

Estudo coordenado por Docente do Programa de Pós-Graduação de Bioinformática publicado na revista *Nature Microbiology*

Em estudo coordenado pelo Professor João Trindade Marques, líder do Laboratório de RNA de Interferência do Departamento de Bioquímica e Imunologia da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), pesquisadores analisaram o viroma (vírus circulantes) de mosquitos das duas principais espécies transmissoras de arbovírus, *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*. Contando com uma rede de colaboradores internacionais, foram coletados mais de 800 mosquitos, oriundos de 4 continentes, utilizados para a geração de 91 bibliotecas de RNA-seq de pequenos RNAs. Os pesquisadores identificaram 12 vírus, dos quais dois, *Humaita-Tubiacaंगा virus* (HTV) e *Phasi Charoen-like virus* (PCLV), são altamente prevalentes em diferentes regiões geográficas. O estudo mostrou que esses dois vírus, que infectam apenas insetos, são capazes de acelerar a transmissão de dengue vírus e Zika vírus em ambiente de laboratório, o que levou a criação de modelos matemáticos que predizem grandes impactos dessa interação positiva em surtos de arbovírus.

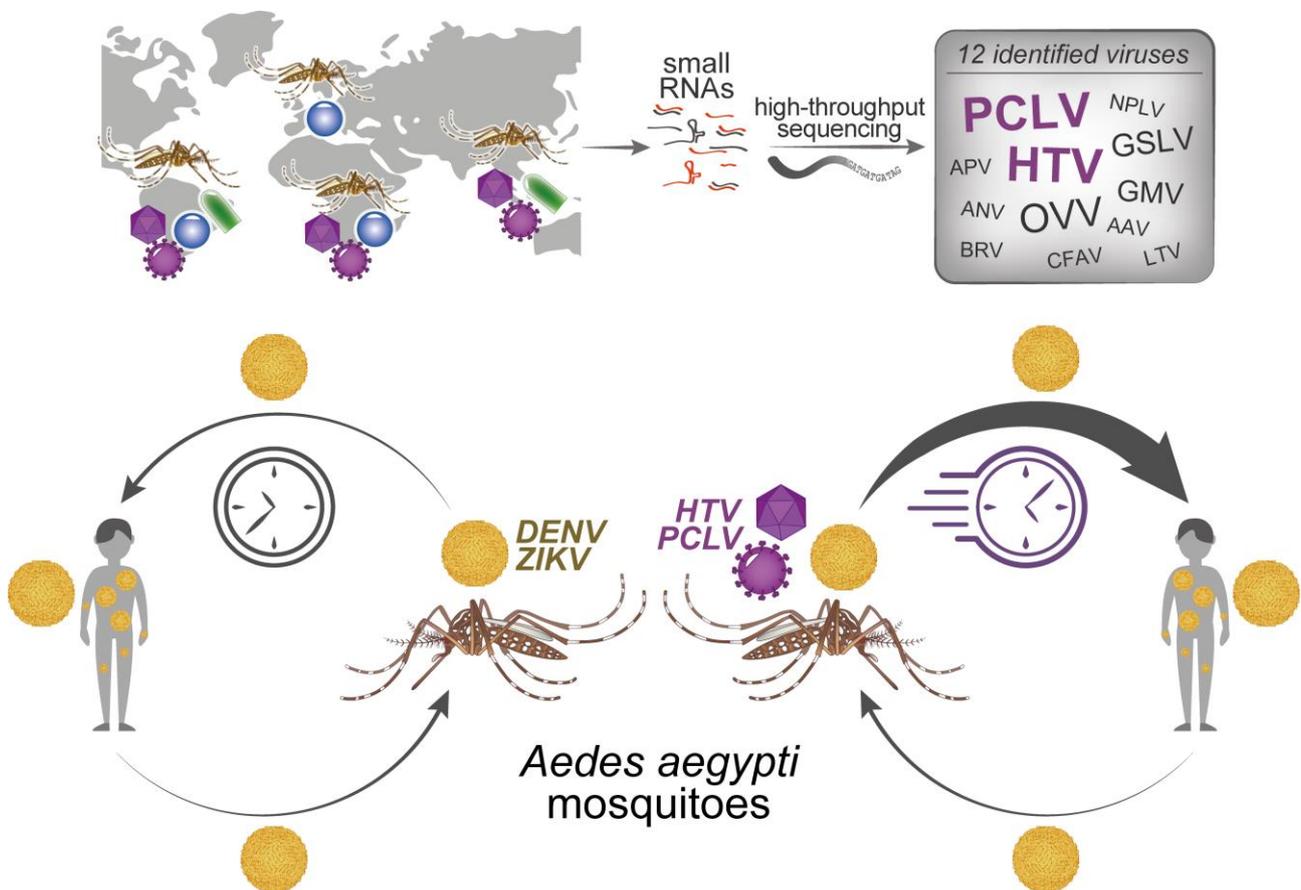


Figura - Nesse trabalho, investigamos o viroma de mosquitos *Ae. aegypti* e *Ae. albopictus* de 4 continentes e identificamos 12 vírus circulantes. Surpreendentemente, dois vírus específicos de

insetos, HTV e PCLV, são prevalentes em amostras de todo o planeta, e levantaram a questão se eles poderiam afetar a transmissão de arbovírus. Observamos que em populações naturais e artificialmente infectadas de *Ae. aegypti*, HTV e PCLV interagiram positivamente com os vírus da dengue (DENV) e vírus Zika (ZIKV). Essa interação levou a cargas virais mais altas de DENV e ZIKV, acelerando a transmissão do vírus do mosquito para um hospedeiro mamífero e potencialmente impactando a progressão de surtos de doenças transmitidas por esse mosquito.

Os pesquisadores investigaram os mecanismos envolvidos na interação entre esses vírus e mostraram que genes da histona H4 são potenciais fatores pró-virais em mosquitos.

O trabalho tem entre os primeiros autores os doutores egressos da nossa PPG em Bioinformática Roenick Proveti Olmo e Eric Aguiar, além dos coautores João Paulo P. de Almeida, aluno de doutorado do programa, Flávia Ferreira, bolsista PNPd, e a egressa do mestrado Juliana Armache.

O artigo intitulado “Mosquito vector competence for dengue is modulated by insect-specific viruses” pode ser acessado no link:

<https://www.nature.com/articles/s41564-022-01289-4>