



UNIVERSIDADE REGIONAL DO CARIRI – URCA
SEMANA DO MEIO AMBIENTE 2022 – 1ª SEMANA
DA BIOGEOGRAFIA

ISSN: 2338 -2747

ANÁLISE DA ECOLOGIA DO INFLUENZAVÍRUS A, B & C E OS PROCESSOS EVOLUTIVOS FAVORÁVEIS AO SEU SPILLOVER

MICROBIOLOGIA

João Eudes Lemos de Barros^{1,*}; Natália Correia Aguiar²; Cicera Alane Coelho Gonçalves²; Ângella Eduarda Silva Sousa²; Saulo Relison Tintino³

Resumo

A influenza é um patógeno respiratório que acomete vários tetrápodes causando infecções sazonais, endêmicas, além de pandemias frequentes. Esse vírus apresenta um material genético simples de RNA, devido a isso, configura-se sua fácil replicação, mutação e transmissão gerando uma série de subtipos. Objetiva-se em entender as possíveis variações *Myxovirus influenzae* e como se deu seu processo de spillover. Fazendo-se uso das Palavras-chaves na língua inglesa (EN) “Spillover”, “Influenza”, “Variantes” e “Filogenia” foram analisadas as bases de dados EMBASE, PubMed e Web of Science, obtendo 02, 03, 06 artigos, respectivamente, entre os anos de 2018 e 2022. Somente os artigos originais foram utilizados. A diversidade da influenza se dá pela natureza de seu genoma de RNA; Mutações, Estrutura Segmentada, Processos de Rearranjo Gênico e Amplo Espectro de Hospedeiros, são os principais processos genéticos. É observado que a patogenicidade versa devido o subtipo viral, variando entre leves, moderas e letais. Os dados filogenéticos indicam que os gêneros da família *Orthomyxoviridae* expressam variações quanto o seu organismo reservatório, além de indicar que os processos de especiação evolutiva ocorreram há milhares de anos, já o seu spillover é considerado como recente. Os principais gêneros A, B e C apresentam Rearranjo Gênico, Alterações Antigênicas Elevada, Frequência Reduzida de Alteração e Estabilidade Antigênica, respectivamente. Assim, aves e morcegos são os hospedeiros naturais da influenza sem apresentar características de perturbação fisiológica convivendo harmonicamente vírus-hospedeiro, esse fenômeno evolutivo demonstra elevado grau de adaptação entre ambos. Logo, os representantes da Influenza A, os mais diversos de todos, expressam 35 subtipos, sendo HA e NA as proteínas de superfície. Devido à alta morbidade, mortalidade, patogenicidade e disseminação é necessário traçar linhas retro-histórica evolutiva para entender os principais reservatórios, alinhando medidas de segurança através de estudos de filogenia, genética e ecologia viral, possibilitando compreender os possíveis eventos de endemias e pandemias.

Palavras-chave: Influenza. Spillover. Hospedeiro.

¹Graduando do curso de Ciências Biológicas da Universidade Regional do Cariri –URCA;

²Graduando do curso de Ciências Biológicas da Universidade Regional do Cariri –URCA;

³
Orientador, Docente do Departamento de Ciências Biológicas – DCBio/URCA.

*joaoeudeslemons@urca.br