

## ZIKA VÍRUS, CAPACIDADE DE INFECÇÃO E EVOLUÇÃO DA DOENÇA

Autores: <sup>1</sup>Romano, L.H.; <sup>2</sup>Ferreira, A.G.; <sup>1</sup>Inacio, R.F.

<sup>1</sup>Professor Doutor do Centro Universitário Amparense.

<sup>2</sup>Graduada em Biotecnologia pela Universidade Federal de São Carlos.

### Resumo

O Zika vírus juntou-se a dengue e a febre amarela no quadro preocupante de doenças infecciosas transmitidas por mosquitos. Essa doença viral não provoca apenas quadro clínico preocupante no organismo infectado, mas também está recentemente sendo associada a quadros de microcefalia quando infecta gestantes. Dessa maneira o estudo do vírus é de extrema importância, evidenciando o valor do uso de técnicas diagnósticas eficientes, como por exemplo o sequenciamento genético.

**Palavras-Chave:** Zika vírus, microbiologia, sequenciamento, doença infecciosa.

### ZIKA Virus, Capacity Infection and Disease Evolution.

#### Abstract

Zika virus has joined dengue and yellow fever in worrying situation of infectious diseases transmitted by mosquitoes. This viral disease do not causes only clinical condition in infected organism, but recently also is being associated with microcephaly when infected pregnant women. The study of the virus is of highlighting the importance and indicating the amount of use of efficient diagnostic techniques efficient, such as genetic sequencing.

**Keywords:** Zika virus, microbiology, sequencing, infectious disease.

### Introdução

A floresta de Zika em Uganga é muito estudada pelos pesquisadores em virtude de sua grande biodiversidade, sobretudo, de mosquitos e demais insetos. Foi nesse ambiente que foi relatada pela primeira vez um novo tipo de doença que tinha como vetor o mosquito *Aedes spp.* e que, atualmente, é um dos temas mais relevantes para a sociedade em relação a surtos e epidemias.

A doença, que passou a ser conhecida como Zika (assim como seu local de descoberta) teve como sua primeira vítima registrada em 1947, um macaco Rhesus da floresta de Zika. O agente causador da doença é um flavivírus composto de uma única fita sense positiva de RNA, o tamanho variando entre 40-60 nanômetros, com envoltura simétrica e nucleocapsídeo icosaédrico, (Zika vírus - ZIKV). Embora seu vetor, como já citado, é o mosquito *Aedes spp.*, ele também pode ser transmitido por contato sexual, transfusão sanguínea e período pré-natal dos bebês (CUNHA et al., 2016).

As manifestações clínicas e genéticas do Zika vírus são muito parecidas com outros flavivírus como a dengue e a febre amarela (semelhança mais acentuada com o sorotipo 4), podendo causar tonturas, anorexia, dores no corpo e de cabeça. No entanto, mesmo as manifestações de sintomas mais simples causadas pelo vírus, há a probabilidade de estas estarem associadas com complicações neurológicas como no Brasil em que houve a diminuição do desenvolvimento fetal ou microcefalia em bebês (CUNHA et al., 2016) (SCHULER-FACCINI et al., 2016).

Este trabalho teve como objetivo realizar um breve relato sobre a doença causada pelo Zika vírus e ressaltar preocupações e pesquisas necessárias para o combate a doença.

### **Revisão Bibliográfica**

Devido a similaridades com outras doenças tropicais transmitidas por mosquitos, a comprovação da infecção deve ser realizada por testes genéticos. As células infectadas carregam o microrganismo infectante que por sua vez fornece o material genético necessário para pesquisas relevantes para o estudo e conseqüentemente ao combate à doença.

