

## Trabalho apresentado no 22º CBCENF

**Título:** IDENTIFICAÇÃO DE ARBOVÍRUS EM MOSQUITOS ATRAVÉS DA TÉCNICA DE METAGENÔMICA VIRAL

**Relatoria:** Gabriela de Souza Amanajás  
Kaila Corrêa Santos  
Anne Caroline da Silva Soledade

**Autores:** Lethicia Barreto Brandão  
Everson dos Santos David  
Tiago da Silva Costa  
Raimundo Nonato Picanço Souto

**Modalidade:** Pôster

**Área:** Tecnologias, Pesquisa, Cuidado e Cidadania

**Tipo:** Pesquisa

**Resumo:**

**Introdução:** Os vírus transmitidos por artrópodes afetam a saúde humana e são considerados uma preocupação global. Podem incluir vírus que não são tradicionalmente conhecidos como patogênicos. As análises metagenômicas de vírus transmitidos por mosquitos são úteis para entender a diversidade viral e para a vigilância de patógenos de importância médica. **Objetivo:** Realizar um levantamento bibliográfico acerca da temática, junto às principais bases de dados vinculadas à área. **Métodos:** Foi realizada busca bibliográfica de artigos científicos nas bases de dados PubMed, Periódicos CAPES e SciELO, utilizando as palavras-chave: “metagenomic” AND “mosquito” AND “virus”. Na base de dados PubMed foram encontrados 52 artigos e selecionados 5 artigos. Na base de dados SciELO não foram encontrados artigos. Na base de dados Periódicos CAPES foram encontrados 400 artigos, incluindo os 5 artigos selecionados na PubMed. Foram considerados apenas artigos científicos publicados em revistas indexadas, com classificação Qualis entre A1 a B2, publicados a partir do ano de 2014, que atendessem à temática supracitada e que fossem provenientes de estudos originais. Dentre os artigos selecionados, foram analisados seus objetivos, metodologias, resultados e conclusões. **Resultados:** Quanto aos objetivos propostos, os estudos compartilharam do objetivo comum de estudar a diversidade e abundância de arbovírus em mosquitos. Quanto às metodologias utilizadas, o estudo dos arbovírus nas amostras de mosquitos se deu através da técnica de sequenciamento genético através da metagenômica viral. Quanto aos resultados, foram caracterizados e analisados os genomas dos arbovírus circulantes em cidades do Brasil, China, República da Coreia e Tailândia. Todos os estudos demonstraram alta abundância e diversidade de vírus em mosquitos, inclusive possibilitando a identificação de novos vírus outrora não circulantes nos referidos países. Quanto às conclusões evidenciadas, verificou-se que a análise metagenômica viral é capaz de demonstrar um amplo espectro acerca da população viral de mosquitos, desempenhando importante papel na iniciativa viral, transmissão e evolução das cepas virais. **Conclusão:** A abundância de mosquitos contrasta com a pouca informação acerca da frequência, distribuição, variedade de hospedeiros e diversidade genética que pode ser albergada por tais vetores, fazendo-se emergente a necessidade de estudos acerca da temática.