

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

PESQUISA DE ARBOVÍRUS EM MOSQUITOS SILVESTRES (DIPTERA: CULICIDAE) DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL.

Nícolas F. D. Müller¹, Jáder da C. Cardoso², Fabricio S. Campos¹, Aline A. S. Campos², Cláudia M. D. da Silva³, Lina M. V. Lozano¹, Alanis S. Melgarejo², Maria J. S. C. Ximenez¹, Thales de L. Bermann³, Marcelo de M. Lima², Ana C. Franco¹

E-mail: nicolas3286@gmail.com

1 – Laboratório de Virologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

2 – Divisão de Vigilância Ambiental em Saúde, Centro Estadual de Vigilância em Saúde, Secretaria Estadual de Saúde do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

3 – Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Centro Estadual de Vigilância em Saúde, Secretaria Estadual de Saúde do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

Arbovírus (vírus transmitidos por artrópodes) são vírus de RNA mantidos em ciclos complexos entre artrópodes hematófagos e vertebrados. Os mosquitos são insetos dípteros e os mais importantes vetores de arbovírus em todo o mundo. Considerando isso, o presente estudo tem como objetivo investigar a circulação de arbovírus a partir de mosquitos coletados no estado do Rio Grande do Sul. As coletas ocorreram entre fevereiro de 2021 até janeiro de 2022, nas estações de primavera e verão. Em todas as ocasiões mosquitos adultos foram capturados, com puçás entomológicos e aspiradores manuais, durante o dia (9h-16h) por diferentes períodos de tempo dependendo das condições de coleta. Em algumas localidades mosquitos adultos também foram coletados usando armadilhas BG-Pro, iscadas com uma fonte de dióxido de carbono (CO²) e uma unidade de atrativo artificial. Foram instaladas cinco destas armadilhas por área, e permaneceram em funcionamento durante 24h. Após a coleta, os insetos foram transferidos para tubos criogênicos e colocados em galões carregados com gelo seco. Foram mantidos nessas condições de congelamento durante o transporte até o laboratório, onde foram armazenados em freezer a -80°C até o momento da identificação. Os mosquitos foram identificados, sob estereomicroscópio em uma mesa fria à -20°C e agrupados em *pools* (≤10 indivíduos cada) de acordo com espécie, local de amostragem e data de coleta. Os *pools* foram homogeneizados em meio de cultura L-15 usando o homogeneizador de tecidos em tubos com esferas de vidro. Os tubos com o triturado foram centrifugados em centrífuga refrigerada, uma parte do sobrenadante foi retirada para extração do material genético, o restante foi congelado em freezer -80°C. A extração de RNA foi realizada seguindo as instruções do fabricante em extrator automático. Até o momento foram extraídos 80 pools de mosquitos, formados por 523 indivíduos com riqueza de 13 *taxa*. As espécies mais abundantes foram *Psorophora ferox* (39.4%), *Culex (Culex) spp.* (24.8%) e *Haemagogus leucocelaenus* (12.4%). Posteriormente, será feita reação da transcriptase reversa seguida de reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) com primers e sondas Pan-flavivirus para detecção de vírus, seguido de sequenciamento nucleotídico para identificação específica das amostras positivas. A reação RT-PCR foi validada com amostras controle de Febre Amarela (CT = 24), Dengue Sorotipo 2 (CT = 4) e Zika (CT = 32).

Palavras-chave: *Flavivirus*; Vigilância entomológica;