

### ***Apis mellifera Filamentous Virus no RS***

Gustavo Carvalho do Nascimento, discente de Bacharelado em Biotecnologia,  
Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel  
Andres Delgado Cañedo, docente, Universidade Federal do Pampa

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

O Rio Grande do Sul foi por mais de uma década o maior produtor de mel do Brasil e com a ajuda de estudos sobre as propriedades do mel e seus benefícios à saúde tem sido cada vez mais valorizado, aumentando o ganho na exportação para outros países. Para se produzir um mel de alta qualidade é necessário que a colmeia esteja saudável e livre de infecções. O relacionamento dos microrganismos dentro da colônia de abelhas, não apenas dentro da colmeia mas também na microbiota das abelhas, precisa estar em equilíbrio, caso contrário microrganismos oportunistas podem aproveitar desse desequilíbrio para causar infecções, um desses microrganismos é o *Apis mellifera filamentous virus* (AmFV). Ele foi o primeiro vírus de abelha descoberto, identificado originalmente como uma bactéria do gênero *Rickettsia*, e depois caracterizado como um vírus de DNA envelopado. Até então o único vírus de DNA conhecido de abelha. Ele está presente em todo o mundo, se multiplicam em vários tecidos diferentes, mas principalmente o tecido adiposo e nos ovários. É responsável pela doença do hemolinfa leitoso, uma doença que é pouco visível, já que apenas se sabe da existência dela quando se abre o abdômen da abelha, diferente de outras doenças de abelhas que causam deformidades, como o *Deformed Wings Virus* (que é responsável pela deformação das asas das abelhas), Black queen cell virus (esse vírus mata as pupa da rainha e deixa ela escura), entre outras doenças conhecidas. O pico anual de incidência é na primavera, onde infecções severas estão associadas ao *Nosema apis*. Pouco se sabe sobre esse vírus, mesmo sendo o primeiro vírus descoberto de abelha, teve poucos estudos sobre, o genoma dele foi descrito bem recentemente, em 2015, e com isso veio muitas perguntas que não se foi achado a resposta ainda, e não foi possível encaixar esse vírus em algum táxon, e sendo ele o único vírus de DNA de abelha, dificulta encaixar em um táxon. Sabe-se que esse vírus está presente na Argentina, porém não existe nenhum dado da existência dele no Rio Grande do Sul e conhecer a existência desse vírus no Rio Grande do Sul é necessário para a prevenção de infecções causadas por ele nas colmeias gaúchas. Foi realizado PCR em 13 amostras de DNA de abelhas, que foram coletadas no campus da unipampa São Gabriel, com a utilização do primer que foi feito no artigo de Gauthier, et al. (2015) em que descreve o genoma inteiro do vírus, seguindo os métodos deles de amplificação do DNA do vírus. Até o momento não foi encontrado nenhuma presença de vírus nas amostras, talvez algum fator ambiental ou físico tenha interferido na contaminação do vírus entre colônias argentinas e colônias brasileiras, outra possibilidade é algumas mutações do vírus em relação ao genoma referência, que é da Suíça. O próximo passo é fazer novos primers com base no genoma do vírus presente na Argentina, assim tendo uma maior possível compatibilidade com o que está no Brasil, e após

isso fazer o sequenciamento da amostra para se conseguir o genoma do vírus no Brasil, assim podendo fazer uma comparação nas mutações ocorridas entre o Brasileiro, Argentino e o genoma referência, que é Suiço, quem sabe assim conseguir fazer uma rota da disseminação desse vírus espacialmente. Caso ocorra o fato de não ter no brasil, seria interessante entender o porque um vírus presente em todo o mundo e em quase todas as colônias no mundo não está presente no rio grande do sul, qual o fator que impossibilita ele de estar presente aqui e se é possível recriar essas condições em outros países para impossibilitar a infecção desse vírus em outras colônias.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq e UNIPAMPA.

**Palavras-chave:** Abelha ; Apicultura; Biotecnologia; Virus; PCR.