

13°SIEPE
SALÃO INTERNACIONAL DE
ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO



**CIÊNCIA, TECNOLOGIA
E INOVAÇÃO PARA UM
PLANETA + HUMANO**

**17 a 19
nov.21**

Variante B do vírus das asas deformadas (DWV-B) de abelhas apresenta região complementar com gene do hospedeiro

Maysa Renata Lopes Peruzzo, graduanda de Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Guilherme Henrique Aparecido de Oliveira, graduando de Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, campus São Gabriel

Mateus Morel Fonseca, graduando de Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, campus São Gabriel

Milena Piaia Barboza, graduanda de Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, campus São Gabriel

Andres Delgado Cañedo, orientador, docente Universidade Federal do Pampa, campus São Gabriel

maysaperuzzo.aluno@unipampa.edu.br

As abelhas têm papel essencial na manutenção da vida no planeta e desempenham papel fundamental na produção de alimentos, sendo responsáveis por aproximadamente 70% da polinização que ocorre nos cultivos, além de possuírem importante atribuição econômica no ramo da apicultura. Desta forma, é de grande importância a conservação da saúde dessa classe de insetos, fazendo-se necessário o conhecimento e a investigação dos fatores que podem perturbar a existência das abelhas. Muitos dos agentes que causam malefícios às abelhas existem por intermédio da obra humana, como a agricultura intensiva, agrotóxicos e a poluição. Entretanto, esses não são os únicos elementos que as acometem, existem também parasitas com efeitos deletérios sobre este grupo de insetos. Tendo isso em vista, foi crucial que, ao longo dos anos, os genomas das abelhas fossem sequenciados, bem como os organismos que as prejudicam. Atualmente, há registros de cerca de 30 tipos de patógenos que podem prejudicar a longevidade de diversos tipos de colônias de abelhas, entre esses, pode ser destacado o vírus das asas deformadas (do inglês — *Deformed Wing Virus* - DWV) que está presente, em forma de duas variantes, numa grande amostra analisada de genes de abelha. A análise do sequenciamento de genes de uma significativa quantidade de exemplares da abelha melífera, a *Apis mellifera*, revelou alta frequência de infecção pelo vírus DWV tanto da variante A quanto da B. A variante B anteriormente era denominada VDV-1 por ter sido identificada no ácaro *Varroa destructor*, que parasita as abelhas e atua como vetor viral. Nos trabalhos do nosso grupo, quando quantificamos a frequência de infecção pelo vírus das asas deformadas, foi possível corroborar os dados da literatura que demonstram diferentes frequências de incidência das variantes virais, identificando maior frequência de DWV-A. Devido ao fato que a diferença entre as duas variantes é pequena no nível genômico, uma das possíveis hipóteses seria a ocorrência de complementaridade entre as bases presentes no RNA genômico do vírus com algum RNA da abelha, resultando num RNA dupla fita que

quando identificado pela proteína PKR (RNA-dependent protein kinase) causaria interferência no processo de tradução celular, inibindo assim a tradução de mRNAs virais. Para testar esta hipótese, as regiões genômicas variáveis entre as duas variantes virais foram obtidas a partir da base de dados do Centro Nacional de Informação Biotecnológica dos Estados Unidos (NCBI) e usadas para avaliar complementaridade contra o transcriptoma de *A. mellifera* através da ferramenta BLASTn. Este procedimento demonstrou a existência de uma região do gene 2-phosphoxylose phosphatase 1 (LOC409244) de *A. mellifera*, localizado entre as bases 667 e 684 da sequência com identificador XM_392767, complementar à região variável de DWV-B, mas não foi possível achar região complementares da variável DWV-A. Devido ao fato que estes vírus se replicam também no seu vetor, a varroa, o procedimento realizado com *A. mellifera* deve ser repetido contra o transcriptoma de *V. destructor*; contudo, a carência de dados genéticos deste ácaro nas bases de dados nos obriga a procurar por genes ortólogos de 2-phosphoxylose phosphatase 1 nos poucos sequenciamentos disponíveis de amostras de *V. destructor*. O trabalho de análise dessas sequências genéticas é pertinente tanto em âmbito econômico quanto ambiental, tendo em vista a saúde das abelhas, sendo estas responsáveis, em grande parte, pelo equilíbrio da biodiversidade do planeta e entre outros fatores em que são aliadas imprescindíveis.

Agradecimentos: a Universidade Federal do Pampa.

Palavras-chave: abelha melífera; *Apis mellifera*; sequenciamento; vírus; DWV; *Deformed Wing Virus*.