

PREDIÇÃO METABÓLICA DA COMUNIDADE BACTERIANA DE LARVAS DE *Aedes aegypti* E *Aedes albopictus* EXPOSTAS A SAIS IMIDAZÓLICOS

Harry Luiz Pilz Júnior¹, Alessandra Bittencourt de Lemos¹, Wellington Silva Junior¹, Edmilson dos Santos², Jáder da Cruz Cardoso², Gertrudes Corção; Henri Stephan Schrekker³; Onilda Santos da Silva¹ (harrypilz@gmail.com)

1 – Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, ICBS, UFRGS.

2 – Centro Estadual de Vigilância em Saúde do Rio Grande do Sul, Departamento de Vigilância Ambiental.

3 – Laboratório de Processos Tecnológicos e Catalise, Instituto de Química, UFRGS.

Aedes aegypti e *Aedes albopictus* são mosquitos de grande importância na saúde pública, uma vez que são competentes para transmitir arbovírus como dengue, Zika e Chikungunya. A microbiota bacteriana nos insetos influencia em vários aspectos metabólicos e na competência vetorial. Além disso, é relacionada à resistência frente a inseticidas. Assim, a avaliação de novas moléculas inseticidas, tais como os sais imidazólicos, é importante para entender e prever possíveis impactos, especialmente quanto a sua reposta metabólica. Dessa forma, uma dose subletal da molécula **C₁₈MImCl** foi exposta a larvas de *Ae. albopictus* e *Ae. aegypti* coletados em campo e a microbiota (controle e exposta) foi acessada pela amplificação do gene 16S rRNA e sequenciada na plataforma Illumina MiSeq v2 500 kit. Para a predição funcional da microbiota as análises foram realizadas através do pipeline QIIME 2 2019.10. As sequências fastq geradas, foram filtradas por qualidade pelo plugin q2-demux e DADA2. A tabela contendo as sequências variantes (ASVs) foram utilizadas para a inferência das vias metabólicas através do pipeline PiCRUST2 e comparadas com o banco de dados MetaCyc para estabelecer o perfil de cada rota metabólica em diferentes níveis. Para *Ae. albopictus*, não foi observado diferenças significativas entre o controle e exposto nas rotas de biossíntese ($p = 0,7274$) e degradação ($p = 0,9592$). Observa-se um aumento na abundância de rotas de biossíntese ligadas a cofatores, carreadores e vitaminas no grupo exposto. Para as rotas de degradação, nucleosídeos e nucleotídeos aumentam no grupo exposto e rotas de degradação de compostos aromáticos diminuem na presença do sal imidazólico. Para *Ae. aegypti*, não foi observado diferenças significativas entre o controle e exposto nas rotas de biossíntese ($p = 0,6413$) e degradação ($p = 0,8393$). Observando o grupo exposto, se observou um aumento das rotas de biossíntese de aminoácidos. Nas rotas de degradação destacam-se as de carboxilatos, compostos aromáticos e aminoácidos. Para ambas as espécies, duas rotas do glutamato são quase anuladas no grupo exposto (inosina 5'-fosfato e L-aspartato e L-asparagina), o glutamato é de suma importância na transmissão de impulsos nervosos em insetos e parte dele é produzido por aminoácidos essenciais que pode ter origem bacteriana. Dessa forma, conclui-se que a análise de predição metabólica pode auxiliar no entendimento do modo de ação de novas moléculas inseticidas.

Palavras-chave: Microbiota; Mosquitos; Controle químico; Inseticida; Líquidos Iônicos

Agências de fomento: FAPERGS: Decit/SCTIE/MS-CNPq-FAPERGS No 08/2020 (Programa Pesquisa para o SUS: Gestão Compartilhada em Saúde PPSUS), SEBRAE/CNPq/FUNDEP/CATALISA-ICT e CAPES.