



Livro de resumos

ENCONTRO VIRTUAL DO GRUPO ARTHROMINT 2022
4ª EDIÇÃO

Organização do Livro: Daniele Castro e Samara Latgé | 4º Encontro Virtual Arthromint |
03 a 04 de agosto de 2022

Livro de Resumos do

ENCONTRO VIRTUAL DO GRUPO

ARTHROMINT

4^a EDIÇÃO

Encontro realizado virtualmente em:

03 a 04 de agosto de 2022

Coordenadores do Encontro Virtual do Grupo Arthromint:
Andréa Fogaça (USP) e Itabajara da Silva Vaz Junior (UFRGS)

Colaboradores:

Daniele Pereira de Castro (IOC) e Samara Latgé (IOC)

Secretaria:

Emerson de Avelar

Home page:

<https://sbpz.org.br/arthromint/>

Redes sociais:

<https://www.instagram.com/grupoarthromint/>;

<https://www.facebook.com/grupoarthromint>;

<https://twitter.com/arthromint>

Financiado por:

Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia – Entomologia
Molecular, CAPES, CNPq FAPEMIG, FAPERJ, FAPESP, Fiocruz

Apresentação

O grupo de estudos Arthromint (Artrópodes e Helminhos) teve origem a partir de discussões entre pesquisadores durante o XXIV Encontro Anual da Sociedade Brasileira de Bioquímica (SBBq) em 1995. O grupo foi efetivamente implantado em 1997, ano em que começaram as reuniões anuais. A ideia original que tentamos conservar até hoje é o estímulo ao contato mais direto entre pesquisadores seniores com os estudantes, tanto de Pós-graduação como os de Iniciação Científica de diversas instituições brasileiras. Além disso, a presença de técnicos e agentes envolvidos com a promoção e a melhoria dos serviços de saúde do país tem apontado para a possibilidade adicional de integração da pesquisa acadêmica com a prática da saúde.

O encontro do grupo Arthromint é hoje um dos principais eventos científicos da área de entomologia e helmintologia realizado regularmente no Brasil. Abrange as mais diversas áreas de pesquisa, com destaque para a fisiologia, genética, evolução, ecologia, controle, sistemática, epidemiologia, interação parasito/hospedeiro, comportamento, entomologia molecular, dentre outras.

O Arthromint é uma excelente oportunidade para troca de conhecimento entre os estudantes e pesquisadores, o que tem gerado um efeito positivo nas mais diversas pesquisas. Em mesas de discussões os estudantes e pesquisadores pós doutores apresentam seus trabalhos que são discutidos com os demais colegas e com pesquisadores/docentes.

Com a pandemia de Covid-19 que assolou o mundo em 2020, criamos o formato online. Já realizamos 3 edições do Encontro Virtual do Grupo Arthromint. Os dois primeiros encontros online aconteceram ainda em 2020 e o terceiro em agosto de 2021. Todas as três edições tiveram palestrantes de instituições nacionais e internacionais, com a participação de mais de 180 arthromíntic@s.

No ano de 2022, realizamos a 4ª Edição Virtual nos dias 03 e 04 de agosto, aonde seus destalhes estão apresentados a seguir em programação e nos resumos dos participantes.

Os resumos contidos nesta publicação são de inteira responsabilidade de seus autores.

Comissão Organizadora

Com o adiamento de nosso tradicional Encontro presencial na Ilha Grande para o ano 2023, organizamos mais uma edição virtual do nosso evento, totalmente online. A organização do Arthromint Virtual da 4ª edição foi coordenada por Andréa Fogaça (USP) e Itabajara da Silva Vaz Junior (UFRGS).

As palestras foram transmitidas pelo canal do Arthromint no Youtube:

<https://www.youtube.com/c/Arthromint>

Dia	Horário	Atividade
03/08 (quarta-feira)	09:30h – 10:00h	Abertura
	10:00h – 11:00h	Palestra: “Os muitos relógios de <i>Aedes aegypti</i> e como eles se acertam” Dra. Rafaela Vieira Bruno (IOC, Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil)
	11:00h – 12:00h	Palestra: “Mosquito population modification for malaria parasite blocking” - Dra. Vanessa Bottino Rojas (Universidade da Califórnia, Irvine, CA, EUA)
	14:00h – 17:00h	Mesas Aleatórias (1ª Sessão)
04/08 (quinta-feira)	09:30h – 12:30h	Atividade: Mesas Temáticas (11 temas)
	14:00h – 17:00h	Mesas Aleatórias (2ª Sessão)

Sumário

Apresentação	2
Comissão Organizadora	3
Mesas Temáticas:	7
RNAI COMO FERRAMENTA DE CONTROLE DE INSETOS-PRAGA NA AGRICULTURA	7
IMUNIDADE EM INSETOS – DA ECOLOGIA PARA O MECANISMO MOLECULAR	7
COMPORTAMENTO ALIMENTAR DE ARTRÓPODES HEMATÓFAGOS	7
INTERAÇÃO PARASITA-INSETO	7
ENZIMAS E INIBIDORES DE ARTRÓPODES PARASITAS: ALVOS DE ESTRATÉGIAS DE CONTROLE E INSPIRAÇÃO PARA POSSÍVEIS NOVOS FÁRMACOS	8
TÉCNICAS “ÔMICAS” NO ESTUDO DE VETORES	8
ESCRITA CIENTÍFICA: DESAFIOS E OPORTUNIDADES	8
O PAPEL DA MICROBIOTA NA BIOLOGIA E NO ESTABELECIMENTO DA INFECÇÃO DE ARTRÓPODES VETORES POR PATÓGENOS	9
DESENVOLVIMENTO DE VACINAS	9
BIO-ECOLOGIA DO AEDES ALBOPICTUS (DIPTERA: CULICIDAE) NO BRASIL ...	9
MITOCÔNDRIAS EM ARTRÓPODES E HELMINTOS	10
RESUMOS DOS PALESTRANTES	11
Dra. Rafaela Vieira Bruno	
Dra. Vanessa Bottino Rojas	
RESUMOS DOS PARTICIPANTES	14
BIOINFORMÁTICA	15
Beatriz dos Santos Nascimento	
Gabrielle C. M. Cabo	
Isadora Oliveira e Silva	
Pamela W.C. Ramos	
Victória Brígido Lamim	
BIOLOGIA MOLECULAR	21
Gabriel C. G. Costa	
Giulia Scomparim	
Giulliana Galdini Costa	
Josias A. Machado	
Léo Nava Piorsky Dominici Cruz	
Maria Luiza S. Maia	
BIOQUÍMICA	28
Alana Costa Herburgo Pussenti	
Gabriel Carvalho do Nascimento	
Lucas G. F. Malta	
Matheus S. Caiado	
Nathália Xavier da Silva	
Thiago Silva do Nascimento	
Vitor Alencar Chagas dos Santos	
Wilson Santos Molari	
BIOTECNOLOGIA	37
Bruno Mayer	
Letícia Feliciani da Luz	
CONTROLE	40

Artur M. Serravite	
Daisy A. Azevedo-Brito	
Isadora de Oliveira Rosa	
Jean Paulo dos Santos Costa	
Lucca Correa Viana de Oliveira	
Mirilene Mendes Martins	
Naira Celeste da Costa Ferreira	
Orlando Salvador Neto	
Patricia Forli Schwartz Freire	
Paula Eduarda Vicente da Silva	
Pedro Horta Andrade	
Yasmim L. França	
COMPORTAMENTO	53
Alessandra da Silva Bastos	
Cindy Megumi Kimura	
Diego Novak	
Marcela Mori Menzato	
ECOLOGIA	58
Andressa Pivato	
Camila de Paula Dias	
Cloé Dagnese Loredó	
Gabriel Joventino do Nascimento	
EMBRIOGÊNESE	63
Camila Gatti Corrêa	
Maria Lima	
Jamile Mota da Silva	
EPIGENÉTICA	67
Anderson de Mendonça Amarante	
Juan Yasumura	
FISIOLOGIA	70
Carlos R. O. Daumas-Filho	
Daniela Viana dos Santos	
Elaine R. M. N. da Silva	
Francisco Rômulo Magalhães	
Karina Riguete	
Laura C. Alvarez	
Lidiane M. Costa	
Marcela C. R. Mattos	
Mariana Cardoso Costa	
Valdorian Klein Junior	
INTERAÇÃO PATÓGENO-VETOR	81
Aline Lopes de Souza	
Cinthia Catharina Azevedo Oliveira	
Davi Viegas Melo	
Jessica L. F. Delgado	
Marcelly Bastos Nassar	
Vitoria Vaz Bibiano	
INTERAÇÃO VETOR-HOSPEDEIRO	88
Gretta Huamanrayme Bustamante	
Josiane Betim de Assis	

Luísa de Melo Lara	
MICROBIOTA	92
Aline Silva Soares	
Andressa Pivato	
Jordana Arianne Nunes da Rosa	
ÔMICAS	96
Esmeria Coelho Rocha	
Jéssica Waldman	
Luiza Rodrigues Moreira Guerra	
Pâmela dos Santos Andrade	
Renato B. Barnabé	
Stephen Lu	
SISTEMA IMUNE	103
Arlex Rodríguez-Durán	
Beatriz I Alonso	
Dayana Rosa	
Emili Bortolon dos Santos	
Lira Siqueira Lagonegro	
Mariana Maraschin da Rocha	
VIGILÂNCIA - EPIDEMIOLOGIA	110
Ana Luisa B. Quintão Cotta	
Ana Luiza Evangelista	
Caroline Alonso	
Dâmaris S. M. Neves	
Emilla Ferreira Gonçalves	
Marta Ribeiro Heinisch e Silva	
Olivia Bonifácio Campolina	

Mesas Temáticas:

RNAI COMO FERRAMENTA DE CONTROLE DE INSETOS-PRAGA NA AGRICULTURA

Coordenadores: Moises Zotti – UFPel; Deise Cagliari – UFPel; Eduardo Andrade – UFPel; Ericmar Avila dos Santos – UFPel

Nos últimos anos os cientistas fizeram muito progresso na compreensão e no desenvolvimento de estratégia de controle de insetos usando o mecanismo de RNA de interferência (RNAi). Nesta mesa teremos uma abordagem histórica dos primeiros trabalhos, seus fundamentos. Também serão abordados exemplos práticos de aplicações de dsRNA via oral e pulverizada, entre outras formas de entrega das dsRNA a campo, incluindo o sistema de engenharia de vírus conhecido como VIGS (silenciamento gênico induzido por vírus). Histórico de RNAi na agricultura. RNAi em percevejos: status e perspectivas. RNAi para insetos mastigadores (Coleoptera). Sistemas de silenciamento gênico induzido por vírus (VIGS) para o controle de insetos: Conceito, mecanismos e estudos de caso.

IMUNIDADE EM INSETOS – DA ECOLOGIA PARA O MECANISMO MOLECULAR

Coordenadores: José Henrique de Oliveira – UFSC

Discutiremos conceitos centrais em imunidade dos insetos (focados na biologia de *Drosophila* e mosquitos) e como diferentes abordagens experimentais de infecção nos permitem entender dinâmica e evolução intra-hospedeiro de bactérias e vírus de insetos e os mecanismos moleculares que permeiam tais processos. A mesa redonda consistirá em uma exposição que exemplifica diversos dos elementos citados acima seguido de discussão aberta e informal sobre o tema.

COMPORTAMENTO ALIMENTAR DE ARTRÓPODES HEMATÓFAGOS

Coordenadores: Marcos Horácio Pereira – UFMG

Uma conversa sobre o mecanismo de alimentação e a formação da interface vetor-hospedeiro, enfocando adaptações apresentadas pelos artrópodes relacionadas com a obtenção do repasto sanguíneo na pele de vertebrados, entre elas: morfologia das peças bucais; atividade das bombas de alimentação; padrão de salivação; atividades da saliva e comportamento do sangue no ambiente intestinal

INTERAÇÃO PARASITA-INSETO

Coordenadores: Angela Hampshire – UFRJ

Essa mesa temática pretende ser um fórum de discussão que aborda as interações de protozoários, vermes, bactérias ou vírus com insetos (ou outros artrópodes). Os tópicos potenciais incluem, mas não estão limitados a: (i) estudos sobre aspectos biológicos, morfológicos, bioquímicos, imunológicos ou genéticos dessas interações; (ii) abordagens genômicas, transcriptômicas, proteômicas e metabolômicas utilizadas para estudar as interações mencionadas acima; (iii) estudos visando o desenvolvimento de medicamentos e vacinas que reduzam a transmissão de patógenos transmitidos por vetores de humanos; (iv)

estudos sobre vários aspectos da microbiota intestinal de insetos ou outros artrópodes e seu impacto na transmissão de patógenos.

ENZIMAS E INIBIDORES DE ARTRÓPODES PARASITAS: ALVOS DE ESTRATÉGIAS DE CONTROLE E INSPIRAÇÃO PARA POSSÍVEIS NOVOS FÁRMACOS

Coordenadores: Adriana Seixas – UFCSPA; Luís Fernando Parizi – UFRGS; Bruno Mayer – UFCSPA

Os artrópodes, assim como os demais organismos vivos, possuem um conjunto complexo de enzimas que são fundamentais para manter o bom funcionamento do organismo controlando diversas rotas bioquímicas. As enzimas, assim como seus inibidores, estão envolvidas em rotas importantes do metabolismo que vem sendo amplamente estudadas e mostram características e funcionalidades diversas. Além dos estudos de fisiologia básica, essas proteínas se tornam interessantes para estudos que buscam utilizá-las como alvos para controle de parasitas, e ainda, para aqueles com enfoque em utilizar essas moléculas como modelo para o desenvolvimento de novas drogas inclusive para uso humano. Atualmente a bioinformática tem ajudado muito nesses estudos e a utilização de ferramentas in silico tem possibilitado o planejamento racional de novos fármacos. Nessa mesa, as características bioquímicas dessas proteínas, a classificação, e a importância delas no contexto de desenvolvimento de estratégias de controle de parasitas e desenvolvimento de novos fármacos serão abordadas. Os coordenadores trarão exemplos de estudos in vitro e in silico, e os participantes estão convidados a participar trazendo suas próprias experiências (nesses dois contextos), conhecimentos e curiosidades, tornando a discussão ainda mais rica e interessante.

TÉCNICAS “ÔMICAS” NO ESTUDO DE VETORES

Coordenadores: Paulo Ribolla – Unesp

Nesta mesa temática pretende-se demonstrar através de análise de dados reais a utilização das ferramentas de genômica, transcriptômica, metagenômica e proteômica, no estudo de diferentes aspectos de artrópodes vetores, como evolução, genética de populações, genética do comportamento, interação parasita-vetor. Para cada ferramenta abordada, serão descritos os desenhos experimentais utilizados, toda a metodologia será descrita e as ferramentas de bio-informática utilizadas para a análise dos dados serão apresentadas.

ESCRITA CIENTÍFICA: DESAFIOS E OPORTUNIDADES

Coordenadores: Fernando Ariel Genta – IOC; Luciana Araripe – IOC

Será discutida a estrutura dos textos acadêmicos (artigos em periódicos), assim como ferramentas e estratégias para produção textual. Também serão debatidas questões de autoria, plágio e política editorial. Como fazer figuras e tabelas, como estruturar e compor o texto, como definir os autores, como usar tradutores, ferramentas de revisão de texto e anti-plágio, e como escolher a revista adequada para submeter o artigo. O formato da mesa será de breve apresentação dos tópicos pelo palestrante, discussão entre os participantes, e respostas a dúvidas e questões levantadas pela audiência.

O PAPEL DA MICROBIOTA NA BIOLOGIA E NO ESTABELECIMENTO DA INFECÇÃO DE ARTRÓPODES VETORES POR PATÓGENOS

Coordenadores: Andrea Fogaça – USP; Marcelo Jacobs-Lorena – JHU; Pedro L. de Oliveira – UFRJ

Os artrópodes, assim como outros metazoários, albergam uma comunidade de microrganismos que desempenha um papel importante no seu desenvolvimento, fisiologia, saúde e comportamento. Essa comunidade, denominada microbiota, também pode exercer um efeito positivo ou negativo na competência vetorial. Nessa mesa, as interações moleculares entre os principais artrópodes vetores de doenças, os patógenos por eles transmitidos e a microbiota serão discutidas.

DESENVOLVIMENTO DE VACINAS

Coordenadores: Itabajara da Silva Vaz-Jr – UFRGS

As doenças infecciosas sempre foram uma das principais causas da mortalidade e morbidade humana e animal. As vacinas são o meio mais prático e barato para controlar doenças. Como exemplos da eficiência das vacinas, podemos citar a erradicação da varíola humana e a quase erradicação da paralisia infantil, além do controle de diversas enfermidades. Classicamente, as vacinas foram baseadas em organismos atenuados, inativados ou partes de organismos. Grande parte das vacinas disponíveis e bem-sucedidas foi desenvolvida de modo empírico, antes de termos uma compreensão dos mecanismos imunes envolvidos. Nos últimos 50 anos grandes avanços foram obtidos no desenvolvimento de vacinas, o que resultou em novos produtos comerciais. Mais recentemente, foram desenvolvidas vacinas com antígenos particulados, recombinantes, sintéticos e, mais recentemente, baseada na inoculação de DNA ou RNA. O uso destes antígenos, por ser menos imunogênico que organismos inteiros, levou a uma maior necessidade no estudo e uso de adjuvantes e co-estimuladores, que aumentam a resposta imune associada à vacina. O conhecimento dos mecanismos envolvidos na resposta imune humoral e celular também é fundamental para a melhor compreensão dos mecanismos envolvidos na proteção, e também no desenvolvimento de novas vacinas. Nos últimos anos, a compreensão da apresentação e processamento de antígenos e da regulação da resposta imune forneceu bases teóricas para o desenvolvimento de novas vacinas. Devido a COVID-19, o processo de desenvolvimento, testes clínicos de vacinas e uso de vacinas está sendo acompanhado, pela população, em tempo real. Entretanto, as informações reais estão acompanhadas por controvérsias e desinformação, utilizada com fins políticos e geopolíticos. Atualmente, centenas de projetos de pesquisas para o desenvolvimento e produção de novas vacinas estão sendo realizados em diversos países. Entretanto, a transformação de conhecimentos básicos em vacinas comerciais não é rápida e nem fácil, como consequência existe um grande número de doenças que não podem, ainda, serem controladas com o uso de vacinas.

BIO-ECOLOGIA DO AEDES ALBOPICTUS (DIPTERA: CULICIDAE) NO BRASIL

Coordenadores: Tamara Câmara – USP

Essa mesa temática abordará aspectos da ecologia, biologia e comportamento do mosquito *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae). Primeiramente registrado no Brasil em 1986, no estado do Rio de Janeiro, não levantou muita preocupação à época no âmbito da vigilância entomológica, por ser considerado um mosquito de hábitos mais silvestre e

exofílico. Entretanto, esse quadro parece estar mudando e dados mais recentes vêm indicando sua expansão e estabelecimento por grande parte do território nacional, sua maior frequência em ambientes mais antropizados, além da competência vetorial para os vírus da febre amarela, dengue, Zika e chikungunya. Assim, baseados nos dados da literatura, discutiremos nessa mesa temática se, atualmente, devemos nos preocupar com essa espécie de mosquito e atualizar as diretrizes de vigilância.

MITOCÔNDRIAS EM ARTRÓPODES E HELMINTOS

Coordenadores: Marcus de Oliveira – UFRJ

As mitocôndrias são organelas que desempenham papéis centrais na biologia celular, regulando a homeostase energética e o balanço redox, além de participar diretamente do controle de vias envolvidas na sobrevivência, diferenciação e morte celular. A gama de funções desempenhadas por esta organela é expandida ao considerarmos toda a diversidade biológica nos artrópodes e helmintos. Controle metabólico, voo, termogênese, diapausa, reprodução, tolerância a inseticidas e longevidade são apenas alguns exemplos de como alterações estruturais e funcionais nas mitocôndrias participam de processos fisiológicos centrais nestes grupos animais. Esta mesa redonda discutirá aspectos clássicos e emergentes das mitocôndrias em artrópodes e helmintos.

RESUMOS DOS PALESTRANTES

“Os muitos relógios de *Aedes aegypti* e como eles se acertam”

Dra. Rafaela Vieira Bruno

Relógios biológicos são estruturas endógenas presentes nos organismos, dos mais simples aos mais complexos. São estes relógios que controlam os diferentes ritmos biológicos, fundamentais para a sobrevivência e resposta dos seres vivos aos diferentes estímulos bióticos e abióticos no ambiente que os cercam. Os ritmos biológicos mais bem estudados são os ritmos circadianos (que tem aproximadamente 24 horas) e é no modelo *Drosophila melanogaster* que as principais descobertas moleculares e fisiológicas acerca destes ritmos foram descritas. No entanto, *Aedes aegypti*, mosquito vetor de arbovírus de grande importância médica, tem se mostrado um modelo interessante para o estudo de relógios biológicos. Alguns dos principais comportamentos diretamente ligados a seu papel como vetor, como a busca pelo hospedeiro, postura de ovos e comportamento reprodutivo, são ligados a ritmos biológicos, mediados não só pelo relógio central (presente no cérebro) como também pelos distintos relógios periféricos localizados nos órgãos do mosquito. Nesta palestra vamos apresentar os diferentes relógios presentes em *Aedes aegypti*, como eles se comunicam e como são regulados para a geração dos diferentes ritmos neste inseto.

“Mosquito population modification for malaria parasite blocking”

Dra. Vanessa Bottino Rojas

Anopheles spp. Cas9/guide RNA-based gene drive strains are generated to deliver antiparasite effector molecules and limit the spread of the malaria parasite. The drive systems developed target genes involved in ommochrome production, thus generating a visible eye phenotype in the mutants. The gene drive systems can achieve 95 to 100% introduction in both sexes, with population dynamics observed in small cage trials following a single release of gene-drive males. Additionally, the genetic load resulting from the integrated transgenes and potential drive-resistant target-site alleles are assessed concerning drive performance in the trials. Our current gene-drive strains meet key performance criteria of a target product profile and can be a valuable component of a field-ready strain for mosquito population modification to control malaria transmission.

RESUMOS DOS PARTICIPANTES

BIOINFORMÁTICA

Família GH13 das α -amilases digestivas pertencentes à família GH13 em *Lutzomyia longipalpis* e *Phlebotomus papatasi* utilizando ferramentas de bioinformática

Beatriz dos Santos Nascimento¹, Dra. Samara Costa Latgé¹

¹IOC FIOCRUZ /Laboratório de bioquímica e fisiologia de insetos

Os flebotomíneos transmitem o parasita causador das Leishmanioses a hospedeiros vertebrados, através da picada de fêmeas durante a alimentação sanguínea. Os adultos possuem também uma dieta rica em açúcares, para atender às demandas energéticas necessárias ao desenvolvimento. As α -amilases são enzimas importantes para a digestão em flebotomíneos adultos e na fase larval, uma vez que o amido é encontrado nas folhas de plantas e frutas e o glicogênio é o carboidrato de reserva de fungos. As α -glicosidases são exoglicosidases que catalisam a hidrólise de ligações α -1,4 e em insetos, estão envolvidas na digestão de sacarose obtida diretamente pela alimentação e na digestão de maltose, dissacarídeo gerado a partir da digestão de amido. Em altas concentrações de substrato estas enzimas podem realizar reações de transglicosilação e sintetizar oligossacarídeos. Este trabalho possui como objetivo a identificação no genoma de *L. longipalpis* e *P. papatasi* de genes que codificam glicosidases pertencentes a família GH13 e a caracterização da atividade de transglicosidase da α -glicosidase digestiva de *L. longipalpis*. A seleção de genes GHF13 no genoma de *L. longipalpis* foi realizada na plataforma VectorBase utilizando o domínio PFAM (PF00128). Os genes encontrados foram anotados por similaridade utilizando a ferramenta BLASTp nas plataformas Swiss-Prot/UniProt e PDB. Após identificação, as sequências foram analisadas pelos algoritmos THMM, signal IP, Big-PI predictor, NETOGlyc 4.0, NETNGlyc 1.0, Deep Loc e Compute pI/Mw. A atividade de alfa-glicosidase foi determinada utilizando os substratos sacarose, maltose e trealose. Foram encontrados no genoma de *L. longipalpis* 14 genes que codificam α -amilases, e 8 alfa-amilases para *Phlebotomus papatasi*. Todas as alfa-amilases encontradas foram caracterizadas como enzimas presentes no meio extracelular/solúvel, apresentam um peptídeo sinal e indícios de sítios de N- e O-glicosilação. Para as sequências de *P. papatasi* as regiões catalíticas foram identificadas nas proteínas, com a tríade ASP-GLU-ASP. Foram encontrados no genoma de *L. longipalpis* 3 genes que codificam para α -glicosidases e 9 genes no genoma de *P. papatasi*. Para as proteínas LIMal2 e LIMal3, foram identificados peptídeo sinal e domínio transmembrana, indicando que estas proteínas são secretadas e estão ancoradas à membrana plasmática, estando voltadas para o lúmen do intestino. Os resultados demonstraram que a alfa-glicosidase de *L. longipalpis* é capaz de hidrolisar todos os diferentes substratos testados. O conhecimento das enzimas digestivas desses flebotomíneos permite a obtenção de informações bioquímicas e fisiológicas importantes para o entendimento da biologia desses vetores, além disso, o conhecimento básico das características dessas enzimas pode nos permitir caracterizar alvos para o controle desses insetos.

Palavras-chave: Digestão, insetos, glicosidases, *Phlebotomus papatasi* e *Lutzomyia longipalpis*.

Apoio financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Ecologia química reversa computacional como ferramenta na seleção de semioquímicos de importância fisiológica no comportamento de *Rhoni* *prolixus*

Gabrielle C. M. Cabo¹, Ana Claudia A. Melo^{1*}

¹Universidade Federal do Rio de Janeiro, Instituto de Química, Departamento de Bioquímica, Rio de Janeiro – RJ

Drásticas mudanças ambientais aumentam os riscos de emergências zoonóticas, como a doença de Chagas, que sofre com a possibilidade de surto devido ao crescente desmatamento em território brasileiro nos últimos dois anos¹. Portanto, medidas que visam o controle populacional do *R. prolixus*, um dos insetos vetores, são essenciais no combate à doença. A ecologia química reversa computacional atua com ferramentas *in silico* na predição de biomoléculas que participam da comunicação química de insetos. Isso ocorre, por exemplo, por meio da análise de semioquímicos com afinidade de ligação às proteínas envolvidas na olfação. O objetivo principal dessa abordagem é identificar semioquímicos fisiologicamente ativos e, com isso, perturbar o sistema olfativo do vetor visando o desenvolvimento de estratégias de controle alternativas aos inseticidas. Os receptores olfativos (ORs, sigla em inglês) são proteínas transmembranares do tipo G, acopladas a um coreceptor olfativo (Orco), que detectam diversos semioquímicos presentes no meio ambiente, conferindo ao inseto habilidades impressionantes de orientação e seletividade. A estrutura tridimensional e a relação estequiométrica desses receptores ainda continuam nebulosas para a maioria das espécies, devido à ausência de imagens de alta qualidade nos bancos de dados. Entretanto, é possível criar modelos tridimensionais a partir de estruturas já anotadas por meio de softwares de modelagem e identificar os ligantes a partir de *docking* moleculares. Dito isso, a ideia central desse estudo é modelar tridimensionalmente o receptor olfativo 80 de *R. prolixus* e estimar a energia de interação com odores da família dos monoterpenos e quatro previamente relatados como repelentes². Após a seleção dos ligantes, a validação *in vivo* será realizada através de ensaios comportamentais usando o silenciamento gênico por RNAi.

Palavras-chave: receptor olfativo; *Rhodnius prolixus*; *docking*; modelagem molecular.

Apoio financeiro: FAPERJ, INCT-EM/CNPq, PIBIC-UFRJ/CNPq.

Investigação de sequências de enzimas biodegradadoras de plásticos no genoma do inseto *Galleria mellonella*: um estudo *in silico*

Isadora Oliveira e Silva¹, Andressa Pivato¹, Cloé Dagnese¹, Lucas André Dedavid² e Silva, Adriana Seixas¹, Danielle da Silva Trentin¹

¹ UFCSPA - Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre

² Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O acúmulo de polietileno (PE) e sua resistência à biodegradação tem sido prejudicial à vida ambiental. A biodegradação ocorre pela ação de enzimas produzidas por microrganismos ambientais. De forma interessante, em 2017 houve o primeiro relato na literatura sobre a capacidade de larvas do inseto *Galleria mellonella* em degradar PE, mesmo ano em que genoma do animal foi sequenciado. No entanto, ainda não é claro como este plástico é metabolizado pelo inseto. Além disso, são desconhecidas as enzimas envolvidas nesse processo, bem como se sua origem é larval ou microbiana. O presente estudo tem como objetivo verificar se no genoma de *G. mellonella* há sequências enzimáticas homólogas às das enzimas de origem microbiana comprovadas experimentalmente como biodegradadoras de plásticos. Foi realizada uma revisão da literatura publicada até 2021 nas bases de dados PubMed, Science Direct e Web of Science e foram selecionados 38 estudos que demonstraram 59 enzimas com atividade comprovada para biodegradação de plásticos. Dentre as classes enzimáticas destacaram-se as hidrolases (54,4 %) e oxirredutases (43,9 %). Para auxiliar no processo de classificação e identificação das enzimas, utilizou-se ferramentas de bioinformática, como BRENDA e GenBank. A busca por semelhanças com dados do genoma de *G. mellonella* foi realizada através da ferramenta *blastp* da plataforma BLAST. Como resultado, 28 enzimas não apresentaram *accession code*, 12 *accession codes* tiveram similaridades significativas, e 19 sequências geraram mais de 700 similaridades, filtradas a partir de valores gerados de *score* e *e-value*, resultando em 45 sequências de enzimas candidatas analisadas no programa Bioedit. Este trabalho contribui no entendimento da fisiologia do animal, na indicação de enzimas candidatas à biodegradação de PE, que poderão ser caracterizadas *in vitro*, e na proposta de um modelo de cadeia de degradação de PE por *G. mellonella*.

