

CB. Análise exploratória *in silico* para potenciais alvos de um diagnóstico para arbovírus

Adenilson Domingues de Oliveira¹, Adriano Mondini¹

Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Campus Araraquara, UNESP¹

Introdução: Os arbovírus, configuram-se como um grupo de agentes potencialmente patogênicos transmitidos por artrópodes e distribuídos em diversas famílias virais. Geralmente, causam importantes problemas de saúde pública nos locais onde circulam. Estes são em sua maioria vírus com genoma de RNA de grande plasticidade genética e com alta frequência de mutações, permitindo, portanto, adaptações a hospedeiros vertebrados e invertebrados. Além disso, são vírus que circulam entre animais silvestres, com ciclos enzoóticos para poucas espécies de vertebrados e invertebrados. O homem ou animais domésticos geralmente são hospedeiros acidentais. **Objetivos:** Desenvolver, *in silico*, um RT-PCR multiplex quantitativo para detecção simultânea dos quatro sorotipos do dengue (DENV 1-4), Saint Louis (SLEV); vírus do Nilo Ocidental (WNV), vírus da febre amarela (YFV), vírus do Zika (ZIKV), vírus do chikungunya (CHIKV) e vírus do Mayaro (MAYV). **Materiais e Métodos:** Para execução do estudo foram utilizadas ferramentas de bioinformática. As sequências gênicas utilizadas estão disponíveis na base de dados NCBI (National Center for Biotechnology Information) com tamanhos entre 0 e 10000 pares de base. As sequências FASTA resgatadas foram salvas em um software de edição simples (Bloco de Notas do Windows 11), assim como no Google Docs e Google Planilhas. Para o alinhamento, foi utilizado a ferramenta Clustal Omega e o software MEGA11 (version 11.0), onde se criou um documento novo de alinhamento de DNA, e que foi adicionado aos bancos de sequências resultantes do passo anterior. O algoritmo utilizado foi o Clustal W do próprio software MEGA11, que realiza alinhamento do tipo Múltiplo global. Por meio do alinhamento foi possível analisar as regiões do genoma quanto a sua conservação ou variabilidade. **Resultados e Discussão:** Ao todo foram resgatadas 100 sequências de CHIKV, 80 sequências de DENV-1, 100 sequências de DENV-2, 100 sequências de DENV-3, 68 sequências de DENV-4, 38 sequências de MAYV, 10 sequências de SLEV, 100 sequências de WNV, 100 sequências de YFV e 97 sequências de ZIKV. A partir disso, foram identificadas 64 regiões conservadas para CHIKV, 140 para DENV-1, 158 para DENV-2, 149 para DENV-3, 31 para DENV-4, 8 para MAYV, 64 para SLEV, 163 para WNV, 119 para YFV e 115 regiões para ZIKV. A análise das sequências virais e posterior alinhamento, permitiu confirmar a presença das regiões conservadas, conforme a literatura. Os resultados apresentados corroboram com os estudos de *Bronzoni et al* (2005) destacando que a técnica de RT-PCR Multiplex pode ser aplicada como uma ferramenta de diagnóstico rápido em amostras clínicas em que há suspeita de infecção por arbovírus e o diagnóstico diferencial é necessário. Além disso, a técnica é capaz de identificar o patógeno mesmo em baixa viremia, o que é importante para o diagnóstico precoce da doença, o que a torna uma ferramenta diagnóstica de alta confiabilidade, assim como é analisado nos estudos de revisão de Licínio COL, Ayres FM (2021). **Conclusão:** As ferramentas de bioinformática são importantes aliadas na geração de resultados satisfatórios no que diz respeito a análise de sequências de arbovírus.

Palavras-chave: Arbovírus, bioinformática, regiões conservadas

Apoio financeiro: CNPq, COPE, Unesp Presente