Algumas pesquisas demonstram o sequenciamento e a composição de genes desse tipo de vírus, o genoma é enxuto (10,6 mil unidades de nucleotídeos), composto com seis genes, alguns polivalentes, que podem produzir 10 diferentes proteínas. Acredita-se que o fato do aumento da mobilidade da população e as pressões que o Zika vírus teve para adaptar-se na vinda da África para o Brasil auxiliou em sua maior reprodutibilidade no organismo humano e, o mais preocupante, é que esse vírus pode “pegar carona” no sangue do organismo e causar uma infecção assintomática, em virtude de seus genes terem aprendido a se “humanizar” e produzir proteínas compatíveis ao do hospedeiro (BOGOCH et al., 2016).

Já são mais de 440 mil a 1,3 milhões de pessoas infectadas no Brasil pelo Zika vírus, então o sequenciamento do vírus envolveu a coleta do material genético (RNA do Zika) de um desses indivíduos infectados. Foi sintetizado o cDNA pela Ion Torrent Plataforma, uso de 316 chip e o software Geneious R8 obtendo uma sequência de 10686 pb (51,2% de G/C e 83,5% qualidade Phred - Q20), com poliproteína de quadro de leitura aberta e com organização do genoma sobre a expressão de proteína por 5' C-prM-E-NS1-NS2a-NS2b-NS3-NS4a-NS4b-NS5 3' (CUNHA et al., 2016).

A dengue, a febre amarela e a chicungunha já são fatores preocupantes, porém a zika foi recentemente relacionada a casos de microcefalia em recém nascidos. Essa preocupação foi agravada devido a possibilidade de infecção pelo contato com células vaginais de fêmeas infectadas demonstrada com cobaias no trabalho de Yockey et al. (2016), uma vez que a infecção do tecido cerebral do feto ocorreu ao entrar em contato com essas células do organismo progenitor.

A pesquisa de Yockey et al. (2016), também ressalta a possibilidade da transmissão do vírus através do contato sexual, se essa transmissão for confirmada em humanos, colocaria o vírus Zika também em estatus de DST.

### **Conclusões**

Devido ao mecanismo de infecção primária ser a de transmissão por mosquitos, o combate ao vetor mais comum (insetos do gênero *Aedes*), deve ser mantido como primeira prioridade, porém outros estudos são necessários, uma vez que a doença é de difícil erradicação em meios urbanos.

Os estudos a respeito dessas características genéticas e manifestações clínicas são importantes para contribuir na identificação e caracterização molecular do vírus e, conseqüentemente, criar métodos que detectem esse flavivírus circulante e auxiliem nos alertas a vigilância epidemiológica de uma região. As pesquisas contam com o auxílio de criação de métodos que impeçam o mosquito de se infectar com o Zika a drogas que atuem diretamente no vírus ou vacinas preventivas, porém, enquanto não há medidas eficientes que eliminem o vírus, são recomendados cuidados especiais como o uso de repelentes e evitar água parada em pneus, vasos e outros exemplos (BOGOCH et al., 2016).

Desta forma, unir todas as ferramentas e informações disponíveis dos estudos sobre o Zika vírus e suas manifestações clínicas podem auxiliar na compreensão da epidemiologia molecular e filogenética e, portanto, combater as doenças causadas por esse flavivírus.

### **Referências Bibliográficas**

Bogoch, I. I. et al. Anticipating the international spread of Zika vírus from Brazil. *The Lancet*, v. 387, n 10016, p. 335 – 336, jan 2016.

Cunha, M. S. et al. First Complete Genome Sequence of Zika vírus (Flaviridae, Flavivirus) from an Autochthonous Transmission in Brazil. *Genome Announcements*, v. 4, n. 2. P. e 00032 – 16, 28 abr.2016.

Schuler – Faccini, L et al. Possible Association Between Zika Virus Infection and Microcephaly – Brazil, 2015. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, v. 65,n.3, p. 59 – 62, 29 jan 2016.

Yockey, L. J.; Varela, L.; Rakib, T.; Lindenbach, B. D.; Horvath, T. L.; Iwasaki, A. *Vaginal Exposure to Zika Virus during Pregnancy Leads to Fetal Brain Infection*. **CellPress** 166, 1247–1256. 25 Aug. 2016.