

CHLOROVÍRUS BR-MG-N02: CARACTERIZAÇÃO DE UM NOVO REPRESENTANTE TROPICAL DE VÍRUS GIGANTES DE ALGAS

Autores: CANTO, I. L. J.^{1*}; FILHO, C. A. C.¹; HENRIQUES, L. R.^{1,2}; HAISI, A.³; JÚNIOR, J. P. A.³; RODRIGUES, R. A. L.¹

¹ Laboratório de Vírus, Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil.

² Núcleo de Apoio Técnico ao Ensino, Pesquisa e Extensão, Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, Universidade Federal de São Paulo, Diadema, SP, Brasil.

³ Departamento de Ciências Químicas e Biológicas, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, SP, Brasil.

* Email: isadoralcanto@gmail.com.

Chlorovírus são grandes vírus de DNA de fita dupla pertencentes à família *Phycodnaviridae*, amplamente distribuídos em ambientes aquáticos continentais e que infectam microalgas da família *Chlorellaceae*. Seus genomas variam entre 280 e 410 kbp, codificando de 300 a 416 proteínas, além de genes de tRNA. Apesar de amplamente estudados no hemisfério norte, há poucos relatos desses vírus no Brasil, onde apenas dois isolados haviam sido descritos até o momento. Considerando essa lacuna de conhecimento e a alta biodiversidade brasileira, este trabalho teve como objetivo isolar e caracterizar novos chlorovírus quanto à morfologia, biologia e genômica. Amostras de água das regiões Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste foram coletadas, filtradas e inoculadas em culturas de microalgas. Durante um ensaio de prospecção em *Chlorella variabilis*, a partir de amostra do Parque do Bariri (Pará de Minas, MG), foi observado efeito citopático, especificamente placas de lises, originando o isolado BR-MG-N02. Após purificação, o vírus apresentou título de $3,9 \times 10^9$ UFP/mL. A microscopia eletrônica revelou um capsídeo icosaédrico de aproximadamente 160 nm. Ensaios de estabilidade mostraram que o vírus se manteve viável entre -30°C e 37°C, apresentando boa termotolerância, mas baixa resistência à radiação UV-C, com queda superior a 6 logs no título após 5 minutos de exposição. O sequenciamento genômico revelou um genoma de 338.043 pb, contendo 11 genes de tRNA e 388 sequências codificantes de proteínas. Destaca-se que cerca de 5% do genoma está relacionado à metilação do DNA, indicando, possivelmente, um genoma fortemente metilado, característica rara na virosfera. Análises genômicas e filogenéticas demonstraram que o isolado pertence ao clado *Alphachlorovirus*, espécie *Chlorovirus americanus*. A análise de pangenoma sugeriu um pangenoma em expansão, reforçando a importância da prospecção de novos isolados para ampliar o conhecimento sobre a diversidade e evolução dos vírus gigantes em ecossistemas tropicais.

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

Palavras chave: Isolamento; Chlorovírus; Chlorella; Vírus gigantes