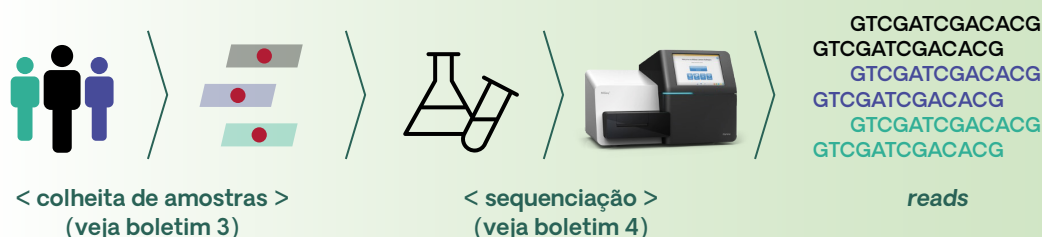


Vigilância genômica da malária em Moçambique



Análise bioinformática dos dados genômicos

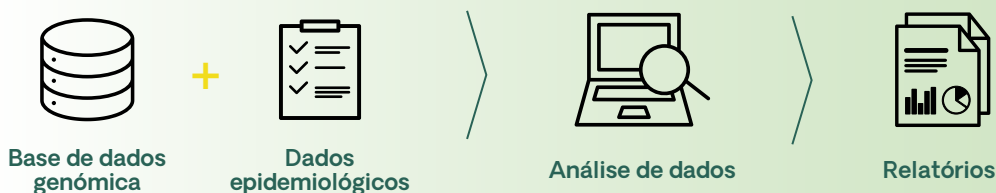
As amostras colhidas dos participantes são processadas para extrair o ADN do parasita da malária e obter suas sequências por meio de sequenciação de amplicon de nova geração no laboratório. Os dados 'brutos' que saem do sequenciador precisam ser armazenados, processados para obter informações relevantes sobre o genoma dos parasitas e integrados com informações epidemiológicas para informar as políticas de controlo ou eliminação da malária.



A sequenciação de uma amostra resulta em arquivos que contêm **reads** (leituras) para cada molécula de ADN do parasita que foi amplificada (ou copiada várias vezes) e sequenciada. Um **read** é como uma palavra longa, onde as letras são os nucleotídeos que compõem o ADN (A, T, C e G). Cada amostra de um participante gera centenas de milhares de **reads**.



Esses **reads** vêm de diferentes localizações no genoma do parasita (*locus*). Por exemplo, alguns **reads** podem vir do marcador de resistência à artemisinina *k13*, outros **reads** dos marcadores de resistência à sulfadoxina-pirimetamina *dhps* e *dhfr*. Com a bioinformática, podemos descobrir de onde veio cada um dos **reads** e **identificar as variantes** que existem nas nossas amostras. Fazemos isso **alinhando** cada **read** a uma referência (uma sequência conhecida do parasita). O alinhamento é um processo que encontra a sequência mais semelhante na referência e identifica as diferenças. Variantes em sequências alinhadas observadas em cada amostra são armazenadas em **bancos de dados**.



Depois que as informações são colhidas de vários indivíduos, as variantes no banco de dados são usadas com informações epidemiológicas para calcular indicadores de relevância em saúde pública e visualizar os dados.



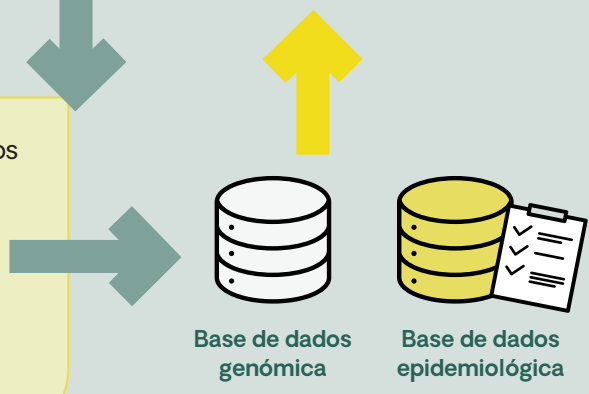
Infraestrutura computacional do GenMoz para epidemiologia genómica



Pipeline informática automatizada para extrair dados relevantes para casos de uso do projecto GenMoz

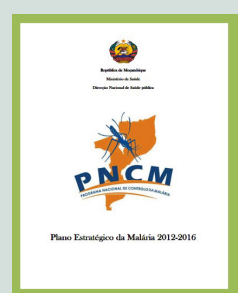
```

(base) [aarandad@dev1 ~]$ cd madhatter/
(base) [aarandad@dev1 madhatter]$ bash run.sh test_manuel
test_manuel_02082023_152106
N E X T F L O W - version 22.11.0-edge
Launching main.nf [insane_jepsen] DSL2 - revision: 7ee71308e9
executor > sge (3)
[4a/d361ee] process > CUTADAPT (1) [0%] 0 of 2
process > QUALITY_CHECK - - -
process > DADA2_ANALYSIS - - -
[b0/c9c7a8] process > CREATE_REFERENCE_SEQUENCES [0%] 0 of 1
process > MASK_SEQUENCES - - -
process > DADA2_POSTPROC - - -
process > RESISTANCE_MARKERS - - -
    
```



Avanços científicos

BMJ Open: Prospective surveillance study to detect antimalarial drug resistance, gene deletions of diagnostic relevance and genetic diversity of *Plasmodium falciparum* in Mozambique: protocol



Elaboração de políticas e recomendações

Sistema integrado de armazenamento de informações sobre malária (iMISS)



Análise e interpretação de dados

- ◆ Resistências
- ◆ Diversidade genética
- ◆ Impacto das intervenções
- ◆ Importação e cadeias de transmissão