

Vigilância genómica da malária em Moçambique



Uso da informação genética para identificar a origem das infecções

Com as ferramentas moleculares estabelecidas em GenMoz obtemos as características genéticas de cada infecção por parasitas *Plasmodium falciparum*. A comparação dessas características entre os diferentes parasitas presentes em uma população humana ou área geográfica ajuda para compreender a dinâmica e os fluxos da transmissão, importante para o controlo e eliminação da malária.

Utilização prática da relação genética entre parasitas

O grau de parentesco entre parasitas é chamado 'semelhança genética' (em inglês, *genetic relatedness*) e permite construir uma cadeia de transmissão da malária. Esta informação é usada para:

- 1 Classificar os casos de malária local ou importada de outras regiões e
- 2 Identificar as principais fontes (regiões geográficas) que sustentam a transmissão, a fim de gerar informações úteis para tomada de decisões programáticas para o controlo de malária.

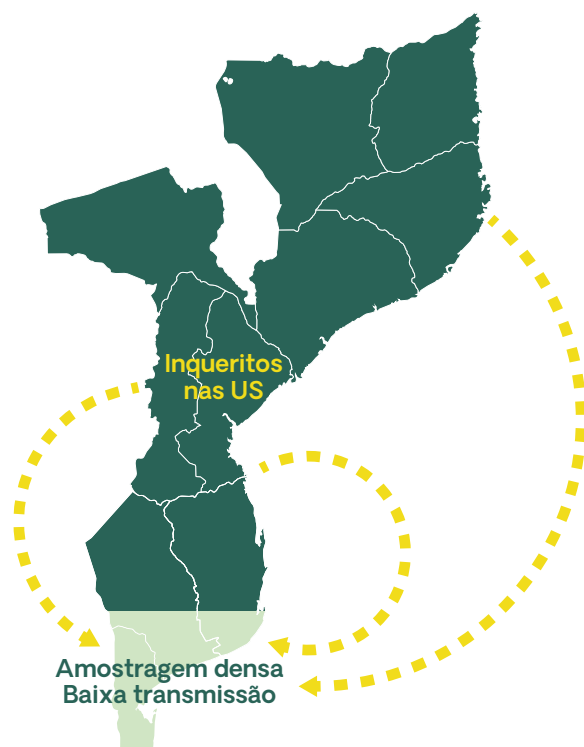


Figura 2. Estratégias de amostragem

Como medimos a semelhança genética entre parasitas em diferentes amostras?

Os dados genómicos gerados a nível do laboratório são analisados com ferramentas bioinformáticas para calcular métricas de semelhança como a identidade por descendência (IBD - sigla do inglês *identity-by-descent*). O IBD descreve a percentagem do genoma que é igual entre parasitas devido a uma ancestralidade comum (Figura 1).

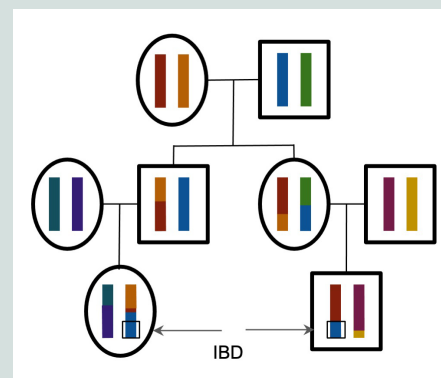


Figura 1. Exemplos da informação genética de indivíduos com uma semelhança procedente de uma ancestralidade comum (*identity-by-descent*, IBD).

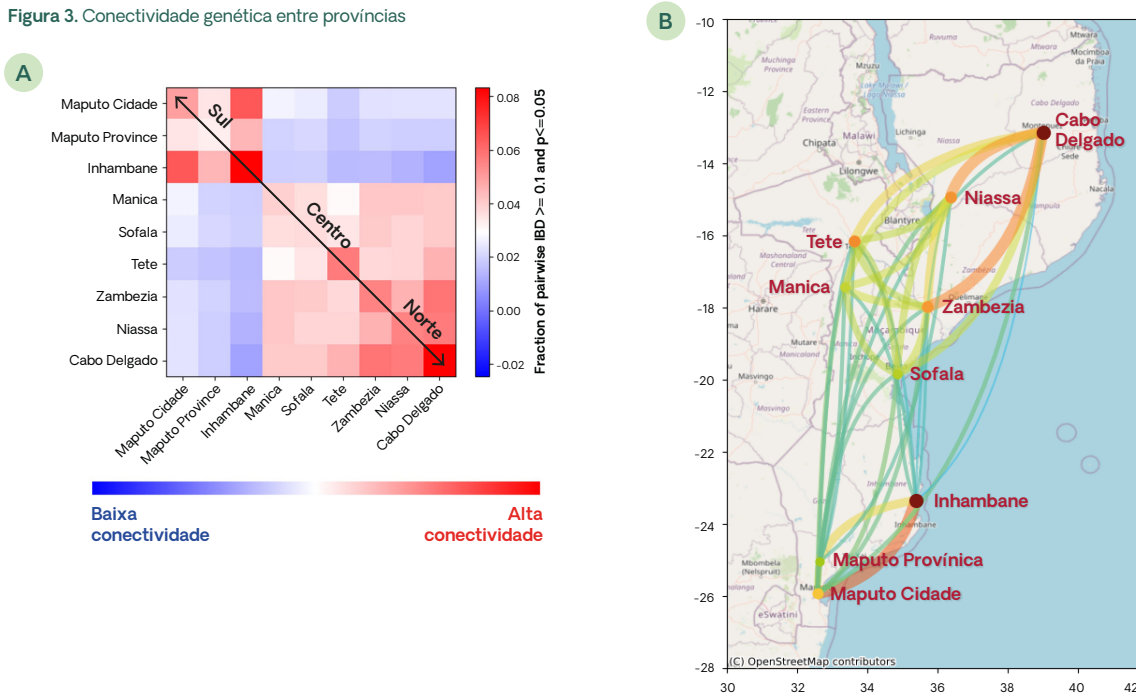
Para este objectivo, no projecto GenMoz será usada uma **estratégia de amostragem densa** que inclui todos os casos de malária (e não apenas uma selecção) em áreas de baixa transmissão na Província de Maputo. Os resultados serão comparados com uma selecção de amostras de inqueritos baseados nas unidades sanitárias do resto das províncias (Figura 2).



Conectividade entre casos detectados nas distintas províncias do país

Com as informações de quais amostras são geneticamente similares, podemos quantificar a sua conectividade regional entre províncias e o grau de importação de uma área para outra (Figura 3).

Figura 3. Conectividade genética entre províncias



Semelhança genética, viagens reportadas e importação

Durante a colheita de amostras nas áreas de baixa transmissão (Sul), se recolhe de forma confidencial informação sobre viagens efectuadas no último mês pelos participantes (Figura 4). As infecções dos participantes com viagens reportadas são candidatas de casos importados. As análises de semelhança genética permitem identificar se o parasita é local ou se é oriundo das áreas das viagens reportadas (casos importados confirmados).

Os casos importados podem ser utilizados para:

- ◆ Identificar áreas que actuam como fontes e como receptoras de transmissão da malária
- ◆ Quantificar o impacto dos casos importados no sustento de malária em áreas de baixa transmissão.

Figura 4. Histórico das viagens reportadas no sul do país