



## XI Encontro do Instituto Adolfo Lutz



Desafios do Laboratório de Saúde Pública: conhecer, monitorar e responder

04 a 07 de novembro de 2024  
São Paulo/SP

e40669

• Biologia Médica

# Vigilância genômica do vírus da dengue no estado de Rondônia: diversidade genética e implicações para a saúde pública

Cristiane Batista Mattos<sup>1</sup> , Glaucilene da Silva Costa<sup>1</sup>, Edivá Basilio<sup>1</sup>, Aline Linhares Ferreira Mendonça de Melo<sup>1</sup>, Celina Aparecida Lugtenburg<sup>1</sup>, Cicileia Correia da Silva<sup>1</sup>, Walter André Júnior<sup>2</sup>, Alcione de Oliveira dos Santos<sup>1\*</sup> 

<sup>1</sup> Laboratório de Virologia Médica, Laboratório Central de Saúde Pública, Porto Velho, RO, Brasil.

<sup>2</sup> Laboratório de Virologia, Laboratório Central de Saúde Pública, Manaus, AM, Brasil.

\*Autor de correspondência: alcione.m@hotmail.com

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

O vírus da dengue é um dos principais causadores de arboviroses, gerando milhões de infecções anuais em regiões tropicais e subtropicais. Existem quatro sorotipos distintos do vírus da dengue (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4). A complexidade da resposta imunológica, a possibilidade de reinfeção por diferentes sorotipos e a ausência de uma vacina eficaz, torna o controle da dengue um grande desafio, especialmente na região Amazônica. A vigilância genômica é essencial para identificar variantes circulantes, compreender a dinâmica de transmissão e evolução do vírus, além de detectar novas cepas ou linhagens, fundamentais para implementar medidas de controle. Um estudo em Rondônia monitorou a diversidade genética dos vírus da dengue, levando em conta a faixa etária e o sexo dos infectados. O sequenciamento foi feito em parceria com o Laboratório Central de Saúde Pública do Amazonas, usando iniciadores específicos do Centre for Arbovirus: Discovery, Diagnosis, Genomics and Epidemiology (CADDE). Os genomas foram sequenciados na plataforma MiSeq (Illumina) e montados por referência. A classificação em relação ao sorotipo/clado foi feita com a ferramenta Genome Detective – Typing Tool e confirmada por análises filogenéticas no *software* IQ-TREE. A análise de 51 amostras positivas para dengue, provenientes de 22 municípios de Rondônia, mostrou predominância dos sorotipos DENV-1 (17 amostras) e DENV-2 (28 amostras). A média de cobertura de sequenciamento dos genomas de DENV-1 foi de 84,9%, com variações de 0,8% a 94,3%, classificadas como genótipo V. Para o DENV-2, a média de cobertura foi de 56%, com todas as amostras pertencentes ao genótipo II Cosmopolitan. Os dados revelam múltiplas variantes de dengue na região, com maior diversidade genotípica e variabilidade na cobertura de sequenciamento do DENV-1 em comparação ao DENV-2. Essas informações são cruciais para entender a epidemiologia e planejar estratégias de controle e prevenção da dengue em Rondônia.

**Palavras-chave.** Infecções por Arbovírus, Dengue, Serviços de Vigilância Epidemiológica.

**Comitê de Ética:** Não declarado pelos autores.