



XVII SICTI

Seminário de Iniciação Científica,
Tecnológica e Inovação

XSIMIT

Simpósio de Inovação Tecnológica

**CIÊNCIA e
COOPERAÇÃO
na AMAZÔNIA**

**16 a 19 de
Setembro**

IFPA Campus Bragança

VÍRUS ENTOMOPATOGÊNICOS BACULOVIRIDAE NO TRANSCRIPTOMA DO TELENCÉFALO DE AVES MIGRATÓRIAS

SILVIO ROBERTO BATISTA AMARAL¹; ISABELA DE CAMPOS FREIRE², PATRICK DOUGLAS CORRÊA PEREIRA³, CRISTOVAM GUERREIRO DINIZ⁴, NARA GYZELY MORAIS MAGALHÃES⁵

¹ Acadêmico(a) do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, IFPA, campus Bragança.

² Acadêmica do Curso de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, IFPA, campus Bragança.

³ Pesquisador da McGillUniversity, Montréal, Canadá.

⁴ Docente do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, campus Bragança.

⁵ Docente do Curso de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, IFPA, campus Bragança. E-mail autor correspondente: naramoraismagalhaes@gmail.com

Área de conhecimento/Subárea: Área 02 - Ciências Biológicas/Microbiologia

ODS vinculado(s): ODS15 - Vida terrestre

RESUMO: Aves migratórias podem transportar passivamente vírus adquiridos ao se alimentarem de insetos infectados, incluindo entomopatogênicos da família Baculoviridae. A presença desses vírus foi investigada nos transcriptomas telencefálicos de *Actitis macularius* e *Calidris pusilla* durante a invernada na Amazônia costeira. Foram identificados 626 vírus em *A. macularius* e 370 em *C. pusilla*, entre os quais quatro baculovírus apresentaram alta abundância de transcritos. O mais prevalente foi o *Choristoneura fumiferana granulovirus*, seguido por vírus que infectam lagartas com distribuição global ou regional. Os achados sugerem aquisição alimentar em regiões reprodutivas e posterior dispersão viral ao longo das rotas migratórias. A metatranscriptômica revelou-se uma ferramenta eficaz para rastrear vírus em trânsito entre continentes.

PALAVRAS-CHAVE: aves selvagens; neurotranscriptoma; metaviroma;

INTRODUÇÃO

Aves migratórias atuam como reservatórios e vetores de patógenos, facilitando sua disseminação intercontinental (Shan *et al.*, 2022). Sua alta mobilidade permite o transporte de vírus por longas distâncias (Chamings *et al.*, 2018). Além disso, durante as migrações, patógenos podem sofrer mutações e recombinações, favorecendo o surgimento de variantes com maior potencial de disseminação (Yin *et al.*, 2017).

Além dos vírus de interesse médico e veterinário, aves migratórias também podem adquirir e transportar vírus presentes nos hospedeiros que fazem parte de sua alimentação, como insetos. Esse transporte pode ter implicações ecológicas relevantes, influenciando as populações de insetos nos locais de destino. Dentre esses vírus, destacam-se os pertencentes à família Baculoviridae, que infectam exclusivamente membros do filo Arthropoda (Jehle *et al.*, 2006; Herniou; Jehle, 2007).



XVII SICTI

Seminário de Iniciação Científica,
Tecnológica e Inovação

XSIMIT

Simpósio de Inovação Tecnológica

CIÊNCIA e
COOPERAÇÃO
na AMAZÔNIA

16 a 19 de
Setembro

IFPA Campus Bragança

A diversidade viral em aves ainda é pouco explorada, com maior foco em vírus zoonóticos, de interesse para a avicultura ou que causam alta mortalidade na vida selvagem (Sutherland; Sarker, 2023). Nesse contexto, abordagens metagenômicas, integradas ao sequenciamento de nova geração (NGS) e à bioinformática, têm se mostrado ferramentas eficazes para a detecção ampla e não direcionada de vírus (Shan *et al.*, 2022). O objetivo do presente estudo é investigar o vírus entomopatogênicos da família Baculoviridae no transcriptomas de aves migratória

METODOLOGIA

Durante a internada na praia de Otelina, foram coletados cinco espécimes de *Actitis macularius* e cinco de *Calidris pusilla*, com autorização do IBAMA (nº 44551-3) e aprovação do CEUA (nº 9969260721). As capturas ocorreram ao entardecer com redes de neblina (12 m x 2,5 m), inspecionadas a cada 10 minutos. As aves foram anestesiadas com Isoflurano e submetidas à perfusão transcardíaca com solução salina por 10 minutos, seguida de RNA later® por mais 10 minutos. Após craniotomia, os telencéfalos foram isolados e armazenados a -20 °C por 12 horas.

