



**REENCONTROS
NOVOS ESPAÇOS
OPORTUNIDADES**

XXXIV SIC Salão Iniciação Científica

26 - 30
SETEMBRO
CAMPUS CENTRO

Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Origem e dispersão do subgenótipo D4 do vírus da hepatite B
Autor	GABRIELA LUCHTENBERG RIOS SANTOS
Orientador	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

ORIGEM E DISPERSÃO DO SUBGENÓTIPO D4 DO VÍRUS DA HEPATITE B

Gabriela L. Rios S.; Nelson J. R. Fagundes

A Hepatite B crônica (CHB) é a principal causa de doença crônica no fígado ao redor do mundo. Estima-se que mais de 240 milhões de pessoas estejam cronicamente infectadas com o vírus da hepatite B, e mais de 600 mil pessoas morrem por ano em decorrência de complicações relacionadas à infecção. Os genótipos da hepatite B apresentam diferentes padrões de dispersão etno-geográfica, bem como distintas caracterizações clínicas, sendo o genótipo D associado às taxas de cronicidade mais altas. O subgenótipo D4 (HBV-D4) é relativamente raro e foi descrito no Haiti, Rússia e região do Báltico, Brasil, Marrocos, África subsaariana, subcontinente indiano e regiões da Oceania. No entanto, pouco se sabe atualmente sobre sua história evolutiva e dinâmica espaço-temporal. Neste estudo, usamos inferência filodinâmica Bayesiana para investigar a história evolutiva e os padrões de distribuição geográficos do HBV-D4. O relógio molecular foi calibrado usando sequências antigas, e a dinâmica espaço-temporal do vírus foi baseada em uma ampla variedade de dados de amostragem de sequências de genomas completos do HBV-D4 publicamente disponíveis no banco de dados do NCBI. Na análise preliminar, verificamos que o subgenótipo HBV-D4 formou um clado bem apoiado (probabilidade posterior de 0,96) datando de aproximadamente 1000 anos atrás (95% CI XXX - XXX) anos atrás. Em análises futuras, pretendemos reconstruir a localidade para os ancestrais das sequências de HBV-D4, bem como incluir um banco de dados de sequências parciais, de modo a incluir um conjunto mais diverso de localidades para assim reconstruir os padrões de origem e dispersão do subgenótipo HBV-D4 ao redor do mundo.