



Maior estudo genético revela resistências da tuberculose

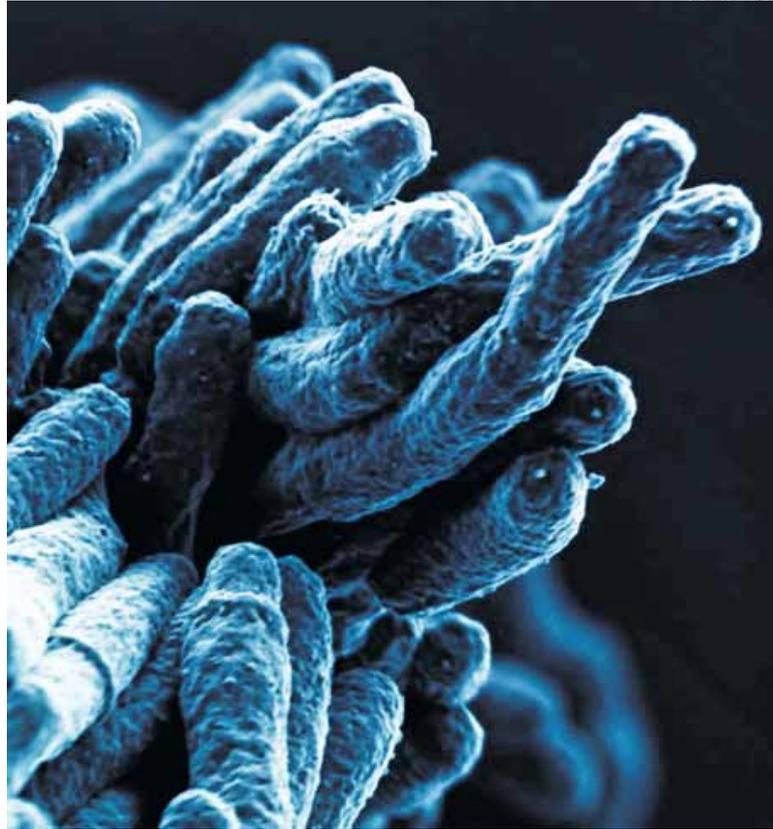
Cientistas portugueses participaram em estudo que identificou novas mutações e outros mecanismos que impedem a eficácia dos tratamentos da tuberculose e que podem servir como marcadores para testes

Saúde
Andrea Cunha Freitas

É o maior e mais completo estudo sobre a base genética da resistência do bacilo da tuberculose (*Mycobacterium tuberculosis*), segundo os autores do artigo publicado ontem na revista científica *Nature Genetics*. Os dados comprovam-no: os investigadores analisaram a sequência genómica completa de amostras de 6465 doentes, de mais de 35 países (incluindo Portugal), e testaram a resposta a 14 antibióticos (de primeira e segunda linha) usados no tratamento da tuberculose na sua forma “normal”, resistente ou multirresistente. É o resistoma da tuberculose, ou seja, a colecção das mutações genéticas associadas às resistências do bacilo da tuberculose.

“Uma das razões que fazem com que a tuberculose ainda hoje seja um dos grandes problemas de saúde pública a nível mundial, em particular a disseminação de estirpes resistente, multirresistentes e extensivamente resistentes, tem que ver com o facto de não conseguirmos ainda dar informação suficientemente rápida aos nossos clínicos para que eles possam tomar a decisão pelo melhor tratamento para aquele bacilo que infecta aquele doente”, constata ao PÚBLICO Miguel Viveiros, do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa e um dos investigadores portugueses que assinam o artigo. Esta investigação, acredita o bacteriologista, pode mudar este cenário.

O novo estudo confirma mutações genéticas associadas a estirpes resistentes de tuberculose mas também identifica novas mutações e outros mecanismos que travam a eficácia dos tratamentos. O perfil dos determinantes genéticos das resistências do bacilo da tuberculose está, agora, mais completo do que nunca. E, nota João Perdigão, investigador da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa, que também assina o artigo, “ao conhecermos melhor estes determinantes genéticos podemos desenhar novos testes de detecção precoce baseados em métodos de



ANDREA ARI ASSER/EPFL

Imagem colorida obtida ao microscópio electrónico da bactéria da tuberculose

biologia molecular e que são muito mais rápidos de executar e permitem dar uma resposta muito mais rápida ao clínico”.

As novas mutações identificadas estão associadas à resistência à cicloserina, etionamida e ácido para-amino salicílico, importantes fármacos de segunda linha usados no tratamento da tuberculose multirresistente. Miguel Viveiros sublinha que a investigação concluiu ainda que as bombas de efluxo (proteínas localizadas na membrana celular e especializadas no transporte de moléculas) também terão um papel nestas resistências. “São proteínas na parede das bactérias que pegam no antibiótico que é usado e cospem-no cá para fora”, explica.

