

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC




múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Identificação de Flavivírus por metagenômica em culicídeos circulantes no Município de Novo Hamburgo, RS
Autor	VICTÓRIA BRANDALISE
Orientador	LARISSA SCHEMES HEINZELMANN

Identificação de Flavivírus por metagenômica em culicídeos circulantes no Município de Novo Hamburgo, RS.

Victória Brandalise¹, Larissa Heinzelmann¹, Fernando Rosado Spilki¹, Caroline Rigotto¹, Juliane Fleck¹,

¹Meriane Demoliner, ¹Viviane Girardi, ¹Fernanda Gil de Souza, Jéferson Rodrigues Batista², Eduardo Cassi Ramos².

¹Laboratório de Microbiologia Molecular, Universidade Feevale

²Projeto de Combate e Prevenção a Dengue

O número de surtos de *Aedes aegypti* aumentou consideravelmente no Brasil. Em Novo Hamburgo, RS, este problema foi confirmado através dos programas de controle e vigilância do vetor como LIRAA (Levantamento de Índice rápido de *Aedes Aegypti*). Entre 2014 e 2016, o número crescente de focos relatados representou um aumento de mais de 200%. Até 02 de junho de 2017 foram identificados 2427 focos de mosquitos no município. Destes, 270 focos de *Aedes aegypti* foram identificados nos LIRAA realizados em janeiro e março de 2017 e de acordo com a Classificação de índices de infestação Predial (IIP), Novo Hamburgo foi categorizado como um perigo iminente para a saúde pública. Segundo dados do CEVS/RS, até a Semana Epidemiológica 52 (25/12 a 31/12/2016) foram confirmados 2.437 casos de Dengue, sendo 2.159 casos autóctones, 183 importados e 95 esperando Local de Provável Infecção (LPI). Em Novo Hamburgo foram 09 casos confirmados (todos autóctones). Os casos confirmados de Zika Vírus foram 85 (44 autóctones). Dos 4 casos confirmados em gestantes, uma gestação não foi à termo e 3 recém nascidos não apresentaram problemas neurológicos até o presente momento. Em Novo Hamburgo, 19 casos de Zika vírus foram confirmados (17 autóctones). Considerando este cenário preocupante, o presente trabalho teve como objetivo identificar através de métodos moleculares a circulação de flavivírus em culicídeos no município de Novo Hamburgo. De abril a novembro de 2016 foram testados métodos de coleta passiva (Adultrap®, Victrap) com períodos de armadilhamento que variaram entre três dias e uma semana de exposição, em pontos identificados como altamente infestados no município. Entre abril e dezembro de 2016, foram coletados 14 mosquitos *Culex quinquefasciatus*, 7 *Aedes albopictus* e 13 *Aedes aegypti*, sendo os meses de novembro e dezembro os mais representativos para o gênero *Aedes*. Amostras de *C. quinquefasciatus* foram submetidas a sequenciamento de alto desempenho (MIseq Illumina). Foram geradas 10.400 leituras, resultando em 1.833 *contigs* maiores do que 75 pb (MIRA). O rastreamento genômico foi realizado em um banco de dados gerais (BLAST) e específicos para genomas virais (BLAST2Go). 237 sequências dos *contigs* originais de 1833 mostraram similaridade com genomas de adenovírus, especificamente os genes que codificam a hexon e a proteína de ligação ao DNA. Serão realizadas análises adicionais para confirmar esses achados.