Palavras-chave: *Galleria mellonella*, polietileno, enzima

Apoio financeiro: PIBIC/UFCSPA e Instituto Serrapilheira (Serra-1811-26226)

Caracterização da proteína ligadora de odor RPRC004413 na detecção de semioquímicos e no comportamento de *Rhodnius prolixus*

Pamela W.C. Ramos¹; Ana Claudia A. Melo¹

¹ Instituto de Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro (IQ/UFRJ)

A doença de Chagas é uma zoonose causada pelo protozoário *Trypanosoma cruzi* e transmitida por hemípteros da família Reduviidae, dentre os quais destaca-se o *Rhodnius prolixus*. Sinais químicos (odores) produzidos pelos hospedeiros vertebrados são detectados pelo inseto através do sistema olfativo. As proteínas ligadoras de odor (OBPs), que transportam os semioquímicos através da linfa sensilar até o receptor olfativo são o primeiro elo entre o meio ambiente e a resposta comportamental do inseto. Interferir no transporte dos sinais químicos pode ser a chave para evitar o contato entre o inseto transmissor da doença de Chagas e o ser humano. Portanto, este projeto tem como objetivo geral estudar a OBP - RPRC004413 de *R. prolixus* para propor novas formas de controle do vetor da doença de Chagas. Com esse objetivo foram realizadas, inicialmente, análises por meio da bioinformática. As características físico-químicas da proteína foram determinadas por meio do ProtParam, a modelagem pelo AlfaFold2 e *docking* molecular utilizando o DockThor. O perfil de expressão do gene, em diferentes condições fisiológicas, será avaliado por qPCR. Para confirmar a participação da OBP - RPRC004413 no transporte de semioquímicos de importância fisiológica, o gene será silenciado usando RNAi e o fenótipo (comportamento) será investigado por bioensaios. Análises preliminares mostraram que a RPRC004413 é uma OBP do tipo *minus*, apresentando 5 cisteínas em posições conservadas, formando 2 pontes de dissulfeto entre as posições Cys18-Cys49, Cys91-Cys107. A predição do peptídeo sinal indicou que na sequência de 147 AA, o sítio de clivagem encontra-se na posição 26. A RPRC004413 madura possui 121 AA, massa molecular de aproximadamente 13,35kDa e pI igual a 8,24. A proteína contém 17 AA carregados positivamente e 15 AA carregados negativamente. A RPRC004413 apresenta homologia que varia de 75,51 a 61,90% com OBPs de diferentes insetos, como *Triatoma brasiliensis*, *Apolygus lucorum* e *Nezara viridula*.

Palavras-chave: *Rhodnius prolixus*, proteína ligadora de odor, OBP, comportamento, semioquímicos.

Apoio financeiro: FAPERJ; CNPq, INCT-EM/CNPq.

O papel de esterases degradadoras de odor expressas nas antenas de *Rhodnius prolixus* (Hemiptera, Reduviidae)

Victória Brígido Lamim; Nathália F. Brito; Ana Claudia A. Melo

Instituto de Química-Universidade Federal do Rio de Janeiro

A doença de Chagas é reconhecida pela OMS como uma doença tropical negligenciada. É uma enfermidade que afeta mais de 8 milhões de pessoas no mundo e pode ser fatal, sendo um problema de saúde pública. Nas regiões endêmicas a principal forma de transmissão é vetorial. O *Rhodnius prolixus* foi a primeira espécie, entre os insetos transmissores da doença de Chagas, a ter seu genoma mapeado (Mesquita et al., 2015). A forma de transmissão da doença está relacionada com o comportamento do barbeiro, que é desencadeado pelo sistema olfativo. Odores e feromônios são transportados por proteínas específicas através da linfa sensilar até os receptores olfativos (ORs) expressos nas antenas. O reconhecimento do odor pelos ORs desencadeia comportamentos específicos no inseto. Enzimas degradadoras de odor (ODEs) desempenham papel importante na inativação do sinal químico para manter a sensibilidade do OR. Dados da literatura indicam que alguns membros da família das carboxilesterases (CXEs) podem atuar na degradação de odores, pois são expressos em grandes quantidades nas antenas. De fato, a análise proteômica da antena de *R. prolixus* indicou a presença de 79 ODEs (Oliveira et al., 2017). Portanto, o objetivo geral deste estudo é caracterizar CXEs presentes nas antenas e determinar o papel destas enzimas no processo de olfação de *R. prolixus*. Inicialmente, foi realizada análise físico-química, modelagem e *docking molecular* das enzimas, sendo selecionadas três candidatas classificadas como CXEs (RPRC001592; RPRC010259; RPRC008235). Os resultados de *docking molecular* indicaram que a CXE RPRC001592 possui afinidade em degradar ésteres produzidos pelas glândulas de Brindley e ésteres produzidos pelo suor humano e voláteis de plantas. Enquanto, a CXE RPRC003582 mostrou afinidade em degradar compostos presentes em inseticidas. Portanto, CXEs expressas nas antenas podem estar envolvidas em mais de uma função, como a degradação de odores e a degradação de inseticidas. A atividade esterase nas antenas de insetos adultos será avaliada por zimograma, o perfil de expressão dos genes candidatos será analisado por qPCR. O *docking molecular* da CXE RPRC010259 está sendo processado.

Palavras-chave: esterases; doença de Chagas; carboxilesterases; enzima degradadora de odor.

Apoio financeiro: FAPERJ, CAPES, INCT-EM/CNPq.

BIOLOGIA MOLECULAR

Phage display application in detection of salivary antigens from *Rhipicephalus microplus*

Costa, G.C.A.¹; Manzato, V.M.¹; da Silva Vaz Jr., I.^{2,3}; Torquato, R.J.S.¹; Tanaka, A. S.^{1,3}

¹Department of Biochemistry, Escola Paulista de Medicina, Universidade de Federal de São Paulo (UNIFESP), SP, Brazil

²Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), RS, Brazil

³Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular (INCT-EM), RJ, Brazil

Rhipicephalus microplus, also known as cattle tick, is one of the most important tick species in Brazil since intense infestations caused by this parasite can seriously harm livestock animals. Infested herd usually present reduced milk and meat production, leading to substantial economic losses. The control of tick infestations in animals is carried out mainly by using different chemical acaricides, which can result in selection of resistant tick populations and environmental contamination. Thus, alternative methods for tick control have been employed along the last decades. One of the most studied approaches has been anti-tick vaccines, which require the discovery of new immunogenic tick molecules to be used in the development of efficient formulations. Then, the main objective of the present study is to identify immunogenic targets that could be useful in control of *R. microplus* using the phage display technique. A phage display library was constructed from *R. microplus* salivary glands cDNA fragments and screened against IgG antibodies purified from the serum of a tick-susceptible cattle previously exposed to several infestations. After two biopannings, phages were isolated and had DNA extracted and sequenced in order to identify the tick antigenic peptides expressed on their surface. Relative mRNA levels from the screened targets in female salivary glands during blood feeding were accessed by qPCR. The DNA sequencing revealed that the most frequent phages after the second biopanning expressed peptides correspondent to a Fukutin-like protein (52.5%) and a S18 ribosomal protein (20%). The gene expression levels from both targets were modulated along female engorgement. Moreover, recombinant Fukutin-like protein was recognized by specific antibodies from cattle previously infested by ticks. The perspectives will be the evaluation of the targets as protective antigens. In the future, the selected salivary targets could be useful for the development of an effective vaccine against the *R. microplus*.

Key words: *Rhipicephalus microplus*, Phage display, antigen.

Research support: CAPES, CNPq, FAPESP and INCT-EM.

Caracterização bioquímica do inibidor de serinoproteases putativo da família tipo Kazal (AaKz211) modulado em mosquitos *Aedes aegypti* infectados com vírus Dengue

2

Scomparim, G¹.; Manzato, V.M¹.; Coelho, C².; Gallo, G².; Wurtele, M².; Torquato, R.J.S¹.; Tanaka, A.S¹.

¹ Departamento de Bioquímica, Escola Paulista de Medicina, Universidade de Federal de São Paulo, SP, Brazil.

² Departamento de Ciência e Tecnologia, Universidade Federal de São Paulo, São José dos Campos, Brazil.

O *Aedes aegypti* é o principal vetor responsável pela transmissão de arboviroses como o vírus da Dengue e Zika vírus. A replicação viral no mosquito acontece em condições específicas, e sua eficiência depende de respostas celulares controladas e de proteínas do próprio vetor. Cada proteína viral pode interagir com mais de uma proteína do mosquito, colaborando para a progressão da infecção. Portanto, a identificação de proteínas que atuem inibindo o ciclo viral e ou inibidores de enzimas virais pode ser importante para o desenvolvimento de agentes antivirais. Recentemente, identificou-se a presença de um inibidor do tipo Kazal (AAEL000211) no genoma de *Aedes aegypti*, uma sequência gênica que se encontra modulada negativamente durante a infecção do mosquito com vírus DENV2 (em experimentos de *microarray*). Estudos indicam que algumas serinoproteases são limitantes na infecção viral, e quando silenciadas ou inibidas, há uma redução da infecção. Assim, seus inibidores podem estar interagindo tanto com serinoproteases do mosquito, quanto do vírus, ou sendo modulados pelo próprio vírus. Portanto, o presente projeto tem como objetivos: a clonagem, expressão e caracterização do inibidor putativo tipo Kazal (AAEL000211) de *Ae. aegypti*. A proteína recombinante foi expressa e posteriormente purificada, em duas etapas de cromatografia, e então utilizada em ensaios cinéticos, onde apresentou atividade inibitória para subtilisina A, proteinase K e para a protease NS2b-NS3 do Zika vírus. Foram realizadas análises de expressão gênica em diferentes tecidos e em diferentes fases do ciclo de vida do *Ae. aegypti* por PCR tempo real (qPCR), demonstrando maior expressão relativa no ovário do mosquito em comparação à glândula salivar e intestino, e também maior expressão em pupa em relação aos demais estágios de desenvolvimento. Avaliamos, também por qPCR, o perfil de expressão gênica no ovário em condições controle e durante a infecção do mosquito por DENV2, não havendo diferença estatisticamente significativa entre os grupos. As perspectivas do projeto são: realizar ensaios antimicrobianos, fazer a modelagem do inibidor, o *docking* do AaKz211 com a enzima do Zika e simulação molecular.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, inibidores de serinoproteases, arboviroses, proteína, infecção viral

Apoio financeiro: FAPESP, CNPq, CAPES e INCT-EM

Análise do silenciamento gênico dos genes que codificam enzimas modificadoras de histonas em estágios parasitários do *Schistosoma mansoni*

Giulliana Galdini Costa; Dra. Fernanda Janku Cabral

Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)

A esquistossomose, popularmente conhecida como “barriga d’água”, ainda é uma doença negligenciada que afeta vários países, dentre eles o Brasil. O medicamento mais utilizado no combate a essa doença é o Praziquantel, porém ele não é eficaz contra o estágio de esquistossômulos e vermes jovens do *S. mansoni* e não impede a reinfecção do paciente pelo parasita. Ao longo dos anos, foram surgindo cada vez mais estudos para se buscar novos alvos terapêuticos e com isso, viu-se grande importância no aprofundamento do estudo dos genes que codificam enzimas modificadoras de histonas, sabendo-se agora que elas têm um importante papel na ativação ou na inibição da transcrição gênica. Visando o entendimento do papel biológico dessas enzimas no parasita, estamos realizando o silenciamento gênico de 3 genes (Smp_316180, Smp_053140 e Smp_034000) selecionados mediante estudo prévio (através do Projeto regular FAPESP #2017/07364-9) através da técnica do RNA interferente, onde os oligonucleotídeos com e sem a sequência do promotor T7 foram desenhados e sintetizados para a amplificação dos genes. As preparações dos dsRNAs e culturas para os genes Smp_316180, Smp_053140 e Smp_034000 estão em andamento; porém, foi realizado um teste de knockdown com o gene Smp_053140 e o mesmo se mostrou efetivo, visto que a expressão do gene diminuiu em relação ao controle não relacionado do gene mCherry; a diminuição da expressão também foi observada a partir das alterações morfológicas do esquistossômulo tratado com o dsRNA Smp_053140, em relação ao controle.

Palavras-chave: RNA interferente; esquistossomose; *Schistosoma mansoni*.

Apoio financeiro: FAPESP (2021/14009-6), CNPq-PIBIC, FAEPEX (2051/20), FAPESP (2017/07364-9)

Uma proteína dissulfeto isomerase de carrapato bovino (*RmPDI-1*) promove o controle mecano-redox durante trombopatias de sepse em camundongos

¹Machado, J.A., ¹Antunes, F., ¹Monteiro T.M., ¹ Silva, L.S., ¹Fernandes, M.E.S., ¹Lacerda, A.A., ²Vaz Jr, I.S. e ³Logullo, C.

¹Laboratório de Clínica e Cirurgia- Unidade de Experimentação Animal- CCTA- UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

²Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.

³Laboratório de Química Biológica -Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

INTRODUÇÃO: A sepse, uma das doenças mais mortais do mundo, resulta em falência múltipla de órgãos, geralmente causada por distúrbios da hemostasia e respostas inflamatórias descontroladas. A proteína dissulfeto isomerase (PDI) promove a formação de trombos, mas não afeta a hemostasia fisiológica do sangue. Recentemente, foi demonstrado que Erp-5, um membro da família PDI, era necessário para a formação de trombos *in vivo* ligando-se diretamente à integrina $\alpha\text{IIb}\beta 3$. Paradoxalmente, Erp-5 pode mediar a desaderência do fibrinogênio da integrina $\alpha\text{IIb}\beta 3$ plaquetária ativada. Estudos químicos de proteínas mostram que a ligação do ligante à integrina $\alpha\text{IIb}\beta 3$ estendida torna a ligação dissulfeto Cys177-Cys184 do domínio βI clivável por ERp5. **OBJETIVO:** Investigar o controle mecano-redox que governa a cascata de coagulação sanguínea, utilizando *RmPDI* de carrapato bovino como alvo molecular em modelos de trombos em camundongos. **MATERIAL E MÉTODOS:** Aqui, um modelo de camundongo de ligadura e punção cecal (CLP) foi estabelecido para simular sepse para testes *in vivo* e, análises hematológicas, bioquímicas e histológicas foram realizadas. Também identificamos e caracterizamos uma *RmPDI-1*, um ortólogo de PDI que apresenta alta homologia com ERP-5 de camundongo, altamente expresso em glândulas salivares de carrapatos. **RESULTADOS E DISCUSSÃO:** Análises de sequência de aminoácidos indicam que *RmPDI-1* possui um peptídeo sinal N-terminal clivável de 16 aminoácidos, sugerindo que é como uma molécula típica de PDI. *RmPDI-1* contém dois sítios ativos típicos CXXC e codifica 435 aminoácidos. O alinhamento comparativo de aminoácidos para *RmPDI-1* mostrou alta identidade com os genes de *Hemaphysalis longicornis* (*HIPDI-1*) e com os genes de *Ixodes scapularis* (*IsPDI*). O estudo de “Docking” Molecular e Dinâmica Molecular mostraram alterações conformacionais na presença de DTNB, um inibidor clássico de PDI, o que pode prejudicar a interação com integrinas $\alpha\text{IIb}\beta 3$. Os animais submetidos à Sepse apresentaram diminuição do número de plaquetas, aumento dos marcadores renais (uréia e creatinina) e alteração nos exames hemostáticos. **CONCLUSÃO:** Estudos futuros mostrarão ainda melhor a regulação mecano-redox entre *RmPDI-1* e Integrinas $\alpha\text{IIb}\beta 3$.

Palavras-chave: Proteína Dissulfeto Isomerase, *Boophilus microplus*, DTNB.

Apoio financeiro: UFRJ, UENF, FAPERJ, CAPES e INCT – Entomologia Molecular.

Fotoperíodos modulam a expressão de genes do relógio em ovários de *Aedes (stegomyia) aegypti* (L.) de forma não circadiana

Léo Nava Piorsky Dominici Cruz¹, Rayane Teles-de-Freitas¹, Maria Eduarda Barreto Resck¹, Andresa Borges de Araujo Fonseca¹, Karine Pedreira Padilha¹, Luana Cristina Farnesi¹, Luciana Ordunha Araripe¹, Rafaela Vieira Bruno^{1,2}

¹Laboratório de Biologia Molecular de Insetos, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro- RJ, Brazil

²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular (INCT-EM), CNPq

Em artrópodes, muitos ritmos circadianos (*i.e.*, com períodos de aproximadamente 24 horas) são gerados por osciladores que se localizam em grupos de neurônios do sistema nervoso central (*i.e.*, marcapasso, ou *pacemaker*) e são compostos por proteínas que interagem entre si, induzindo ou inibindo a transcrição de seus próprios genes dentro de um período circadiano. Estudos em *Drosophila melanogaster* e outros artrópodes levantam evidências de osciladores periféricos em outros tecidos, que podem produzir ritmos independentes daqueles gerados pelo marcapasso. No mosquito *Aedes aegypti*, a expressão dos genes do relógio no marcapasso é essencial para os ritmos de atividade locomotora; entretanto, outros ritmos observados, como oviposição, poderiam ser gerados com a participação de osciladores localizados em tecidos reprodutivos. Assim, investigamos a presença de um possível relógio periférico nos ovários de *A. aegypti* a partir do perfil temporal de expressão de oito genes de relógio durante fotoperíodo de 12 horas de luminosidade e 12 horas de escuridão (LD 12:12) e em condição de escuridão constante (DD) em fêmeas virgens (FV) ou inseminadas por machos conspecíficos (FI). A maioria dos genes estudados não apresenta expressão circadiana, independentemente do *status* de inseminação. Apenas *period* apresentou diferenças entre os pontos de tempo estudados ($p < 0.05$) pela ANOVA One-way e um perfil senoidal pela análise do *software* CircWave v1.4 ($p < 0.05$) em LD 12:12; contudo, esse perfil não se manteve em livre-curso (DD), o que ocorreria caso sua expressão fosse modulada pela interação de um *feedback* negativo de um oscilador semelhante ao encontrado no sistema nervoso central. Posteriormente, comparamos as médias dos valores de expressão dos genes estudados entre grupos condições de inseminação (FV vs. FI) e fotoperíodos (LD vs. DD) pelo ANOVA Two-way. Os genes *period*, *cryptochrome* e *cryptochrome 2* são fortemente modulados pelo fotoperíodo; por outro lado, os genes *vriple* e *Par-domain-protein-1ε* são modulados tanto pelo fotoperíodo quanto pela condição de inseminação; a inseminação tem maior influência sobre a expressão de *vriple* que o fotoperíodo. Nossos resultados indicam a ausência de um oscilador endógeno nos ovários de *A. aegypti*, mas a redução na expressão de certos genes de relógio em fotoperíodo LD sugere que tais genes podem atuar no processo de oviposição, uma vez que esse comportamento ocorre preferencialmente na fase escura de um ciclo LD.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, ovários, relógio periférico, expressão de genes do relógio, fotoperíodo.

Apoio financeiro: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)

Detecção dos Vírus Dengue, Zika e Chikungunya em Ovos de Mosquitos - Uma Ferramenta para Vigilância de Doenças de Arbovirose

Maia, M.L.S¹, Vasconcellos, B.M¹, Neri, G.V.A.², Salles, T. S¹, Cabral, M. C³, Sotero-Martins, A.⁴, A, Moreira, M.F^{1,5}

¹Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular de Vetores, Departamento de Bioquímica, Instituto de Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

²Instituto Federal do Maranhão, Campus Timon, MA e Escola Nacional de Saúde Pública, Doutorado do Programas de Pós-Graduação Stricto Sensu em Saúde Pública e Meio Ambiente (ENSP/FIOCRUZ).

³Departamento de Virologia, Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, Centro de Ciências da Saúde, Universidade Federal do Rio de Janeiro – Rio de Janeiro /RJ - CEP 21941-902.

⁴Fundação Oswaldo Cruz, Escola Nacional de Saúde Pública, Departamento de Saneamento e Saúde Ambiental (ENSP/FIOCRUZ).

⁵Instituto Federal de Ciências e Tecnologia do Rio de Janeiro, Departamento de Farmácia

⁶Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular-INCT-EM, Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Rio de Janeiro, RJ, 21940-590.

Os vírus Zika (ZIKV), Chikungunya (CHKV) e Dengue (DENV) circulam mundialmente através dos seus vetores. No Brasil, o boletim epidemiológico (MS) informa que de 1º de janeiro à 3ª semana de maio de 2022 ocorreram 382 óbitos por DENV. De 01/02 a 14/05/2022 foram registrados 14 óbitos por CHKV. E por ZIKV de 02/01 a 30/04/2022 não houve registro de óbitos. O foco deste trabalho foi detectar a presença destes vírus através de métodos moleculares em ovos georreferenciados de *A. aegypti* extraídos na cidade de Timon/MA - Brasil. O RNA total de 9 pools de 50 ovos de mosquitrapa foi extraído e utilizado para detectar material genômico de ZIKV, DENV1-4 e CHKV por técnicas de qPCR e sequenciamento de Sanger. Dos 9 pools de amostras de ovos testados, 6 apresentaram resultados positivos para DENV2. Porém, não houve resultados positivos para os demais sorotipos de DENV, assim como para ZIKV e CHKV. A árvore filogenética mostrou a origem asiática para as cepas de DENV2 circulantes na cidade de Timon, possivelmente sendo essas cepas responsáveis pelos surtos de DENV que estão ocorrendo no estado do Maranhão.

Palavras-chaves: *Aedes Aegypti*, arboviruses, vigilância vetorial

Apoio financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ).

BIOQUÍMICA

Caracterização da Mureína endopeptidase intestinal de *Rhodnius prolixus*

Alana Costa Herburgo Pussenti^{1, 2}; Fernando Ariel Genta¹

¹Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

²Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, Brasil

Introdução: *Rhodnius prolixus* é um inseto da ordem Hemiptera, conhecido popularmente como barbeiro. É um inseto de grande importância em saúde pública por ser vetor do protozoário *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico da doença de Chagas, uma doença endêmica negligenciada. O ciclo de vida do inseto é hemimetábolo, e tanto os cinco estágios de ninfa quanto os adultos de ambos os sexos são hematófagos. Para ser absorvido, o sangue é transformado por diversas enzimas digestivas ao passar pelo trato digestivo do inseto. Mureína Endopeptidase é uma metaloprotease da família M74 amplamente distribuída em bactérias gram negativas, responsável por clivar a parede bacteriana. No genoma de *R. prolixus* foi identificado o gene RPRC003168, que expressa Mureína Endopeptidase no intestino do inseto. **Objetivos:** Identificar e comparar o padrão de polaridade de aminoácidos de superfície da Mureína Endopeptidase expressa do inseto com a de *Escherichia Coli*, bem como a distância de aminoácidos de importância de ligação com o zinco (cofator). Padronizar o ensaio enzimático dessa enzima utilizando conteúdo intestino de *R. prolixus*. **Materiais e métodos:** Foi utilizado o programa de bioinformática *Phyre2* para fazer a modelagem da enzima de *R. prolixus* utilizando como base o modelo de enzima de *E. coli*. Utilizando o software *PyMol*, foi possível observar a distribuição de carga de superficial por meio da polaridade dos aminoácidos presentes na enzima. A atividade enzimática foi detectada através da lise de *Micrococcus luteus*, utilizando amostras de precipitados ou sobrenadante do intestino médio anterior, intestino médio posterior e intestino posterior, com o auxílio de espectrofotômetro. A partir de amostras de sobrenadante de intestino médio anterior (porção com maior atividade enzimática) foi realizado o ensaio de lise com *M. luteus* em diferentes dias após a alimentação. **Resultados:** Não foram observadas diferenças significativas na distribuição de carga de superfície entre o modelo de *R. prolixus* e a enzima de *E. coli*. Houve semelhança nas distâncias entre todos os aminoácidos conservados no sítio ativo das duas enzimas, especialmente os resíduos de Histidina ligados ao átomo de Zinco. Esses dados sugerem que a mureína endopeptidase expressa em *R. prolixus* possui função catalítica. **Conclusão:** A partir das análises de bioinformática é possível inferir uma semelhança entre a mureína endopeptidase expressa no intestino do inseto e a de *E. coli*. Todavia, é necessário complementar os estudos bioquímicos a fim de caracterizar a atividade e o papel fisiológico dessa enzima.

Palavras-chave: Mureína endopeptidase, *Rhodnius prolixus*, digestão, protease, Metaloprotease M74.

Apoio financeiro: FAPERJ, Fiocruz, CNPq, CAPES

Revisão sistemática do custo energético da resistência a inseticidas em populações de mosquitos

Gabriel Carvalho do Nascimento, Ademir Jesus Martins, Carlucio Rocha dos Santos

Instituição: FIOCRUZ/IOC

Mosquitos são insetos de alta importância para a saúde pública, por serem vetores de diversos patógenos. O combate a desses organismos se dá através do controle populacional sendo o controle químico, baseado no uso de inseticidas, o método mais utilizado. A exposição a inseticidas gera uma pressão de seleção, na qual indivíduos com alelos de resistência sobrevivem e se multiplicam levando a um aumento da frequência destes alelos e, após algumas gerações, a uma população classificada como resistente a estes compostos. Embora a resistência a inseticidas seja favorável em locais cuja exposição aos químicos é contínua, essa característica impacta negativamente o *fitness* do inseto resistente quando comparado com indivíduos suscetíveis. É possível que este impacto ocorra ao serem direcionados recursos energéticos para lidar com as alterações fisiológicas selecionadas para a resistência a inseticidas em um mecanismo de *trade-off*. De fato, as reservas energéticas, como carboidratos, lipídeos e proteínas, são importantes para processos como a embriogênese, a atividade de voo e as mudas desde a fase larval até o adulto, mas poucos autores discutem sobre a sua relação com a resistência a inseticidas. Neste sentido, esse trabalho tem como principal objetivo realizar uma revisão na literatura disponível sobre a avaliação de reservas energéticas em populações ou linhagens de mosquitos resistentes a inseticidas, a fim de relacionar os efeitos de fenótipos de resistência sobre as reservas energéticas de larvas e adultos. Observamos que há uma grande divergência de resultados entre os estudos analisados, como em um estudo de 2015 em linhagens de *Aedes aegypti* resistente a temefós, onde ocorreu a diminuição das reservas lipídicas. Já um estudo mais recente de 2021 que as reservas energéticas permaneceram inalteradas, trabalhando com diferentes linhagens de *Ae. aegypti*. Assim concluímos que são necessários mais estudos neste tema para consenso dos resultados e em especial, a inclusão do impacto de mutações *kdr* nas reservas energéticas já que este é o mecanismo de resistência mais conhecido em mosquitos.

Palavras-chave: resistência a inseticidas, reservas energéticas.

Apoio financeiro: CNPq

Identificação e caracterização do mecanismo que reconhece a ingestão de proteínas pelo intestino médio e dispara o processo de alcalinização intestinal mediado por hormônios em *Lutzomyia longipalpis* e *Aedes aegypti*

Malta, L.G.F.¹; Sant'Anna, M.R.V.¹; Koerich, L.B.¹; Pereira, M.H.¹; Pessoa, G.C.D.¹;
Gontijo, N.F.¹

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil.

Lutzomyia longipalpis, é um inseto pertencente a ordem Diptera, família Psychodidae e subfamília Phlebotominae. *Aedes aegypti* é um inseto pertencente a ordem Diptera, família Culicidae e subfamília Culicinae. Até o momento três são os mecanismos identificados como sendo os responsáveis pelo processo de alcalinização intestinal. O primeiro está relacionado com a liberação de CO₂ do sangue ingerido pelas fêmeas. O segundo mecanismo está relacionado com sinalização hormonal, que ocorre durante o repasto sanguíneo, a partir de células endócrinas intestinais. Este mecanismo está envolvido principalmente com a inibição de V-ATPases e ativação do transporte de bicarbonato para o lúmen intestinal. O terceiro mecanismo consiste em um sistema de transporte em que certos aminoácidos são transportados conjuntamente com íons H⁺ do lúmen intestinal para o citoplasma dos enterócitos. Um dos pontos ainda não esclarecidos se refere a como as células endócrinas intestinais reconhecem a presença de proteínas provenientes do sangue ingerido e lançam seus hormônios alcalinizantes na hemolinfa induzindo a alcalinização do lúmen. Diante disso o presente projeto tem como objetivo principal caracterizar o mecanismo que permite que os intestinos dos insetos *L. longipalpis* e *A. aegypti* reconheçam a ingestão de proteínas culminando com a alcalinização luminal. Os intestinos serão dissecados em solução salina de insetos, de modo que tenha na lâmina um intestino de fêmea alimentada com o corante Azul de Bromotimol, indicando um pH luminal ácido, e ao redor deste serão colocados 6 intestinos abertos de fêmeas que se alimentaram somente de sacarose, os quais terão sua porção luminal exposta. Uma vez que os receptores das células endócrinas intestinais encontram-se na porção apical da célula, a exposição do lúmen intestinal naqueles intestinos abertos na lâmina fará com que qualquer substância que seja colocada em contato com o intestino entre também em contato com o receptor, podendo ou não ocasionar uma resposta de liberação hormonal, liberação que, caso ocorra, será vista através do intestino fechado contendo o corante Azul de Bromotimol no centro da lâmina. De acordo com nossa hipótese, qualquer proteína ingerida pelo inseto seria digerida por uma protease já presente no intestino de fêmeas não alimentadas com sangue, gerando peptídeos contendo resíduos de arginina ou lisina. Estas extremidades seriam reconhecidas pelos receptores das células endócrinas levando à alcalinização.

Palavras-chave: *Lutzomyia longipalpis*; *Aedes aegypti*; pH intestinal; hormônios intestinais
Apoio: CAPES; FAPEMIG; CNPq

Efeitos da morina sobre o metabolismo de lipídeos em *Aedes aegypti* e seus efeitos na fisiologia reprodutiva

Matheus S. Caiado; Elaine R. M. N. da Silva; Luan V. dos Santos; Emerson G. Pontes

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro

Estudos analisando as aplicações biológicas e farmacêuticas de polifenóis vem situando estas substâncias como importantes compostos a serem observados em organismos. A morina, polifenol do grupo dos flavonoides, é encontrada principalmente em vegetais da família Moraceae e já demonstrou efeitos na inibição da ácido graxo sintase (FAS) e da ecdisona 20-monooxigenase (E-20-M). O armazenamento de lipídeos na forma de triacilglicerol (TAG) é fundamental durante todo ciclo de vida do inseto. Durante a fase adulta, este estoque lipídico permite a realização de processos de alta demanda energética como voo, cópula, maturação de ovos e busca por hospedeiro. Neste estudo, observamos o conteúdo de TAG no corpo inteiro de machos e fêmeas adultos de *Aedes aegypti*, alimentados na presença e ausência de morina durante 3 dias. Com essa abordagem, foi possível traçar comparativos entre os indivíduos que ingeriram ou não o polifenol, a diferença entre os períodos de alimentação e entre os sexos do mosquito. Os perfis observados em machos e fêmeas foi distinto. Nas primeiras 24hrs, em fêmeas alimentadas com morina, se observou um baixo estoque de TAG quando comparadas as que receberam apenas açúcar. Em machos, ao terceiro dia, os mosquitos alimentados com morina apresentaram metade do valor de TAG quando comparados aos alimentados apenas com açúcar. Do contrário, em fêmeas, ao terceiro dia, foi observado que os adultos alimentados com morina acumularam mais lipídios no corpo. Sendo a enzima FAS um potencial alvo para morina, nossos dados sugerem que a alimentação dos mosquitos com o polifenol pode estar interferindo na síntese e mobilização de TAG, comprometendo desta forma a homeostase do inseto. Desta forma, analisar os tecidos isolados de machos e fêmeas pode ajudar a elucidar os diferentes perfis observados entre o sexo e o tempo pós emergência. Além disto, uma análise molecular se faz necessária a fim de demonstrar como estão os níveis transcricionais da enzima em animais alimentados com o flavonoide.

Palavras-chave: flavonoide; triacilglicerol; díptera.