A extração de RNA seguiu protocolo adaptado de Simms *et al.* (1993) utilizando TRIzol™. A purificação do mRNA foi realizada com o kit Dynabeads mRNA DIRECT Micro Kit, e a conversão em cDNA ocorreu com o Ion Total RNA-Seq Kit. O preparo de template foi automatizado no sistema Ion Chef e o sequenciamento realizado com Ion 540™ Chip no Ion S5 GeneStudio System. Os arquivos gerados (formato FASTQ, single-end) foram avaliados com FastQC (v0.11.0) e filtrados com Trimmomatic (v0.36), adotando score PHRED-05, conforme Macmanes (2014) e Williams *et al.* (2016).

A detecção de vírus foi conduzida com o pipeline VIRTUS2, utilizando como referência o genoma e transcriptoma de *Calidris pugnax* (ASM143184v1) e o banco NCBI Viral Genomes RefSeq. O software VIRTUS1 identificou vírus com abundância significativa, definidos como aqueles com ≥ 50 leituras nos neurotranscriptomas de *A. macularius* e *C. pusilla*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O sequenciamento do metaviroma nos tecidos telencefálicos das aves identificou 626 vírus ($numreads \geq 50 = 32$) em *A. macularius* e 370 vírus ($numreads \geq 50 = 14$) em *C. pusilla*. Dentre os vírus com número de leituras significativo, foram identificados 4 vírus pertencentes à família Baculoviridae (Tabela 1).

Tabela 1 – Vírus entomopatogênicos da família Baculoviridae detectados no transcriptoma de aves migratórias.

Espécie de ave	Vírus	Hospedeiro	Numreads
<i>Actitis macularius</i>	<i>Choristoneura fumiferana granulovirus</i>	<i>Choristoneura fumiferana</i>	81445



XVII SICTI

Seminário de Iniciação Científica,
Tecnológica e Inovação

XSIMIT

Simpósio de Inovação Tecnológica

CIÊNCIA e
COOPERAÇÃO
na AMAZÔNIA

16 a 19 de
Setembro

IFPA Campus Bragança

<i>Calidris pusilla</i>	<i>Choristoneura fumiferana granulovirus</i>	<i>Choristoneura fumiferana</i>	68595
<i>Actitis macularius</i>	<i>Cyclophragma undans nucleopolyhedrovirus</i>	<i>Cyclophragma undans</i>	373
<i>Calidris pusilla</i>	<i>Spodoptera frugiperda Betabaculovirus</i>	<i>Spodoptera frugiperda</i>	167
<i>Actitis macularius</i>	<i>Peridroma alphabaculovirus</i>	<i>Peridroma saucia</i>	166

A presença desses vírus nos transcriptomas das aves migratórias sugere aquisição alimentar durante o período reprodutivo em regiões de ocorrência das lagartas, como a América do Norte, e subsequente transporte para outras áreas, como a Amazônia. Esse padrão foi reforçado por estudo recente na China, que detectou o *Choristoneura fumiferana granulovirus* em aves de diferentes ordens, indicando um fenômeno global de dispersão viral por rotas migratórias (Liu *et al.*, 2024).

Além da relevância ecológica, os baculovírus possuem reconhecido potencial no controle biológico de lepidópteros-praga. Sua alta especificidade e eficácia os tornam agentes importantes em programas de manejo integrado (Forté; Guertin; Cabana, 2012). A migração aviária, ao atuar como via de transporte natural desses vírus, pode ter implicações práticas para o uso e dispersão desses bioinseticidas em diferentes regiões.

CONCLUSÕES

Os resultados deste estudo indicam que aves migratórias podem atuar como vetores passivos na dispersão de baculovírus, adquiridos pela ingestão de insetos infectados em áreas reprodutivas e transportados até regiões de invernada. Embora não infectem vertebrados, esses vírus têm impacto ecológico e agrícola, influenciando populações de insetos e estratégias de controle biológico. A metatranscriptômica aviária mostrou-se uma ferramenta eficaz para estudos de vigilância viral em escala global.

Referências

BAH, A. *et al.* Identification and sequence analyses of the granulins gene of *Choristoneura fumiferana* granulovirus. *Archives of Virology*, v.142, p.1577–1584, 1997

FORTÉ, A. J.; GUERTIN, C.; CABANA, J. Pathogenicity of a granulovirus towards *Choristoneura fumiferana* (Lepidoptera: Tortricidae). *The Canadian Entomologist*, v.131, n.6, p.725-727, 1999.

JONG, J. G. *et al.* Analysis of the *Choristoneura fumiferana* nucleopolyhedrovirus genome. *Journal of General Virology*, v.86, n.4, 2005.