Numa entrevista ao PÚBLICO em

2015, o principal autor deste artigo, Taane Clark, da Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, já apresentava o projecto *In silico* que, explicava, consistia numa biblioteca onde estão identificadas as variações do ADN do *Mycobacterium tuberculosis*. Mais de dois anos depois, é publicado o artigo que fornece os pormenores sobre esta preciosa base de dados genéticos que pode mudar a identificação precoce das resistências do bacilo da tuberculose de cada doente, fornecendo novos marcadores para testes de diagnóstico molecular.

Diagnóstico em oito horas

As vantagens são óbvias: esta detecção facilita a decisão do tratamento mais adequado, aumenta a taxa de

cura, reduz o tempo que o doente fica infectado e, consequentemente, diminui os riscos de transmissão e propagação destas versões resistentes de tuberculose. Os custos também são menores, uma vez que a decisão pelo antibiótico mais eficaz é mais rápida, evitando testes com diferentes esquemas terapêuticos à procura do sucesso, refere João Perdigão que adianta ainda que, hoje, “tratar um doente com tuberculose multirresistente custa quase tanto como tratar 100 casos de tuberculose sensível”.

“Neste momento, temos condições para, com base apenas na identificação das mutações do genoma do bacilo que infecta aquele doente, ter com muita segurança um antibiograma em poucas horas. Em

Inglaterra já consegue dar resultados fiáveis aos doentes sobre o perfil total de resistências em menos de oito horas usando esta tecnologia de sequenciação genómica completa”, diz Miguel Viveiros. Por cá, esta (ainda dispendiosa) ferramenta de diagnóstico e vigilância epidemiológica ainda não é usada, acrescenta.

Actualmente, existem testes comerciais disponíveis para analisar possíveis resistências aos dois antibióticos de primeira linha usados para tratar a forma sensível (ou “normal”) de infecção pelo bacilo da tuberculose. O esquema normal de tratamento implica o uso de quatro antibióticos durante um período de seis meses. Numa tuberculose resistente, o tratamento pode arrastar-se por vários meses, por vezes, durante anos.

Em Portugal, quando é identificada uma infecção resistente aos fármacos de primeira linha (a rifampicina e isoniazida), o passo seguinte é um teste de diagnóstico molecular e também testes fenotípicos (baseados em cultura de células em laboratório e que podem demorar várias semanas). “É isso que fazemos desde 2016. Todos os resultados de resistência ao tratamento de primeira linha são submetidos a estes testes”, refere Raquel Duarte, coordenadora do Programa Nacional para a Tuberculose da Direcção-Geral da Saúde (DGS).

A especialista realça a importância do estudo publicado agora que identifica novas mutações, sobretudo relacionadas com resistência a antibióticos de segunda linha, e outros mecanismos de resistência aos tratamentos. Se soubermos o que procurar (neste caso, a lista de alvos cresceu), a sensibilidade do teste aumenta, é mais fácil encontrar o tipo de resistência para o atacar com a arma terapêutica mais eficaz.

O estudo pode ser um contributo decisivo para alcançar o ambicioso objectivo da Organização Mundial da Saúde que quer eliminar a tuberculose até 2035. Em Portugal, são diagnosticados cerca de dois mil casos por ano e cerca de um por cento são de tuberculose resistente.

acfreitas@publico.pt



FACULDADE DE FARMÁCIA UNIVERSIDADE DE LISBOA

DATA

23/01/2018 15:57:23

ETIQUETAS

[FFUL \(/NOTICIAS/TAG/FFUL.HTML\)](#)

[TUBERCULOSE \(/NOTICIAS/TAG/TUBERCULOSE.HTML\)](#)

[OMS \(/NOTICIAS/TAG/OMS.HTML\)](#)

[DIAGNÓSTICO PRECOCE \(/NOTICIAS/TAG/DIAGNÓSTICO%20PRECOCE.HTML\)](#)

[LSHTM \(/NOTICIAS/TAG/LSHTM.HTML\)](#)

PARTILHAR

 (mailto:?subject=FFUL participa em estudo que pretende contribuir para o diagnóstico precoce da tuberculose resistente&body=http://www.newsfarma.pt/noticias/6184-fful-participa-em-estudo-que-vai-ajudar-no-diagnóstico-precoce-da-tuberculose-resistente.html)

 (https://plus.google.com/share?url={http://www.newsfarma.pt/noticias/6184-fful-participa-em-estudo-que-vai-ajudar-no-diagnóstico-precoce-da-tuberculose-resistente.html})