Apoio Financeiro: CAPES

Purificação e Caracterização Bioquímica da Beta-1,3-glucanase digestiva de larvas de *Aedes aegypti*

Nathália Xavier da Silva, Samara Graciane da Costa-Latgé, Fernando Ariel Genta

Laboratório de Bioquímica e Fisiologia de Insetos, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro

O *Aedes aegypti* é o principal transmissor de inúmeros microrganismos, entre eles os vírus que causam Dengue, Febre Amarela, Zika e Chikungunya, e devido a isso é um vetor de grande importância epidemiológica. O ciclo de vida desses mosquitos está dividido em quatro estágios: ovo, larva, pupa e adultos, sendo a fisiologia da fase adulta da fêmea a mais estudada devido ao fato da transmissão dos microrganismos estar associada ao repasto sanguíneo. A fase larval é pouco explorada, porém, possui grande importância, visto que os criadores larvais são determinantes na população de mosquitos e sua fisiologia pode ser explorada em estudos relacionados ao controle desse vetor. As larvas de *Ae. aegypti* são consideradas organismos detritívoros e são capazes de digerir e absorver nutrientes de microrganismos. As β -1,3 glucanases de insetos são enzimas que pertencem à família 16 das glicosídeo hidrolases (GHF16) e são responsáveis por hidrolisar ligações glicosídicas β -1,3 de polissacarídeos complexos conhecidos como β -1,3 glucanas. Estão presentes na maioria dos grupos de insetos sendo fundamentais para os que utilizam microrganismos ou plantas como alimentos. Nesse contexto, um trabalho anterior do nosso grupo identificou no genoma desse inseto seis sequências de genes que codificam proteínas da família GHF16 e demonstrou que o gene AaeGH16.5 codifica a principal β -1,3-glucanase intestinal de larvas de *Ae. aegypti*. Um outro aspecto importante é que a atividade global de β -1,3-glucanase é fundamental para a digestão de leveduras nesses vetores. No entanto, suas funções fisiológicas e características bioquímicas ainda não estão elucidadas. Neste trabalho, pretendemos purificar e realizar a caracterização cinética e estrutural da β -1,3-glucanase intestinal em larvas de *Ae. aegypti*, além da clonagem e expressão da sequência codificante AaeGH16.5 em sistema bacteriano, como estratégia para elucidar aspectos bioquímicos relacionados à especificidade e função da enzima. O estudo mais detalhado dessa enzima pode contribuir para a obtenção de informações importantes para a compreensão da fisiologia digestiva e biologia das larvas, contribuindo para o desenvolvimento de novas estratégias de inibição enzimática e de controle do vetor.

Palavras-chave: β -1,3 glucanase, digestão, Larvas, *Aedes aegypti*

Apoio financeiro: CAPES, Fiocruz, FAPERJ, CNPq, CDC-USA

Investigação de quitina na membrana perimicrovilar de *Rhodnius Prolixus*, inseto vetor da doença de chagas

Thiago Silva do Nascimento^{1,2}, Brenda Martins Vasconcelos², Evelyn Seam de Lima Alvarenga², Jessica Pereira³, Georgia Correa Atella^{3,4}, Isabela Barbosa Ramos^{3,4}, Mônica Ferreira Moreira Carvalho Cardoso^{2,4}

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio de Janeiro (IFRJ).

²Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular de Vetores, Departamento de Bioquímica, Instituto de Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

³Laboratório de Bioquímica de Insetos, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

⁴Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular-INCT-EM, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil.

A doença de Chagas é uma doença negligenciada e um de seus principais vetores é o *Rhodnius prolixus*. Esse inseto possui em seu intestino médio a membrana perimicrovilar (MPM), uma estrutura que reveste as microvilosidades intestinais e está relacionada aos processos de digestão, proteção mecânica, contra patógenos, diferenciação parasitária e possivelmente outras funções ainda não descobertas. Alvarenga *et al.* (2016) confirmaram a presença de quitina no intestino do vetor, mas não especificamente na MPM. O objetivo deste trabalho foi investigar e caracterizar a quitina na fração da membrana perimicrovilar de *R. prolixus* encontrada no lúmen intestinal. Um precipitado branco foi extraído do conteúdo luminal do inseto após extração de lipídios, tratamentos com papaína e KOH a quente. Para confirmar a natureza da quitina, o precipitado extraído foi analisado por espectroscopia de infravermelho, RMN, microscopia de fluorescência por aglutinina marcada de gérmen de trigo conjugada com isotiocianato de fluoresceína (FITC-WGA), microscopia de varredura e fotografia sempre em comparação com a quitina comercial da Sigma. Para a separação da MPM foi realizado um gradiente de sacarose (20 a 60%) no processo de ultracentrifugação e a adição de FITC-WGA para localizar a quitina. Os espectros de IR e RMN do material purificado do lúmen foram muito semelhantes à quitina comercial de caranguejo. Após a ultracentrifugação, o perfil do gradiente de sacarose foi traçado com auxílio de um refratômetro e a fração de quitina revelada com o FITC-WGA. A fluorescência marcada foi encontrada nas frações do gradiente de sacarose 30-40%. Os picos de gradiente de fluorescência também foram avaliados pela técnica de microscopia de fluorescência e a quitina foi co-localizada com PMM de acordo com os estudos de Ferreira *et al.* (1988). De acordo com os resultados obtidos neste trabalho, a quitina do intestino médio e a MPM de *R. prolixus* foram encontradas na mesma porção do gradiente de sacarose, o que pode ser uma forte indicação da presença desse biopolissacarídeo na membrana perimicrovilar do inseto.

Palavras-chave: Quitina, membrana perimicrovilar, *Rhodnius prolixus*.

Apoio financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) pelo suporte financeiro.

Sinalização de um Fator Induzido Por Hipóxia em Células Embrionárias do Carrapato Bovino *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*

Vitor Alencar Chagas dos Santos¹, Carlos Logullo^{2,3}, Leonardo Araujo de Abreu^{1,3}

¹Instituto de Biodiversidade e Sustentabilidade – NUPEM/ Universidade Federal do Rio de Janeiro

²Instituto de Bioquímica Médica/ Centro de Ciências e Saúde/ Universidade Federal do Rio de Janeiro

³INCT-EM

A via do fator de transcrição induzido por hipóxia (HIF) se relaciona com o controle transcricional de enzimas glicolíticas e de processos mitocondriais, dentre os mecanismos de adaptação à uma menor disponibilidade de oxigênio. De modo a avaliar a participação da via do HIF na linhagem de células BME26, foram investigadas possíveis adaptações metabólicas e celulares a partir do desafio com diferentes indutores químicos de hipóxia, e avaliação da viabilidade celular (ensaio de MTT). Adicionalmente, o metabolismo anaeróbico foi estudado baseado na determinação da atividade de Lactato Desidrogenase (LDH) e do conteúdo de Lactato. A partir da identificação e amplificação (reação de PCR) das sequências de transcritos de duas hidroxilases [PHD (Prolil hidroxilase) e FIH (inibidor da via do HIF)] que atuam como sensores de oxigênio; e de um alvo regulado positivamente pela via do HIF [PDK (Piruvato Desidrogenase Quinase)], espera-se iniciar a caracterização funcional desta via em células BME26 (RT-qPCR e silenciamento gênico por RNAi). Adicionalmente, a pesquisa em bancos de dados de sequências permitiu a identificação de transcritos para as subunidades alfa e beta do HIF (HIFa e HIFb). Tanto o conteúdo de glicogênio como a eventual participação da via do HIF na expressão e/ou atividade de enzimas glicolíticas, e na função mitocondrial serão investigados. Dada a importância do metabolismo de carboidratos nas células BME26, os resultados obtidos aqui ampliam a compreensão dessa rota metabólica, e inauguram uma abordagem relativa à homeostase de oxigênio neste modelo.

Palavra-chave: Hipóxia; BME26; Metabolismo

Amblyostatina-1, primeira cistatina salivar de *Amblyomma sculptum*: alvos bioquímicos, atividade biológicas e potencial uso como vacina e imunobiológico

Wilson Santos Molari¹, Anderson de Sá Nunes^{1,2}

¹Departamento de Imunologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil.

²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (INCT-EM/CNPq), Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

O gênero *Amblyomma* compreende os carrapatos com maior abundância e distribuição no Brasil. Mais especificamente, *Amblyomma sculptum*, espécie endêmica da região sudeste, é um importante parasita de diversos vertebrados, dentre eles o ser humano. Esses carrapatos possuem grande relevância clínica devido a transmissão de patógenos como *Rickettsia rickettsii*, bactéria causadora da febre maculosa brasileira, doença com alta taxa de letalidade. Essa transmissão é facilitada pela presença de moléculas bioativas na saliva desses carrapatos que são secretadas durante o repasto sanguíneo. Algumas dessas moléculas demonstraram atividades moduladoras das respostas hemostática e imunológica no hospedeiro nos níveis celular e bioquímico, de modo a garantir que a alimentação dos carrapatos ocorra de forma bem sucedida e impedir uma rejeição por parte do vertebrado. Essas funções revelam o uso em potencial dessas moléculas para o desenvolvimento de terapias contra condições clínicas caracterizadas por exacerbação das respostas imunológicas. Conhecendo as atividades biológicas dos inibidores de protease salivares de outras espécies de carrapato, o presente trabalho se propõe a caracterizar a primeira cistatina de *A. sculptum*, batizada de Amblyostatina-1, cujo transcrito foi recentemente identificado no sialotranscriptoma da espécie. Para isso visamos determinar a estrutura tridimensional desse inibidor, determinar os alvos estruturais e bioquímicos da molécula e avaliar suas atividades utilizando modelos experimentais *in vitro* de coagulação e de culturas celulares (linfócitos, macrófagos, neutrófilos e células dendríticas). Por fim, propomos realizar uma avaliação da ação dessa molécula como imunobiológico em modelos experimentais de doença inflamatória/autoimune e testar o seu potencial para o desenvolvimento de vacinas contra carrapatos.

Palavras-chave: *Amblyomma sculptum*, Amblyostatina-1, Atividades biológicas, Imunomodulação, Inibidor de protease.

Apoio financeiro: CAPES - PROEX

BIOTECNOLOGIA

Peptídeos derivados da cistatina RHcyst-1 do carrapato *Rhipicephalus haemaphysaloides* como potenciais inibidores de catepsinas humanas envolvidas no câncer

Bruno Mayer, Rodrigo Ligabue Braun, Adriana Seixas

Universidade Federal de Ciências da Saúde de porto Alegre

As catepsinas são uma superfamília de proteases que incluem as serino proteases, cisteíno proteases e aspártico proteases. Em humanos são conhecidas 15 classes de catepsinas, as Catepsinas de A (CtsA) a H (CtsH), catepsinas K (CtsK), L (CtsL), O (CtsO), S (CtsS), V (CtsV), W (CtsW), e Z. Extensas revisões vêm sendo publicadas sobre as catepsinas e seu papel em processos celulares altamente especializados como, progressão de tumores malignos, doença de Alzheimer, osteoporose, processos inflamatórios, e inúmeras outras patologias inclusive a COVID-19. As Catepsinas têm sua atividade proteásica naturalmente controlada por inibidores proteicos da classe das cistatinas. Esses inibidores também podem ser obtidos de fontes exógenas. Na busca por novos inibidores de catepsinas, pesquisadores da Shanghai Veterinary Research Institute, demonstraram que a RHcyst-1, um cistatina derivada de carrapatos da espécie *Rhipicephalus haemaphysaloides*, possui capacidade de inibir as catepsinas L, B, C, H e S bem como a papaína. Interessantemente esta proteína se mostrou eficiente contra melanomas murinos in vivo. A descoberta de novos inibidores funcionais para as catepsinas humanas pode representar novas possibilidades de intervenção terapêutica, ainda mais se forem peptídeos de poucos aminoácidos, pouco imunogênicos e de alta afinidade. Deste modo, no presente projeto propomos o desenho racional e avaliação in vitro e in silico de peptídeos derivados da RHcyst-1 frente as catepsinas L, B, C, H, S e K proteínas com papel no desenvolvimento de metástase tumoral e em outras doenças humanas. Uma vez confirmado in vitro esse potencial inibitório dos peptídeos, pretendemos realizar estudos com células e futuramente com animais visando aplicação biotecnológica desses peptídeos sintéticos.

Palavras-chave: Cistatina, Catepsinas, inibidores de protease, câncer, fármacos biológicos.

Apoio financeiro: FAPERS, CNPq e INCT

Explorando a biologia do inseto *Galleria mellonella* para o desenvolvimento de novos agentes contra bactérias multirresistentes

Letícia Feliciani da Luz¹; Gabriela Messias Miranda Menezes²; Danielle da Silva Trentin¹

¹Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA)

²Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS)

A Organização Mundial da Saúde (OMS) estima que até 2050 mais de 10 milhões de pessoas irão morrer anualmente de infecções microbianas se a resistência aos antimicrobianos for mantida no nível atual. Agentes antivirulência têm como alvo estruturas bacterianas relacionadas à virulência e as modulam através de mecanismos de ação distintos dos antibacterianos clássicos, sendo considerados inovadores pela OMS. Produtos naturais são fonte importante de entidades químicas com propriedades anti-infectivas. Ovos de insetos ficam expostos alguns dias no ambiente após a oviposição, e estudos relatam que ovos de várias espécies de insetos são recobertos por uma camada serosa que lhes confere resposta antibacteriana de amplo espectro frente aos patógenos ambientais. Neste sentido, ainda não foi relatado como os ovos da mariposa *Galleria mellonella* (desenvolvimento holometábolo) são protegidos de micro-organismos. Antes da formação de pupa, as larvas ficam envoltas em um casulo de seda composto por proteínas com potencial antimicrobiano. Assim, ovos e casulos de seda parecem ter função protetora para *G. mellonella* contra micro-organismos. O objetivo deste trabalho é identificar compostos provenientes dos ovos e casulos de seda de *G. mellonella* com atividade antibacteriana e/ou antivirulência frente a *P. aeruginosa*, *K. pneumoniae* e/ou *S. aureus* multirresistentes, bactérias apontadas como prioridades pela OMS. Extratos provenientes de ovos e casulos de seda de insetos saudáveis e/ou desafiados com suspensões bacterianas autoclavadas serão purificados por fracionamento bioguiado até a obtenção de molécula pura ativa. A estrutura química será elucidada através de técnicas analíticas, como HPLC-MS e RMN. A avaliação da atividade antibacteriana será realizada por meio de ensaios de microdiluição em caldo, para determinação de CIM, e de contagem de colônias, para avaliação de efeito bacteriostático ou bactericida. Ensaio colorimétrico de cristal violeta e MTT serão utilizados, respectivamente, para avaliação da biomassa e viabilidade de biofilmes, os quais também serão avaliados por MEV. A sinergia entre a molécula ativa e antibacterianos clássicos frente às cepas bacterianas multirresistentes será verificado em ensaios de *checkerboard*. A identificação de moléculas bioativas, com mecanismos de ação distintos dos antibacterianos clássicos, contribuirá para o desenvolvimento de agentes inovadores no setor farmacêutico e no entendimento da biologia e fisiologia dos insetos.

Palavras-chave: *Galleria mellonella*; ovos de insetos; casulos de seda; antibacterianos; antibiofilmes; infecções multirresistentes.

Suporte financeiro: CAPES e CNPq.

CONTROLE

Investigação do perfil de suscetibilidade/resistência de *Aedes aegypti* de Belo Horizonte (Minas Gerais) aos inseticidas utilizados para o controle vetorial no Brasil

Serravite, AM¹; Andrade, PH¹; Pereira Filho, AA¹; Dias, FBS²; Moreira, LA³; Gontijo, N.F¹; Sant'anna, MRV¹; Koerich, LB¹; Pereira MH¹; Pessoa, GCD¹

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos – Departamento de Parasitologia – ICB – UFMG - Belo Horizonte/MG, Brasil.

² Fundação Oswaldo Cruz

³Mosquitos Vetores-IRR/Fiocruz Minas, Belo Horizonte/MG, Brasil.

Aedes aegypti é um vetor de grande importância em saúde pública por transmitir Dengue, Zika e Chikungunya vírus. Devido incapacidade de imunização da população a esses arbovírus, o controle vetorial assume grande importância, sendo realizado principalmente através do uso de inseticidas. Entretanto, o uso desses ativos de forma contínua e desarticulado tem selecionado populações resistentes, comprometendo o controle vetorial no campo. Nesse sentido, o objetivo desse trabalho foi avaliar a resistência de *Ae. aegypti* de Belo Horizonte aos inseticidas utilizados para o controle de mosquitos em campo (malathion, bendiocarb), ao inibidor de desenvolvimento adotado como larvicida (Pyriproxyfen), bem como a piretróides (alfacipermetrina e deltametrina). Nos bioensaios, larvas L3-L4 e adultos (fêmea, jejum, 1-5 dias) de campo foram submetidos aos inseticidas citados e lido a mortalidade 24h após exposição, de acordo com a metodologia proposta pela Organização Mundial de Saúde. A linhagem Rockefeller foi utilizada como linhagem referência de suscetibilidade (LRS). A investigação de mutações nas proteínas do canal de sódio (Val1016Ile e Phe1534Cys) associadas com a resistência a piretróides foram avaliadas através de PCR em tempo real. As populações revelaram resistência a todos os inseticidas testados, à exceção do malathion. De forma geral, pode-se observar uma diminuição de resistência em todas as larvas testadas a todos os inseticidas. Em contrapartida, os adultos de todas as populações demonstraram aumento da resistência a todos os inseticidas testados, com exceção do bendiocarb. Em relação ao pyriproxyfen, todas as populações se mostraram menos suscetíveis (mortalidade: 85,7% - 93%) quando comparadas a LRS (96,7%). A resistência a piretróides observada pode ser atribuída a alta frequência das mutações nos códons Val1016Ile e Phe1534Cys identificadas. Tendo em vista a resistência encontrada, propõe-se realizar ensaios de repelência com os inseticidas utilizados em campo de forma a avaliar o impacto que a repelência a esses compostos pode causar no controle de *A. aegypti*, bem como na influência da resistência na repelência causadas por esses compostos. Ademais, propõe-se a realização de ensaios para avaliar os fatores relacionados com a capacidade de repelência aos inseticidas, caso haja alguma. Esses resultados podem auxiliar os programas de controle de vetores, além de avaliar o impacto do uso de inseticidas na progressão da resistência em *A. aegypti*.

Palavras-chave: Culicidae, *Aedes aegypti*, Controle vetorial, Resistência a inseticida

Apoio Financeiro: UFMG, INCT-Entomologia, IRR/Fiocruz Minas, CAPES, Fapemig, CNPq,

Controle de mosquitos: Testagem de larvicidas baseados em óleos essenciais

Daisy A. Azevedo-Brito; Bruno Gomes; Fernando Ariel Genta

Laboratório de Bioquímica e Fisiologia de Insetos - Instituto Oswaldo Cruz (FIOCRUZ)

O mosquito da espécie *Aedes aegypti* é o principal vetor de arbovírus como dengue (DENV), Zika (ZIKV) e chikungunya (CHIKV) nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. A espécie é extremamente adaptada às áreas urbanas e periurbanas, tornando o seu controle um grande desafio para a saúde pública. Na ausência de vacinas e tratamento específico, a estratégia para o controle de arboviroses está direcionada especialmente para o controle do vetor. As medidas adotadas pelos programas de controle de vetores incluem o uso de inseticidas, entretanto, estes apresentam toxicidade ao meio ambiente e o uso contínuo contribui para a seleção de populações de campo resistentes. Uma alternativa de substituição dos inseticidas clássicos são os inseticidas botânicos. Inúmeros compostos de origem vegetal combinam atividade inseticida, diminuindo a probabilidade do desenvolvimento de resistência cruzada, com baixa toxicidade a vertebrados. Dentre estes, os óleos essenciais apresentam uma rica composição de metabólitos secundários/especializados que têm funções de defesa da planta e são amplamente utilizados pela indústria alimentar e cosmética/farmacêutica. A sua atividade inseticida é amplamente conhecida na literatura científica, mas sua aplicabilidade no controle vetorial é limitada devido a características dos óleos essenciais como hidrofobicidade, vulnerabilidade à degradação por raios UV, temperatura e oxidação, sendo necessária uma nova abordagem para a sua utilização. Em trabalhos anteriores do nosso grupo foi mostrada a atividade larvicida do óleo essencial de laranja encapsulado em levedura (OELE). Os resultados mostraram que o OELE obteve alta atividade ($CL_{50} < 50$ mg/mL) contra larvas de todos os estádios e em linhagens com resistência a piretroides, caracterizando a abordagem como uma promissora estratégia para controle de vetores e o OELE como eficiente larvicida e uma potencial alternativa aos inseticidas sintéticos clássicos utilizados nos programas de controle de vetores. Neste sentido, o meu projeto foca-se na testagem de novos potenciais larvicidas baseados em óleos essenciais de diferentes origens vegetais, utilizando a abordagem de encapsulamento em levedura. Para isso avaliaremos a atividade dos larvicidas em laboratório e em condições de semicampo, bem como a estabilidade e exposição dos óleos ao meio ambiente para sua aplicação e o impacto sobre o comportamento e desenvolvimento dos mosquitos.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*; inseticida; óleos essenciais; encapsulamento em levedura.
Apoio financeiro: Projeto financiado pelo “Centers for Disease Control and Prevention” (EUA) contrato #200-2017-93140.

Efeitos do 3-Bromo piruvato no mosquito *Aedes aegypti*

Isadora de Oliveira Rosa, Jorge Luiz da Cunha Moraes

O mosquito *Aedes aegypti* é classificado na ordem Diptera, família Culicidae e subfamília Culicinae, representa um dos principais problemas de saúde pública, sendo vetor de diversas arboviroses, como dengue, Zika e chikungunya. Possuem porte pequeno e corpo delgado, são holometábolos com metamorfose completa no seu ciclo de desenvolvimento, no qual passam pelas fases de ovo, larva (4 instares), pupa e adulto. A droga 3-Bromo Piruvato tem sido utilizada em vários organismos com o intuito de estudar o metabolismo e a ação dessa droga sobre eles. Inicialmente, o 3-Bromo-Piruvato (3BrPA) foi caracterizado em células de carrapato, onde inibiu ou afetou diversas enzimas de diferentes vias metabólicas como a hexocinase, triose fosfato isomerase, complexos respiratórios e a glutamato desidrogenase. Nota-se que o 3-BrPA é um agente alquilante com alta afinidade para resíduos de Cisteína fazendo uma ligação covalente e tornando-se um inibidor inespecífico. Em nossos resultados identificamos que o 3-Bromo Piruvato, em baixas concentrações (10 μ M), é capaz de ter severa ação larvívica contra o mosquito *Aedes aegypti*. Pretendemos mapear os alvos moleculares da ação do 3-Bromo Piruvato, medindo a atividade de importantes enzimas do metabolismo da glicose e da cadeia transportadora de elétrons no mosquito *Aedes aegypti*. Inicialmente, monitoramos a atividade da enzima lactato desidrogenase (LDH) e observamos que o 3-BrPA(10 μ M) foi capaz de inibi-la. Neste sentido, estamos realizando o ancoramento molecular (docking) entre a LDH e o 3-BrPA. Com o intuito de propor novos compostos como ferramentas de combate ao vetor *Aedes aegypti*, investigaremos os efeitos do 3-Bromo Piruvato na proliferação, sobrevivência e morfologia nas diferentes fases de metamorfose do mosquito *Ae. Aegypti*.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*; 3-Bromo Piruvato

Apoio financeiro: CNPq

Área em que se adequa: Bioquímica

Óleos essenciais como larvicidas ambientalmente amigáveis para controle de mosquitos

Jean Paulo dos Santos Costa¹, Ivy Hurwitz², Fernando Ariel Genta^{1,3}, Bruno Gomes¹

¹Laboratório de Bioquímica e Fisiologia dos Insetos – IOC / FIOCRUZ, RJ, BR.

²University of New Mexico Health Sciences Center, CGH, Albuquerque, NM, USA

³Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular, RJ, BR.

O mosquito *Aedes aegypti* é o principal vetor das arboviroses que provocam a dengue, a chikungunya e a Zika. No controle do *A. aegypti*, os inseticidas químicos têm um papel importante, sendo utilizados pelos programas de controle e a população. No entanto, a emergência de resistência aos inseticidas nos mosquitos tem levado a uma diminuição de eficiência destes compostos. O desenvolvimento de produtos alternativos com ação inseticida e baixo custo são essenciais para diversificar as estratégias de controle. Este trabalho tem como objetivo principal caracterizar potencialidade de alguns óleos essenciais no manejo de fontes larvais (MFL), e identificar um novo OE com propriedades larvicidas para aplicar no processo de encapsulamento com levedura otimizado pelo consórcio do projeto com OE de laranja. Nos ensaios para determinar concentrações letais (CL), nós usamos nove concentrações de OE e dois controles negativos (com água e etanol), com quatro réplicas técnicas de 25 larvas L3 por cada concentração. Mortalidade foi verificada 24h após o início do ensaio. Os ensaios foram realizados com dois volumes finais diferentes (*i.e.* 25 ml e 100 ml). Todos os óleos essenciais testados (laranja doce, copaíba, cravo, funcho doce, hortelã-pimenta) apresentaram atividade larvicida contra *A. aegypti*, contudo esta atividade variou entre cada óleo essencial. De acordo com a classificação de Dias e Moraes (2014) sobre óleos essenciais nos ensaios realizados, o óleo de copaíba é considerado muito ativo e os demais são ativos, indicando que todos os óleos testados podem ser considerados para encapsulamento.

Palavras-chave: Óleos essenciais, *Aedes aegypti*, larvicidas, mosquitos.

Apoio Financeiro: CNPq, CDC (contrato #200-2017-93140).

Bioinseticida a partir de rejeitos de biomassas: uma nova vertente no controle da praga aviária *Alphitobius diaperinus*

Lucca Correa Viana de Oliveira

Universidade Federal Fluminense

Há muito tempo a produção de alimentos desempenha um papel de grande importância na economia brasileira. Entretanto, a produtividade do país no setor ainda é inferior em comparação aos países desenvolvidos onde a biotecnologia é parte integrante da agropecuária. Nesse sentido, pesquisas científicas cresceram no Brasil nos últimos anos, sendo estas focadas em estudos e pesquisas direcionadas ao seguimento. Um dos grandes problemas deste setor são as pragas e parasitas. A indústria química comercializa produtos cada vez mais eficientes e com maior poder residual na tentativa de controlar esses indivíduos, mas que a longo prazo não apresentam um bom custo-benefício. Neste contexto, o presente trabalho propõe a utilização do processo de pirólise de diferentes rejeitos agroindustriais (biomassas) como metodologia alternativa para a obtenção de formulações inseticidas com foco no controle da praga avícola *Alphitobius diaperinus*, a maior praga avícola do mundo. Sendo nosso grupo pioneiro, e em 2021 já com uma patente verde, a primeira da UFF, concedida pelo INPI, (CARTA PATENTE Nº BR 102019007434-5, expedida 30/03/2021), sobre uma nova formulação biocida com produtos a partir de pirólise, este trabalho irá continuar aprimorando os produtos desta patente a fim de procurar novas biomassas que propiciem uma atividade inseticida. Também será realizado um teste de ecotoxicidade com o organismo não-alvo *Galleria mellonella* – um lepidóptera muito utilizado em testes *in vivo* – a fim de descobrir o comportamento dos líquidos de pirólise na produção avícola e também no consumidor final das aves de corte.

Palavras-chave: *Alphitobius diaperinus*; controle de pragas agrícolas; pirólise; *Galleria mellonella*

Apoio financeiro: CAPES

Avaliação de estação de isca açucarada tóxica (TSB) para o controle de *Aedes aegypti* no campus José Ribeiro Filho da Universidade Federal de Rondônia

Mirilene Mendes Martins¹; Alyne Cunha Alves Dias¹; Moreno Magalhães de Souza Rodrigues²; Genimar Rebouças Julião²; Alexandre de Almeida e Silva¹

¹Programa de Pós-graduação em Biologia Experimental, Fundação Universidade Federal de Rondônia; ²FIOCRUZ RONDÔNIA; ²Laboratório de Entomologia Médica da FIOCRUZ RONDÔNIA.

Aedes aegypti é uma espécie pertencente a ordem Diptera, família Culicidae e subfamília Culicinae. É um importante vetor, transmitindo diversas arboviroses importantes para saúde pública no Brasil. Além da importância vetorial, esse mosquito atualmente vem apresentando cada vez mais resistência a inseticidas. Diante disso, Estações de Iscas (EI) para aplicação de Isca Açucarada Tóxica (TSB) tem sido usadas com sucesso para controle de mosquitos. Nessa perspectiva, a Ivermectina (IVM), um endectocida, também vem sendo investigada como um ingrediente tóxico para TSB, sendo relatada sua eficácia na literatura. Embora a TSB e EI tenham potencial para serem utilizadas em conjunto, até o presente momento não há estudos relacionados a essas metodologias no Brasil. Portanto, o objetivo desse trabalho será avaliar o efeito de uma EI impregnada com TSB de IVM em uma população de *Ae. aegypti* no Campus José Ribeiro Filho da Universidade Federal de Rondônia (UNIR). Neste estudo, será utilizada como EI a Caixa de Repouso confeccionada utilizando uma caixa organizadora preta (52x34x29) com uma abertura. No interior da Caixa de Repouso, a TSB será aplicada. Para o preparo da TSB, será utilizado sacarose 70% (açúcar + água) e IVM na concentração de 200ppm. O estudo iniciará com monitoramento de *Ae. aegypti* serão instaladas ovitrampas em blocos selecionados do Campus da UNIR de Porto Velho para avaliação do Índice de Densidade de Ovos (IDO) e o Índice de Positividade de Ovitrapas (IPO). Por meio desses dados, a área de estudo será dividida em área controle e área de intervenção. Na área de intervenção serão instaladas EIs impregnadas com a TSB em blocos selecionados e na área controle será realizado apenas o monitoramento da IDO e IPO. Por meio desse estudo espera-se obter a redução do IPO e IDO de *Ae. aegypti* e a padronização da técnica de TSB e EI como ferramentas adicionais de controle, técnica estas que apresentam vantagem econômica, além de ser de fácil manuseio, permitindo seu uso não somente pelos agentes de saúde, mas também pela população após instruções de uso.

Palavras-chave: Controle populacional, Saúde pública, Inseticida

Apoio Financeiro: CAPES, FAPERÓ, MS

Análise de organotelurídeos e sesquiterpeno como efeito carrapaticida em *Rhipicephalus microplus*

Naira Celeste da Costa Ferreira¹, Luis Fernando Parizi¹, Itabajara da Silva Vaz Junior^{1,2,3}

¹Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande de Sul, Brasil.

²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular (INCT-EM), Brasil.

³Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande de Sul, Brasil

Os carrapatos afetam populações humanas e animais e transmitem uma variedade de patógenos dentre eles *Babesia bovis*, *Anaplasma marginale*, *Theileria parva* entre outros. *Rhipicephalus microplus* é um dos mais importantes ectoparasitas hematófagos de bovinos que causa anemia, redução do peso do animal e a diminuição de carne e produção de leite. No Brasil, as perdas associadas ao carrapato bovino podem atingir aproximadamente 3,24 bilhões de dólares por ano. O método mais comum para o controle do carrapato é o uso de acaricidas sintéticos, porém o uso indevido e excessivo desses produtos acelerou a seleção de populações de carrapatos resistentes. Visando a busca pelo controle de carrapatos o principal objetivo desse estudo é testar se moléculas das famílias de organotelurídeos e sesquiterpenos possuem ação carrapaticida. Para isso faremos testes de imersão de fêmeas teleógenas em solução com os compostos de organoteluríos e sesquiterpeno para analisar se há morte ou diminuição da oviposição das teleógenas. Após testaremos os efeitos das moléculas nos carrapatos através da análise da atividade de enzimas relacionadas à resposta ao estresse oxidativo que estas moléculas podem causar no carrapato são elas: Glutathione S transferase (GST), peroxidase (GPX) e superóxido dismutase (SOD). Os resultados obtidos nesta pesquisa servirão como base para uma possível alternativa de carrapaticida baseado em organomoléculas,

Palavras-chave: Controle, organomoléculas, Carrapaticida,

Suporte financeiro: CNPq

Utilização de metabólitos microencapsulados de alga marinha no controle de mosquitos

Orlando Salvador Neto

Instituto de Sustentabilidade e Biodiversidade - UFRJ

As doenças negligenciadas sempre foram alvo de pesquisas acadêmicas, porque acometem grande parte da população mundial e como o próprio nome diz, aparentemente, não possuem a devida atenção por parte dos governos mundiais. Dentre elas pode-se destacar as doenças transmitidas por mosquitos como: malária, dengue, zika, chikungunya e febre amarela. Os mosquitos são insetos classificados dentro da família Culicidae, subordem Nematocera e da ordem Diptera. Esta família possui acima de 3200 espécies descritas e tipicamente é subdividida em três subfamílias: Anophelinae, Culicinae e Toxorhynchitinae. O *Aedes* é o principal gênero de mosquitos transmissores de arboviroses da subfamília Culicinae que compreende mais de 1200 espécies. A importância do controle do vetor é fundamental, principalmente em sua fase larval, fase em que os insetos estão em uma densidade populacional maior, e o desenvolvimento de novas estratégias de controle que agredam menos o meio ambiente e atinjam menos espécies não alvo. Extratos naturais sempre foram uma alternativa para o controle de insetos. Os sesquiterpenos e terpenóides utilizados pelas plantas como defesas químicas para pragas e doenças são efetivas contra os insetos quando utilizados como inseticidas em diferentes formulações. Óleos essenciais extraídos de plantas atuam como repelentes e inseticidas naturais utilizados por toda população. O mais conhecido é o óleo de citronela utilizado, principalmente, como matéria prima para velas aromáticas e formulações em spray. A utilização de novos meios de controle é incentivada pela Organização Mundial de Saúde e como os extratos de plantas geralmente são menos tóxicos para o ambiente, animais e mais baratos para produzir, sua utilização no mercado no futuro deverá ser cada vez mais presente. A alga do estudo, possui metabólitos secundários em abundância, que são utilizados pela mesma para proteção. Estes metabólitos, cujas estruturas estão discriminadas na figura 3, são alvo de estudos em todo o mundo por seus notáveis efeitos em *Leishmania*, e células tumorais. Nosso grupo já demonstrou a eficácia dos sesquiterpenos obtidos de algas marinhas, no controle do mosquito *A. aegypti*, com índice de mortalidade de 80% de larvas em 24h com o isolado e o presente trabalho pretende realizar uma nova abordagem para os extratos em formas microencapsulados para iscas açucaradas para adultos.

Palavras-chave: Metabólitos secundários, Controle de vetores, *Aedes aegypti*, alga marinha, microencapsulado

Apoio Financeiro: Capes

Impacto dos fungos entomopatogênicos *Metarhizium anisopliae* e *Beauveria bassiana* no controle biológico de *Rhodnius neglectus*: um estudo realizado em condições de laboratório

Patricia Forli Schwartz Freire, Kaio César Chaboli Alevi; João Aristeu da Rosa

Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Entomologia em Saúde Pública, da Faculdade de Saúde Pública da Universidade de São Paulo (USP)

A doença de Chagas é uma doença negligenciada causada pelo protozoário *Trypanosoma cruzi* que afeta, aproximadamente, seis a sete milhões de pessoas em todo o mundo, resultando, todos os anos, em cerca de dez mil mortes por complicações cardíacas e digestivas. A principal forma de transmissão dessa enfermidade na América Latina é vetorial pelos triatomíneos – insetos hematófagos que tem o hábito de defecar/urinar durante ou após o repasto sanguíneo, o que resulta na liberação do parasito, caso estejam infectados –, sendo o controle de vetores a principal medida para mitigar os casos de infecção pelo *T. cruzi*. O histórico do controle dos triatomíneos no Brasil se fundamenta, principalmente, no uso de inseticidas, fazendo-se necessário o manejo integrado de pragas como alternativa para a contenção desses vetores. Entre elas, tem sido realizada a utilização de controladores biológicos, visando auxiliar no estabelecimento de estratégias racionais e eficazes de controle de artrópodes vetores, uma vez que causa baixos danos ambientais. Diversos trabalhos consideram os fungos *Beauveria bassiana* e *Metarhizium anisopliae* como patogênicos para triatomíneos, conferindo-lhes competência para o controle dos vetores da doença de Chagas. Considerando que a maioria dos testes de eficácia dos fungos entomopatogênicos em triatomíneos foram realizados em *Triatoma infestans* e *Rhodnius prolixus* e, sobretudo, que existem outras espécies que se destacam como vetores da doença de Chagas no Brasil, o presente projeto tem como objetivo principal testar a eficácia de produtos comerciais compostos pelos fungos *M. anisopliae* e *B. bassiana* no controle biológico de *R. neglectus*.

Palavras-chave: triatomíneos; doença de Chagas; fungos; biocontrole; Manejo Integrado de Pragas.

Apoio Financeiro: O presente projeto de pesquisa não terá custo, pois os insetos serão fornecidos pelo insetário da Unesp de Araraquara, e os fungos cedidos pela Koppert.

Produção de um antissoro anti-proteína inibidora de apoptose (IAP) para a avaliação do potencial vacinal contra o carrapato *Amblyomma sculptum*

Paula Eduarda Vicente da Silva, Marcelly Bastos Nassar, Andréa Cristina Fogaça

A febre maculosa brasileira (FMB) é uma doença grave que acomete o homem, sendo causada pela bactéria *Rickettsia rickettsii*, cujo principal vetor no Brasil é o carrapato *Amblyomma sculptum*. Nos últimos anos, a importância de *A. sculptum* tem aumentado, pois, além de vetor de *R. rickettsii*, essa espécie tem sido cada vez mais encontrada infestando o gado bovino, ocasionando prejuízos para a pecuária. Apesar dos efeitos nocivos dos carrapatos e dos patógenos por eles transmitidos sobre a saúde humana e animal e sobre a economia, seu controle baseia-se majoritariamente no uso de acaricidas. No entanto, os acaricidas podem contaminar o meio ambiente e os produtos derivados dos animais e destinados ao consumo humano, além de selecionar populações resistentes de carrapatos. Nesse contexto, o desenvolvimento de novas estratégias de controle de carrapatos e da FMB, tais como a identificação e caracterização de alvos vacinais, é importante. A apoptose é um processo de morte celular programada que desempenha um papel importante no controle de patógenos, uma vez que a morte da célula infectada impede a disseminação da infecção para as células adjacentes. Em um estudo anterior, identificamos a sequência codificadora (CDS) de um membro da família de proteínas inibidoras de apoptose (IAPs), que inibem a ativação de caspases executoras, no transcriptoma de *A. sculptum* (Acaj-73060). O silenciamento gênico dessa CDS mediado por RNA de interferência (RNAi), seguida da alimentação sanguínea, ocasionou taxas de mortalidade dos carrapatos próximas ou iguais a 100%, apontando a IAP como um potencial alvo para o desenvolvimento de uma vacina contra *A. sculptum*. O objetivo geral desse projeto é obter um antissoro anti-IAP Acaj-73060 para avaliar sua ação sobre o fitness dos carrapatos. Para isso, propomos como objetivos específicos: 1. obter a IAP Acaj-73060 recombinante; 2. obter o antissoro anti-IAP Acaj-73060.

Palavras-chave: IAP, vacina, carrapato, febre maculosa.

Investigação do perfil de suscetibilidade/resistência de *Aedes aegypti* de contagem, Minas Gerais aos inseticidas utilizados para o controle vetorial

Pedro Horta Andrade¹; Artur Metzker Serravite¹; Marcos Horácio Pereira; Leonardo Barbosa Koerich¹; Maurício Roberto Viana Sant'anna¹; Nelder de Figueiredo Gontijo¹; Grasielle Caldas D'Ávila Pessoa¹

¹Universidade Federal de Minas Gerais

O mosquito *Aedes aegypti* é um dos insetos vetores de maior importância médica no Brasil, sendo o transmissor de diversos arbovírus como Dengue, Zika e Chikungunya. Tendo em vista a impossibilidade de imunização contra esses patógenos, o controle vetorial se torna essencial para o manejo dessas doenças. No Brasil, o controle vetorial é feito em parte por estratégias de controle mecânico e em parte por controle químico. O controle mecânico consiste na eliminação de criadouros de larvas, já o controle químico consiste na utilização de inseticidas em áreas endêmicas. Entretanto a exposição contínua dos vetores aos inseticidas, têm selecionado espécimes resistentes, impactando de forma significativa no controle vetorial e, conseqüentemente, na incidência de tais doenças. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar o perfil de suscetibilidade/resistência de *A. aegypti* provenientes do município de Contagem, MG a diversos inseticidas. Para isso foram utilizadas larvas (L3-L4) e fêmeas de *A. aegypti* coletados das 8 regionais de saúde de Contagem, nos anos de 2019 e 2021. Foram feitos bioensaios qualitativos, onde foram testadas as eficácias dos produtos formulados adulticidas Komvektor 440EW (PF- malathion - Bayer) Alfatek 200SC (PF, alfacipermetrina), FICAM VC (PF, Bendiocarb - Bayer), Cielo (PF- praletrina + imidacloprida) e larvicida piriproxifeno, e bioensaios quantitativos foram utilizados os inseticidas de grau técnico deltametrina (GT, 99,1% de pureza - Bayer) e bendiocarb (GT, 99,1% de pureza - Bayer). Os ensaios foram feitos seguindo as diretrizes da Organização Mundial da Saúde e a linhagem Rockfeller foi utilizada como referência. Os dados obtidos estão sendo analisados utilizando o programa Pólo Plus. Também está sendo investigada a presença das mutações V1016I e F1534C nas proteínas dos canais de sódio dos vetores, por meio de PCR em tempo real. Como resultados preliminares observamos que, nas populações de 2019, todas as regionais apresentam suscetibilidade ao malathion e cielo (100% de mortalidade), resistência a alfacipermetrina (mortalidade entre 26% e 40%) e resistência a deltametrina (RR95 entre 3,2 e 5,5 em larvas e entre 60 e 81,5 em adultos). Além disso, o piriproxifen se mostrou eficiente (mortalidade > 92%) em todas as regionais, mesmo após 1 mês da aplicação.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, Resistência a inseticida, mutações kdr, Microsatélites.

Apoio Financeiro: CAPES, UFMG, INCT-Entomologia

Bioinseticida a partir de rejeitos de biomassas

França, Y.¹, Andrade, J.^{1 3}, Ventura, A.^{1 3}, Romeiro, G. A.², Folly, E.^{1 3 4}

¹Laboratório de Estudos em Pragas e Parasitos (LEPP) – Instituto de Biologia/UFF

²Laboratório de Síntese, Cromatografia e Meio Ambiente (SINCROMA)-Instituto de Química/UFF

³Programa de Pós-Graduação em Ciências e Biotecnologia - UFF

⁴Instituto Nacional de Ciências e Tecnologia – Entomologia Molecular (INCT-EM)

O Brasil é um grande produtor de grãos, considerado o 4º maior do mundo, é responsável por 7,8% da produção total de arroz, cevada, soja e milho do mundo. Dentre os fatores de deterioração em um lote de grãos, os insetos estão entre os agentes de degradação mais frequentes. Além da contaminação do produto com dejetos e fragmentos, os insetos praga podem reduzir de 10% a 20% o peso dos grãos no pós-colheita, levando à depreciação comercial. O investimento nesse controle junto aos prejuízos causados pelos insetos praga gira em torno de bilhões de dólares por ano, ocasionando a utilização indiscriminada de produtos químicos, os quais vêm provocando grandes danos aos ecossistemas. Aliado a isso, a produção agroindustrial gera toneladas de resíduos todos os anos, e grande parte dessa biomassa gerada não recebe tratamento adequado. A utilização de produtos de termoconversão surge então como uma alternativa para a produção de compostos bioativos e sustentáveis, a partir desses rejeitos de biomassa. Em vista disso, o presente estudo visa avaliar o potencial inseticida de produtos de termoconversão de rejeitos de biomassa, frente aos insetos praga de grão armazenados *Sitophilus zeamais* (praga primária) e *Tribolium castaneum* (praga secundária), através de testes de contato e fumigação. Os resultados dos ensaios que avaliaram efeito inseticida dos produtos de termoconversão demonstram que os produtos de pirólise apresentam ação inseticida fumigante contra *S. zeamais* com mortalidade de 100% e *T. castaneum*, apresentando 85,7% de mortalidade. Revelando informações sobre o potencial biotecnológico dos produtos de termoconversão, e sua utilização para o desenvolvimento de novos inseticidas como a alternativa ao uso de pesticidas sintéticos.

Palavras-chave: *Sitophilus zeamais*, *Tribolium castaneum*, termoconversão, praga de grãos armazenados, bioinseticida.

Apoio financeiro: CAPES, CNPQ, PROPPI (UFF).

COMPORTAMENTO

Avaliação da atividade locomotora do vetor da malária, *Anopheles darlingi* (Diptera: Culicidae), em condições de laboratório

Alessandra da Silva Bastos^{1,2}; Alice Oliveira Andrade²; Najara Akira Costas dos Santos^{1,2}; Jansen Fernandes Medeiros^{1,2}; Maisa da Silva Araújo²

¹Programa de Pós-graduação em Biologia experimental – PGBIOEXP/UNIR/FIOCRUZ RONDONIA;

²Plataforma de Produção e Infecção de Vetores da Malária – PIVEM, Laboratório de Entomologia da FIOCRUZ RONDONIA.

A atividade locomotora dos mosquitos apresenta periodicidade circadiana e corresponde a comportamentos relacionados ao ciclo de vida e transmissão de patógenos. Aqui, avaliou-se o efeito da inseminação, do repasto sanguíneo e da infecção por *Plasmodium vivax* na atividade locomotora do *Anopheles darlingi*. Nos experimentos foram utilizadas fêmeas da espécie *An. darlingi* da PIVEM/FIOCRUZ RO. Os grupos foram: fêmeas não inseminadas (NINS) e inseminadas (INS); fêmeas NINS e INS sem e com repasto sanguíneo (NINS SRS x NINS CRS; INS SRS x INS CRS); fêmeas alimentadas com amostra sanguínea de doadores com malária (*P. vivax*⁺); e fêmeas alimentadas com uma alíquota da amostra submetida a inativação dos parasitas (42°C por 30 min) (*P. vivax*⁻). O repasto foi realizado através do alimentador artificial Hemotek®. O monitoramento da atividade ocorreu no equipamento Flybox, com fotoperíodo LD (12h:12h). Os grupos NINS, INS, com e sem repasto, foram introduzidos após o 6º dia de vida; e os grupos *P. vivax*⁺ e *P. vivax*⁻ após dez dias do repasto. Imagens obtidas com o software WebCan Image Save (v.1.11) foram convertidas em vídeo e a atividade locomotora quantificada através do PySoLo (v1.1) e analisados a periodicidade, ritmicidade no MatLab® (v.R2015b). Os testes T Student e Mann Whitney foram aplicados para comparar a atividade locomotora média entre os grupos durante três dias nos períodos: 24h, diurno e noturno; e no ZT0 e ZT12. A periodicidade circadiana foi próxima de 24h e a ritmicidade acima de 50%. No geral, a atividade locomotora apresentou padrão bimodal, com um pico principal noturno (ZT12) e um secundário diurno (ZT0). Ao comparar os estados de inseminação, foi registrado redução na atividade do grupo INS no ZT12 dos dois primeiros dias e no período diurno do terceiro dia em relação ao NINS. A atividade do grupo NINS CRS foi reduzida nos períodos de 24h, noturno e ZT12 dos dois primeiros dias de análise, no primeiro período diurno e no ZT0 dos três dias de análise, retornando para uma atividade semelhante ao NINS SRS no terceiro dia. Para o grupo INS CRS houve redução na atividade dos períodos de 24h, diurno e noturno do primeiro e terceiro dia, e no ZT0 e ZT12 dos três dias de análise em relação ao INS SRS. No grupo *P. vivax*⁺ a atividade foi reduzida no período diurno do primeiro e segundo dia. Concluímos que, assim como outros vetores do gênero, o *An. darlingi* apresenta hábitos noturnos e que condições fisiológicas influenciam a atividade locomotora.

Palavras-chave: atividade locomotora; *Anopheles darlingi*; ritmo circadiano; repasto sanguíneo, inseminação.

Agências Financiadoras: CAPES, CNPq, FAPERO, Fundação Bill & Melinda Gates.

Silenciamento genético do co-receptor receptor de odorante (orco) em *Aedes aegypti* para análise do comportamento sexual

Cindy Megumi Kimura, Diego Alonso Peres e Paulo Eduardo Martins Ribolla

Filiações institucionais: UNESP, IBTEC (Instituto de Biotecnologia)

Arbovírus são vírus caracterizados pela sua veiculação através de artrópodes hematófagos. Estes patógenos são responsáveis por doenças infecciosas nomeadas de arboviroses, importantes patologias que afetam a população brasileira. Um fator importante que ocasiona a alta incidência das doenças é o sucesso reprodutivo dos vetores, assim, compreende-se que o cortejo e o acasalamento dos mosquitos são processos fundamentais para sua manutenção. Para que estas interações ocorram, há um complexo mecanismo de comunicação química envolvida entre os parceiros, sendo de notável destaque os feromônios, os quais são detectados mediante receptores quimiossensoriais, incluindo as proteínas Receptoras de Odor (OR), que se compõem de um co-receptor de receptor olfativo (orco) e uma subunidade receptora olfativa variável. Desta forma, o objetivo deste projeto é compreender o papel do co-receptor de receptor olfativo (orco) no comportamento sexual de cortejo e acasalamento em *Aedes aegypti*. Para isto, o perfil de expressão de orco foi monitorado nos diferentes estágios de desenvolvimento de *Aedes aegypti*. Observa-se crescimento de sua expressão com o desenvolvimento larvário. Há também diferenças na sua expressão relacionadas ao sexo em pupas e adultos. A alimentação de larvas L1 com shRNA complementar ao gene orco reduziu sua expressão em relação ao controle. Diante destes resultados, compreende-se que este gene é um interessante alvo para controle populacional de *Aedes aegypti*.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, acasalamento, RNA interferência e orco

Agências Financiadoras: FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo)

Determinando parâmetros de saúde para quantificar tolerância de *Aedes aegypti* infectados com arbovirus.

Diego Novak; José Henrique M. Oliveira

Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC

Centro de Ciências Biológicas - CCB

Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia - MIP

Laboratório de Imunobiologia - LIM

Os mosquitos são vetores de arbovírus de importância médica. Uma característica da interação mosquitos - vírus é que a infecção e proliferação viral não gera forte impacto na homeostase e adaptabilidade do inseto infectado. Esse fenômeno é chamado de tolerância à doenças. Nosso grupo tenta desenvolver métodos para quantificar a tolerância viral em *Aedes aegypti* infectado com o vírus Dengue. Neste trabalho medimos o impacto da infecção na atividade de voo induzida (Induced-flight capacity - INFLATE), desenvolvida por Gaviraghi e Oliveira (2020 - <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2020.104098>). Nas condições experimentais testadas, não observamos redução na atividade de voo induzida em mosquitos infectados com o vírus Dengue 4.

Palavras-chave: Mosquito; *Aedes aegypti*; Vetor; Dengue; Voo; Tolerância.

Apoio financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ

Atividade locomotora de *Culex quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae) em condições de laboratório.

Marcela Mori Menzato¹; Tamara Nunes de Lima Camara²

¹Universidade de São Paulo, Faculdade de Saúde Pública, Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública, São Paulo, SP, Brazil.

²Universidade de São Paulo, Faculdade de Saúde Pública, Departamento de Epidemiologia, São Paulo, SP, Brazil.

A atividade locomotora de mosquitos vetores tem sido estudada com o objetivo de melhor compreender seus comportamentos e traçar estratégias de controle mais eficientes para reduzir a disseminação de patógenos. *Culex quinquefasciatus* é um mosquito caracterizado pela ampla distribuição geográfica, antropofilia e elevada presença em ambientes urbanos, apresentando competência vetorial para diversos patógenos, como as filárias causadoras da Filariose Bancroftiana e o arbovírus *West Nile* (WNV). Apesar de sua importância médica, pouco é sabido sobre a atividade locomotora desse mosquito vetor. O presente trabalho tem como objetivo avaliar a atividade locomotora de *Cx. quinquefasciatus* em diferentes condições fisiológicas, comparando machos, fêmeas virgens e fêmeas inseminadas não alimentadas com sangue e fêmeas virgens e fêmeas inseminadas e alimentadas com sangue. Os resultados desse projeto fornecerão importantes informações acerca da atividade locomotora dessa espécie, que poderão auxiliar nas estratégias de controle desse mosquito vetor.

Palavras-chave: *Culex quinquefasciatus*, ritmo circadiano, comportamento.

Apoio financeiro: CAPES

ECOLOGIA

Plásticos derivados de hidrocarbonetos: progresso e perspectivas no consumo e biodegradação por larvas de insetos

Andressa Pivato¹; **Gabriela Messias²**; Jeane Lima²; Rosane Ligabue²; Janira Prichula¹; Adriana Seixas¹; Danielle Trentin¹

¹Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA);

²Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS).

Plásticos são materiais poliméricos produzidos a partir de derivados do petróleo que possuem propriedades e características muito atraentes para vários setores industriais. Por consequência disso, há uma grande demanda para o consumo destes materiais em vários lugares do mundo. No entanto, pelo menos 100 milhões de toneladas de plásticos são depositados anualmente na natureza, devido ao descarte incorreto e gerenciamento inadequado dos resíduos plásticos, principalmente daqueles considerados de uso único e descartáveis. Desde 2010, vários estudos tem reportado o potencial de larvas de insetos em biodegradar diferentes tipos de plásticos, com velocidade de biodegradação mais alta do que as já descritas para microrganismos. Nosso grupo de pesquisa publicou recentemente um artigo de revisão que compila todos os estudos sobre o consumo e biodegradação de plásticos derivados de hidrocarbonetos (particularmente PE, PS, PP e PVC) por larvas de insetos coleópteros e lepidópteros publicados na literatura até dezembro de 2021. Insetos da ordem Coleoptera parecem ter uma melhor adaptação para a biodegradação de PS, enquanto insetos da ordem Lepidoptera para PE. *Tenebrio molitor* biomineraliza PE e PS a CO₂ e PVC a HCl; enquanto *Tenebrio obscurus* e *Zophobas atratus* convertem PE e PS a CO₂, respectivamente. A biodegradação de plásticos por *T. molitor* demonstra ser dependente da microbiota larval, exceto para o PE. Perfis similares de biodegradação de PE e PS foi apresentado por *T. obscurus*. A biodegradação de PS, PP e PE por *Z. atratus* também é reportada ser dependente da microbiota. Para *Galleria mellonella*, o papel da microbiota larval na biodegradação de PE ainda é controverso, mas a metabolização de PS foi constatada ser independente da microbiota. No entanto, a biomineralização de plásticos pelas larvas de *G. mellonella* ainda não foi determinada. Avanços nesta área de pesquisa tem estimulado novos estudos com outras espécies de insetos, porém há a necessidade de ser melhor explorado o processo de biodegradação por estes animais. Investigar, descobrir e entender os processos químicos por trás da capacidade inata de larvas de insetos em consumir e biodegradar plásticos são etapas necessárias para o desenvolvimento de novas soluções biotecnológicas inovadoras e sustentáveis para o desafio complexo do gerenciamento de resíduos plásticos.

Palavras-chaves: Plásticos derivados de hidrocarbonetos, biodegradação, larvas de insetos, microbiota larval, gerenciamento de resíduos.

Suporte financeiro: Instituto Serrapilheira e CAPES.

O papel da metalotioneína: adaptação de larvas de *Lutzomyia longipalpis* a substratos ricos em metais pesados

Camila de Paula Dias^{1,2}, Marcos Horácio Pereira³, Nelder Figueiredo Gontijo³, Alexandre Reis Barbosa^{1,4}, Sérgio Pontes Ribeiro^{1,2,3}

¹ Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP); ² Laboratório de Ecologia do Adoecimentos e Florestas – LEAF, Departamento de Biodiversidade, Núcleo de Pesquisas em Ciências Biológicas, UFOP; ³ Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos – LFIH, Departamento de Parasitologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais; ⁴ Laboratório de Imunopatologia – LIMP, Departamento de Análises Clínicas, UFOP.

A metalotioneína (MT) é uma proteína não enzimática, de baixo peso molecular (6-7kDa), com 20 a 300 aminoácidos, rica em cisteína e participa de respostas protetoras ao estresse oxidativo e desintoxicação de metais pesados por ligação a estes metais. A MT apresenta um papel importante no processo de adaptação à exposição metálica. No entanto, pouco se sabe sobre esta função adaptativa para sobrevivência e invasão de novos habitats por insetos vetores de doenças. O rompimento da barragem de Fundão despejou 62 milhões de tonelada de rejeitos semissólidos ao longo de toda Bacia do Rio Doce. E pode ter criado ambientes favoráveis ao desenvolvimento de *Lutzomyia longipalpis* (Flebotominae) devido a deterioração das margens dos rios e suas matas ciliares. Esta espécie é adaptada a ambientes degradados e, atualmente, mais frequentes em zonas suburbanas do que em florestas naturais. O *L. longipalpis* é o principal vetor da leishmaniose visceral em Minas Gerais. A leishmaniose visceral é considerada uma das endemias de maior relevância no mundo pela OMS e classificada como uma doença tropical negligenciada. O objetivo deste trabalho é verificar se a expressão de MT resulta em uma adaptação para imaturos de *L. longipalpis* a ambientes ricos em metais pesados. Para isso, imaturos em estágio larval 3 de *L. longipalpis* foram criados com ração contaminada com quatro concentrações distintas de cobre (20mg/kg, 100mg/kg, 200mg/kg e 400mg/kg) para análise de sobrevivência. Para análise da transcrição da MT, será realizado RT-qPCR com o RNA extraído de larvas criadas nas mesmas condições. O resultado mostrou que não há diferença no tempo de desenvolvimento entre estádios em relação aos indivíduos criados no substrato controle (ração sem metais) e as quatro concentrações de cobre testadas. Em relação ao número total de indivíduos que chegaram a fase adulta, também não houve diferença entre os tratamentos. Este resultado indica haver mecanismos envolvidos na imobilização ou desintoxicação do cobre. Apesar do cobre ser um elemento essencial a todos os seres vivos, a sobrevivência poderia ser afetada pela superexposição a este metal. Entretanto, a homeostase para o cobre pode ter sido controlada pela atividade da MT e favorecido a viabilidade e desenvolvimento larval. Os dados moleculares para MT poderão demonstrar se há maior expressão desta proteína em indivíduos criados na presença de cobre.

Palavras-chave: toxicologia, cobre, metalotioneína, rejeito de mineração, desintoxicação
Apoio financeiro: CAPES, UFOP, UFMG, FAPEMIG

Consumo de materiais poliméricos odontológicos por larvas de *Galleria mellonella*

Cloé Dagnese Loredo¹; Isadora Oliveira e Silva¹; Andressa Pivato¹; Gabriela Messias Miranda Menezes²; Danielle Trentin¹

¹Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA);

²Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS).

Atualmente, o Brasil ocupa o 4º lugar no ranking mundial dos maiores produtores de lixo plástico. O descarte incorreto destes materiais causa muitos danos ambientais e sociais, e por isso busca-se alternativas sustentáveis para gerenciamento de resíduos. Curiosamente, larvas de *Galleria mellonella* se alimentam e digerem a cera de abelha no meio ambiente de forma inata. Materiais plásticos utilizados na fabricação de dispositivos odontológicos, como o polimetilmetacrilato (PMMA) e o poliuretano (PU), são quimicamente semelhantes à cera. Os objetivos deste trabalho são (i) verificar se larvas de *G. mellonella* consomem resíduos poliméricos odontológicos (PMMA e PU), cuja estrutura química foi confirmada por Espectroscopia de Infravermelho com Transformada de Fourier (FTIR); (ii) se há a preferência entre 3 diferentes materiais, em forma de fragmento e pulverizados, avaliando a influência do estado físico ou da composição química do polímero no consumo; (iii) determinar a taxa sobrevivência dos animais e o percentual de perda de peso (% WL); (iv) verificar se larvas da 2ª geração obtidas a partir daquelas que se alimentam com material polimérico são mais aptas a biodegradar os diferentes substratos. Para isso, 20 larvas (≈150 mg) serão alimentadas individualmente por 5 dias, com PMMA e PU desinfetados com álcool 70%, preparados em mixer, de forma fragmentada e pulverizadas. Casulos e fezes de larvas submetidas a dieta laboratorial, cera de abelha estéril e aos resíduos plásticos, bem como de larvas em jejum serão analisados por FTIR. O consumo dos substratos e %WL das larvas será controlado diariamente através de balança analítica. A 2ª geração de larvas será alimentada com o substrato mais consumido pela 1ª geração, com a finalidade de comparar a facilidade de biodegradação e perda de peso do animal. Foi observado que larvas de 1ª geração apresentam preferência em consumir PU flexível e rígido (28,24% e 16,67%) ao invés de PMMA (3,55%), ambos pulverizados. No entanto, quando os materiais foram fragmentados, as larvas preferiram consumir PU flexível (6,1%), PMMA (0,28%) e PU rígido (0,13%). Tais dados evidenciam uma forte correlação entre preferência de composição química e tamanho do substrato. Portanto, o entendimento do processo de biodegradação envolvido na digestão de PU e PMMA por larvas de *G. mellonella* contribuirá para o desenvolvimento de soluções biotecnológicas para o gerenciamento de resíduos odontológicos e hospitalares.

Palavras-chaves: *Galleria mellonella*, resíduos odontológicos, polimetilmetacrilato, poliuretano, plástico, biodegradação.

Suporte financeiro: Instituto Serrapilheira, UFCSPA - PIBIC/CNPq.

