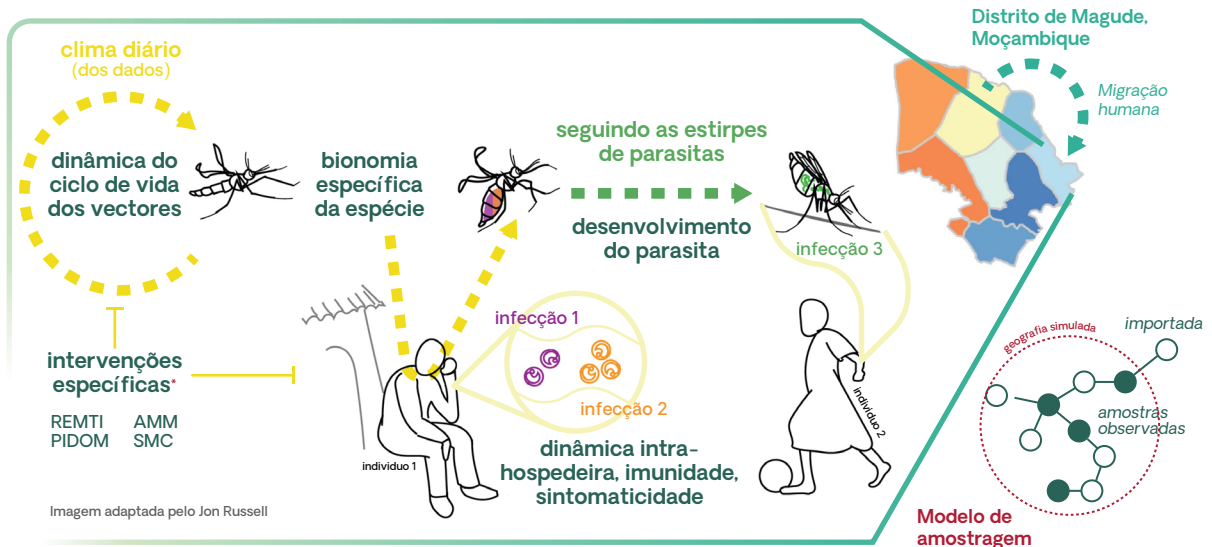
A equipe do GenMoz está a trabalhar com o *Institute for Disease Modeling* (IDM) para usar modelos matemáticos que descrevem a relação entre as métricas epidemiológicas tradicionais da malária e as medidas da vigilância genómica. Os modelos permitem que os pesquisadores simulem a complexidade biológica da transmissão da malária usando expressões matemáticas (equações) e computadores para replicar populações realistas dos agentes (humanos, parasitas, mosquitos) envolvidos em um sistema de transmissão. Isso é feito usando o software *Epidemiological Modeling* (EMOD) do IDM.



## Como funciona o EMOD?

O EMOD é um modelo epidemiológico que pode rastrear infecções à medida que elas transitam entre seres humanos e mosquitos vectores. O modelo usa dados colectados localmente para simular o comportamento do mosquito, levando em conta os factores do hospedeiro que podem afectar a transmissão do parasita (como imunidade e o tratamento). Depois que as informações são colhidas de vários indivíduos, as variantes no banco de dados são usadas com informações epidemiológicas para calcular indicadores de relevância em saúde pública e visualizar os dados.

**Modelo esquemático:** A estratificação do EMOD e do rastreamento de parasitas gera um modelo aleatório detalhado baseado no agente para a simulação da epidemiologia genética da malária



\* REMTI (Redes Mosquiteiras Tratadas com Insecticidas) / PIDOM (Pulverização Intra-Domiciliária) / AMM (Administração Massiva de Medicamentos) / SMC (sigla em inglês para Quimioprevenção Sazonal da Malária)

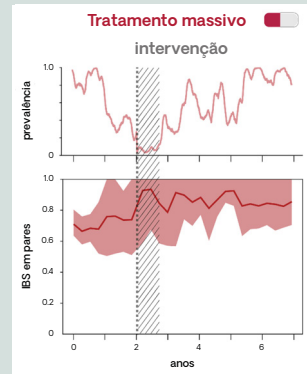


# Determinando as vantagens da incorporação de indicadores genómicos na vigilância da malária

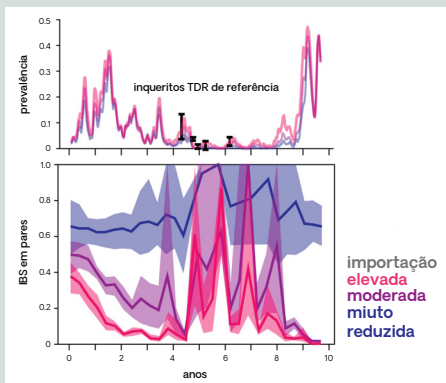
Num modelo podemos introduzir outros elementos que podem afectar a transmissão da malária (como intervenções de saúde pública para reduzir a malária em humanos ou mosquitos, ou medidas de movimentação da população) e observar como isso afecta as estatísticas genéticas.

## Uso de métricas genéticas para medir o impacto de intervenções de controlo da malária

Na figura, a administração massiva de medicamentos (AMM) produziu um declínio acentuado nos índices de malária (parte superior). Também é observada uma mudança no indicador genético que mede a semelhança entre os parasitas (chamado de identidade por estado - IBS). Uma simulação do modelo pode demonstrar que um indicador genético (IBS) pode complementar as métricas de vigilância tradicionais e reflectir o impacto de uma intervenção.



Por outro lado, o uso da vigilância genómica também pode revelar mudanças não observadas por meio de medidas tradicionais, como a prevalência da malária por teste de diagnóstico rápido (TDR).



## O modelo mostra que os dados genéticos podem revelar o grau de casos de malária importada numa população

Os gráficos mostram modelos de simulações em três populações com diferentes taxas de malária importada. Medindo-se os casos apenas pela positividade do TDR, a transmissão pode parecer semelhante (parte superior, prevalência ao longo do tempo). Entretanto, as informações genéticas do IBS podem discriminar os níveis de importação. Essas informações adicionais facilitariam a aplicação de intervenções mais eficazes em cada área.



## Os modelos do IDM podem responder a uma série de perguntas relevantes para o projecto GenMoz:

- ◆ Como o delineamento da amostragem e a tecnologia de sequenciação de laboratório afectam os resultados dos estudos?
- ◆ Qual é a expectativa do impacto da resistência a medicamentos ou diagnósticos em diferentes contextos de transmissão da malária?



Iniciativa do Presidente dos EUA Contra a Malária

