

PHYLODYNAMICS DO VÍRUS DA FEBRE AMARELA NO SURTO DE 2017 NO ESPÍRITO SANTO, BRASIL: UMA ATUALIZAÇÃO

MOREIRA G.¹; OLIVEIRA G. F. G.¹; PENGU L. S.²; SILVA N. I. O.³; MENDES S. L.⁴;
NOGUEIRA M. L.⁵; DRUMOND B. P.¹

¹Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG);

²Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP);

³University of Texas Medical Branch at Galveston, Dept. of Pathology;

⁴Instituto Nacional da Mata Atlântica (INMA);

⁵Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP)

E-mail: gabriel.dias05082000@gmail.com

Entre 2016 e 2018, o Brasil enfrentou um dos maiores surtos silvestres de febre amarela das últimas décadas, e o Espírito Santo (ES) destacou-se como um dos estados mais afetados, registrando a maior incidência em 2017. Apesar da relevância epidemiológica desse evento, os padrões de introdução e dispersão do vírus da febre amarela (YFV) em ES ainda são pouco compreendidos. Neste estudo, sequenciamos 22 genomas completos de YFV obtidos de primatas não humanos provenientes de diferentes regiões do estado e os combinamos com aproximadamente 230 genomas brasileiros públicos amostrados entre 2015 e 2018. As sequências foram alinhadas em nível de códon, curadas para remoção de regiões ambíguas e analisadas por abordagens filogeográficas bayesianas. Árvores temporalmente calibradas foram inferidas no BEAST2 utilizando o modelo coalescente Bayesian SkyGrid, com seleção de modelo realizada por stepping-stone sampling. As rotas de dispersão foram reconstruídas por meio de um modelo de estados discretos e visualizadas no SPREAD. Enquanto estudos anteriores sugeriam duas introduções independentes de YFV oriundas de Minas Gerais (MG) para ES, afetando principalmente a região central, nossos resultados parciais indicam pelo menos três introduções distintas e sequenciais: para as regiões central, sul e nordeste do estado. Esses achados sugerem que a dinâmica de disseminação do YFV em ES foi mais complexa do que o previamente descrito, envolvendo múltiplas rotas de invasão possivelmente moduladas pela conectividade florestal e fatores antrópicos. Este estudo amplia o conjunto de genomas disponíveis para o estado e contribui para uma compreensão mais refinada da propagação viral durante o surto de 2017.

Apoio financeiro: FAPEMIG; CAPES (001 e 88882.348380/2010-1); CNPq.

Palavras-chave: vírus da febre amarela; filodinâmica; epidemiologia; YFV; BEAST; dispersão viral.