



Evento	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2020
Local	Virtual
Título	ANÁLISES DE DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM ÁRVORES FILOGENÉTICAS DE VÍRUS COMO POTENCIAIS GUIAS PARA GESTÃO EPIDEMIOLÓGICA DE INFLUENZA
Autor	LUÍSA GIANUCA
Orientador	GABRIELA BETTELLA CYBIS

ANÁLISES DE DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM ÁRVORES FILOGENÉTICAS DE VÍRUS COMO POTENCIAIS GUIAS PARA GESTÃO EPIDEMIOLÓGICA DE INFLUENZA

Autora: Luísa Gianuca

Orientadora: Gabriela Bettela Cybis

A gripe afeta milhares de pessoas anualmente devido à alta taxa de mutação em seu material genético. Como forma de direcionar as medidas preventivas que devem ser tomadas para que a doença seja evitada, é de grande importância monitorar essas alterações genéticas. Esse monitoramento pode ser dado pelas medidas de diversidade fornecidas por árvores filogenéticas. Com o objetivo de estimar árvores e caracterizar diversidade genética com base nessas árvores, nos deparamos com uma dificuldade computacional, pois estamos tratando de árvores grandes, com em torno de 18 mil sequências. E como forma de otimizar esse problema, utilizamos o software FastTree.

Existem vários métodos de estimação de filogenias. Apesar de exigir um tempo computacional maior que os outros métodos, a máxima verossimilhança é o que apresenta maior consistência na recuperação da filogenia original. Para encontrar a máxima verossimilhança, precisamos procurar, no espaço das topologias de árvores, aquela que possui um conjunto de comprimentos de ramificações que oferece a maior probabilidade.

Em etapas anteriores do projeto, construímos um banco de dados contendo as sequências dos Influenza mais frequentes em humanos. A partir deste banco, utilizamos o programa R para remover as sequências repetidas e gerar arquivos do tipo Fasta passíveis de serem rodados no software FastTree. Posteriormente, utilizamos o pacote APE para colocar a raiz dessas árvores em sua sequência mais antiga. Buscamos, finalmente, algumas funções para determinar a diversidade genética. Utilizamos a função LTT, que desenha os gráficos de linhagem através do tempo previstos sob um modelo de extinção de especiação. Plotamos gráficos desta função LTT combinados com a árvore correspondente e observamos que, onde há maiores ramificações das árvores, também existe uma maior variação da função. Além disso, notamos que a diversidade de linhagens tende a aumentar com o tempo, mas essa afirmação necessita de uma investigação mais aprofundada.