



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

e40618

• Genômica

Cocirculação dos genótipos asiático/americano e cosmopolita do vírus da dengue sorotipo 2 no Vale do Jequitinhonha, Minas Gerais, em 2024

Maysa Farias de Almeida Araújo^{1*} , Marco Antônio Alves Schetino¹ , Danilo Bretas de Oliveira¹ , Natália Rocha Guimarães^{2,3} , Luiz Marcelo Ribeiro Tomé^{2,3} , Talita Emile Ribeiro Adelino² , Felipe Campos de Melo Iani² , Luiz Carlos Junior Alcantara^{3,4} 

¹ Núcleo de Ações e Pesquisa em Apoio Diagnóstico, Faculdade de Medicina de Diamantina, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG, Brasil.

² Serviço de Virologia e Riquetsioses, Fundação Ezequiel Dias, Belo Horizonte, MG, Brasil.

³ Instituto René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz Minas, Belo Horizonte, MG, Brasil.

⁴ Centro de Tecnologia de Vacinas da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil.

*Autor de correspondência: maysa.farias@ufvjm.edu.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

O vírus da dengue (DENV) possui quatro sorotipos geneticamente relacionados e antigenicamente distintos, com considerável variação genética, no qual 19 genótipos já foram descritos. Dada a elevada mobilidade humana, múltiplos sorotipos e genótipos podem circular simultaneamente em uma mesma região. Somente no primeiro semestre de 2024, já foram detectados a circulação de três sorotipos de DENV na Macrorregião de Saúde do Jequitinhonha, em Minas Gerais. Em vista disso, a vigilância genômica torna-se uma importante ferramenta na compreensão da dinâmica epidemiológica destes vírus. Assim, o objetivo deste trabalho foi descrever os genótipos do vírus da dengue sorotipo 2 (DENV-2) circulantes no Vale do Jequitinhonha, no primeiro semestre de 2024. Por meio de sequenciamento de nova geração (NGS), foram obtidas quatro novas sequências do genoma de DENV-2, de diferentes municípios do Vale do Jequitinhonha: Serro, Araçuaí, Felício dos Santos e Capelinha. Os genótipos foram identificados utilizando a ferramenta *online* Genome Detective, e uma análise filogenética foi realizada para compreender melhor a história evolutiva dos genomas sequenciados. Durante o surto de dengue no primeiro semestre de 2024, no Vale do Jequitinhonha, Minas Gerais, foi identificada a cocirculação de pelo menos dois genótipos de DENV-2, o asiático/americano (genótipo III), que há anos circula no Brasil; e o cosmopolita (genótipo II), que apesar de ser amplamente difundido foi detectado pela primeira vez na América do Sul em 2019 e no Brasil em 2021. Este relato reforça a importância do monitoramento genômico em tempo real para acompanhar a dispersão e evolução de DENV, principalmente num cenário de reemergência de novos sorotipos e genótipos, provavelmente mediados pela grande mobilidade humana. Além disso, a vigilância genômica aliada a dados epidemiológicos exercem um papel crucial para respostas mais rápidas e eficazes no combate a novos surtos ou epidemias.

Palavras-chave. Dengue, Vigilância em Saúde Pública, Sequenciamento por Nanoporos.

Comitê de Ética: Comitê de Revisão de Ética da Organização Pan-Americana da Saúde (referência nº PAHO-2016-08-0029) e Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil (CEP nº 32912820.6.1001.5149).

Órgão Financiador: Projeto financiado pela FAPEMIG, aprovado no Edital nº 012/2023, Processo: RED-00234-23.