 (https://www.facebook.com/sharer/sharer.php?u=http://www.newsfarma.pt/noticias/6184-fful-participa-em-estudo-que-vai-ajudar-no-diagnóstico-precoce-da-tuberculose-resistente.html)

 (https://www.linkedin.com/shareArticle?mini=true&url=http://www.newsfarma.pt/noticias/6184-fful-participa-em-estudo-que-vai-ajudar-no-diagnóstico-precoce-da-tuberculose-resistente.html&title=FFUL participa em estudo que pretende contribuir para o diagnóstico precoce da tuberculose resistente)

 (http://www.twitter.com/share?url=http://www.newsfarma.pt/noticias/6184-fful-participa-em-estudo-que-vai-ajudar-no-diagnóstico-precoce-da-tuberculose-resistente.html)

FFUL participa em estudo que pretende contribuir para o diagnóstico precoce da tuberculose resistente

A Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa (FFULisboa) participou e coordenou, a nível nacional, o estudo "Genome-wide analysis of multi- and extensively drug-resistant Mycobacterium tuberculosis", que se integra no projeto liderado pela London School of Hygiene and Tropical Medicine (LSHTM). Os resultados obtidos vão contribuir para o diagnóstico precoce da tuberculose resistente e para a

inclusão de marcadores específicos para a resistência em novos testes de diagnóstico molecular.

O estudo (<https://www.nature.com/articles/s41588-017-0029-0>), publicado ontem, dia 22 de janeiro, na revista Nature Genetics descreve novas mutações associadas à resistência à cicloserina, etionamida e ácido para-amino salicílico, todos eles fármacos utilizados no tratamento da tuberculose multirresistente. Os novos dados vão permitir o diagnóstico precoce da tuberculose, o que vai facilitar os ajustes necessários na terapêutica, de modo a ser mais eficaz contra os bacilos resistentes. Este estudo pode, assim, contribuir para um aumento da taxa de cura dos doentes com tuberculose multirresistentes ou extensivamente resistente, evitando a sua transmissão e propagação.

Os resultados obtidos, resultantes da análise por sequenciação genómica completa de 6.465 isolados clínicos, provenientes de mais de 35 países, onde está incluindo Portugal, surgem no contexto anual da Organização Mundial da Saúde (OMS), cujo objetivo é erradicar a tuberculose até 2035.

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL:

<http://www.atlasdasaude.pt/publico/content/estudo-com-participacao-portuguesa-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose>

O estudo, publicado na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis".

Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

"Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa.

Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente.

A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa.

Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria".

O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

2018-01-23 11:07:06+00:00

Jornal Médico - Tuberculose resistente: Estudo com participação portuguesa descreve mutações

URL:

<http://www.jornalmedico.pt/atuallidade/34722-estudo-com-participacao-portuguesa-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente.html>

Um estudo, que envolveu mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistente, um trabalho que permitirá aos médicos a realização de um diagnóstico mais precoce e seguro e uma melhor adequação da terapêutica.

O estudo, publicado na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria mycobacterium tuberculosis. Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito no distrito de Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

"Hoje temos poucos casos de tuberculose multirresistente e estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à agência Lusa o investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT), Miguel Viveiros, que foi um dos coordenadores do contributo português para o estudo divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente.

O trabalho contou, ainda, com a participação nacional dos investigadores do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa, Isabel Portugal e João Perdigão.

De acordo com Miguel Viveiros, esta investigação permitiu identificar "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria". O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, segundo o investigador do IHMT, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

Jornal Médico

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL: <http://www.netfarma.pt/noticia/estudo-mutacoes-geneticas-tuberculose-portugal>

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

23 de janeiro de 2018

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento.

O estudo, publicado ontem na revista científica "Nature Genetics", partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria *Mycobacterium tuberculosis*.

Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes, afirmou à "Lusa" Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa.

Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do "contributo" português para o estudo divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente.

A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa.

Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas novas mutações e novos mecanismos de resistência, tais como algumas proteínas das paredes da bactéria.

O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase todo o arsenal usado para tratar a doença infecciosa.

Portugal participa em estudo que descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL:

<https://saudeonline.pt/2018/01/23/portugal-participa-em-estudo-que-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente/>

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento

O estudo, publicado ontem na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis".

Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

"Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa.

Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente.

A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa.

Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria".

O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

LUSA/SO

Mais Noticias

2018-01-23 10:44:13+00:00

Identificadas novas mutações genéticas e mecanismos de resistência na bactéria da tuberculose

URL: <http://www.tempomedicina.com/noticias/33111>

Uma investigação que envolveu mais de 35 países, incluindo Portugal, identificou novas mutações genéticas e novos mecanismos de resistência nas estirpes da bactéria da tuberculose, facto que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento. O estudo, liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente, foi publicado esta segunda-feira na revista científica Nature Genetics e partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis".