Dinâmica evolutiva e competência vetorial em populações de *Ae. albopictus* do Brasil

Gabriel Joventino do Nascimento¹, Luciano Veiga Cosme², Adalgisa Caccone², Ademir de Jesus Martins Junior^{1,3}

¹Laboratório de Fisiologia e Controle de Artrópodes Vetores, Instituto Oswaldo Cruz/FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brasil

²Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, New Haven, United States of America

³Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular, Rio de Janeiro, Brasil

O mosquito *Aedes albopictus*, originário do continente asiático, é uma das mais bem sucedidas espécies invasoras pelo mundo, com importância sanitária devido à transmissão de diferentes arbovírus. Apesar de *Ae. albopictus* não ser considerado o vetor dos principais arbovírus no Brasil, tem desempenhado um importante papel para a manutenção dos vírus no ambiente, principalmente através da transmissão vertical. Além disto, sua plasticidade ecológica representa um alto fator de risco para a introdução de arbovírus selváticos em áreas urbanas. Sua chegada no Brasil é recente, de forma que estudos sobre a genética das populações de *Ae. albopictus* são importantes para conhecermos sua história evolutiva, suas origens imigratórias e pontos de introdução, bem como suas rotas e fluxo migratório dentro do país. Portanto, neste projeto propomos avaliar a estrutura genética e o fluxo gênico em populações brasileiras de *Ae. albopictus*, de forma altamente detalhada, através da análise de milhares de marcadores de polimorfismo de base única (SNPs), espalhados por todo o genoma da espécie. Variáveis da paisagem natural e urbana serão utilizados para contribuir com o entendimento da estruturação encontrada. Uma vez determinados grupos de populações geneticamente distintos, elencaremos algumas localidades para avaliar a diversidade genética de amostras de *Ae. albopictus* coletadas em uma transecção entre a borda da mata e o centro urbano. Além disso, através de infecção experimental em laboratório, determinaremos a taxa de infectividade e de transmissão vertical de arbovírus da febre amarela e da dengue. Os resultados deste projeto serão de grande relevância para o conhecimento da biologia e para estratégias de controle deste potencial (ou iminente) vetor de arbovírus no país.

Palavras-chave: Ecologia de Insetos vetores, *SNP chip*, Genética de populações, Competência vetorial, *Aedes*

Agências financiadoras: FAPERJ, CNPq e INCT em Entomologia molecular.

EMBRIOGÊNESE

Explorando as relações entre atividade mitocondrial e a via de dpp na padronização do embrião de *Drosophila melanogaster*

Camila Gatti Corrêa¹, Daniel Bressan de Andrade¹, Marcus Fernandes de Oliveira²,
Helena Maria Marcolla Araujo¹.

¹Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

²Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro.

Bone Morphogenetic Proteins (BMPs) são um grupo de moléculas de sinalização pertencentes à superfamília de proteínas Transforming Growth Factor beta (TGF- β), que desempenham diversas funções em organismos multicelulares. Entre elas, agem como morfógenos importantes para o estabelecimento de padrões de expressão gênica durante a embriogênese, ovogênese e metamorfose. Em *Drosophila*, o gradiente de concentração da BMP codificada por *decapentaplegic* (*dpp*) apresenta alta pleiotropia espacial e temporal. Durante o desenvolvimento, sua sinalização maternal é responsável, sobretudo, por atuar de forma precoce no estabelecimento de domínios de expressão gênica no embrião, afetando seu futuro padrão dorso-ventral. Um *screening* realizado anteriormente por nosso grupo sugere uma possível influência de *dpp* no metabolismo mitocondrial. Neste *screening*, a fim de evidenciar os mecanismos de ação de *dpp*, 19 linhagens homozigotas letais que interagem com *dpp* foram testadas no intuito de averiguar sua interação com a sinalização maternal de *dpp* na embriogênese. Ao cruzarmos estas linhagens com fêmeas contendo uma duplicação de *dpp* materno e heterozigota para deleção de *dorsal* (*Dp(dpp)/+;dl-/+*), dois genes com funções mitocondriais foram identificados interferindo na função de Dpp, o *coproporphyrinogen oxidase* (*coprox*) e o *cytochrome b5* (*cyt-b5*), ambos relacionados à heme. O gene *ferritin 2 light chain homologue* (*Fer2LCH*), necessário para a homeostase do ferro, também foi detectado. Portanto, este projeto propõe investigar possíveis relações entre a atividade mitocondrial e a sinalização maternal de *dpp* em *D. melanogaster* em etapas precoces do desenvolvimento. Para tal, serão coletados embriões em estágios iniciais provenientes de mães mutantes de perda de função para componentes da via de Dpp nos ovários. Esses embriões terão a expressão maternal de *coprox*, *cyt-b5* e *Fer2LCH* medida por meio da transcrição reversa seguida por reação em cadeia da polimerase quantitativa (RT-qPCR), assim como sua heme dosada através do método de piridina alcalina. Com isso, espera-se uma alteração significativa em componentes do metabolismo celular em embriões mutantes para componentes da via de Dpp em relação ao controle. Em suma, propomos explorar a abrangência e as formas desta ação de *dpp* utilizando tecnologias associadas a ensaios de interação gênica para compreendermos seu papel no metabolismo.

Apoio financeiro: bolsa PIBIC-UFRJ/ CNPq e FAPERJ.

Palavras-chave: BMPs; Mitocôndria; Ferro; Metabolismo; Embriologia

Caracterização do papel das isoformas mitocondrial e citosólica de PEPCK em células embrionárias de *Aedes aegypti*, sob restrição nutricional.

Maria Lima¹, Cintia Lopes¹, Christiano Calixto¹, Carlos Logullo¹.

¹Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis/UFRJ, RJ-Brazil

O mosquito *Aedes aegypti* é um vetor de doenças como dengue, chikungunya, zika e febre amarela e é responsável por um grande número de mortes humanas no Brasil. A transmissão ocorre a partir do repasto sanguíneo de um hospedeiro infectado. Apenas as fêmeas se alimentam de sangue, que possui aminoácidos, essenciais para o amadurecimento dos ovos. Esta dieta, rica em aminoácidos, sugere uma adaptação muito peculiar envolvendo a gliconeogênese como via mantenedora do controle glicêmico no desenvolvimento deste mosquito, principalmente em seu estado de latência. Os ovos são colocados ligeiramente próximos ao nível da água e assim que este nível sobe, seja pela chuva ou outro fator, cobrindo-os, eles eclodem e as larvas emergem. Estas larvas, então, passam por quatro estádios larvais até a fase de pupa, onde emergem adultos alados que podem acasalar e recomeçar o ciclo. Desse modo, na presença de água o ovo ao fim da embriogênese eclode, mas na ausência desta, o organismo precisa aguardar mesmo com baixas reservas energéticas e elevadas taxas metabólicas, afirmando que a ressíntese de glicogênio é necessária ao final da embriogênese de muitos artrópodes, como o *Aedes Aegypti*, que entra em um estado hipometabólico como a diapausa ou quiescência, ao término do processo embrionário. Dados prévios são capazes de demonstrar a importância do metabolismo de carboidratos durante a embriogênese e a resistência à dessecação dos ovos em *Ae. aegypti*. A fosfoenolpiruvato carboxiquinase (PEPCK) é uma liase que catalisa uma das etapas irreversíveis da via gliconeogênese, promovendo a descarboxilação e fosforilação do oxaloacetato à custa de um GTP e foi observado previamente um aumento na atividade de PEPCK durante a embriogênese, sugerindo a ativação da via gliconeogênese. Observou-se ainda que, como outros eucariotos, *Ae. aegypti* possui uma isoforma mitocondrial PEPCK(M) e uma isoforma citosólica PEPCK (C). Os perfis transcricionais de ambas isoformas sugerem que o mRNA da PEPCK (C) é transmitido maternalmente, enquanto a PEPCK(M) é expressa apenas pelo zigoto (Renato Martins et. al). Além disso, foi realizada uma caracterização estrutural que demonstrou que a isoforma mitocondrial PEPCK(M) possui uma região de maior hidrofobicidade na região amino-terminal sugerindo uma possível associação com a membrana mitocondrial. Desse modo, há um interesse em avaliar o metabolismo de carboidratos em células embrionárias de *Ae. aegypti* (Aag2) durante jejum e mediante o silenciamento dos genes relacionados a PEPCK(M) e PEPCK(C). Após o estabelecimento de um modelo em jejum, avaliar a viabilidade das células, níveis transcricionais de PEPCK(M) e PEPCK(C) e os efeitos sobre seu metabolismo energético, como suas reservas de glicogênio, proteínas e lipídios são necessárias. Esses achados poderão contribuir nas buscas de novas estratégias de controle desse vetor de doenças, através de seu melhor entendimento sobre a fisiologia e pelo fato dessas vias serem conservadas entre vetores, o estudo pode ser expandido para outros modelos de artrópodes vetores.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, PEPCK, metabolismo. **Apoio financeiro:** Faperj, CNPq, CAPES e INCT-EM.

Análise funcional dos antagonistas da via BMP do hemiptera *Rhodnius prolixus*

Jamile Mota da Silva¹; Mateus Antonio Berni²; Helena Maria Marcolla Araujo¹

¹Universidade Federal do Rio de Janeiro / Instituto de Ciências Biomédicas.

²Université de Strasbourg / M3I - Insect Models of Innate Immunity

A via da Proteína Morfogenética do Osso (BMP) regula diversos processos biológicos como: diferenciação e crescimento celular, homeostase, padronização e organogênese. Particularmente, a via tem um papel evolutivamente conservado para estabelecer o ectoderma neural x não neural de todos os animais bilaterais, e desempenha um papel importante no estabelecimento do eixo dorso-ventral (DV) dos insetos. Como moléculas secretadas, o alcance da ação da BMP é controlado por moduladores extracelulares. Nos insetos, *Twisted gastrulation* (Tsg), *Crossveinless-2* (Cv2) e *short gastrulation* (Sog), atuam como repressores da função de BMP no neuroectoderma e/ou no seu transporte, e gerar altos sinais de BMP necessários para a indução de tecidos extraembrionários. Porém, pouco se sabe sobre a influência desses genes durante o estabelecimento do eixo DV em hemípteros, como o inseto vetor da Doença de Chagas, *Rhodnius prolixus*. No presente trabalho, investigamos o papel dos antagonistas de BMP na padronização do eixo DV do *R. prolixus*. Usamos RNA de interferência parental para diminuir os níveis de expressão dos genes – knockdown (KD) e hibridização *in situ* para investigar seus efeitos nos territórios DV do embrião. Nossos resultados sugerem que esses genes são fundamentais para delimitar e subdividir os territórios neuroectoderma, mesectoderma e mesoderma, indicando amplo papel na formação do eixo DV. Além disso, há um efeito inesperado resultante de *sog + tsg* KD, com expansão do mesoderma, idêntico ao KD do gene que codifica o ligante da via BMP, *decapentaplegic* (*dpp*). Nossos dados sugerem que esses moduladores da via de BMP possuem um papel positivo em vez de inibitório no estabelecimento desses territórios, ação anteriormente relatada apenas na indução de tecidos extraembrionários. Também mostramos pela primeira vez em hemíptero que *Rp-dpp* tem um papel durante a oogênese para padronizar a casca do ovo, lembrando o papel relatado para a morfogênese do córion em *D. melanogaster*. O fenótipo é caracterizado por um opérculo e colar de tamanhos diminutos, além de córion modificado. Apesar do dano estrutural, esses ovos mantêm a polaridade do eixo DV, sugerindo que outras vias de sinalização também podem estar envolvidas na definição do eixo DV do ovo, como a via Erk. Considerando os fenótipos observados àqueles relatados para outro hemíptero, *Oncopeltus fasciatus*, nossos dados sugerem que moduladores de BMP exercem papéis mais diversos do que anteriormente relatado em insetos.

Palavras-chave: Via de BMP; Biologia do Desenvolvimento; hibridização *in situ*; RNAi parental

Agência de Fomento: CNPq

EPIGENÉTICA

Papel dos mecanismos epigenéticos na reprodução do mosquito *A. aegypti*

Anderson de Mendonça Amarante, Juan Diego de Paula Li Yasumura

Marcelo Rosado Fantappié

Instituto de Bioquímica Médica - Universidade Federal do Rio de Janeiro

O mosquito *Aedes aegypti* é o principal vetor de arboviroses de grande relevância epidemiológica, responsáveis por milhares de casos de morbidade e mortalidade humana a cada ano. Contudo, a alta capacidade de proliferação e adaptação do mosquito traz imensos desafios ao controle deste vetor. Neste cenário, a descoberta de novos alvos moleculares, capazes de manipular o ciclo reprodutivo do mosquito, tem se tornado o foco de estratégias que visam reduzir e controlar as populações de *A. aegypti* nas cidades. Na última década, as modificações pós-traducionais das histonas vem sendo amplamente identificadas e estudadas nos insetos. Atualmente, sabemos que estas modificações são realizadas por enzimas específicas e participam do controle da expressão gênica de inúmeros processos biológicos. Uma enzima modificadora de histona bem caracterizada nos insetos é a proteína EZH, uma histona metiltransferase responsável por metilar o resíduo de lisina 27 da histona H3 e promover a repressão gênica. Tanto em vertebrados quanto invertebrados, a atividade da EZH é fundamental para a regulação gênica na gametogênese e no desenvolvimento embrionário. No entanto, a presença e as funções desta proteína são totalmente desconhecidas no mosquito *A. aegypti*. A partir de nossas análises iniciais, identificamos que o gene ortólogo à EZH no *A. aegypti* (AaEZH) possui domínios funcionais altamente conservados, sugerindo que as funções desta proteína também se conservem no mosquito. Em seguida, identificamos que a expressão da AaEZH ocorre majoritariamente nos ovários e é modulada pela alimentação sanguínea, indicando uma possível função da enzima na gametogênese e na reprodução do mosquito. Diante disso, este projeto tem como objeto principal identificar as funções da enzima EZH no *A. aegypti*, fornecendo informações valiosas sobre sua biologia e contribuindo na identificação de um potencial alvo molecular, capaz afetar o ciclo reprodutivo deste vetor.

Apoio financeiro: INCT-EM, CNPQ

Palavras-chave: Epigenética, *Aedes aegypti*, Gametogênese

Modulação epigenética na interação entre vírus Zika-*Aedes aegypti*: Papel da histona metiltransferase EZH2

Juan Yasumura; Marcelo Fantappié; Anderson Amarante

Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ)

O mosquito *Aedes aegypti* é um vetor de arboviroses de importância clínica e, portanto, representa um importante problema de saúde pública. Até hoje, apenas a Febre Amarela conta com uma vacina eficaz. Nesse contexto, o combate ao vetor ainda tem sido considerado a melhor estratégia de controle dessas doenças. A epigenética é definida pelas modificações químicas que ocorrem no DNA e/ou na cromatina, sem mudança de bases. Enzimas com atividade de modificação da cromatina, via metilação de histonas, por exemplo, controlam a expressão gênica a nível pré-transcricional. Drogas epigenéticas que tem como alvos essas enzimas vêm sendo utilizadas no controle do câncer e de diversas parasitoses, tendo como objetivo final a morte da célula ou dos parasitas. O presente projeto visa testar drogas epigenéticas contra a enzima Enhancer of Zeste Homolog (EZH) de *A. aegypti* (AaEZH), bem como o silenciamento por RNAi, visando melhor caracterização desta enzima no modelo de *Aedes*, visto que faltam informações a respeito desta neste importante vetor de doenças. Enzimas EZH contém a atividade de metilação de histona, mais especificamente a tri-metilação da lisina 27 da histona H3 (H3K27me3). Como essa modificação está envolvida com a repressão gênica, uma possível inibição da AaEZH poderá interferir no fino controle da expressão gênica no *A. aegypti*, comprometendo a homeostase e a sobrevivência do mosquito, visto que a EZH é importante para o desenvolvimento, proliferação e identidade celular em mamíferos. Identificamos um ortólogo do gene EZH em *A. aegypti* no banco de dados VectorBase. O alinhamento de sua sequência de aminoácidos com a enzima humana revelou a presença de todos os domínios funcionais e apresentou alta porcentagem de similaridade. Células Aag2 serão submetidas ao tratamento com fármacos, que têm como alvo específico a enzima EZH e que atualmente encontra-se em fase de testes clínicos, e sua viabilidade celular medida por dosagem de ATP. Além disso, o padrão de expressão desta enzima será avaliado nos principais tecidos do mosquito, tendo diferentes parâmetros: alimentado com sangue, sacarose e infectado com vírus Zika— mediante ao estímulo viral serão analisados genes de imunidade. Seguido de análise da oviposição e integridade dos ovos. Esses resultados trarão importantes informações sobre a possibilidade de adotar a EZH de *A. aegypti* como alvo de controle do vetor.

Apoio: FAPERJ

FISIOLOGIA

Effects of metabolic disruption in the mosquito *Aedes aegypti* after emergency and the role of Protein Tyrosine Phosphatase (PTP) LAR

Daumas-Filho, CRO^{1,5}, Silva JN², Bruno RV³, Araripe L³, Logullo C², Mesquita RD⁴, Atella GC⁵

¹Laboratório de Sinalização Celular, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ, Brazil;

²Laboratório de Bioquímica de Artrópodes Hematófagos, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ, Brazil;

³Laboratório de Biologia Molecular de Insetos, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brazil;

⁴Laboratório de Bioinformática, Instituto de Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil;

⁵Laboratório de Bioquímica de Lipídeos e Lipoproteínas, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ, Brazil

Aedes aegypti mosquito is a holometabolous insect, whose life cycle depends on females to feed on blood. Mosquito can get infected with pathogens during blood meal, such as Dengue and Zika, transmitting them in subsequent feedings to healthy individuals. Before the blood meal, however, females need to develop their reproductive, sensorial, and reserve tissues, which is linked to the consumption of carbohydrates after leaving the water. This adaptive period is known as previtellogenic period, without which females do not feed on blood properly and face an impaired vitellogenic period. Our group is interested in studying the PTP LAR, given its importance regulating the insulin pathway, an important pathway during the previtellogenic period. It was observed that *A. aegypti* LAR is regulated in caloric restriction, and its knockdown disrupts glycogen accumulation, without affecting lipid reserves. These effects were correlated with increasing fasting resistance, changes in locomotion/flight activity, and in the search for the vertebrate host. After the blood meal, there was a reduction in the number of eggs laid. We concluded that the AeLAR is involved with glycogen metabolism, and its transcriptional impairment affects many physiological aspects that are relevant to the study of vectorial capacity.

Keywords: mosquito, metabolism, PTP, emergency, vector-born

Financial Support: CAPES, CNPq, INCT, FAPERJ

apolipoproteínas e seu papel na fisiologia reprodutiva de *Rhodnius prolixus*, um vetor da doença de Chagas

Daniela Viana dos Santos¹, Nelder Figueiredo Gontijo¹, Leonardo Barbosa Koerich¹

¹ Universidade Federal de Minas Gerais

Rhodnius prolixus é uma das principais espécies vetoras do protozoário *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico da doença de Chagas. Essa doença possui grande importância epidemiológica na América Latina, sendo responsável, segundo a OMS, por gerar danos cardíacos significativos em 30 a 40% dos indivíduos infectados e levar a óbito cerca de 10 mil pessoas ao ano. Além da importância vetorial, *R. prolixus* é um modelo para estudos de fisiologia de insetos, principalmente no que se refere à fisiologia alimentar de insetos hematófagos. As lipocalinas constituem uma família proteica associada a importantes e diversos processos biológicos. Ao longo da evolução, *R. prolixus* e outros insetos hematófagos desenvolveram lipocalinas salivares com funções anti-hemostáticas, fundamentais para a viabilização do repasto sanguíneo. Recentemente, diversas lipocalinas foram encontradas sendo expressas em outros tecidos do inseto e não somente na glândula salivar como se imaginava. As apolipoproteínas, um grupo de lipocalinas inédito em *R. prolixus*, foram encontradas de forma abundante nos testículos do inseto macho, o que despertou diversos questionamentos a respeito da função dessas proteínas na fisiologia reprodutiva masculina. Estudos anteriores já haviam demonstrado, em grupos de seres vivos não-relacionados, a participação de lipocalinas no transporte de prostaglandinas e até mesmo na interação óvulo-espermatozoide. Com isso, levantamos a tese de que as apolipoproteínas de *R. prolixus* são essenciais a fertilidade dos machos através do transporte de prostaglandinas durante a cópula. Para testar nossas hipóteses serão realizados experimentos para a determinação da função das apolipoproteínas expressas em testículo, por meio de silenciamento gênico utilizando a técnica de RNA interferente (RNAi). Além disso, serão realizados experimentos de caracterização bioquímica – para determinar as moléculas-alvo das apolipoproteínas – e de imunolocalização – para investigar o caminho realizado por essas proteínas ao longo do sistema reprodutor de *R. prolixus*. Compreender melhor a fisiologia reprodutiva desse triatomíneo pode abrir portas para o desenvolvimento de novas técnicas de controle vetorial, inclusive para outros insetos hematófagos.

Palavras-chave: *Rhodnius prolixus*; Lipocalina; Apolipoproteína; Testículo; Fertilidade.
Apoio financeiro: FAPEMIG, CNPq.

Sinalização química e desenvolvimento de larvas de *Aedes aegypti*: expressão de lipases, metabolômica e desenvolvimento

Elaine R. M. N. da Silva; Matheus S. Caiado; Luan V. dos Santos; Emerson G. Pontes

UFRRJ – Programa de pós-graduação em química (PPGQ)

O mosquito *Aedes aegypti*, é um inseto vetor de arbovírus causadores da febre amarela, Dengue, Chikungunya e Zika. Esse inseto apresenta um ciclo de vida curto, caracterizado por uma fase larval, pupária e adulta. O ambiente aquático em que as larvas desse mosquito se desenvolvem pode variar em suas características químicas, das quais podemos destacar os íons e pH. Isso acaba representando um enorme desafio na manutenção da sua homeostase, que é feita através da absorção e excreção desses compostos por estruturas especializadas. Nos mosquitos está presente uma estrutura conhecida como papila anal, que funciona como órgão osmorregulador, sendo um sítio importante na captação de Na, Cl e K e excreção de H, NH₄⁺ e HCO₃⁻. Dados recentes do nosso laboratório, mostram que larvas de *A. aegypti* criadas em ambientes com grande densidade larval, apresentaram uma capacidade de promover um maior acúmulo de triacilglicerol nos diferentes estágios de desenvolvimento que se seguiam e isso promoveu um maior número de ovos postos pelas fêmeas adultas e maior tamanho delas. Com isso, é possível apontar hipóteses que expliquem a diferença no desenvolvimento do mosquito criado em diferentes densidades larvais, incluindo interferência tática e toxinas de resíduos químicos excretados, como a amônia. Em *A. aegypti*, a estocagem de lipídios na forma de triacilglicerol (TAG) é particularmente importante durante o ciclo de vida, pois viabiliza a metamorfose durante o estágio de pupa e suporta grande parte do gasto energético durante a fase inicial da vida adulta e no de amadurecimento reprodutivo. Dessa forma, sugerimos que a amônia excretada no meio de crescimento larval pode exercer efeitos no metabolismo do animal, de forma que o aumento desse composto no meio levaria ao maior acúmulo de triacilglicerol observado e, como consequência, toda a maquinaria molecular envolvida no metabolismo de lipídios, estaria sobre regulação. Isso também pode acarretar efeitos na metabolômica do inseto. Logo, o presente trabalho tem como objetivo avaliar o efeito de diferentes concentrações de amônia e resíduos metabólicos liberados em meio de criação larval de baixa a alta densidade populacional, sobre o conteúdo de triacilglicerol, expressão de lipases e metabolômica de larvas criadas nessas condições e nos adultos formados.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, densidade, triacilglicerol, amônia

Characterization of NADPH oxidase enzymes in *Stomoxys calcitrans*: possible role in insect development and infection

Francisco Rômulo Magalhães^{1,2}; Lucas Alecsander Braz¹; Douglas Machado Toni²;
Daniela Cosentino-Gomes⁴²; Patrícia Fampa¹

¹Laboratório de Parasitos e Vetores, Departamento de Ciências Farmacêuticas, ICBS/ UFRJ, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil;

²Programa de Pós-graduação em Ciências Veterinárias, IV/ UFRJ. Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil;

³Laboratório de Bioquímica Redox, Departamento de Bioquímica, IQ/ UFRJ. Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil;

Recent works relate the importance of reactive oxygen species (ROS) in several physiological events in arthropods. NADPH oxidases (NOX) are considered one of the main enzymes responsible for production of ROS in different organisms. *Stomoxys calcitrans* (stable fly) is a mechanical vector of pathogens of veterinary importance causing important economic losses in livestock activity. Therefore, the searching for controlling methods of the fly proliferation is essential. Thus, targeting molecules involved in vector metabolism, such as NOX enzymes, is a promising strategy. Results obtained by *in silico* query at NCBI database led to the identification of a group of five open reading frames (ORFs) in *S. calcitrans* annotated as hypothetical proteins. Our analysis showed that these ORFs present identity of about 70% and 80% with NOX enzyme sequences from *Drosophila melanogaster* and *Musca domestica*, respectively. Herein, we intend to investigate the function of NOX enzymes in *S. calcitrans* and their role in the development of the insect and its immune defense against parasitic protozoa. Through quantitative qPCR we have detected the expression of two different isoforms of NADPH oxidases in three segments of *S. calcitrans*: head, fat body and gut. New expression patterns in different tissues and the enzymatic activities of these candidate genes will be performed in the future. Western blotting and quantification of ROS produced by these arthropods will be performed using fluorescence techniques. Posteriorly, gene silencing by RNA interference will be evaluated and phenotypic changes analyzed. These experiments will be performed in insects at different developmental stages and challenged or not with the trypanosomatid *Herpetomonas muscarum*, found naturally infecting field flies by our group

Keywords: *Stomoxys calcitrans*; mechanical transmission; NADPH oxidase; Reactive Oxygen Species, qPCR

Supported by: FAPERJ, CAPES & PROPPG-UFRJ

Impacts of feeding with different blood diets on the biology and physiology of *Stomoxys calcitrans* (L.).

Karina Rigute¹, Dayana Rosa ¹, Fernando Ariel Genta², Patrícia Fampa¹

¹Laboratório de Parasitos e Vetores, Departamento de Ciências Farmacêuticas, ICBS-UFRRJ, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil;

²Laboratório de Bioquímica e Fisiologia de Insetos, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brasil.

Stomoxys calcitrans L. (order Diptera, family Muscidae) is a cosmopolitan organism, with higher prevalence in tropical regions. The species is considered an important ectoparasite, where both sexes are obligate hematophagous, having the ability to mechanically carry several pathogens. In addition to affecting the health of parasitized animals, through the transmission of diseases, infestations of *S. calcitrans* cause great stress to the parasitized hosts, a situation that causes costly impacts to the livestock sector. Despite being widely cited as an important pest of livestock, the fly can feed on several mammals, domestic or wild, being characterized as opportunistic, in the absence of its preferred hosts, including humans. The possibility of feeding on different hosts raises questions about the influence of different blood diets on the biology and physiology of *S. calcitrans*, since it is known that blood from different species can vary in nutritional requirements and impact the intestinal microbiota of hematophagous insects in different ways. Thus, the present work is being carried out with the objective of comparatively analyzing the impact of four different blood sources (bovine, equine, sheep and rabbit blood) on biological and physiological aspects of *S. calcitrans*, seeking to observe the presence of alterations in the feeding propensity, longevity, development, reproduction and digestive physiology of the fly. Although at an early stage, the study has shown changes in longevity and oviposition of flies fed with different diets. Preliminary data showed a reduction in the longevity of flies fed with equine (86%) and rabbit (50%) blood when compared to those fed with bovine and sheep blood. Regarding fertility (number of eggs laid), flies fed with sheep blood had an increase in oviposition of 87%, while flies fed with rabbit blood showed a reduction of approximately 80% when compared to those fed with bovine blood.

Keywords: *Stomoxys*, mechanical vector, longevity, fertility, blood diet.

Supported by: CAPES, Faperj, PPGCV & PROPPG-UFRRJ

Uso da análise de imagens para avaliar do crescimento corporal durante o desenvolvimento pós-embrionário do inseto hematófago *Cimex lectularius* (Hemiptera, Cimicidae).

Alvarez, LC¹; Guerra, LRM¹; Pessoa, GCP¹; Sant'Anna MRV¹; Gontijo NF¹; Koerich LB¹; Pereira MH¹

¹ Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos, ICB/UFMG, Belo Horizonte/MG

Cimex lectularius, conhecido como percevejo de cama, é um hemíptero hematófago encontrado em habitações humanas, que causa manifestações alérgicas cutâneas devido a deposição de saliva no repasto sanguíneo. Ultimamente, nota-se um aumento nas infestações de *C. lectularius*, sobretudo nas grandes cidades de vários continentes. Nos barbeiros, que também são hemípteros hematófagos, a diferença da performance alimentar observada entre os estádios ninfais é devido principalmente ao crescimento assimétrico da bomba cibarial em relação ao aumento corporal durante seu desenvolvimento pós-embrionário. Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o crescimento de *C. lectularius* durante seu desenvolvimento pós-embrionário, utilizando ferramentas de análise de imagem. Para isso, ninfas de cada estágio (n=20) foram sacrificadas (30 min à -20°C) em jejum 3 dias após a ecdise. Os insetos foram distribuídos (decúbito ventral) em placa de Petri, e fotografados (câmera Casio FH20) com auxílio de um trans iluminador. A análise das imagens foi realizada com o programa ImageJ (versão 1,53q). Para obter o contorno da cabeça, tórax e abdômen, a região limítrofe destas partes foi demarcada com linha azul sobre a imagem (RGB), que, em seguida, foi dividida nos seus componentes primários (vermelho, verde e azul) em escala de cinza. Logo, foi convertida em preto e branco e o contorno das regiões foi obtido pelo recurso de seleção “wand tool”. Com as máscaras obtidas foi possível estimar as áreas da cabeça, tórax e abdômen dos insetos. O crescimento da área do contorno do corpo de *C. lectularius* foi exponencial ($0,422e^{0,5627x}$, $R^2=0,98$), apresentando um valor médio de 0,79 em ninfas de 1º (N1) e 6,53 mm² em ninfas de 5º (N5) estágio, o que correspondeu um aumento de ~8x (N5/N1) durante o desenvolvimento pós-embrionário (DPE). O aumento da área do contorno do tórax (1,57/0,14 mm²) e do abdômen (4,20/0,38 mm²) foi de ~11x, enquanto o da cabeça dos insetos foi de apenas 4x (0,24/0,06 mm²). Uma vez que a bomba cibarial ocupa grande parte do tamanho da cabeça de *C. lectularius*, os resultados aqui apresentados sugerem que, assim como a cabeça, a bomba cibarial também deve crescer assimetricamente com o crescimento do corpo destes insetos. O próximo passo será estimar o volume da bomba cibarial e verificar se o seu crescimento em relação ao apresentado pelo corpo total do inseto durante DPE impacta na performance alimentar dos estádios ninfais como demonstrado nos triatomíneos.

