

DETECÇÃO MOLECULAR DE MIMIVÍRUS DO GRUPO C EM AMOSTRAS DE FEZES DE LOBOS MARINHOS (*Arctocephalus australis*) DO LITORAL DO RIO GRANDE DO SUL.



UFRGS
PROPSQ

XXV SIC
Salão Iniciação Científica

CB - Ciências Biológicas

Ane Wichine Acosta Garcia^{1,2}, Paulo Michel Roehle^{2,3}

1. Acadêmica de Biomedicina, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
2. Laboratório de Virologia, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
3. FEPAGRO Saúde Animal- Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor (IPVDF).

INTRODUÇÃO

O mimivírus de *Acanthamoeba polyphaga* (APMV) [1] é um vírus de DNA dupla fita que infecta amebas de vida livre, sendo um dos maiores e mais complexos vírus já isolados. Esse vírus tem um genoma de aproximadamente 1,2 Mb, com 911 genes codificadores de proteínas, envolto em um capsídeo icosaédrico de aproximadamente 750 nm de diâmetro, coberto por fímbrias que auxiliam no aumento do seu diâmetro (fig.1); além disso, é possível que hajam vírus menores em seu interior, os chamados virófagos. Atualmente classificados na família *Mimiviridae*, eles são classificados em três grupos: A (que correspondem aos mamavírus e mimivírus, isolados de torres de resfriamento de ar condicionado) B (moumouvírus, isolado de torres de resfriamento de ar condicionado) e C (*Megavirus chilensis*, isolado de água do mar) [2]. Além de replicar-se em amebas de vida livre, é possível que os mimivírus possam replicar em macrófagos humanos, e já foi descrita presença de mimivírus em lavado broncoalveolar de pacientes internados com pneumonia [3], além de amostras de fezes humanas [4]. Os lobos marinhos (*Arctocephalus australis*) são mamíferos marinhos habitantes de águas frias, que se alimentam de peixes e moluscos, possuindo em sua microbiota várias espécies comensais.

OBJETIVO

O presente estudo teve como objetivo verificar a presença de mimivírus do grupo C em fezes de lobos marinhos do litoral norte do Rio Grande do Sul.

METODOLOGIA

Foram utilizadas 45 amostras de fezes de lobos marinhos obtidos do litoral norte do Rio Grande do Sul, cedidas pelo Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (CECLIMAR), localizado em Imbé. As amostras foram diluídas centrifugadas, sendo o sobrenadante coletado e utilizado para a extração de DNA e demais etapas descritas a seguir. A detecção molecular teve como alvo a DNA polimerase de mimivírus do grupo C, amplificando uma região de aproximadamente 380 pares de bases (bp).

Amostra pura

Centrifugação e coleta sobrenadante

Extração de DNA (fenol/clorofórmio)

Reação em cadeia da polimerase (PCR)

Sequenciamento

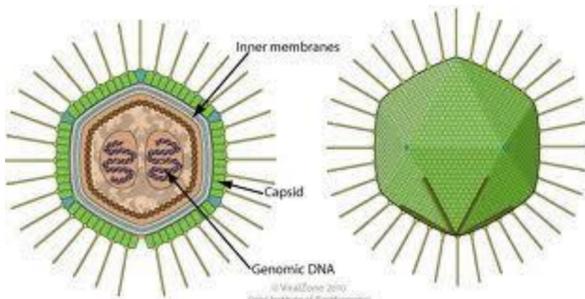


Figura 1: Desenho esquemático da estrutura dos vírus da família *Mimiviridae*, internamente (à esquerda) e externamente (à direita). Observa-se o capsídeo icosaédrico e as fímbrias distribuídas na superfície externa.

RESULTADOS

Os primers utilizados foram: forward 5'-GTAATGATGATCGTATGGCA-3' e reverse 5'-AGTAATGATGATCGTATGGC-3', e das 45 amostras testadas, 5 amostras apresentaram amplicon de aproximadamente 380bp, como esperado (equivalente a 11%) (fig.2).

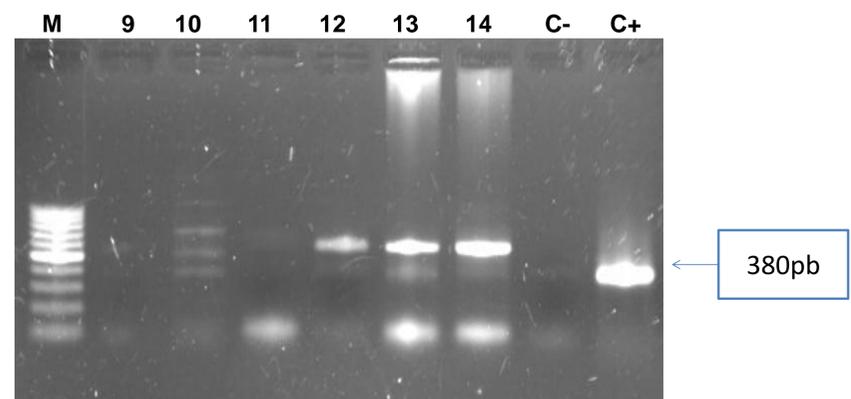


Figura 2: Eletroforese em gel de agarose a 1,0%, com adição de brometo de etídeo. Marcador 100 pb. Observa-se que as amostras 12, 13 e 14 apresentaram amplicon no tamanho desejado (380 bp).

DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

As sequências de nucleotídeos obtidas corresponderam ao segmentos genômicos disponíveis no GenBank, confirmando o resultado positivo das amostras para mimivírus do grupo C. Esse achado pode ser justificado pelo fato do representante do grupo C ter sido isolado da costa marítima chilena, contudo, mais estudos são necessários para uma melhor compreensão da distribuição desses vírus gigantes e descoberta de novos membros da família *Mimiviridae*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] La Scola, B. *et al.* A giant virus in amoebae. *Science* 299, 2033. (2003)
- [2] Boughalmi, M. *et al.* High-throughput isolation of giant viruses of the *Mimiviridae* and *Marseilleviridae* families in the Tunisian environment. *Environmental Microbiology* 15, 2000–2007(2012)
- [3] Costa, C. *et al.* Detection of mimivirus in bronchoalveolar lavage of ventilated and nonventilated patients. *Intervirology* 55, 303–305(2012)
- [4] Finkbeiner SR, Allred AF *et al.* Metagenomic Analysis of Human Diarrhea: Viral Detection and Discovery. *PLoS Pathogens* (2008)



MODALIDADE DE BOLSA

BIC UFRGS

