



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2018
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Métodos estatísticos para estudos de epidemiologia genética de Influenza: Caracterização de Epidemias de Influenza
<b>Autor</b>	RAFAELA GOMES DE JESUS
<b>Orientador</b>	CLEBER BISOGNIN

## **Métodos estatísticos para estudos de epidemiologia genética de Influenza: Caracterização de Epidemias de Influenza**

**Autor:** Rafaela Gomes de Jesus

**Orientador:** Prof. Cleber Bisognin

Departamento de Estatística - Instituto de Matemática e Estatística - UFRGS

A gripe é um problema constante ano após ano, acarretando mortes e perdas econômicas. A Organização Mundial da Saúde (OMS) monitora cuidadosamente as epidemias da doença para que seja possível definir estratégias de controle, incluindo a vacinação. Entretanto, os vírus estão em evolução contínua, o que torna a definição do design da vacina um grande desafio, pois para que sejam eficazes, elas devem proteger contra os vírus que circulam após a vacinação. Conseqüentemente, é primordial compreender como se dá a evolução da diversidade genética para que a campanha de vacinação obtenha sucesso.

Para a realização do estudo, primeiro foi necessário montar um banco de dados com as informações apropriadas. Retirou-se o conjunto de dados do site Influenza Virus Resource - NCBI. Eles contêm informações sobre a chave de acesso da sequência, o comprimento, o tipo e o hospedeiro do vírus e o lugar e a data onde o material do vírus foi coletado. Para fins de comparações entre os vírus, foi necessário fazer o download das sequências de DNA de cada vírus, que podem ser obtidas no mesmo site. Depois de baixadas, as sequências ainda necessitaram passar por um tratamento para que fossem alinhadas. A ferramenta usada para essa atividade foi o Multiple alignment program for amino acid ou nucleotide sequences - MAFFT.

O objetivo do estudo é caracterizar as epidemias de gripe, e para isso é essencial descrever a diversidade genética dos vírus para realizar comparações entre eles. Para tanto, foi criada uma medida de diversidade que calcula quão diferentes os vírus são em certo ano. Também foi criada uma função que calcula a diversidade circulante dos vírus ao longo do tempo, em um esquema "sliding window" para que fosse possível fazer uma série temporal das diversidades. Essas medidas de diversidade genética foram feitas para três localidades: o Brasil, a América do Sul e a Ásia. Para o Brasil e para a América do Sul, foram utilizados dados de 2000 a 2016 e para a Ásia de 1995 a 2016. Os próximos passos do estudo convergirão para a criação de técnicas que usem as medidas criadas até o momento para testar a hipótese de que a variação da diversidade da gripe está associada à necessidade por novas vacinas.