



Circuito Regional

*Ciência, Tecnologia e Inovação para
o Desenvolvimento Sustentável*

ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÔMICA DE SARS-COV-2 ISOLADOS NO BRASIL

CONCI, Karen A. G.¹; STEINMETZ, Carlos N. B.¹; BARATTO, Cesar M.².

1. Discente do curso de Biotecnologia Industrial da Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC); 1. Discente do curso de Biotecnologia Industrial da Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC); 2. Docente do Curso Biotecnologia Industrial da Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC).

Área: Ciências da Vida e Saúde

Introdução: OS Coronavírus (CoVs) contêm como material genético RNA de fita simples com sentido positivo, pertencem à família Coronaviridae que compreende quatro gêneros, Alphacoronavirus, Betacoronavirus, Gammacoronavirus e Deltacoronavirus. Infectam várias espécies de animais podendo causar infecções respiratórias hepáticas, entéricas, neurológicas, agudas e crônicas, o SARS-COV-2, agente causador do coronavírus, pertence aos Betacoronavírus e subgênero Sabecovirus. Além da recombinação, essencial na reagrupação de variantes as alterações sutis que modificam sequências de proteínas e aquisição ou perda de genes funcionais tem capacidade de alterar radicalmente os fenótipos contribuindo para a evolução viral, estando relacionadas a variáveis ambientais. Portanto, compreender os eventos de recombinação e rastrear eventos de alterações dos genes auxilia a compreender o comportamento de evolução e infecção deste vírus. **Objetivo:** Buscar as variações genéticas nas novas linhagens de vírus recorrentes no Brasil utilizando ferramentas de bioinformática. **Método:** Seleccionadas sequências genômicas do coronavírus Sars-cov-2 nos bancos de dados NCBI e GISAID de cepas isoladas e sequenciadas no Brasil em comparativo com demais localidades, conduzindo o alinhamento das sequências e construção de árvore filogenética realizando assim a análise das mesmas, buscando possíveis mutações e informações que possam auxiliar na melhor compreensão das variações genéticas que o vírus tem apresentado desde o início da pandemia, através de softwares de bioinformática. **Resultados:** O alinhamento múltiplo de sequências permitiu analisar os padrões conservados e alterações presentes nas sequências seleccionadas, o SARS-CoV-2 apresentou variação genética moderada, potencialmente relacionados a dinâmica de disseminação e adaptação contínua ao hospedeiro humano, e resultado de fontes múltiplas variáveis de introdução em diferentes regiões, acentuadas nos genes ORF1ab e S que tem influência na patogênese viral e em possíveis alvos para direcionamento de medicamentos antivirais e síntese de vacinas e ou drogas para bloquear as interações entre o vírus e as células hospedeiras. **Conclusão:** A rápida disseminação global do SARS-CoV-2 fornece e acentua condições para desenvolvimento de novas mutações,



Circuito Regional

*Ciência, Tecnologia e Inovação para
o Desenvolvimento Sustentável*

compreendendo principalmente variações genéticas nas regiões dos genes ORF1ab e S que desempenham grande papel na capacidade de infectividade do vírus e de grande importância no fator de virulência, cruciais na disseminação do vírus.

Palavras-chave: Bioinformática; Brasil; Comparação Genética; SARS-COV-2; Variabilidade Genômica.

Contato: Karen Conci, kagconci@gmail.com.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Programa de Bolsas Universitárias do Estado de Santa Catarina (UNIEDU) pela concessão de bolsa de iniciação científica.