Palavras chaves: *Cimex lectularius*, desenvolvimento, análise de imagem, Image J

Apoio: UFMG, FAPEMIG, CNPq, INCT - Entomologia Molecular

Padronização de uma técnica de análise de imagens da bomba cibarial de *Rhodnius prolixus* (Hemiptera: Triatominae) com vistas a avaliação do desempenho alimentar do triatomíneo frente a diferentes dietas

Costa, LM¹ ; Guerra, LRM¹ ; Soares, AC¹ ; Pessoa, GCD¹ ; Pereira MH¹

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos – Departamento de Parasitologia – ICB – UFMG - Belo Horizonte/MG, Brasil.

Os triatomíneos possuem importância médica por serem transmissores do *Trypanosoma cruzi*, o agente etiológico da doença de Chagas. Trata-se de ectoparasitos temporários, cujo contato com seus hospedeiros é restrito ao momento do repasto sanguíneo, fonte única de nutrientes para os mesmos. Nos triatomíneos a hematofagia é do tipo solenofágica, sendo que a maior parte do tempo durante a alimentação é dedicada à sucção do sangue pelo inseto, processo esse realizado pelas bombas faríngea (BF) e cibarial (BC). No presente estudo desenvolvemos uma metodologia de processamento de imagens obtidas nos experimentos de microscopia intravital da região da bomba cibarial (BC) na cabeça de *R. prolixus* e registradas em vídeo durante a alimentação *in vitro* (dietas com viscosidades distintas) e *in vivo* (pele de camundongo). Inicialmente, ninfas de 5º estágio foram alimentadas com duas dietas artificiais com diferentes viscosidades (Locke: 0,78 mPa e Dextran: 6,9 mPa, determinada à 60 rpm) contendo ATP e Azul de Evans (para facilitar a visualização). A partir da curva da variação de cor nas regiões da BC e da BF na cabeça foi possível monitorar a atividade de bombeamento de líquidos durante a alimentação dos insetos. Foi elaborada uma planilha de cálculo para identificar os picos e os vales da curva da variação da cor apresentada pela BC em atividade, permitindo o cálculo do tempo de enchimento (T. Enc) e de esvaziamento (T. Esv) de cada ciclo de atividade da BC dos insetos. A partir destes tempos, foi possível introduzir em nossas análises outros parâmetros relacionados à atividade da BC (ex. período, velocidades de enchimento e esvaziamento). A comparação do desempenho de bombeamento dos insetos alimentados *in vitro*, nos três trechos avaliados (início, meio e fim), revelou diferença entre os parâmetros (frequência, T.Ench e T. Esv) no meio do repasto. O aumento da performance ao longo da alimentação apresentada pelos insetos alimentados com Locke e *in vivo* ocorreu de forma distinta, sendo em Locke mais duradouro e simétrico considerando o tempo alimentação, enquanto *in vivo* foi assimétrico com uma nítida tendência de diminuição dos valores a partir da segunda metade da alimentação. Tal diferença pode estar associada à resposta fisiológica do hospedeiro no sítio de alimentação. O padrão do deslocamento do líquido nas diferentes regiões de *R. prolixus* da BC sugere que a ingestão de sangue neste inseto seja auxiliada por movimento peristáltico da parede elástica da bomba.

Palavras Chaves: Doença de Chagas, *Rhodnius prolixus*, Bomba Cibarial, Viscosidade.

Apoio Financeiro: UFMG, INCT-EM, FAPEMIG, CNPq, CAPES

Caracterização da hematofagia em *Aedes fluviatilis* (Diptera, Culicidae) na pele de hospedeiro vertebrado

¹**Mattos MCR**; ¹Martins KA; ¹Pessoa GCD; ¹Koerich LB; ¹Sant'anna MRV; ¹Gontijo NF;
¹Araújo RN; ¹Pereira MH

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos – Departamento de Parasitologia;
Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais

A maioria das espécies vetoras de patógenos de interesse médico-veterinário realizam a hematofagia. Os Culicídeos se alimentam do sangue retirado diretamente do interior dos vasos sanguíneos dos seus hospedeiros e necessita passar por três etapas, a penetração do aparelho bucal na epiderme do hospedeiro, a localização do sangue (sondagem) e o bombeamento do sangue para o trato digestivo. O mecanismo de alimentação é caracterizado por apresentar ciclos periódicos de ingestão e latência, que correspondem aos períodos de enchimento e esvaziamento das bombas de sucção (cibarial e faringeana). O foco deste trabalho é analisar o mecanismo de ingestão de sangue do *Aedes fluviatilis* durante o repasto sanguíneo *in vivo*. Essa espécie possui ampla distribuição na região neotropical sendo encontrada tanto em ambientes silvestres como urbanos. A manutenção dos insetos ocorreu no insetário com condições ideais e controladas de $T \pm 26$ e de UR $\pm 75\%$. O monitoramento da alimentação dos insetos foi realizado utilizando a técnica de microscopia intravital. Para tal, os mosquitos foram acondicionados em um recipiente de vidro posicionado sobre a orelha do camundongo Hairless. Este aparato foi fixado na platina do microscópio com uma câmera digital acoplada. As análises das imagens capturadas foram realizadas com o auxílio dos programas Fiji ImageJ e Excel. Para observar os ciclos de ingestão de sangue foi considerado a variação do fluxo e/ou os movimentos da parede do vaso canulado próximo ao ponto de inserção das peças bucais dos insetos. Para a análise dos parâmetros de ingestão, um período contínuo de alimentação de três fêmeas foi selecionado e apresentou duração total de 34014ms, totalizando 511 ciclos de ingestão/latência. Estes ciclos apresentaram uma duração média (período) de 65,94ms, correspondendo a uma frequência de bombeamento de 16,04Hz. A média observada no tempo de ingestão e latência foi de 29,60 e 36,34ms, respectivamente. A partir de um histograma foi observado uma variação no tempo de enchimento de 20 a 32ms em 71% dos ciclos e em 66% um tempo de esvaziamento de 31 a 43ms. O período observado foi de 54 a 70ms em 56% dos ciclos e a frequência foi de 12 a 20Hz em 88%. Este foi o primeiro relato dos parâmetros de ingestão em *A. fluviatilis*. Dados similares, foram observados em ensaios de alimentação *in vitro*, com as espécies *A. albopictus* e *A. togoi*, que apresentaram frequências de ingestão menores, de $10.5 \pm 0.2\text{Hz}$ e $6.1 \pm 0.2\text{Hz}$, respectivamente.

Palavras-Chave: *Aedes fluviatilis*; hematofagia; fluxo de ingestão; ImageJ

Fomento: CNPq; UFMG; INCT-Entomologia; CAPES; FAPEMIG

Efeitos Fisiológicos da alimentação açucarada em triatomíneos: uma nova perspectiva para o controle da transmissão do *Trypanosoma cruzi*

Mariana Cardoso Costa¹; Carlos José C Moreira¹; Fernando Ariel Genta^{1,2}

¹Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brazil.

²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular, Rio de Janeiro, Brazil

Introdução: Os triatomíneos são insetos vetores transmissores do *Trypanosoma cruzi*, causador da doença de Chagas. Essa doença negligenciada atinge cerca de 6 a 7 milhões de pessoas no mundo, principalmente na América Latina. Atualmente, não existe vacina ou cura definitiva para essa enfermidade, portanto, o controle do inseto vetor é a melhor ferramenta para reduzir a incidência de casos. Os triatomíneos são considerados obrigatoriamente hematófagos, entretanto, alguns comportamentos alimentares secundários já foram descritos como cleptohematofagia, hemolinfagia e alimentação açucarada. Diáz-Albiter et al. (2016) mostraram que *Rhodnius prolixus* pode consumir sacarose e tecido vegetal do fruto *Solanum lycopersicum*, resultando em diversos ganhos fisiológicos. Contudo, muitos aspectos relacionados à importância da alimentação açucarada ainda são desconhecidos. O conhecimento mais aprofundado do papel da alimentação açucarada e a descrição de novas fontes alimentares abre novos caminhos para o desenvolvimento de estratégias de controle como por exemplo, iscas açucaradas. **Objetivo:** Testar a alimentação açucarada como via de entrega de inseticidas em ninfas de primeiro ínstar de *R. prolixus*. **Metodologia:** Vinte ninfas de primeiro ínstar de *R. prolixus* foram expostas a um pedaço de algodão contendo trealose 10% adicionada de diferentes volumes de solução estoque em etanol contendo inseticida (Triflumuron 10 mM; Temephos 10 mM; Deltametrina 5 mg/mL; Permetrina 20 mg/mL), ou ácido bórico a 1%. Os grupos controles foram expostos a água e trealose 10%. Também foram realizados grupos experimentais apenas com a solução de inseticidas. Todos os grupos, após 2 semanas de jejum, foram pesados antes da apresentação às iscas açucaradas e após 24h da exposição aos diferentes compostos. A sobrevivência foi observada durante 4 dias.

Resultados: Ninfas expostas a combinações de inseticidas + trealose ingeriram as soluções após dois dias de exposição (exceto permetrina + trealose), indicando que os insetos ingeriram os inseticidas na presença do açúcar. Apenas a curva de sobrevivência de ácido bórico + trealose apresentou redução significativa quando comparada com os dois controles (água e trealose). A presença do açúcar com os inseticidas resultou em altas taxas de mortalidade dos insetos. **Conclusão:** Ninfas de 1º ínstar de *R. prolixus* ingerem diferentes combinações de inseticidas + açúcar, e a adição do açúcar ao inseticida diminuiu significativamente a sobrevivência dos insetos.

Palavras-chave: Triatomíneos; açúcar; controle vetorial; doença de Chagas

Agências Financiadoras: Fiocruz, CNPq, FAPERJ, CDC, BBRSC e CAPES.

Fecundidade e fertilidade como parâmetros para quantificar a tolerância de *Aedes aegypti* ao vírus Dengue

Valdorion Klein Junior, Mariana Maraschin, Giovana Jover, José Henrique de Oliveira

Universidade Federal de Santa Catarina

Aedes aegypti são mosquitos cosmopolitas, hematófagos e vetores de arbovírus que causam problemas de saúde pública com fortes efeitos sociais e econômicos a nível global. O repasto sanguíneo é uma estratégia evolutiva fundamental para a perpetuação da espécie e é através dele que os mosquitos obtêm os aminoácidos necessários à ovogênese. Em contrapartida, a hematofagia também beneficia algumas espécies de arbovírus, já que é por conta desse hábito que as partículas virais iniciam a infecção tanto no vetor quanto no hospedeiro humano. Como reação à infecção, organismos ativam mecanismos de defesa conhecidos como tolerância. A tolerância é um tipo de defesa que não atua diretamente na carga patogênica, buscando limitar e reparar os impactos negativos provocados pela infecção. A tolerância viral é uma resposta adaptativa ainda pouco compreendida, assim como os mecanismos que fazem mosquitos vetores serem capazes de tolerar a infecção viral e como essa estratégia de defesa pode se relacionar a aspectos reprodutivos. Estudar os custos fisiológicos desencadeados pela interação mosquito-vírus são interessantes e importantes, pois possibilitam a compreensão da biologia envolvida no eixo tolerância viral-reprodução. Esses estudos podem também abrir rotas de conhecimento para investigar mecanismos que levem ao bloqueio da competência vetorial impedindo a transmissão de arboviroses. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo avaliar o perfil de tolerância viral de *Ae. aegypti* infectados com Dengue Sorotipo 4 caracterizando parâmetros reprodutivos do inseto. Foi avaliado o impacto da infecção na fecundidade (oviposição) e fertilidade (viabilidade dos ovos) em mosquitos infectados com uma cepa de laboratório e uma cepa clínica. Os resultados sugerem que não existe impacto nas fêmeas infectadas pela cepa de laboratório para a fecundidade e fertilidade. No entanto, foi observado impacto na fertilidade de fêmeas de *Ae. aegypti* quando infectadas pela dose máxima da cepa clínica, sugerindo que genótipos virais distintos podem influenciar a resposta de tolerância de mosquitos vetores.

Apoio Financeiro: Instituto Serrapilheira, CNPq (INCT-EM)

INTERAÇÃO PATÓGENO-VETOR

O efeito da apoptose, morte celular programada na competência vetorial de mosquitos infectados por arbovírus

Aline Lopes de Souza, Nagila Francinete Costa Secundino

Instituto Renê Rachou - Fiocruz Minas

Existem vários arbovírus de importância epidemiológica em circulação no Brasil os quais são transmitidos principalmente por duas espécies de mosquitos, *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*. O *Ae. aegypti* apresenta ampla distribuição no Brasil, sendo o vetor primário de ZIKV, DENV, CHIKV e YFV (ciclo urbano). Em relação a competência vetorial, a literatura atual demonstra que um tipo de resposta antiviral importante no sistema vírus-hospedeiro é a habilidade de células infectadas se auto destruírem via apoptose, morte celular programada. Nosso objetivo é identificar se a apoptose, poderá inibir a infecção viral no intestino médio e glândula salivar. Utilizaremos mosquitos *Ae. aegypti*, *Ae. fluviatilis* e *Ae. albopictus* relacionando sua competência vetorial para ZIKV, YFV, DENV e CHIKV. Os mosquitos com 3-5 dias de idade serão alimentados experimentalmente e divididos em grupos: Grupo alimentado com sangue de camundongo infectado com ZIKV, YFV DENV e CHIKV; e Grupo controle, apenas sangue de camundongo. Após a infecção experimental, nos 3º, 7º e 14º dias, os mosquitos serão dissecados e processados para qPCR, ensaio de túnel e caspase. Resultados do aluno egresso: Grupo infectado, sangue de camundongo ao qual foi adicionado ZIKV e Grupo controle, apenas sangue de camundongo. O índice de infecção e a carga viral foi determinada individualmente por mosquito no 14º dia pós infecção. O *Ae. aegypti* e *Ae. fluviatilis*, tiveram índices de infecção de 70% e 10%, respectivamente. Em relação a quantificação viral, o *Ae. Aegypti* apresentou altas quantidades de vírus, variando de 1×10^4 a 1×10^8 para o ZIKV. O *Ae. fluviatilis* apresentou carga baixíssima ou inexistente. O ensaio de caspase revelou altos níveis de atividade da protease para o *Ae. fluviatilis* comparado ao *Ae. Aegypti*. Em conclusão nossos resultados iniciais indicam uma forte evidência que a apoptose é induzida como um mecanismo de defesa contra a infecção do ZIKV. Acreditamos que ao final vamos comprovar que a apoptose é um fenômeno que limita o número de células epiteliais infectadas por arbovírus no intestino médio do mosquito controlando a disseminação da infecção viral.

Palavras-chave: apoptose, arbovírus, *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *Aedes fluviatilis*

Apoio financeiro: CNPq- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico

Suscetibilidade de mosquitos *Aedes aegypti* à infecção por diferentes linhagens de ZIKV

Cinthia Catharina Azevedo Oliveira, Paulo F.P. Pimenta, Raquel Maia Godoy

Filiação Institucional: Fiocruz Minas

A febre Zika, é uma doença viral, reemergente, causada pelo vírus Zika (ZIKV), um arbovírus pertencente à família *Flaviviridae*, e transmitido ao homem pela picada de mosquitos do gênero *Aedes*, como *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*. Ele é dividido em duas linhagens filogenéticas principais, a africana e a asiática. Durante o surto de Zika no Brasil no ano de 2015, as linhagens isoladas foram identificadas como de origem asiática. No entanto, em um estudo publicado em 2020, pela primeira vez, linhagens africanas foram detectadas nas regiões Sul e Sudeste do país e as distintas localidades sugerem que a linhagem africana já pode estar circulando no Brasil há um período significativo. Já é bem descrito que mutações adquiridas durante a evolução desse Flavivírus podem alterar sua virulência. Estudos utilizando cepas africanas e cepas asiáticas, confirmaram as diferenças fenotípicas entre essas diferentes linhagens. E demonstraram, in vitro, a maior virulência da linhagem africana. Como uma forma de avaliar os riscos de transmissão do vírus no Brasil, propomos um estudo sobre as taxas de infecção, infecção disseminada, transmissão e competência vetorial dos *Ae. aegypti* em transmitir linhagens de ZIKV africanas e asiáticas, comparando os dados obtidos entre as diferentes linhagens. Esse estudo auxiliará na prevenção e avaliação de risco de possíveis novas epidemias de ZIKV no Brasil, além de expandir o conhecimento sobre as interações vírus-vetor em diferentes linhagens virais. O objetivo do projeto é investigar e caracterizar a diferença nas infecções em dois grupos experimentais de mosquitos *Aedes aegypti*, um grupo infectado com a linhagem de ZIKV africana e outra infectada com a linhagem de ZIKV asiática. Para isso são utilizados mosquitos da colônia de *Ae. Aegypti*, de ovos coletados na região central de Belo Horizonte. Antes da infecção, eles são divididos, sendo metade submetida à infecção com a linhagem africana e a outra metade à linhagem asiática. São feitas então as disseções dos mosquitos infectados, realizadas em uma cinética de 7, 14 e 21 dias pós infecção. Para a análise do resultado será feita a extração de RNA, e PCR em tempo real.

Palavras-chave: ZIKV africano, ZIKV asiático, flavivírus

Apoio Financeiro: Fiocruz Minas – Rene Rachou

Padronização de técnica para obtenção de *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) maciçamente infectados com *Leishmania infantum* por ingestão de promastigotas embebidas em esponja e suspensas em solução de sacarose

Davi Viegas Melo¹, Adalberto Alves Pereira Filho², Luccas Gabriel Ferreira Malta¹, Luísa de Melo Lara¹, Luiza Rodrigues Moreira Guerra¹, Grasielle Caldas D'Ávila Pessoa¹, Mauricio Roberto Viana Sant'Anna¹, Leonardo Barbosa Koerich¹, Marcos Horácio Pereira¹, Nelder de Figueiredo Gontijo¹

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos, Departamento de Parasitologia, ICB/UFMG, Belo Horizonte/MG

²Laboratório de Genômica e Interação de Parasitos, Departamento de Parasitologia, ICB/UFMG, Belo Horizonte/MG

As leishmanioses são um complexo de doenças que constituem um problema de saúde pública. São causadas por espécies de protozoários parasitos pertencentes ao gênero *Leishmania*. O agente etiológico da leishmaniose visceral no Brasil, *Leishmania infantum*, é transmitido aos hospedeiros principalmente pela espécie *Lutzomyia longipalpis* (Diptera, Psychodidae). Neste vetor, o parasito se desenvolve no interior do intestino das fêmeas, que possuem hábito hematofágico e também se alimentam de soluções açucaradas. A leishmaniose visceral, tem os cães como principais hospedeiros reservatórios, portanto a prevenção da infecção canina por *Leishmania infantum* é fundamental para o manejo da leishmaniose visceral em pessoas que vivem em áreas endêmicas. Uma das formas preconizadas para o controle desta doença é o desenvolvimento de vacinas. Uma das etapas mais difíceis no desenvolvimento de uma vacina é a avaliação de sua efetividade através de desafios que reproduzam o processo de transmissão que ocorre naturalmente. Até o momento, a efetividade das vacinas tem sido desafiada por meio da injeção de formas promastigotas ou amastigotas de cultura onde fatores importantes para a transmissão como a presença de saliva e do gel PSG não estão presentes. Nesse sentido nosso projeto propõe uma alternativa metodológica para tornar o desafio vacinal mais próximo do processo natural, através da obtenção de flebotomíneos maciçamente infectados por meio da ingestão de solução isotônica de sacarose, sais minerais, acetil-cisteína e de galactosamina contendo promastigotas de *Leishmania infantum* em fase estacionária seguida de um repasto sanguíneo em hamster não infectado. O uso de galactosamina e de antioxidantes como a acetil-cisteína interferem na fisiologia do intestino do inseto favorecendo o desenvolvimento dos parasitos. Os insetos infectados assim obtidos poderão então ser utilizados no desafio de animais vacinados com alguma vacina em desenvolvimento de modo que a efetividade da vacina seja testada de uma maneira mais natural.

Palavras-chave: *Lutzomyia longipalpis*, *Leishmania*, infecção, sacarose.

Apoio Financeiro: FAPEMIG; UFMG; CNPq; CAPES; INCT-Entomologia

Avaliação do efeito da apoptose na competência vetorial de mosquitos infectados por vírus Zika

Delgado, J.L.F¹; Secundino, N.F.C¹; Orfanó, A.S¹; Pimenta, P.F.P¹

¹Entomologia Médica – Instituto René Rachou – Fundação Oswaldo Cruz, Belo Horizonte, Minas Gerais.

Atualmente existem diversos arbovírus de importância epidemiológica em circulação no Brasil. O principal vetor desses arbovirus é o *Aedes aegypti*, que encontra amplamente distribuído em todo o Brasil, expondo toda a população as arbovirose. O *Aedes fluviatilis* é uma outra espécie de culicídeo amplamente distribuído na América Latina e é um vetor em potencial para os arbovirus Dengue, Zika e Febre Amarela (experimentalmente). Um tipo de resposta antiviral importante no sistema vírus-hospedeiro é a habilidade de células infectadas se autodestruírem por meio da apoptose. Existem muitos exemplos em que a apoptose têm se mostrado um importante mecanismo de defesa contra infecções virais. No caso do *A. aegypti*, atualmente alguns genes estão sendo relacionados com a susceptibilidade e refratariedade a infecções, sugerindo que essa resposta imune atua como um dos mecanismos que os insetos vetores utilizam para regular e estabelecer a replicação de patógenos intracelulares como os vírus. A partir do exposto, nosso objetivo é caracterizar as populações de *A. aegypti* e *A. fluviatilis* relacionando sua competência vetorial para ZIKV; caracterizar os níveis de apoptose no intestino médio dos mosquitos infectados em diferentes dias após a infecção. Os mosquitos foram alimentados experimentalmente através de alimentadores artificiais e foram separados em dois grupos: a) alimentados com sangue de camundongo ao qual foi adicionado a cultura de ZIKV; b) apenas sangue; Alimentação foi feita com a utilização de alimentadores artificiais no qual, foram separados os insetos não alimentados. Após a infecção experimental 3,7 e 14 dias os mosquitos foram dissecados e processados para qPCR (índice de infecção e quantificação viral), ensaio de túnel e caspase. O *A. aegypti* e *A. fluviatilis*, tiveram taxas de infecção e competência vetorial de 70% e 10%, respectivamente; O ensaio de caspase, revelou altos níveis de atividade de caspase do *A. fluviatilis* comparado ao *A. aegypti* infectados também com vírus Zika. Ainda serão necessários mais ensaios para afirmar que, a baixa competência vetorial do *A. fluviatilis* está diretamente relacionada à apoptose.

Palavras-chave: Apoptose, arbovirus.

Apoio financeiro: CNPq, Instituto Rene Rachou.

Determinação dos efeitos do silenciamento gênico de uma proteína inibidora de apoptose (IAP) sobre a aquisição de *Rickettsia rickettsii* e sobre o fitness do carrapato *Amblyomma sculptum*

Marcelly Bastos Nassar, Andréa Cristina Fogaça

Depto. de Parasitologia, Instituto de ciências biomédicas II – Universidade de São Paulo

Rickettsia rickettsii, o agente etiológico da febre maculosa das Montanhas Rochosas, é uma bactéria intracelular obrigatória transmitida por carrapatos. Após a picada do carrapato, a bactéria, que é inoculada juntamente com a saliva, invade e se prolifera nas células endoteliais, causando vasculite. A disseminação da vasculite pode ser fatal caso atinja órgãos como o cérebro e os pulmões. Apesar de estar restrita às células endoteliais do hospedeiro vertebrado, *R. rickettsii* infecta todos os órgãos dos carrapatos, incluindo os ovários. Portanto, além de vetores, esses artrópodes são reservatórios da bactéria. No Brasil, onde a doença é conhecida como febre maculosa brasileira, duas espécies de carrapatos são incriminadas como vetores: *Amblyomma sculptum* e *Amblyomma aureolatum*. Bactérias intracelulares podem utilizar diferentes mecanismos para completar seu ciclo de desenvolvimento nas células hospedeiras, incluindo o atraso da apoptose. A apoptose é um processo de morte celular programada presente em todos os organismos multicelulares e é ativada por duas vias principais: a via intrínseca e a via extrínseca. Ambas culminam na ativação de caspases, as quais são fundamentais tanto para a ativação como para o desencadeamento da apoptose. Moduladores-chave da apoptose, como as IAPs (proteínas inibidoras de apoptose), apresentam-se como alvo de estudo para identificar os mecanismos moleculares das interações entre patógenos intracelulares e seus vetores. O objetivo desse estudo foi avaliar os efeitos do silenciamento gênico da IAP Acaj-73060 de *A. sculptum*, mediado por RNA de interferência, sobre a aquisição de *R. rickettsii* e o fitness dos carrapatos. O silenciamento gênico da IAP resultou em uma alta mortalidade dos carrapatos adultos após alimentação sanguínea. Em células IBU/ASE-16 (linhagem de células embrionárias de *A. sculptum*), o silenciamento levou ao aumento da atividade de caspase 3 e à maior exposição de fosfatidilserina. A baixa expressão gênica de moduladores apoptóticos em carrapatos alimentados, ao comparar com carrapatos não alimentados, corrobora com a morte exacerbada do grupo silenciado após o repasto sanguíneo, sugerindo que a alimentação sanguínea ative a apoptose, levando à morte dos carrapatos com a expressão da IAP silenciada. Em conjunto, os dados obtidos apontam a IAP Acaj-73060 como um excelente alvo para o desenvolvimento de estratégias de controle dos vetores da FMB.

Palavras chaves: apoptose, carrapato, caspase, IAP, riquetsia

Caracterização funcional de proteínas dissulfeto isomerases na colonização de células do carrapato *Amblyomma sculptum* por *Rickettsia rickettsii*

Vitoria Vaz Bibiano

Universidade de São Paulo (USP)

Rickettsia rickettsii é o agente etiológico da febre maculosa das Montanhas Rochosas. Após a sua transmissão pela picada de um carrapato infectado, a bactéria infecta as células endoteliais do hospedeiro vertebrado, onde se prolifera, ocasionando vasculite, cuja evolução é potencialmente fatal. No Brasil, os principais vetores de *R. rickettsii* são os carrapatos, *Amblyomma sculptum* [uma espécie do complexo de espécies *Amblyomma cajennense*] e o *Amblyomma aureolatum*. O vetor ao se alimentar por refeição sanguínea ingere o patógeno juntamente, esse que chega primeiramente ao seu intestino e precisa resistir aos efeitos de moléculas efetoras do seu sistema imune. Caso tenha sucesso em evadir do sistema imune do intestino, o patógeno precisa migrar para a hemolinfa e atingir as glândulas salivares, para que seja transmitido para um hospedeiro vertebrado sadio em um repasto sanguíneo subsequente. Nesse contexto, compreender as interações entre *R. rickettsii* e os seus carrapatos vetores é importante, pois pode proporcionar os potenciais alvos para o bloqueio de sua transmissão. Nosso grupo de pesquisa determinou os efeitos da infecção do patógeno sobre o perfil de expressão gênica das glândulas salivares de carrapatos *A. aureolatum*. Dentre as CDSs induzidas pela infecção, destaca-se a CDS de uma proteína dissulfeto isomerase (PDI; Ambaur-64469). O silenciamento da PDI de *A. aureolatum* por RNAi tornou os carrapatos mais susceptíveis à infecção. As PDIs são proteínas redox da superfamília das tiorredoxinas, e auxiliam na correta formação das pontes dissulfeto e dobramento de proteínas no retículo endoplasmático (RE). Em *A. sculptum*, uma PDI similar à CDS Ambaur-64469 foi detectada (AcajSigP-77638). Além disso, as análises de RNA-seq evidenciaram outras cinco CDSs de PDIs em *A. sculptum*, como Acaj-77698 e AcajSigP-76333. Assim, o presente projeto tem como objetivo principal caracterizar a função de PDIs na colonização de uma linhagem de células embrionárias de *A. sculptum* (IBU/ASE-16) por *R. rickettsii*. Para tal, os efeitos da infecção por *R. rickettsii* sobre a expressão gênica das PDIs AcajSigP-77638, Acaj-77698 e AcajSigP-76333 de *A. sculptum* será avaliada, após silenciamento por RNAi.

Palavras-chave: carrapato, riquetsia, proteína dissulfeto isomerase, febre maculosa, RNAi, **Apoio financeiro:** FAPESP.

INTERAÇÃO VETOR-HOSPEDEIRO

Avaliação da atividade imunomoduladora de um inibidor de protease do tipo Kunitz presente na saliva do carrapato *Amblyomma sculptum*

Gretta Huamanrayme Bustamante¹, Anderson de Sá Nunes^{1,2}

¹Departamento de Imunologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil.

²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (INCT-EM/CNPq), Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

Carrapatos da espécie *Amblyomma sculptum* são importantes vetores de doenças de importância médica no Brasil, como a febre maculosa brasileira. As moléculas salivares derivadas do carrapato garantem o parasitismo e facilitam o estabelecimento de infecções causadas pelos patógenos transmitidos por esses artrópodes hematófagos. Dados da literatura mostram que inibidores de proteases presentes na saliva de *A. sculptum* têm um papel conservado na interface carrapato-hospedeiro vertebrado, como moduladores das respostas hemostáticas e imunológicas à alimentação sanguínea. Com base em dados preliminares recém-publicados, antecipamos que os inibidores de protease salivares atuam por diferentes mecanismos em níveis bioquímico, molecular e celular, promovendo o repasto sanguíneo bem-sucedido dos carrapatos e regulando diversas vias homeostáticas do hospedeiro. Os inibidores de proteases derivados de carrapato são, portanto, candidatos atraentes para o desenvolvimento de terapias. Dessa maneira propomos expandir a avaliação de AsKunitz, um inibidor do tipo Kunitz recém-descrito na saliva de *A. sculptum*, utilizando modelos experimentais *in vitro* e *in vivo* para o estudo de suas funções no sistema imunológico, com potencial benefício translacional. O presente projeto tem como objetivo determinar os potenciais alvos celulares imunológicos de AsKunitz (linfócitos, células dendríticas, macrófagos e neutrófilos), dissecar seus mecanismos de ação nas respostas dessas células (enzimas, fatores de transcrição e moléculas efetoras) e testar a utilidade dessa molécula salivar como um imunobiológico em modelos experimentais de inflamação e de doença autoimune escolhida de acordo com seu(s) alvo(s) bioquímico(s).

Palavras-chave: *Amblyomma sculptum*, moléculas salivares, inibidores de protease, Askunitz, atividades biológicas.

