

ANÁLISES COM NOVOS ISOLADOS REVELAM A DIVERSIDADE NO GRUPO DE *Chlorovirus* MAIS HOMOGÊNEO DO GÊNERO

SOUZA J.W.¹, HENRIQUES L.R.^{1,2}, CARLSON R.⁴, BOTELHO B.B.F.¹, CARVALHO J.V.R.P.¹, SANTOS J.P.N.³, AGUIAR E.³, AGARKOVA I.⁴, VAN ETTEN J.⁴, DUNIGAN D.⁴, RODRIGUES R.A.L.¹

¹Universidade Federal de Minas Gerais - Campus Pampulha, Belo Horizonte, Minas Gerais; ²Universidade Federal de São Paulo - Campus Diadema, Diadema, São Paulo; ³Universidade Estadual de Santa Cruz - Campus Soane Nazaré de Andrade, Ilhéus, Bahia; ⁴Nebraska Center for Virology, University of Nebraska-Lincoln - Lincoln, Nebraska, EUA
jwinklersbio@gmail.com

O gênero *Chlorovirus* é o mais estudado da família *Phycodnaviridae*, possuindo três subgêneros propostos, embasados por análises genômicas, de vírus gigantes que infectam microalgas. Entre esses, os betachlorovírus são os únicos cuja plataforma de isolamento não é do gênero *Chlorella*, sendo a alga *Micractinium conductrix* seu hospedeiro. Com apenas 25 genomas disponíveis e nenhum isolamento viral ao sul global, esse subgênero é o menos estudado entre os três. Este trabalho teve como objetivo apresentar 11 novos genomas de isolados virais de *M. conductrix* e caracterizar geneticamente o grupo, agora formado por 25 isolados, visando aprofundar a compreensão das características dos betachlorovírus, além de compreender sua diversidade em relação a seus congêneres. Através de análises genômicas, foi possível comparar os genomas destes vírus e compreender como eles se relacionam evolutivamente. Os ensaios biológicos, que contaram com ensaios de placa registrados em fotografias e medição de placas de lise a intervalos regulares, permitiram vislumbrar uma grande diversidade de fenótipos. As análises de genômica comparativa revelaram três espécies embasadas em dados filogenéticos e, principalmente, na identidade média de nucleotídeos (ANI > 94%). Cada espécie possui, internamente, uma alta conservação gênica, contando com isolados que possuem ANI superior a 99%. Entretanto, esses mesmos isolados possuem fenótipos de placa diferentes, indicando que as poucas diferenças genéticas podem ter impactos na biologia dos vírus, fenômeno ainda a ser explorado. As análises deste trabalho permitiram avanços importantes na compreensão desse grupo viral, sendo o primeiro estudo exclusivo do subgênero. Nossos resultados apontam para uma nova forma de compreender os betachlorovírus, permitindo enxergá-los sob a ótica de uma diversidade sutil, porém não menos relevante, que não obedece exclusivamente a critérios genômicos.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, FAPEMIG, NSF UFMG, UNL

Palavras-chave: Microalga; Diversidade viral; Vírus gigantes; Genômica comparativa.