

GIGANTES INVISÍVEIS DE MINAS: ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DO PRIMEIRO CHLOROVÍRUS BRASILEIRO

Clécio A. C. Filho¹; Isadora L. J. Canto¹; Bruna B. F. Botelho¹; Lethícia R. Henriques^{1,2}; João V. R. P. Carvalho¹; Ellen G. Oliveira¹; Sara A. C. Souza¹; Júlia W. Souza¹; Maurício T. Lima³; Amanda Haisi⁴; João P. A. Júnior⁴; Rodrigo A. L. Rodrigues¹

1. Laboratório de Vírus, Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG; 2. Núcleo de Apoio Técnico ao Ensino, Pesquisa e Extensão, Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, Universidade Federal de São Paulo, Diadema, SP; 3. Serviço de Virologia e Riquetsioses, Fundação Ezequiel Dias, Belo Horizonte, MG; 4. Instituto de Biotecnologia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, SP.

E-mail: clecioalonso@outlook.com

O gênero *Chlorovirus* compreende vírus gigantes de DNA de fita dupla, ubíquos em ambientes de água doce, pertencentes à família *Phycodnaviridae*. Esses vírus icosaédricos possuem genomas grandes e alta especificidade a seus hospedeiros, microalgas da família *Chlorellaceae*. Como o estudo e isolamento desses vírus têm sido concentrados no Hemisfério Norte, é possível que espécies de chlorovírus ocorram em águas brasileiras, com isolados potencialmente apresentando diferenças biológicas e genômicas significativas. Este estudo teve como objetivo isolar e caracterizar chlorovírus a partir de amostras de água coletadas em diferentes regiões do Brasil. A partir de uma amostra de lago coletada em Guanhães, Minas Gerais, isolamos um vírus que infecta *Chlorella variabilis* NC64A, designado BR-MG-N01, apresentando uma partícula de 160 nm e um genoma de 318 kpb. Após purificação, o vírus foi submetido a ensaios de resistência, demonstrando viabilidade de -80 °C até 56 °C e inativação após 3 minutos de exposição à radiação UV. A anotação gênica revelou que 34% dos 384 genes de BR-MG-N01 permanecem não caracterizados. Embora possua um genoma menor e menos sequências codificantes do que PBCV-1, vírus modelo do grupo, BR-MG-N01 codifica um número maior de genes envolvidos em diversos processos metabólicos, como metabolismo de DNA e interação vírus-hospedeiro, sugerindo importantes diferenças fenotípicas entre esses vírus. Além disso, foram encontrados genes relacionados à transcrição e à resistência ao estresse oxidativo. A reconstrução filogenética baseada no gene da DNA polimerase indica que o isolado pertence ao subgênero *Alphachlorovirus*, espécie *Chlorovirus vanettense*. A análise genômica comparativa revelou forte sintenia e alta similaridade de sequência com outros membros dessa espécie. A modelagem proteica utilizando AlphaFold3 revelou seis possíveis novas endonucleases no genoma do isolado. Este é o primeiro vírus gigante de alga isolado e caracterizado no Brasil, ampliando nosso entendimento sobre os nucleocitovírus e sobre a biodiversidade brasileira em ambientes aquáticos.

Apoio financeiro: CAPES, PRPq-UFMG, FAPEMIG, CNPq

Palavras-chave: Chlorovírus; Microalgas; Prospecção; Caracterização.