



ESTUDO DE CASO: INVESTIGANDO A ORIGEM E EPIDEMIOLOGIA DO ZIKA VÍRUS NO BRASIL ATRAVÉS DA BIOINFORMÁTICA.

SANTOS, Renata Vieira

SILVA, Ana Paula

SILVA FILHO, Benísio Ferreira da (Orientador)

Resumo

O vírus Zika, é um vírus de RNA do gênero flavivirus, descrito em 1947 presente em amostra de macaco de Uganda. Transmitido através da picada de mosquitos *Aedes sp.*, além das publicações de casos que mostram a transmissão por transfusão, contato sexual e de mãe para filho. Relatos de infecção por Zika em humanos eram limitados a pequenos surtos em países da África, resultando na chamada febre Zika, cujos sintomas incluem erupção maculopapular, cefaleia, conjuntivite e mialgia. Nas américas o país que apresentou o maior número de casos foi o Brasil além de grande parte desses casos, estar associada a microcefalia. A confirmação de que era o Zika vírus foi dada em 2015 e devido a gravidade (número de casos elevado além do aumento nunca visto de microcefalia) toda atenção foi dada ao nosso país. Comparado com os pequenos surtos anteriores em países africanos, nosso caso é considerado o maior e mais grave. A grande questão após a confirmação de 2015 era: De onde veio o vírus descrito inicialmente em Uganda? O objetivo deste trabalho é introduzir o ensino de Bioinformática e Genômica através da revisão de literatura do estudo investigativo da epidemiologia do Zika vírus no Brasil e nas Américas, realizando na prática as mesmas comparações genômicas feitas pelos grupos de pesquisa. Iniciamos com a revisão das publicações para obter informações sobre as sequências geradas e depositadas em bancos de dados. Entendemos o processo de extração, transcrição reversa e sequenciamento do genoma viral. Na prática, usando computadores conectados a internet e com programas de bioinformática instalados, obtivemos do maior banco de dados de informação biotecnológica do mundo (GenBank) as sequencias genômicas virais obtidas aqui no Brasil. Os genomas selecionados no GenBank foram submetidos ao alinhamento múltiplo no software MEGA e os trechos conservados anotados, bem como, os que apresentavam variações. Foram isolados e identificados os trechos com variações para conhecimento de sua função biológica no software GeneRunner seguido de BLASTx. Por comparação de genomas via algoritmo BLAST, realizamos uma investigação que além de mostrar quais os vírus mais similares ao nosso, refazendo assim o caminho de entrada do Zika no Brasil, apontaram que nossa cepa veio da China. Ao final, produzimos um mapa indicando o caminho do Zika nas Américas e Brasil, descrevendo os números de acesso de cada sequência e as regiões não conservadas, mostrando que o vírus não sofreu mudanças genéticas significativas. As alunas tiveram contato com bancos de dados reais, sequencias reais e realizaram a mesma comparação dos grupos de pesquisa. Portanto, hoje, além de entenderem o



caso Zika vírus no Brasil, elas também conhecem detalhadamente como se realiza uma investigação por bioinformática através da busca de similaridades genéticas empregadas em estudos de origem. Esse conhecimento será empregado nos trabalhos do grupo de iniciação científica que começou este ano.

Palavras-chave: Bioinformática; Genômica; Zika Vírus.