

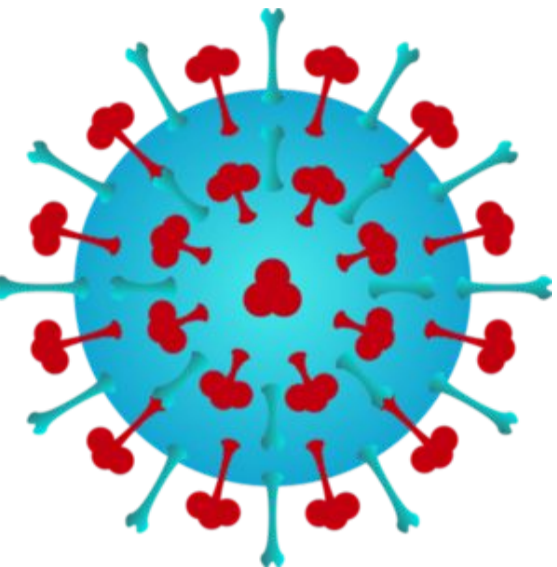
Caracterização Genética do Vírus Influenza

Autora: Rafaela Gomes

Orientadora: Gabriela Cybis

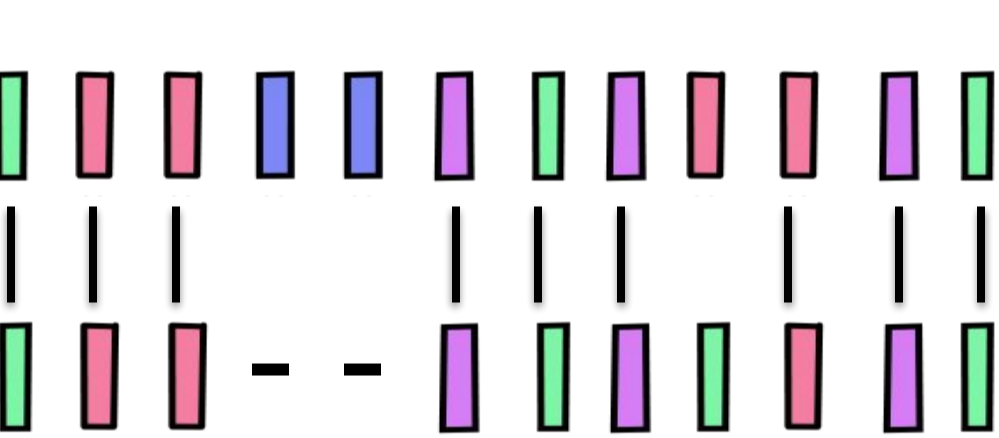
Motivação

Por estar em constante evolução, o vírus Influenza gera, todos os anos, grandes problemas de saúde pública. Ao longo do tempo, seu material genético sofre mutações, resultando em novos vírus que infectam pessoas que ainda não têm imunidade para combatê-lo em sua versão modificada. Por isso, é de grande importância monitorar as alterações genéticas do vírus para conhecer sua dinâmica e direcionar, mais precisamente, as medidas preventivas que devem ser tomadas para que a doença seja evitada.



Objetivo e Estrutura dos dados

O objetivo deste estudo é investigar e descrever, através de gráficos, aspectos moleculares da evolução dos vírus Influenza A, os subtipos H1N1 e H3N2 e Influenza B, as linhagens Victoria e Yamagata de forma global e também separado para cada um dos 6 continentes. A principal fonte de informação para as análises será o material genético dos vírus. Neste trabalho, será analisado o cromossomo 4 de cada sequência que estiver completamente sequenciada.



Metodologia

As informações para o banco de dados foram retiradas do repositório de dados genéticos - NCBI. A segunda etapa fez uso da ferramenta on-line MAFFT (Yamada et al. 2016) e consistiu em alinhar as sequências de DNA do banco para possibilitar comparações de bases equivalentes, pois as análises estão sendo feitas a partir das diferenças entre os vírus.

Análises

Com o banco pronto, calculamos as medidas de diversidade (Nei e Li, 1979) baseada no número de diferenças dos nucleotídeos. A partir desses resultados, estamos construindo ferramentas de visualização. A Tabela 1 informa o número de sequências disponíveis em cada continente para cada tipo de vírus. A Figura 1 mostra as medidas globais de diversidade por ano.

Nº de Sequências	H1N1	H3N2	Yamagata	Victoria	Total
África	149	102	56	28	335
América do Norte	9166	13526	5412	3995	32099
América do Sul	615	564	18	30	1227
Ásia	4885	2796	885	477	9043
Europa	2558	801	21	1	3381
Oceania	422	1376	960	561	3319
Total	17795	19165	7352	5092	49404

Tabela 1: Número de sequências completas de cada tipo de vírus disponíveis em cada continente

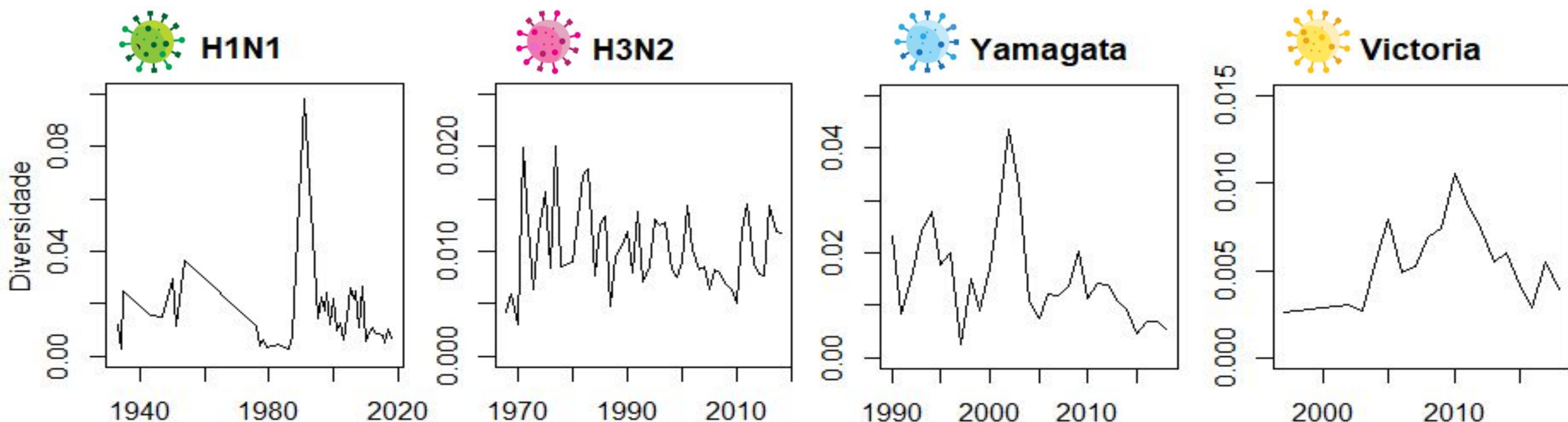


Figura 1: Evolução temporal da diversidade de nucleotídeos para os quatro subtipos da gripe

Referências

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database/nph-select.cgi#mainform>
 Nei, M., & Li, W. H. (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(10), 5269-5273
 Yamada, Kazunori D., Kentaro Tomii, and Kazutaka Katoh. "Application of the MAFFT sequence alignment program to large data—reexamination of the usefulness of chained guide trees." *Bioinformatics* 32.21 (2016): 3246-3251.