

Introdução/objetivo: Arboviroses são uma classe de doenças transmitidas por vetores hematófagos infectados por vírus. O Brasil, por ser um país tropical, possui características que permitem o desenvolvimento tanto de vetores quanto de vírus patogênicos. Para o sucesso dessas infecções, é necessária a capacidade desses vírus de sobreviver no vetor e, conseqüentemente, infectar um hospedeiro humano. Nesse processo, vários mecanismos de interação patógeno e hospedeiro estão envolvidos. Entretanto, alguns dados da literatura têm demonstrado que a expressão de pequenos RNAs regulatórios denominados microRNAs pode regular genes do hospedeiro para inibir a replicação viral ou ainda ter como alvos regiões do genoma desses vírus. Portanto, o presente trabalho visa descrever o perfil de expressão de miRNAs em células Vero após a infecção com o vírus Mayaro (MAYV).

Métodos: As células VERO (ATCC n° CCL-81) foram infectadas com a cepa de MAYV (GenBank KT818520.1) em um MOI de 5:1 em diferentes tempos (0, 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 24 horas) e os ensaios de MTT, azul de tripan e imagens de campo claro com microscópio foram realizados. Análises *in silico* com miRNAs de células do hospedeiro, caracterizados como responsivos à infecção pelos arbovírus Dengue, Zika e Chikungunya, foram analisadas quanto à complementariedade a regiões UTR do genoma de diferentes isolados de MAYV, por meio de ferramentas de bioinformática como RNAhybrid, miRBase e BLAST.

Resultados: No ensaio de MTT, a viabilidade média das amostras nos tempos de infecção de 3, 4, 6 e 24 horas foi de 95%, 87%, 81% e 80%, respectivamente. Na contagem por azul de tripan, a porcentagem de células viáveis entre os tempos permaneceu em torno de 90% até as 3 horas iniciais pós-infecção, e posteriormente, nos tempos de 4, 5, 6 e 24 horas, a viabilidade permaneceu em torno de 85%, sendo que em 24 horas tivemos a menor taxa, com 82%. O efeito citopático começou a ser detectado após 6 horas de infecção. Com relação às análises *in silico*, vários miRNAs, como mir-744-5p, mmu-mir-27b-5p, mmu-mir-423-5p e mmu-mir-193b-3p, apresentaram homologia com regiões do genoma do MAYV que codificam proteínas, como NSP1, 2, 3 e 4, e glicoproteínas.

Conclusão: Nesse sentido, os dados demonstram a capacidade de infecção do vírus em células Vero. Além disso, as análises *in silico* indicam que miRNAs produzidos por células de mamíferos também podem ser complementar a regiões UTR de proteínas do MAYV.

Palavras-chave: miRNAs MAYV infecção Vero patógenos

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103449>

DIAGNÓSTICO DE ZIKA VÍRUS NO NORDESTE DO BRASIL DE 2016 A 2021: UM ESTUDO ECOLÓGICO

Jully Cristina Vilar Barboza^{a,*}, Luana Dias Xavier^b, Mariana Sprakel dos Santos^a, Yvynna Santos Lima^a, Renata Feitosa Galindo^a, Meyling Eng de Almeida Duarte^a, Ana Carolina Matiotti Mendonça^a, Fernanda Menezes Schneider^a, Aynoa Cristianne Lima Macedo^b,

Lucas Vinícius Andrade dos Santos^b, Íris Caroline Almeida Santos^c

^a Universidade Tiradentes (UNIT), Aracaju, SE, Brasil;

^b Universidade Federal de Sergipe (UFS), São Cristóvão, SE, Brasil;

^c Faculdade Tiradentes de Jaboatão dos Guararapes (FITS), Jaboatão dos Guararapes, PE, Brasil

Introdução: O vírus Zika (ZIKV) é um arbovírus, do gênero Flavivírus, transmitido pela picada da fêmea do mosquito *Aedes Aegypti*, sendo o mesmo vetor responsável pela transmissão da Dengue e Chikungunya. Além disso, também é possível a transmissão vertical e sexual. No ano de 2015, na Bahia, foram descobertos os primeiros casos da doença no Brasil, ativando um estado de alarme, devido à sua alta virulência, que possibilitou uma maior disseminação da doença. De modo geral, a doença é autolimitada, entretanto, quando contraída na gestação, pode acarretar prejuízos ao feto, como anomalias congênitas, a exemplo da microcefalia. Dessa forma, esse estudo tem o propósito de determinar e comparar as taxas de notificação do Zika Vírus, no período de 2016 a 2021, no Nordeste do Brasil.

Métodos: Estudo ecológico quantitativo de série temporal, com dados referentes ao Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde, especificamente do Sistema de Informações de Agravos de Notificação (SINAN) - Zika Vírus. Foram determinadas as opções de busca: ano de diagnóstico, região Nordeste e Unidade de Federação (UF) da Notificação. As taxas foram calculadas com base no Estudo de Estimativas Populacionais.

Resultados: No decorrer do período analisado (2016-2021), foram notificados 144.394 casos de Zika Vírus na Região Nordeste, correspondendo a 35% dos casos totais do Brasil. Foi observado uma variação das taxas anuais, obtendo valor máximo de 162,34/100.000 habitantes em 2016, e valor mínimo de 9,9/100.000 habitantes, em 2018. Dos estados da região Nordeste, a Bahia revelou maior taxa de prevalência, representando mais da metade dos casos totais (51%). O Ceará ocupou o segundo lugar, correspondendo a 11% do total. Já o Piauí, teve a menor taxa de todas as UF, contabilizando 1% das notificações totais.

Conclusão: Nos anos averiguados, observou-se um pico no ano de 2016, acompanhado de uma queda dos números até 2018. Em seguida, foi constatado um aumento das taxas de notificação. Revisões de literatura evidenciaram que o pico epidêmico ocorreu entre 2015 a 2016, sendo compatível com o presente estudo. A visualização desses números, permite o planejamento de controle da doença e redução da morbimortalidade. Dentre as medidas adotadas, destaca-se ações voltadas ao controle do mosquito, eliminando os criadouros do vetor e definir áreas de vulnerabilidade de transmissão, priorizando locais onde há concentração de pessoas.

Palavras-chave: Zika vírus Epidemiologia Notificação de Doenças

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103450>