

Autora: Miquiele Maria Francisco¹, Lorena Karla da Silva².

**Apoio:**[**www.editorapasteur.com.br**](http://www.editorapasteur.com.br) **- @editorapasteur**

**INTRODUÇÃO**:

Atualmente, a metagenômica vem sendo uma aplicação promissora que está relacionada com a finalidade de diagnóstico, no que corresponde à identificação e caracterização de vários patógenos numa única amostra, bem como a detecção de novos agentes patogênicos para a ciência.

**OBJETIVO**:

Analisar a aplicabilidade e abordagem da metagenômica e análises computacionais para a pesquisa de agentes virais causadores de arboviroses.

**MÉTODO**:

Foi realizada uma revisão bibliográfica do tipo integrativa, utilizando as bases de dados: BVS, Scielo e PubMed. Para o processo de seleção e extração dos artigos, estes foram selecionados preferencialmente na língua portuguesa e inglesa, onde foi obtido um total de 50 artigos, que após a leitura dos pré-selecionados, foram obtidos 15 para estudo. O trabalho apresenta como critério de inclusão artigos que foram publicados nos últimos 10 anos, que descrevessem o processo de seqüenciamento e aplicabilidade da metagenômica nas amostras com material genético de arbovírus. Foram excluídos os artigos que não apresentavam a idéia central do estudo, nem como natureza ensaios clínicos originais.

**RESULTADOS**:

Foram encontrados cerca de 50 artigos utilizando os descritores: expressão, Arbovírus, genômica e metagenômica viral. Durante a triagem de títulos e resumos que não atenderam seleção, foram eliminados 35 registros e após a leitura, foram utilizados apenas 8 artigos que tendiam as critérios de elegibilidade. Tradicionalmente, a identificação de novos vírus é dependente da capacidade de cultivá-los em sistema de cultura porém muitos não são cultiváveis. Dessa forma estudo de Ullmann (2014) detectou sequências de vírus a partir de plasma de primatas e foi dada ênfase ao torque teno vírus, ao vírus da hepatite G, parvovírus e papilomavírus. Além disso uma nova sequência de genoma completo do gênero Hepacivirus, da família Flaviviridae, foi identificado em primatas do sul do Brasil.

**CONCLUSÃO**:

O estudo da genômica se faz necessário afim de visar uma melhor compreensão da codificação, história evolutiva e impacto do vírus no mundo. Portanto, apesar de recentes, os novos métodos de seqüenciamento tem provado notória importância em gerar informações que enriquecem e colaboram a compreender o papel dos vírus.

Palavras-chave: *Arbovírus. Genômica. Metagenômica Viral.*

Filiações:

1Discente de Fármacia, Centro Universitário Vale do Ipojuca- UNIFAVIP/WYDEN- Caruaru, PE

2Biomédica, Centro Universitário Vale do Ipojuca- UNIFAVIP/WYDEN- Caruaru, PE.

Aplicação da análise metagenômica por sequenciamento para detecção, caracterização e análise evolutiva dos arbovírus