Apoio financeiro: CAPES

Características biológicas que acompanham a morte de linfócitos induzida pela saliva de *Aedes aegypti*

Josiane Betim de Assis¹, Margareth de Lara Capurro^{2,3}, Alexandra Ivo de Medeiros⁴, Anderson Sá-Nunes^{1,3}

¹ Departamento de Imunologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil ² Departamento de Parasitologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil ³ Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (INCT-EM/CNPq), Rio de Janeiro, RJ, Brasil ⁴ Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Araraquara, SP, Brasil

O *Aedes aegypti* é um inseto hematófago conhecido como vetor de vírus de grande importância na saúde pública. Sua saliva é composta por uma ampla gama de moléculas com atividades anti-hemostáticas e imunomoduladoras, dentre as quais é descrita uma citotoxicidade seletiva para linfócitos. No entanto, uma caracterização molecular mais detalhada desse processo de morte celular ainda é necessária para uma correta classificação dessa morte. Assim, o objetivo deste trabalho é fornecer novas características biológicas associadas à morte de linfócitos induzida pelo extrato da glândula salivar (EGS) de *A. aegypti*. Para avaliar a atividade citotóxica do EGS de *A. aegypti*, baços murinos foram usados como fonte de linfócitos. Após incubação por diferentes períodos de tempo, essas células foram avaliadas por citometria de fluxo e Western Blot. O sobrenadante da cultura foi coletado para avaliação da lactato desidrogenase (LDH) e citocinas usando kits comerciais. Inicialmente, identificamos uma exposição transitória de fosfatidilserina, caracterizada por coloração positiva com anexina V, em linfócitos T e B incubados com EGS. Também observamos que essa exposição parece ser independente de caspase, pois não detectamos aumento de caspases ativas após incubação com EGS nem alterações na presença de Q-VD-OPh, um inibidor de pan-caspase. Além disso, as células B e T parecem reagir de forma diferente ao EGS ao longo do tempo; enquanto os linfócitos B apresentaram um baixo percentual de morte (Anexina V+/Live-Dead+) em relação ao controle negativo, os linfócitos T apresentaram um aumento crescente na morte, com cerca de 50% de aumento de células duplamente positivas em relação ao controle após 10 horas de incubação. Esse aumento foi acompanhado por uma maior liberação de LDH ao longo do tempo. Curiosamente, a liberação de LDH ocorreu principalmente em culturas de células T, enquanto IL-1 β foi detectada em culturas de células B. Outros experimentos estão em andamento para caracterizar adequadamente a morte celular induzida por EGS e avaliar seu efeito no organismo hospedeiro *in vivo*. Esses dados podem melhorar nossa compreensão sobre o microambiente criado pela saliva de *A. aegypti* na pele do hospedeiro vertebrado no momento da picada e contribuir com estudos futuros para gerar novas alternativas de combate ao mosquito e aos patógenos transmitidos por esse vetor.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*, saliva, morte celular, linfócitos.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, FAPESP

Identificação de proteínas intestinais de *Aedes aegypti* com atividade anti-complemento e sua aplicação como alvos vacinais

Luísa de Melo Lara¹; Adalberto Pereira Filho²; Luccas Gabriel Ferreira Malta¹; Marcos Horácio Pereira¹; Leonardo Barbosa Koerich¹; Maurício Roberto Viana Sant'anna¹; Grasielle Caldas D'Ávila Pessoa¹; Daniella Castanheira Bartholomeu; Nelder de Figueiredo Gontijo¹

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos, Departamento de Parasitologia, ICB/UFMG, Belo Horizonte/MG

²Laboratório de Genômica e Interação de Parasitos, Departamento de Parasitologia, ICB/UFMG, Belo Horizonte/MG

Aedes aegypti é uma espécie de *Culicidae* de distribuição cosmopolita, apresentando intensa urbanização, antropofilia e resistência a inseticidas. Esses mosquitos são responsáveis por manterem circulantes os vírus da dengue, febre amarela, zika e chikungunya no meio urbano. Machos e fêmeas de *A. aegypti* alimentam-se de substâncias açucaradas, mas as fêmeas necessitam de repasto sanguíneo para maturação dos ovos. A ingestão de sangue pode ser perigosa pois no sangue ingerido pelas fêmeas encontram-se as proteínas do sistema do complemento que reconhecem e atacam superfícies estranhas tais como a superfície dos enterócitos presentes no intestino médio dos insetos. Para proteger as células do tubo digestivo, artrópodes hematófagos desenvolveram inibidores salivares ou intestinais que inibem e assim protegem o intestino do ataque do complemento. Estudos recentes mostraram que *A. aegypti* se protege do complemento produzindo inibidores intestinais, com a existência de dois mecanismos de inibição: inibição da via clássica e da via das lectinas do complemento humano através da secreção de um inibidor intestinal solúvel e também pela captação do fator H do soro na superfície dos enterócitos. O fator H é uma proteína reguladora negativa que funciona protegendo as células do organismo de um ataque equivocado. O presente projeto propõe a identificação e purificação da proteína solúvel inibidora do sistema do complemento e do receptor intestinal de fator H de *A. Aegypti* fêmeas. Para alcançar este objetivo, será realizado dois passos concomitantes: 1. purificação do inibidor solúvel e caracterização por espectrometria de massa; e 2. enriquecimento de microvilosidades intestinais de *A. aegypti*, purificação dos receptores envolvido na captação de fator H, isolamento do receptor de fator H e caracterização do mesmo por espectrometria de massa. Considerando a necessidade e importância em se desenvolver novas estratégias para o combate deste inseto vetor, essa pesquisa pode servir de base para futuros estudos de alvos vacinais, que estimulariam a produção de anticorpos em hospedeiros vertebrados vacinados contra proteínas inibidoras do sistema do complemento presentes em *A. aegypti*, capazes de interferir no ciclo biológico do inseto e causar danos ao *fitness* do mesmo.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*; sistema complemento; proteínas; purificação

Apoio Financeiro: FAPEMIG; UFMG; CNPq; CAPES; INCT-Entomologia Molecular

MICROBIOTA

Estudo comparativo da microbiota de flebotomíneos

Aline Silva Soares, Thais Bonifácio Campolina e Nágila Francinete Costa Secundino

Instituto René Rachou – Fiocruz Minas

Flebotomíneos (Diptera: Psychodidae) são insetos vetores de diferentes agentes etiológicos responsáveis por transmitir doenças com grande importância médica e veterinária na saúde pública, como a leishmaniose. No entanto, sabe-se que os insetos, em geral, apresentam uma importante interação com os microrganismos simbióticos que compõem a sua microbiota. A microbiota, por sua vez, é fundamental para o desenvolvimento do hospedeiro por fornecer nutrição, digestão e respostas imunológicas contra patógenos. Embora tenha conhecimento acerca dessa interação, pouco são as informações sobre a microbiota dos flebotomíneos. Portanto, uma meta-análise sobre a composição bacteriana de espécies de flebotomíneos do Velho e Novo Mundo será realizada juntamente com o levantamento das técnicas utilizadas para a identificação das famílias dos isolados bacterianos. Para isso, serão compiladas as análises dos estudos já publicados que avaliaram a riqueza bacteriana através dos métodos dependentes e independentes de cultura de um conjunto de espécies dos dois gêneros *Lutzomyia* e *Phlebotomus*. Esta revisão tem como objetivo comparar essas duas técnicas a fim de compreender melhor a comunidade microbiana e identificar possíveis bactérias alvos para futuros estudos de paratransgênese. Assim, com os resultados adquiridos através da literatura atual, discutiremos as recentes descobertas entre a composição da microbiota intestinal das espécies de flebotomíneos do Velho e Novo Mundo, além de demonstrar as semelhanças e diferenças da microbiota desses flebotomíneos.

Palavras-chave: microbiota; flebotomíneos; bactéria; interação.

Apoio Financeiro: IRR

Influência da dieta no microbioma de larvas de *Galleria mellonella*: uma análise no processo de biodegradação de polietileno

Andressa Pivato¹; Janira Prichula², Andrés Cumsille³, Gabriela Messias⁴; Jeane Lima²; Rosane Ligabue²; Beatriz Cámara³; Adriana Seixas¹; Danielle Trentin¹

¹Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA); ²Harvard Medical School, Estados Unidos; ³Universidad Técnica Federico Santa María, Chile (UTFSM); ⁴Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS).

Polietileno (PE) representa aproximadamente 30% da demanda mundial por produtos plásticos e por ser inerte sua biodegradação é um processo extremamente lento. Interessantemente, estudos têm mostrado o potencial de larvas de insetos em biodegradar plásticos, e a rápida biodegradação de PE tem sido relatada por larvas de *Galleria mellonella*. No entanto, não há consenso na literatura sobre o papel da microbiota do animal nesse processo. Estudos que investigam a biodegradação de PE por *G. mellonella* apontam a relação entre a alimentação e a composição microbiana, porém limitam-se à análise de bactérias intestinais e apenas um deles aborda a diversidade bacteriana em glândulas salivares de larvas submetidas à dieta combinada de cera de abelha com PE. A fim de identificar comunidades bacterianas e fúngicas que possam estar relacionados ao processo de biodegradação de PE, estabelecemos uma abordagem metodológica sistemática na qual larvas pesando em média 130 mg foram mantidas individualmente em placas de Petri de vidro estéril a 28 °C e submetidas a dietas estéreis por 5 dias, incluindo: filmes de PE, dieta laboratorial (nutricionalmente rica), cera de abelha (nutricionalmente pobre) e jejum (condição de estresse). O consumo individual de substrato foi medido para garantir que apenas os animais que se alimentaram fossem utilizados nas próximas etapas. Glândulas salivares e intestinos foram extraídos de 10 larvas para formar um pool em cada amostra. As comunidades bacterianas e fúngicas foram analisadas por sequenciamento parcial dos genes 16S e ITS rRNA. As análises sobre a diversidade fúngica estão em andamento. Para ambos os tecidos analisados, os grupos de larvas que receberam cera e PE apresentaram similaridades em suas comunidades bacterianas, indicando que a semelhança química dessas dietas direciona a manutenção de tipos bacterianos semelhantes no animal. No intestino de larvas alimentadas com PE e cera houve a presença dos gêneros *Pseudomonas*, *Acinetobacter* e *Escherichia*, os quais já foram relatados como biodegradadores de PE. Observou-se que, independentemente da dieta fornecida ou do estado de jejum, o intestino mostrou menor diversidade bacteriana que as glândulas salivares, evidenciando o potencial papel do microbioma das glândulas salivares na degradação de substratos. Nossos resultados indicam que a dieta com PE seleciona microrganismos que podem desempenhar um papel essencial no processo de biodegradação do PE por larvas de *G. mellonella*.

Palavras-chave: *Galleria mellonella*, polietileno, biodegradação, microbioma, sequenciamento genes 16S e ITS.

Suporte financeiro: Instituto Serrapilheira e CAPES.

Microbiota do trato respiratório superior de pacientes acometidos por infecções respiratórias agudas e sua associação com SARS-CoV-2

Jordana Ariane Nunes da Rosa¹, Ana Paula Mutterle Varela¹, Felipe Grillo Pinheiro¹, Janira Prichula², Fabiana Quoos Mayer³, Tatiana Schaffer Gregianini⁴, Ivone Menegolla⁵, Matthew Chung⁶, Elodie Ghedin⁶, Ana Beatriz Gorini da Veiga¹, Adriana Seixas¹

¹UFCSPA: Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre. ²Harvard Medical School - EUA. ³IPVDF: Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor. ⁴LACEN/CEVS/SES: Laboratório Central de Saúde Pública, Centro Estadual de Vigilância em Saúde da Secretaria de Saúde do Estado do Rio Grande do Sul. ⁵18ª Coordenadoria Regional de Saúde. Centro Estadual de Vigilância em Saúde da Secretaria de Saúde do Estado do Rio Grande do Sul –18ª CRS/CEVS/SES-RS. Osório, RS, Brasil. ⁶Systems Genomics Section, Laboratory of Parasitic Diseases, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, National Institutes of Health, Bethesda, MD, USA.

SARS-CoV-2 é um vírus de RNA fita simples envelopado, sentido positivo e pertencente ao gênero *Betacoronavirus*. Sendo o agente causador da COVID-19. Como ainda não estão bem definidos os fatores associados à suscetibilidade e à severidade da infecção causada pelo vírus SARS-CoV-2, uma possibilidade seria avaliar se existem alterações na microbiota da nasofaringe de pacientes positivos e negativos para COVID-19, visto que, a microbiota do trato respiratório superior funciona como uma primeira barreira contra o ataque de infecções de qualquer origem. Sendo assim, este estudo tem como objetivo analisar a comunidade bacteriana presente em amostras de nasofaringe de pacientes com Síndrome Gripal (SG) e com Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG), infectados e não infectados pelo SARS-CoV-2. Amostras provenientes de suabes de nasofaringe dos pacientes foram avaliadas utilizando a metodologia de sequenciamento de amplicons da região V4 do gene *16S rRNA*. A caracterização das comunidades bacterianas presentes nessas amostras pode contribuir para elucidar questões importantes relacionadas à infecção por SARS-CoV-2, bem como verificar possível associação entre a gravidade da infecção causada pelo vírus e a microbiota bacteriana dos pacientes. Os perfis da comunidade bacteriana foram significativamente diferentes em pacientes positivos para SARS-CoV-2 com SG em comparação com pacientes positivos com SRAG, nos níveis de gênero e espécie. Ao comparar os grupos etários, 20 – 40 anos em relação a maiores de 60 anos, diferenças foram observadas em níveis de gênero e espécie apenas entre pacientes com SRAG, positivos e negativos para SARS-CoV-2. Verificou-se que, pacientes com SRAG-SARS-CoV-2 positivos tiveram um aumento na abundância relativa de *Streptococcus* spp., enquanto *Bacillus* spp. foi mais abundante nos grupos SG-SARS-CoV-2 positivo e SRAG-SARS-CoV-2 negativo. Os resultados do nosso estudo identificaram diferenças significativas nos perfis da microbiota de pacientes com infecções respiratórias agudas em comparação com infecções respiratórias agudas graves, com e sem SARS-CoV-2, sugerindo que a microbiota pode ser um indicador de suscetibilidade à infecção por SARS-CoV-2 e gravidade da doença.

Palavras-chave: Microbiota bacteriana, nasofaringe, SARS-CoV-2, síndrome respiratória aguda grave, síndrome gripal, *16S rRNA*. **Apoio financeiro:** CAPES, CNPq, FAPERGS, UFCSPA.

ÔMICAS

Sequenciamento por nanoporos para identificação de repasto sanguíneo de culicídeos em área de emergência de febre amarela na Serra da Cantareira (RMSP)

Esmenia Coelho Rocha¹, Lícia Natal Fernandes¹, Juliana Telles de Deus², Ian Nunes Valença³, Pâmela dos Santos Andrade⁴, Ingra Morales Claro³, Ester Cerdeiro Sabino³, Tamara Nunes de Lima-Camara⁴

¹ Instituto de Medicina Tropical, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo. ² Superintendência de Controle de Endemias do Estado de São Paulo. ³ Departamento de Moléstias Infecciosas, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo. ⁴ Departamento de Epidemiologia, Faculdade de Saúde Pública da Universidade de São Paulo.

Investigar o comportamento antropofílico e/ou zoofílico de artrópodes é importante para conhecer a dinâmica de transmissão de arbovírus. O vírus da febre amarela, pertencente à família *Flaviviridae*, é transmitido através da picada de mosquitos da família Culicidae. Na epidemia que atingiu regiões metropolitanas do estado de São Paulo, a Serra da Cantareira destacou-se como uma das áreas mais afetadas, com alta mortalidade de bugios, principal hospedeiro amplificador do vírus. Aqui, investigamos o hábito alimentar de fêmeas de mosquitos potencialmente envolvidos na circulação do vírus da febre amarela na Serra da Cantareira. Os locais de coleta foram determinados a partir de epizootias e casos humanos da doença. As coletas entomológicas foram realizadas a partir do pico da epidemia, em dezembro de 2017, até março de 2020. Todas as fêmeas com vestígios de sangue no abdômen foram identificadas em nível de espécie e individualizadas. Foram identificadas 163 fêmeas ingurgitadas, distribuídas em 17 espécies, inclusive *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys/capricornii*, conhecidas transmissoras do vírus amarelo, além de potenciais vetores, como *Aedes albopictus*. Foi testada uma técnica de identificação do repasto sanguíneo por meio de sequenciamento na plataforma MinION, que simultaneamente também identificava a espécie do vetor e, possivelmente, vírus patogênicos. O protocolo desenvolvido utilizou fêmeas de *Aedes aegypti* alimentadas artificialmente com sangue humano e sangue bovino para validação. Para amplificação mitocondrial do mosquito e do animal do qual se alimentou, foram utilizados primers de citocromo C oxidase I e citocromo B. Para amplificação de eventuais vírus, foram utilizados primers randômicos da metagenômica SMART-9N (Switching mechanism at 5' end of RNA Template). As sequências obtidas foram comparadas com sequências de vertebrados e de culicídeos no GenBank e BOLD (Barcode of Life Data System). As amostras foram mapeadas com minimap2 (v2.17-r941) e tiveram resultados compatíveis com as espécies utilizadas. As sequências geradas também foram alinhadas com o MiniKraken2_v1_8GB e Genome Detective para detecção de vírus. Parte das amostras foi processada e uma fêmea de *Hg. leucocelaenus* positivou para o vírus amarelo, com sangue humano em seu abdômen. O protocolo resultante neste trabalho poderá ser utilizado para contribuir com pesquisas sobre hospedeiros envolvidos em ciclos de transmissão de arbovírus e vigilância entomológica.

Palavras-chave: Hábito alimentar, Culicidae, Febre amarela, MinION. **Apoio financeiro:** CAPES, SUCEN (Superintendência de Controle de Endemias do Estado de São Paulo), CADDE (Centre for Arbovirus Discovery, Diagnosis, Genomics and Epidemiology) e FAPESP.

***In silico* analysis of neuropeptides in *Rhipicephalus microplus* and other tick species**

Jéssica Waldman¹, Itabajara da Silva Vaz Junior^{1,2}

¹Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil

²Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil

Neuropeptides are signaling molecules synthesized and released by synganglion that can act as neurotransmitters, neuromodulators and neurohormones. Despite being well characterized in insects, the study in ticks is still scarce. Thus, this work aimed the identification and characterization of neuropeptides. An *in silico* analysis was performed from a *Rhipicephalus microplus* transcriptome and in other tick species from published genome assemblies (*R. microplus*, *Rhipicephalus sanguineus*, *Ixodes persulcatus*, *Dermacentor silvarum*, *Haemaphysalis longicornis*, *Hyalomma asiaticum*) to identify and characterize tick neuropeptides. A total of 52 neuropeptides were identified in *R. microplus* transcriptome and in other tick species. The majority of neuropeptides was also presented in almost all tick genomes, showing that they are conserved among the tick species. Neuropeptides are among the overrepresented sequences in synganglion transcriptome and are at least five-fold more abundant in this tissue than in the other samples (ovary, embryo, fat body, salivary glands and midgut from partially and engorged females), representing 6% of the CDS RPKM. Additional work is still required to clarify the role of neuropeptides in tick physiology and their potential as drug targets.

Key-words: tick; neuropeptides; physiology; synganglion;

Acknowledgments: CNPq, CAPES and INCT-EM

Genômica funcional em *Cimex lectularius*: o papel de biomoléculas salivares no desempenho alimentar

Luiza Rodrigues Moreira Guerra¹; Marcos Horácio Pereira¹; Laura Costa Alvarez¹; Lidiane Medeiros da Costa¹; Liléia Diotaiuti²; Leonardo Barbosa Koerich¹; Maurício Roberto Viana Sant'anna¹; Nelder de Figueiredo Gontijo¹; Grasielle Caldas D'Ávila Pessoa¹

¹Laboratório de Fisiologia de Insetos Hematófagos, Departamento de Parasitologia, ICB/UFMG, Belo Horizonte/MG ²Grupo de Pesquisa Triatomíneos, Instituto René Rachou/FIOCRUZ MINAS, Belo Horizonte/MG

O percevejo de cama (*Cimex lectularius*) é um pequeno inseto áptero da ordem Hemiptera. São considerados uma praga urbana, sobretudo nas grandes cidades, ocorrendo em praticamente todo o mundo. Suas infestações são um problema na saúde humana, já que as picadas acarretam intenso incômodo durante a noite, podendo prejudicar o sono noturno, a saúde mental e a rotina das pessoas. São hematófagos obrigatórios em todos os estágios de desenvolvimento pós-embrionários, retirando o sangue diretamente dos vasos sanguíneos. A saliva liberada durante o processo de alimentação dos artrópodes, contendo diferentes moléculas salivares, desencadeia dermatites, alergias e forte prurido em indivíduos ectoparasitados. Além disso, sabe-se que essa saliva também auxilia na obtenção do sangue do hospedeiro vertebrado. Dentre as moléculas salivares já isoladas, destacam-se a nitroforina e enzima óxido nítrico sintase. Essas proteínas são consideradas fundamentais para tais insetos, visto que facilitam a localização dos vasos sanguíneos e a manutenção do fluxo de sangue durante o processo hematofágico, contrapondo o mecanismo hemostático do hospedeiro vertebrado. Nesse contexto, apesar da importância dos componentes salivares na alimentação dos cimicídeos, apenas recentemente foi publicado o primeiro estudo demonstrando a salivação de *C. lectularius* na pele do hospedeiro. Assim, o objetivo deste trabalho é investigar funcionalmente genes salivares (nitroforina e a óxido nítrico sintase) durante a hematofagia, bem como a participação das biomoléculas *in vivo*. A fim de se alcançar tais objetivos, primeiramente, será realizada a padronização da técnica de RNA interferente (RNAi) para o silenciamento pós-transcricional das proteínas salivares de *C. lectularius*. Depois de realizado o silenciamento das moléculas de interesse, será avaliado o impacto da redução da expressão destas moléculas salivares (nitroforina e óxido nítrico sintase) na performance alimentar de *C. lectularius* em camundongo *hairless*, através de ensaios de microscopia intravital juntamente com o eletromiograma da bomba cibarial. A caracterização do comportamento alimentar de *C. lectularius*, além de contribuir para o melhor entendimento de aspectos da biologia destes insetos, poderá abrir novas perspectivas para controle e estudos com diferentes abordagens.

Palavras-chave: *Cimex lectularius*, comportamento alimentar, proteínas salivares, silenciamento pós transcricional, microscopia intravital, eletromiograma

Apoio financeiro: UFMG; CNPq; CAPES; INCT-Entomologia Molecular

Detecção de vírus específico de mosquitos em *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) no Brasil

Pâmela dos Santos Andrade^{1,2}, Ian Nunes Valença^{2,3}, Lícia Natal Fernandes², Marta Ribeiro Heinisch e Silva¹, Esmeria Coelho Rocha², Ester Cerdeiro Sabino^{2,3}, Tamara Nunes Lima-Camara¹.

¹Departamento de Epidemiologia, Faculdade de Saúde Pública da Universidade de São Paulo (USP); ²Instituto de Medicina Tropical, Faculdade de Medicina da USP; ³Departamento de Moléstias Infecciosas, Faculdade de Medicina da USP

Os vírus específicos de mosquitos replicam-se em células de artrópodes, não tendo a mesma capacidade em células de mamíferos. As aplicações dos vírus específicos de mosquitos ainda estão em investigação, mas acredita-se que algumas estejam relacionadas ao potencial de controlar ou impedir a infecção das células do mosquito por arbovírus, à redução da sobrevivência e/ou fertilidade dos mosquitos e também à possibilidade de vacinas. O mosquito *Aedes albopictus* é encontrado em áreas tropicais, subtropicais e de clima temperado no mundo, sendo importante transmissor de vários arbovírus. No Brasil, é apontado como um vetor potencial dos vírus dengue, Zika, chikungunya e da febre amarela. Vírus específicos de mosquitos em *Ae. albopictus* têm sido estudados e esta espécie parece apresentar um viroma central estável: *Phasi Charoen-like phasivirus*, *Hubei mosquito virus 2* e *Wenzhou sobemo-like virus 4* já foram reportados nesse vetor, por exemplo. Neste trabalho, descrevemos a primeira detecção do *Wenzhou sobemo like-virus 4* em *Ae. albopictus* no Brasil. Os mosquitos adultos foram coletados em dois parques urbanos da cidade de São Paulo, usando aspirador manual elétrico, entre 2018 e 2020. Os adultos foram identificados, separados em pools, considerando sexo, estação do ano, ano e local de captura e armazenados em freezer -80°C. Após extração e tratamento do material genético, foi realizada a técnica de metagenômica SMART (Switching mechanism at 5' end of RNA Template) -9n. A biblioteca foi preparada e sequenciada pela plataforma MinIon - Oxford Nanopore. Os dados gerados foram analisados e classificados no banco de dados MiniKraken2_v1_8GB Kraken 2. Foram identificadas *reads* para o *Wenzhou sobemo like-virus 4* em três pools de fêmeas de *Ae. albopictus*. Após o mapeamento e a visualização contra o genoma de referência do *Wenzhou sobemo-like virus 4*, foi gerada a sequência consenso. *Wenzhou sobemo like-virus 4* pertence ao gênero *unclassified RNA viruses ShiM-2016*, tendo os invertebrados como principais hospedeiros. Esta é a primeira detecção do *Wenzhou sobemo like-virus 4* em populações de mosquitos da América Latina. Mais estudos sobre o viroma de mosquitos, principalmente em vetores de arbovírus, precisam ser realizados, para melhor compreender a interação entre vírus específicos de mosquitos e arbovírus, além de outras aplicações.

Palavras-chave: Vírus específico de mosquito, *Aedes albopictus*, Metagenômica

Apoio Financeiro: FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) e CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior).

Structural Characterization of Tick Evasins Proteins from *Rhipicephalus microplus*

Bernabé, R.B¹, Gomes, H¹., Braz, G²., Itabajara Vaz Jr³., Logullo, C⁴. and Moraes, J¹.

¹Laboratório Integrado de Bioquímica Hatisaburo Masuda, Instituto de Biodiversidade e Sustentabilidade - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil

²Departamento de Bioquímica, Instituto de Química Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil

³Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil; Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil.

⁴Laboratório de Bioquímica de Artrópodes Hematófagos, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil

Ticks are blood-sucking parasites that transmit diseases to humans and animals. They are responsible for billions of dollars of economic damage to the world's livestock systems. Ticks secrete in their saliva a group of proteins belonging to a family called Evasins. These Evasins modulate the host's immune system allowing the tick to parasitize long enough to feed. This modulation is due to its binding to immune components of the host called chemokines. The objectives of this work were identification, classification, structural models constructions and analysis of the Evasins in transcriptome from tick organs and tissues. Material and methods are basically sequences from tick *Rhipicephalus microplus*' transcriptome, Basic local alignment search tool software like <http://www.clustal.org/> and <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, protein data bank <https://www.rcsb.org/> and protein structure homology-modelling server <https://swissmodel.expasy.org/>. Results and discussion: In this work we identified 13 Evasins that were classified 12 as Evasins A and 1 as Evasin B. The majority expressed protein was called EVA-Bm-1A. These encoded protein sequences were found in salivary gland, fat body, ovary, embryo, engorged and partially engorged females. The conformation of the Evasins structural analysis showed chemokine binding sites. Therefore, we conclude that tick evasins can be targets to combat ticks through their inhibition at a specific molecular structural site or by using their biotechnological potential to inhibit chemokines of the signaling cascade that recruit cells involved in the inflammatory process of specific clinical situations.

Keywords: ticks, *Rhipicephalus*, *microplus*, evasins, anti-inflammatory

Financial support: UFRJ, CNPq, FAPERJ

Revisiting the Salivary Gland of the Rat Flea *Xenopsylla cheopis*

Stephen Lu¹, John F. Andersen¹, Christopher F. Bosio², B. Joseph Hinnebusch² and Jose M.C. Ribeiro¹

¹Laboratory of Malaria and Vector Research, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, National Institutes of Health, Bethesda, MD, USA.

²Laboratory of Bacteriology, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, National Institutes of Health, Rocky Mountain Laboratories, Hamilton, MT, USA.

Over the last 20 years, advances in sequencing technologies paired with biochemical and structural studies have shed light on the unique pharmacological arsenal produced by the salivary gland of hematophagous arthropods. These molecules can target host hemostasis and immune response, favoring blood acquisition and, in several cases, enhancing pathogen transmission. Here we provide a deeper insight into *Xenopsylla cheopis* salivary gland contents pairing transcriptomic and proteomic approaches. In this dataset, we identified a large number of acid phosphatases lacking their putative catalytic residues. Further biochemical assays with the recombinant proteins confirmed that the expected catalytic activity was absent and that the acid phosphatases acted as *kratagonists*, molecules that can bind and, therefore, reduce the availability of different agonists relevant for host hemostasis (e.g., serotonin, epinephrine, and histamine).

Keywords: salivary glands, fleas, kratagonists, acid phosphatases, transcriptom

Financial support: NIH intramural division grant number ZIA AI000810.

SISTEMA IMUNE

Análise de Bm05br como antígeno vacina contra carrapatos

Arlex Rodríguez-Durán^{1,4}, Luis Fernando Parizi¹, Itabajara da Silva Vaz Junior^{1,2,3}

¹Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande de Sul, Brasil. ²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Entomologia Molecular (INCT-EM), Brasil. ³Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande de Sul, Brasil, ⁴Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinária da UFRGS

Os carrapatos são os ectoparasitos mais importantes nos sistemas de produção de bovinos, pois causam danos fisiológicos e transmitem diversos patógenos. Em todo o mundo causam perdas econômicas entre US\$ 22 a 30 bilhões/ano. Atualmente, o controle desses artrópodes é realizado quase que exclusivamente pelo uso de acaricidas, que causaram a seleção de diversas populações de carrapatos resistentes aos diferentes princípios ativos. Dentre os métodos alternativos para o uso de acaricidas está o uso de vacinas. Bm05br é uma proteína homóloga a Hq05 (*Haemaphysalis qinghaiensis*) em *Rhipicephalus microplus* e Rs05 (*R. sanguineus* s.l.). Estudos prévios mostram que Bm05br pode estar envolvido na reprodução de *R. microplus*, e que interferir em sua expressão afeta a postura de ovos. Por isto, ela pode ser um antígeno potencial para o desenvolvimento de uma vacina anticarrapato. O objetivo deste projeto é estudar a capacidade do antígeno Bm05br de induzir uma resposta imune protetora contra carrapatos. A expressão da proteína recombinante será realizada em *E.coli*-cepa TOP10 e será purificada por cromatografia de afinidade a níquel. A produção e purificação da proteína rBm05br será analisada em PAGE e gel e Western-blot. Posteriormente, coelhos serão imunizados com rBm05br na presença de adjuvante. A seguir, os coelhos serão infestados com *R. sanguineus* s.l. para verificar a capacidade imunoprotetora de Bm05br. A resposta humoral dos coelhos será avaliada por técnicas de ELISA e Western-blot. Os resultados obtidos nesta pesquisa servirão de base para o desenvolvimento de uma vacina anticarrapato multiespécies de interesse sanitário e econômico. Suporte financeiro: CNPq, INCT-EM (Brasil) e Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (Colômbia).

Palavras-chave: controle, carrapatos, imunoproteína, Bm05br, vacina.