Portugal contribuiu com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes, disse à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa (IHMT-UNL), um dos coordenadores do contributo português.

A par do IHMT, o trabalho contou com a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa.

Das milhares de mutações genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas novas mutações e novos mecanismos de resistência, tais como algumas proteínas das paredes da bactéria.

Uma investigação que envolveu mais de 35 países, incluindo Portugal, identificou novas mutações genéticas e novos mecanismos de resistência nas estirpes da bactéria da tuberculose, facto que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento

O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase todo o arsenal usado para tratar esta doença infecciosa.

O estudo pode ser acedido aqui

18tm04E

23 de Janeiro de 2018

1804Pub3f18tm04E

Publicada originalmente em www.univadis.pt

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL:

<https://www.dn.pt/lusa/interior/estudo-com-participacao-portuguesa-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente-9066958.html>

Mon, 22 Jan 2018 22:16:26 +0100

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento. O estudo, publicado hoje na revista científica *Nature Genetics*, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "*Mycobacterium tuberculosis*". Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012. Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos. "Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa. Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente. A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa. Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria". O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

Lusa

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL:

<https://www.ojogo.pt/extra/lusa/interior/estudo-com-participacao-portuguesa-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente-9066961.html>

Mon, 22 Jan 2018 22:16:26 +0100

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento. O estudo, publicado hoje na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis". Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012. Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos. "Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa. Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente. A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa. Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria". O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

Lusa

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL:

<https://www.jn.pt/lusa/interior/estudo-com-participacao-portuguesa-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente-9066960.html>

2018-01-22 21:16

LusaHoje às 21:16, atualizado às 21:20FacebookTwitterPartilharComentar

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento.

O estudo, publicado hoje na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis".

Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

"Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa.

Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente.

A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa.

Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria".

O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

Lusa

Estudo descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL:

<https://www.noticiasao minuto.com/mundo/943038/estudo-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente>

Mon, 22 Jan 2018 22:16:26 +0100

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento.

O estudo, publicado hoje na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis".

Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012.

Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos.

"Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa.

Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente.

A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa.

Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria".

O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

Estudo com participação portuguesa descreve mutações genéticas da tuberculose resistente

URL: <https://www.tsf.pt/lusa/interior/estudo-com-participacao-portuguesa-descreve-mutacoes-geneticas-da-tuberculose-resistente-9066959.html>

Mon, 22 Jan 2018 22:16:26 +0100

Um estudo envolvendo mais de 35 países, incluindo Portugal, descreve as mutações genéticas das estirpes da bactéria da tuberculose resistentes, um trabalho que permitirá aos médicos fazerem um diagnóstico precoce e seguro e adequarem o melhor tratamento. O estudo, publicado hoje na revista científica Nature Genetics, partiu da sequenciação do genoma (conjunto de informação genética) completo de 6.465 estirpes resistentes da bactéria "Mycobacterium tuberculosis". Portugal contribuiu para o trabalho com mais de uma centena de estirpes bacterianas resistentes, grande parte identificadas num diagnóstico feito na Grande Lisboa entre 2000 e 2012. Fruto desse trabalho, os médicos conseguiram fazer o diagnóstico mais rápido e eficaz da tuberculose multirresistente, adequar a terapêutica e diminuir o número de casos. "Hoje, temos poucos casos de tuberculose multirresistente, estamos numa situação confortável, mas não estamos totalmente descansados. A qualquer momento, basta distrairmo-nos um bocadinho para que volte a ser transmitida e a aparecer em números alarmantes", afirmou à Lusa Miguel Viveiros, investigador do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa. Miguel Viveiros foi um dos coordenadores do 'contributo' português para o estudo hoje divulgado e liderado pela Escola de Higiene e Medicina Tropical de Londres, no Reino Unido, onde a sequenciação genómica é usada para diagnosticar a tuberculose resistente. A par do Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, o trabalho teve a participação nacional dos investigadores Isabel Portugal e João Perdigão, do Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa. Das "milhares de mutações" genéticas assinaladas no estudo, muitas eram conhecidas e outras não. Segundo Miguel Viveiros, foram identificadas "novas mutações" e "novos mecanismos de resistência", tais como "algumas proteínas das paredes da bactéria". O perfil de resistência das estirpes da bactéria da tuberculose para as quais foi feita a sequência do genoma foi definido para 14 medicamentos diferentes, que, de acordo com Miguel Viveiros, constituem quase "todo o arsenal" usado para tratar a doença infecciosa.

Lusa