



## **Frequência de vírus apícolas em corridas de sequenciamento massivo da base de dados SRA**

Milena Piaia Barboza, 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;

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

Andrés Delgado Cañedo, orientador, docente Universidade Federal do Pampa.

[milenabarboza.aluno@unipampa.edu.br](mailto:milenabarboza.aluno@unipampa.edu.br)

Do filo Arthropoda, as abelhas *Apis mellifera* são de extrema importância para o meio ambiente, para a vida humana e, também, para a economia. *A. mellifera* possui um grande impacto econômico vinculado a produtos apícolas, além da importância na produção de alimentos, por realizarem a polinização, que é uma etapa crucial para as atividades agrícolas. Dados históricos têm demonstrado que o número de abelhas no mundo vem diminuindo ao longo dos anos. A mortalidade destes insetos está ligada a diversas circunstâncias ambientais, nutricionais, ou ainda patológicas. Bactérias, fungos, ácaros e vírus são os principais grupos de patógenos que aumentam as taxas de mortalidade das abelhas. As infecções virais estão entre as causas que mais repercutem em perdas de colônias. Dentre as infecções virais que afetam a saúde das abelhas se destacam os vírus que possuem genoma de RNA simples fita positiva, como o *Deformed Wing Virus* (DWV, atualmente denominado DWV-A), *Varroa Destructor Virus* (VDV-1, atualmente denominado DWV-B), *Sacbrood Virus* (SBV), entre outros. Também é possível citar o *Apis Mellifera Filamentous Virus* (amFV) que possui o genoma de DNA dupla fita. Tendo em vista os impactos econômicos associados com patógenos de abelhas é de grande importância a realização de pesquisas que visam o estudo destes agentes virais. Levando em consideração o acima descrito, o objetivo deste trabalho é gerar uma base de dados de corridas de sequenciamento massivo que apresentem vírus apícolas para: obtenção de sequências virais completas que permitam estudar a variabilidade viral; estudar o efeito dos tratamentos usados nos experimentos sobre os títulos virais; estudar a relação entre variantes virais e genética das abelhas. Para realizar este trabalho inicialmente foi feita uma busca na base de dados SRA do *Centro Nacional de Informação Biotecnológica* (NCBI) usando o termo “*Apis mellifera*”. Com os identificadores SRR de cada resultado foi criado uma planilha no *Google Drive* coletiva, atribuindo a cada SRR o identificador do estudo ao qual pertence. No total foram coletadas 3432 amostras, das quais até o presente momento foram analisadas mais de 1200. A análise foi realizada utilizando o MinHash-based k-mer tool, esta ferramenta permite realizar uma análise taxonômica das sequências originadas no sequenciamento identificando todas as espécies presentes em amostras de

ácidos nucleicos com mais de uma espécie. Cada vírus presente no sequenciamento foi anotado na planilha. A partir destes dados obtivemos a porcentagem total de amostras positivas (sequenciamentos que apresentam vírus), e calculamos a presença, em porcentagem, de cada vírus nas amostras sequenciadas. Para os vírus de RNA simples fita positiva: o DWV-A foi detectado em 47,77% das amostras, enquanto o VDV-1 (DWV-B) foi detectado em 23,15%, e o SBV em 14,15% das amostras. Para o *amFV*, que não se possui dados epidemiológicos concretos quanto à ocorrência em *A. mellifera*, foi detectado em 13,44% das amostras. Com os dados obtidos é possível perceber que na maioria dos estudos de transcriptômicas realizados com amostras de abelhas está se negligenciando a presença de vírus nas amostras. A relação DWV-A/DWV-B é de aproximadamente 2:1, dado levemente superior do relatado na literatura. A presença do vírus filamentososo é relativamente alta estando presente com frequência similar ao do vírus da cria ensacada (SBV). Embora estes dados ainda sejam parciais, os resultados obtidos abrem várias possibilidades futuras para se realizar pesquisas filogenéticas de cada patógeno, obtenção de diversas sequências virais completas para complementar as bases de dados públicas de sequências genômicas virais e avaliar mecanismos genéticos envolvidos nas infecções virais das abelhas. Assim, é possível concluir que existe uma quantidade significativa de dados virais inexplorados presentes em sequenciamentos de *A. mellifera* e que os estudos que realizaram estes sequenciamentos negligenciam a presença dos vírus existentes nas abelhas amostradas. Além disso, a análise dos dados obtidos será essencial para pesquisas futuras sobre sanidade apícola e biologia dos vírus.

**Agradecimentos:** a Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA) por fornecer os meios para a realização deste trabalho.

**Palavras-chave:** *Apis mellifera*; Sanidade apícola; Vírus; Sequenciamento massivo; Bioinformática.