Caracterização funcional da via Toll e de potenciais efetores na colonização de células do carrapato *Amblyomma sculptum* por *Rickettsia rickettsii*

Beatriz I Alonso, Andréa Cristina Fogaça

Instituto de Ciências Biomédicas/USP – Depto. de Parasitologia

Os carrapatos são ectoparasitas que se alimentam obrigatoriamente de sangue, sendo vetores versáteis de diversos patógenos. Dentre as doenças transmitidas ao homem por carrapatos, a febre maculosa das Montanhas Rochosas, ocasionada pela bactéria *Rickettsia rickettsii*, é uma das mais letais. No Brasil, a transmissão ocorre principalmente pela picada do carrapato *Amblyomma sculptum*. Especificamente na região metropolitana de São Paulo, a transmissão é dada por *Amblyomma aureolatum*. Uma vez ingerido pelo carrapato vetor, os patógenos precisam sobreviver às reações do sistema imune para serem transmitidos para outros hospedeiros vertebrados. Nesse contexto, compreender as interações entre *R. rickettsii* e os seus carrapatos vetores é importante, podendo levar à identificação de alvos para o desenvolvimento de estratégias para o bloqueio da transmissão. Embora pertençam ao mesmo gênero, *A. sculptum* e *A. aureolatum* apresentam diferenças marcantes quanto à susceptibilidade à infecção por *R. rickettsii*, sendo *A. aureolatum* mais susceptível que *A. sculptum*. Nosso grupo de pesquisa determinou previamente os efeitos da infecção sobre o perfil de expressão gênica do intestino e das glândulas salivares de carrapatos *Amblyomma* spp. Dentre as CDSs de fatores do sistema imune moduladas pela infecção, destacam-se GILTs (do inglês, *gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase*) e microplusinas. Em artrópodes, os efetores do sistema imune podem ser constitutivamente expressos ou sua expressão pode ser induzida após o reconhecimento de padrões moleculares associados a patógenos pelas vias de sinalização imune Toll, IMD e JAK/STAT. Poucos efetores associados a cada via de sinalização foram identificados em carrapatos. Assim, a presente proposta tem como objetivo principal determinar os efeitos do silenciamento gênico de componentes da via Toll, de GILTs e de microplusinas na proliferação de *R. rickettsii* em uma linhagem de células embrionárias de *A. sculptum* (IBU/ASE-16). Para tal, a expressão gênica de Dorsal, Cactus, MyD88, GILTs (Acaj-71750 e Acaj-74441) e microplusinas (Acaj-57400 e Acaj-64186) de *A. sculptum* será silenciada por RNAi. O número total de *R. rickettsii* e a porcentagem de silenciamento gênico serão determinados por qPCR. Além disso, a expressão gênica das CDSs de GILTs e de microplusinas nos grupos com Dorsal, Cactus e MyD88 silenciados para avaliar se são efetores da via Toll.

Palavras-chave: carrapato, riquetsia, sistema imune, febre maculosa, RNAi, qPCR.

Apoio financeiro: FAPESP

Stomoxys calcitrans*: characterization of circulating hemocytes and interaction aspects with *Herpetomonas muscarum

Dayana Rosa^{1,2}; Melissa Florencio^{1,2}; Helena Lúcia Carneiro Santos³; Lucia Helena Pinto-da-Silva⁴; Aparecida Alves do Nascimento⁵; Rubem Figueiredo Sadok Menna Barreto⁶,
Patricia Fampa¹

¹Laboratório de Parasitos e Vetores, Departamento de Ciências Farmacêuticas, ICBS-UFRJ, Seropédica - RJ - Brasil; ²Discente do Curso de Pós-graduação em Ciências Veterinárias; ³Laboratório de Estudos Integrados em Protozoologia, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro - RJ – Brasil; ⁴Laboratório de Imunologia e Virologia Veterinária, Departamento de Microbiologia e Imunologia Veterinária, IV-UFRJ, Seropédica - RJ – Brasil; ⁵Departamento de Biologia Animal, ICBS-UFRJ, Seropédica - RJ – Brasil; ⁶Laboratório de Biologia Celular, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro - RJ – Brasil.

Stomoxys calcitrans (Diptera) or stable fly is a cosmopolitan insect and the only species of the genus that occurs in America. Adult females and males are hematophagous, being mechanical vectors of a wide range of pathogens of veterinary interest as viruses, bacteria, protozoa and helminths. Their bites are painful and cause a lot of stress to livestock hosts affecting weight gain and causing reduced milk production. The Trypanosomatidae family includes both heteroxenic protozoa of medical and veterinary importance, as well as monoxenic representatives found only in arthropods. Monoxenic protozoa have potential as a strategy for biological control of insect vectors. Recently, we observed the presence of a trypanosomatid, molecularly characterized by our group as *Herpetomonas muscarum* in *S. calcitrans* hemolymph of field and F1 colony flies kept in our laboratory. The isolates were cultured and cryopreserved in liquid nitrogen and deposited in the Protozoa Collection of Fundação Oswaldo Cruz, RJ. Hemocytes are the insects' immune cells and participate of cellular and humoral immune responses in these organisms. A better knowledge about hemocytes can contribute to understand the cellular defense system of the study models. In the present work, besides describing the isolation and identification, we analyzed the *in vitro* and *in vivo* interaction of *H. muscarum* with *S. calcitrans* guts. In *in vitro* assays, *H. muscarum* remained bound to the fly guts in higher numbers when compared to *Leishmania amazonensis*. In *in vivo* assays, we observed the presence of *H. muscarum* in the gut of *S. calcitrans* up to 24 hours after ingestion. Ultrastructural and histological aspects of *H. muscarum* – *S. calcitrans* guts are being analyzed. Moreover, we observed that *S. calcitrans* hemocytes are classified as prohemocytes, plasmatocytes, granulocytes, and oenocytoids and we intend perform differential quantification of these cell types in flies infected or not with the trypanosomatid. *S. calcitrans* is considered a pest of livestock and yet there are not available effective ways of controlling its proliferation and we expect to better understand its relationship with *H. muscarum* and how it affects the insect biology.

Keywords: morphology, mechanical vector, monoxenous trypanosomatids, immune system.
Supported by: CAPES, FAPERJ & PROPPG-UFRJ

O metabolismo energético como modulador da competência vetorial ao vírus dengue em *Aedes aegypti*

Emili Bortolon dos Santos, José Henrique M. Campos de Oliveira

Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, estado de Santa Catarina

Os mosquitos *Aedes aegypti* são vetores de arboviroses e representam um problema para a saúde da população humana mundial. O custo energético associado aos diferentes processos biológicos dos mosquitos, incluindo o custo da ativação imunológica quando o inseto está infectado com arbovírus, é pouco conhecido. Parte deste custo é fornecida pelo catabolismo proteico e os mecanismos controladores desse processo são pouco conhecidos. No presente estudo entende-se que há um desconhecimento do fluxo de energia que permite a ativação imunológica e defesa antiviral de mosquitos que estão infectados com o vírus dengue. Dessa forma, hipotetiza-se que o metabolismo de proteínas modula a ativação imunológica em mosquitos e determina sua competência vetorial. Para isso, será analisada a carga total de proteínas após infecção de mosquitos nutridos e subnutridos, isto é, mosquitos submetidos a condições com certas quantidades de alimento, sendo o modelo nutrido com maior quantidade e os subnutridos com uma quantidade menor. Também será avaliada a quantidade viral nas glândulas salivares e no corpo inteiro dos mosquitos, ao longo de certos intervalos de tempo. Espera-se entender melhor, dentre vários aspectos, sobre o motivo de culicídeos, como o *Ae. aegypti*, não serem afetados pelo vírus em relação à sua saúde. Esse entendimento levaria a maiores elucidações acerca de métodos de controle dessa espécie tão difundida e problemática mundialmente.

Palavras-chave: imunologia; mosquitos; proteínas; nutrição

Avaliação dos efeitos da saliva do carrapato *Amblyomma sculptum* sobre a infecção de células endoteliais HMEC-1 com *Rickettsia rickettsii*

Lira Siqueira Lagonegro, Eliane Virginia da Silva Esteves, Andréa Cristina Fogaça

Departamento de Parasitologia, Instituto de Ciências Biomédicas II, Universidade de São Paulo

Os carrapatos são artrópodes hematófagos obrigatórios e vetores de patógenos para humanos e outros animais. A saliva de carrapatos, injetada durante a alimentação, contém um arsenal de moléculas anti-hemostáticas, anti-inflamatórias e imunomoduladoras que asseguram a aquisição da refeição sanguínea. As propriedades dessas moléculas contribuem, indiretamente, para a invasão e estabelecimento da infecção por patógenos transmitidos com a saliva. Dentre as doenças causadas por patógenos transmitidos ao homem por carrapatos, a febre maculosa brasileira (FMB) é uma das mais letais. A FMB é causada por *Rickettsia rickettsii*, uma bactéria intracelular obrigatória que infecta e se prolifera nas células endoteliais (ECs; do inglês, endothelial cells), tendo evolução potencialmente fatal. Um estudo previamente realizado pelo nosso grupo de pesquisa demonstrou que a saliva do carrapato *Amblyomma sculptum*, um vetor de *R. rickettsii* no Brasil, é capaz de reduzir significativamente a produção de citocinas inflamatórias em células dendríticas estimuladas por lipopolissacarídeo (LPS). Além disso, foi demonstrado que a infecção de células dendríticas por *R. rickettsii* induz a produção de citocinas pró-inflamatórias, a qual é inibida pela presença da saliva ou de prostaglandina E2 (PGE2), um dos componentes da saliva. Um estudo atualmente em desenvolvimento no nosso laboratório tem como objetivo identificar as propriedades antigênicas e a capacidade das moléculas da saliva de *A. sculptum* de bloquear a infecção por *R. rickettsii* no modelo murino C3H/HeN, que é suscetível a essa bactéria. Como as ECs são o principal sítio de proliferação de *R. rickettsii* no hospedeiro vertebrado, o objetivo geral do presente projeto de pesquisa é avaliar o efeito da saliva do carrapato *A. sculptum* na infecção dessas células, utilizando, para isso, a linhagem celular HMEC-1 como modelo in vitro. Como objetivos específicos, propomos avaliar os efeitos citotóxicos da saliva do carrapato *A. sculptum* sobre células HMEC-1 e determinar a proliferação de *R. rickettsii* em células HMEC-1 tratadas ou não com saliva.

Palavras-chave: células endoteliais, saliva, carrapato, riquetsia, febre maculosa

Estudo dos mecanismos de tolerância dos mosquitos *Ae. aegypti* infectado com Dengue

Mariana Maraschin da Rocha; José Henrique M. de Oliveira; Daniel S. Mansur

Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC, Centro de Ciências Biológicas - CCB
Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia – MIP, Laboratório de
Imunobiologia - LIM

Mosquitos atuam como importantes vetores de doenças humanas, como Dengue, Zika e Chikungunya. Fêmeas de *Aedes aegypti* ingerem grande quantidade de sangue a qual é fonte energética para a produção de ovos. Esta alimentação oferece altas concentrações de moléculas pró-oxidantes e potencialmente tóxicas para o mosquito. Para superar esse problema, genes de resposta ao estresse oxidativo são ativados atuando na prevenção de danos gerados por espécies reativas de oxigênio (ERO). Além deste desafio, as fêmeas se infectam quando realizam o repasto sanguíneo. Quando isso acontece, os microrganismos multiplicam-se podendo gerar danos teciduais, comprometendo a saúde do hospedeiro. Organismos que possuem uma maior eficiência em eliminar essas lesões, mantém uma saúde melhor durante a infecção. Dessa forma, são capazes de suportar altas cargas patogênicas do que indivíduos menos tolerantes. A tolerância é definida como a capacidade do hospedeiro em limitar danos teciduais e reduzir o impacto negativo na saúde de forma independente ao controle da carga patogênica. Nosso grupo de pesquisa desenvolve métodos para quantificar tolerância viral em mosquitos *Ae. aegypti* infectado com Dengue – 4. Nossos resultados mostram que mosquitos infectados sobrevivem a altas cargas virais de Dengue – 4 (10^8 PFUs/mL) e que a cinética de crescimento viral em *Ae. aegypti* permanece a mesma ao longo do tempo. Nós também investigamos qual o perfil de expressão de genes de resposta ao estresse oxidativo em mosquitos infectados com Dengue. Em experimentos futuros pretendemos avaliar o efeito do silenciamento de genes de resposta ao estresse na tolerância de mosquitos infectados com Dengue.

Palavras chaves: Mosquito; *Aedes aegypti*; ERO; Vetor; Dengue; Tolerância.

Apoio Financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPQ.

VIGILÂNCIA - EPIDEMIOLOGIA

Fauna e influência das variáveis climáticas na curva sazonal dos flebotomíneos capturados no município de Teófilo Otoni, Minas Gerais

Quintão Cotta, A.L.B.¹; Michalsky, E.M.¹; Alonso, C.¹; Pereira, N.C.L.¹; Dias, E.S.¹.

¹Instituição: Instituto René Rachou – Fiocruz Minas. Laboratório: Grupo de Pesquisa Taxonomia de Flebotomíneos/Epidemiologia, diagnóstico e controle das leishmanioses.

A leishmaniose visceral é causada por protozoários do gênero *Leishmania*, que podem ser transmitidos para os seres humanos e para diferentes espécies de animais. A transmissão ocorre por meio da picada de fêmeas infectadas de flebotomíneos, pertencentes a ordem Diptera, família Phlebotomidae e sub-família Phlebotominae. Esse agravo, atinge principalmente as populações menos favorecidas, situadas em regiões subtropicais e tropicais. O município de Teófilo Otoni, nos últimos 5 anos, registrou 106 casos humanos de leishmaniose tegumentar (LT) e 69 de leishmaniose visceral (LV), apontando a região como importante área endêmica no nordeste de Minas Gerais e indicando um problema grave de saúde pública. O estudo entomológico que está sendo desenvolvido, tem como objetivos, determinar a fauna flebotomínica, estudar o comportamento destes em relação a endofilia e exofilia, correlacionar fatores bioclimáticos e a densidade de flebotomíneos capturados. Para o estudo foram escolhidos bairros que apresentaram notificação de casos humanos e/ou caninos positivos para *Leishmania* e condições ambientais favoráveis à presença de flebotomíneos. Para a realização das capturas entomológicas estão sendo utilizadas armadilhas luminosas do tipo HP, por 3 noites consecutivas durante 24 meses (Maio/2021 a Abril/2023). Após triagem, os machos estão sendo clarificados, montados e identificados, utilizando a classificação taxonômica proposta por Galati (2019), enquanto as fêmeas, estão sendo acondicionadas em DMSO 6% e serão analisadas posteriormente. O projeto foi iniciado em maio de 2021, e até o momento foram capturados 122 flebotomíneos, sendo 58 machos e 64 fêmeas, onde 43,5% foram capturados no peridomicílio e 56,5% intradomicílio, sugerindo adaptação desses vetores ao ambiente doméstico. A fauna de flebotomíneos se apresentou bastante variável, contando com a presença de 8 espécies, com a prevalência da *Lu. Longipalpis*, vetor de importância médica na transmissão da LV. O estudo faz parte de um projeto maior que pretende correlacionar os elos da cadeia epidemiológica envolvidos na transmissão urbana, visando identificar as áreas de maior risco de transmissão, que servirão de apoio na implementação de estratégias eficazes ao controle da doença pelos órgãos competentes de saúde do município.

Palavras-chave: Leishmaniose visceral, Flebotomíneos, Ecoepidemiologia e Aspectos Ambientais.

Apoio financeiro: Emenda Parlamentar – Deputada Áurea Carolina (Edital Nº 001/2021 - DEMANDA UNIVERSAL FAPEMIG); Instituto René Rachou – Fiocruz Minas.

Atividades de educação e saúde sobre as Leishmanioses para profissionais de saúde e professores no município de Baldim, Minas Gerais.

Evangelista, A.L.¹; Costa, A.C.O.¹; Michalsky, E.M.¹; Dias, E.S.¹; Neves, D.S.M.¹; Alonso, C.¹; Evangelista, J.G.¹; Alvarenga, C.G.¹; Santos, M. A. O²; Pereira, C. A.³; Lara-Silva, F.O.¹

¹Instituto René Rachou – Fiocruz Minas.

²Colégio Cenecista Educare de Itaúna, MG.

³Escola Estadual José Ribeiro da Silva.

A educação em saúde constitui um conjunto de saberes e práticas com o objetivo de orientação para a prevenção de doenças e promoção da saúde, associando os diferentes conhecimentos provenientes tanto do campo da educação como da saúde. O objetivo do estudo foi desenvolver estratégias de educação e saúde junto aos profissionais de saúde e educação buscando auxiliar nas medidas de prevenção e controle da leishmaniose no município de Baldim, MG. O estudo foi realizado entre outubro/2020 a novembro/2021, e o público-alvo foram os professores de ciências e biologia e agentes de saúde. A metodologia foi composta de um questionário, previamente à realização dos encontros de formação; este foi dividido em 4 etapas, e no fim, a reaplicação do questionário. As respostas dos questionários foram comparadas no início e no fim do trabalho. No primeiro encontro, os temas relacionados às leishmanioses foram apresentados em forma de diagramas. Para a aula prática, levamos lupas, formas imaturas e adultos da colônia do laboratório TFL/IRR. No terceiro encontro, foi feita a análise de materiais educativos retirados da internet (11 panfletos e 1 livro do ensino fundamental sobre leishmanioses). Na atividade de contação de histórias, os grupos fizeram áudios/vídeos sobre os temas distribuídos. Houve um aumento de 21% das respostas corretas, comparando o pré e o pós questionário, indicando que as intervenções geraram um resultado positivo. Na atividade de diagramas, o público-alvo interagiu, e suas experiências práticas contribuíram para a fundamentação teórica do conteúdo. Na aula prática, o entendimento acerca da biologia e prevenção dos flebotomíneos no ambiente foi consolidado, através dos relatos das experiências vividas. A análise dos materiais didáticos foi feita de forma crítica, trazendo conceitos aprendidos nas etapas anteriores. A apresentação de grande parte dos elementos essenciais nos áudios/vídeos, demonstrou que o conteúdo abordado nos encontros foi absorvido. Os resultados do trabalho foram apresentados ao final ao público-alvo. A abordagem educativa de formação de profissionais de educação e saúde, sobre tópicos relacionados às leishmanioses, se torna essencial no processo de implementação de ações mais efetivas de prevenção à doença, pois estes servirão como multiplicadores do conhecimento para a adoção destas medidas pela comunidade.

Palavras-chave: educação e saúde, leishmanioses, formação, agentes de saúde, professores.

Apoio financeiro: Instituto René Rachou – Fiocruz Minas.

Estudo epidemiológico e influência das variáveis climáticas, município de Baldim, em área de leishmaniose tegumentar e visceral.

Alonso, C.¹; COSTA, A.C.O.¹; Pereira, N.C.L.¹; Dias, E.S.¹; Lara Silva, F.O.¹; Michalsky, E.M.¹

¹ Instituto René Rachou – Fiocruz Minas.

As leishmanioses são um complexo de doenças infecciosas antroponozoonóticas de caráter crônico com ampla distribuição geográfica, causadas por protozoários do gênero *Leishmania* e transmitidas pela picada de fêmeas de flebotomíneos, conhecidos popularmente por mosquito-palha, cangalhinha, birigui, dentre outros, pertencentes a família Psychodidae e sub-família Phlebotominae. Entre as parasitoses humanas, estas ocupam um lugar de destaque, quanto à sua importância médica e econômica e, por representar um grande problema de saúde pública. O presente trabalho teve por objetivo o levantamento da fauna flebotomínica local associada aos aspectos bioclimáticos, objetivando direcionar de maneira mais eficaz e rápida, a escolha das ações de controle pelos órgãos competentes. Para o levantamento entomológico foram escolhidos 10 bairros do município de Baldim e foram preenchidas as fichas de características ambientais de acordo com o local de captura. As capturas foram realizadas durante 12 meses consecutivos (Agosto/2020 a Julho/2021), utilizando armadilhas luminosas HP, que foram instaladas no peri e intradomicílio. Os dados climáticos (temperatura, umidade e precipitação) foram obtidos no Inmet durante o período de estudo e foram feitas correlações com o número de flebotomíneos capturados. A fauna flebotomínica se apresentou bastante diversificada, sendo constituída de 12 espécies diferentes. A espécie predominante foi *Lutzomyia longipalpis*, vetora comprovada de leishmaniose visceral americana, totalizando 31,44% dos exemplares, seguida das espécies vetoras de leishmaniose tegumentar americana, *Nyssomyia whitmani* (11,97%) e *Nyssomyia intermedia* (10,26%). Em relação ao comportamento a maioria dos flebotomíneos foram capturados no peridomicílio (71%) e quanto ao gênero, foi capturado um maior número de machos (61,33%). Por meio da correlação dos dados climatológicos foi possível observar que com o início das chuvas e o aumento da umidade ocorreu um aumento no número de flebotomíneos capturados e que a variável temperatura possui uma influência positiva na densidade populacional de flebotomíneos. Os resultados apresentados enfatizam a importância do conhecimento da situação epidemiológica das leishmanioses em Baldim, tanto em relação aos vetores da doença quanto a interação destes com o meio ambiente. Estes resultados poderão contribuir para o fornecimento de subsídios para complementação de ações de controle e vigilância epidemiológica, principalmente no município de Baldim, bem como em outras áreas endêmicas da doença.

Palavras-chave: Leishmanioses, Flebotomíneos, Antroponozoonose, Ecoepidemiologia e Aspectos ambientais.

Estudo entomológico em área de leishmaniose tegumentar e visceral, município de Baldim, Minas Gerais.

Neves, D.S.M.¹; Dias, E.S.¹; Costa, A.C.O.¹; Alonso, C.¹; Pereira, N.C.L.¹; Lara Silva, F.O.¹; Michalsky, E. M.¹

¹Instituto René Rachou - Fiocruz Minas. Laboratório: Grupo de Pesquisa em Taxonomia de Flebotomíneos/Epidemiologia, Diagnóstico e Controle das Leishmanioses.

De caráter crônico e com ampla distribuição geográfica, as leishmanioses representam um complexo de doenças causadas por protozoários do gênero *Leishmania*. Classificadas pelo Ministério da Saúde como doenças infecciosas e não contagiosas, podem se manifestar através de úlceras na pele e mucosas, caracterizando a Leishmaniose Tegumentar (LT); ou por um acometimento sistêmico que, em 90% dos casos, quando não tratados, pode levar a óbito, sendo esta a Leishmaniose Visceral (LV). Devido à sua alta relevância na saúde pública mundial e endemicidade em 98 países, a Organização Mundial da Saúde (OMS) passou a incluir as leishmanioses entre as seis doenças consideradas prioritárias em seu programa de controle. O município de Baldim, localizado na região metropolitana de Belo Horizonte, apresenta importantes fatores para a manutenção e expansão da LT e da LV, como sua proximidade com municípios endêmicos e áreas destinadas ao turismo; condições ambientais favoráveis; grande número de casos de LV canina; casos humanos de LT, bem como notificação recente de LV. O presente trabalho, que vem sendo desenvolvido desde 2020, tem como objetivo determinar a fauna flebotomínica das áreas selecionadas e correlacionar o número de flebotomíneos capturados com as características ambientais locais. Para o levantamento entomológico, foram escolhidos dez bairros do município onde, em cada residência, foram preenchidas fichas detalhadas com suas respectivas características ambientais. As capturas foram realizadas utilizando-se armadilhas luminosas do tipo HP, instaladas no peri e intradomicílio e realizadas no período de agosto de 2020 a julho de 2021. A fauna flebotomínica de Baldim foi constituída de doze espécies, se mostrando bastante diversificada. Dentre as principais, estão a espécie *Lutzomyia longipalpis*, espécie predominante nas capturas (31,44%) e vetora comprovada da LV. Já para as espécies vetoras da LT, as predominantes foram *Nyssomyia whitmani* (11,97%) e *Nyssomyia intermedia* (10,26%). Os resultados obtidos com esse projeto poderão direcionar a aplicação de medidas preventivas para a melhoria da saúde da comunidade, além de um melhor conhecimento acerca da ecoepidemiologia da LT e da LV nas áreas estudadas.

Palavras-chave: Leishmanioses, Flebotomíneos, Ecoepidemiologia, Aspectos ambientais, *Leishmania*.

Apoio financeiro: PIBIC/CNPq; Instituto René Rachou - Fiocruz Minas.

Aplicabilidade do Índice de Densidade de Ovos (IDO) associado a outros indicadores para mensurar infestação de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) no Município de Recife

Emilla Ferreira Gonçalves; Dra. Camila Lorenz; Tamara Nunes de Lima Camara;

Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Entomologia em Saúde Pública, da Faculdade de Saúde Pública da Universidade de São Paulo (USP)

Atualmente o monitoramento do mosquito *Ae. aegypti* no município de Recife é realizado através de larvicidas químicos e biológicos, da pesquisa de formas imaturas (larvas e pupas) e instalação de armadilhas de oviposição (OVT), que é uma ferramenta bastante utilizada para o acompanhamento de infestação e está presente em pontos estratégicos e bairros residenciais, alcançando 50% deste município através do Programa de Saúde Ambiental da Secretaria de Saúde de Recife (PSA). O objetivo deste estudo é analisar no espaço-tempo a infestação por *Aedes aegypti* no município de Recife/PE mensurada pelo índice de densidade de ovos (IDO). Este estudo será realizado no município de Recife, que é dividido em 8 distritos sanitários com o objetivo de organização territorial e atualmente possui 2.171 ovitrampas no campo. Os bairros escolhidos para o presente estudo foram selecionados a partir de características ambientais e sociais que os diferenciem no território. Os bairros são: Santo Amaro (DS I); Hipódromo e Torreão (DS II); Monteiro (DS III); Engenho do Meio (DS IV); Afogados (DS V); Ipsep (DS VI); Alto José Bonifácio (DS VII) e Jordão (DS VIII). O estudo utilizará os dados dos anos de 2018, 2019 e 2020 e utilizará os dados referentes à contagem das palhetas recolhidas do campo disponibilizados pelo Gerência de Vigilância Ambiental e Controle de Zoonoses (GEVACZ), e serão processados para produção de mapas utilizando o software QGIS. Portanto a falta de um parâmetro para a quantificação da contagem dos ovos e uma uniformidade na avaliação desses dados por parte de todos os distritos sanitários fizeram com que fosse deflagrada a necessidade de um estudo mais robusto de avaliação destes dados e índices gerados.

Palavras-chave: monitoramento; *Aedes aegypti*; ovitrampa; IDO; Sistema de Informações Geográfica (SIG).

Apoio Financeiro: O presente projeto de pesquisa por trabalhar com dados em plataformas on-line, já disponibilizados, não terá custo para a gestão. Qualquer custeio em relação à impressão, encadernação será de responsabilidade da pesquisadora.

Fauna de mosquitos (Diptera: Culicidae) em parques urbanos da cidade de São Paulo: investigação virológica e sazonalidade.

Marta Ribeiro Heinisch e Silva¹, Pamela Andrade¹ Antônio Ralph Medeiros-Sousa¹,
Tamara Nunes de Lima-Camara²

¹Programa de Pós Graduação em Saúde Pública da Faculdade de Saúde Pública da USP

²Departamento de Epidemiologia da Faculdade de Saúde Pública da USP

Investigamos a diversidade de espécies de mosquitos em parques urbanos, associando suas abundâncias com variáveis climáticas e a infectividade dessas espécies para *Flavivirus* e *Alphavirus*. Simultaneamente, analisamos a distribuição sazonal e espacial das populações de *Ae. aegypti* e *Ae. albopictus* nessas áreas. Mosquitos adultos e ovos de *Ae. aegypti* e *Ae. albopictus*, foram coletados em 3 parques urbanos da cidade de São Paulo, entre a primavera de 2018 e o verão de 2020, utilizando Aspirador de Nasci para os adultos e ovitrampas para a coleta dos ovos. Uma vez por semana, durante 3 semanas consecutivas de cada estação, aspirações e substituição das palhetas eram feitas. Mosquitos adultos foram identificados, separados por local de coleta, espécie, sexo, estação e submetidos a testes de RT-qPCR para a detecção de *Flavivirus* e *Alphavirus*. Ovos coletados eclodiram sob condições de laboratório e identificamos as larvas L4. Aspiramos 2.388 espécimes em 14 categorias taxonômicas, sendo as mais abundantes: *Culex quinquefasciatus* (n=1.182, 49,5%), *Culex nigripalpus* (n=248, 10%) e *Aedes aegypti* (n=244, 10%). As curvas de acumulação de espécies foram semelhantes entre os parques e razoavelmente assíntotas, bem como as estimativas de riqueza total foram próximas da observada. A correlação com as variáveis climáticas foi feita com as espécies mais abundantes e foi estatisticamente significativa (p=0,05) para *Ae. aegypti* em relação às temperaturas máximas (Rho= 0.943, p=0,17) e mínimas (Rho= 0.943, p=0.017) em um dos parques. Coletamos 47.334 ovos de *Aedes* e identificamos 33.992 larvas L4, sendo: 10.228 de *Ae. aegypti* e 23.764 de *Ae. albopictus*. Testes iniciais não demonstraram associação com as variáveis climáticas e outras análises deverão ser realizadas. Mosquitos vetores estão presentes nos parques urbanos, que podem ser áreas potenciais para o abrigo dessas espécies. Variáveis climáticas incidem sobre as populações de *Ae. aegypti*, que podem colonizar, cada vez mais, áreas verdes urbanas, devido às mudanças climáticas e à expansão da urbanização. Embora nosso estudo não identificou infecção viral, a presença de espécies com elevado potencial para a transmissão de arbovírus, bem como das que podem auxiliar o *spillover* de arbovírus que circulam em ambientes mais silvestres, aponta para a importância da manutenção de uma vigilância entomológica e virológica também em parques urbanos da cidade.

Palavras-chave: mosquitos, arbovírus, parques, sazonalidade

Agência financiadora: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)

Subnotificação de casos de dengue durante a pandemia de COVID-19 na cidade de Belo Horizonte

Olivia Bonifácio Campolina, Paulo Filemon Paolucci Pimenta

Laboratório de Entomologia Médica
Universidade UNA/ Farmácia

Além da pandemia de SARS-CoV-2, o Brasil convive com outra preocupação, o mosquito *Aedes aegypti*, transmissor do vírus da Dengue. Alertando para o enfrentando concomitante de outros patógenos, com uma crítica sobreposição de curvas de incidência tanto da arbovirose quanto da COVID-19, o que sobrecarregaria o sistema de saúde. Segundo avaliação da Imperial College London a cidade de Belo Horizonte teve um excelente enfrentamento a pandemia. Então como a cidade enfrentou a pandemia e a Dengue ao mesmo tempo? Os dados oficiais sobre as notificações são publicamente disponíveis e neste estudo foram acessados através dos sites (<https://prefeitura.pbh.gov.br/saude/informacoes/vigilancia/vigilancia-epidemiologica/doencas-transmissiveis/dengue>) para os casos de Dengue e sobre COVID-19 no (<https://prefeitura.pbh.gov.br/saude/coronavirus>). Diferente do esperado em 2020, devido ao surto do ano anterior, o número de Dengue diminuiu nos meses de pico, justamente quando acontece os primeiros casos de COVID-19 na cidade. Variações são observadas nos números de casos da COVID-19, enquanto a cidade passa pelos decretos de fechamento da cidade, início da vacinação e chegada de novas variantes. Os números notificados da Dengue são pouco expressivos nesses dois anos de pandemia. Essa redução não esperada pode ser explicada pelo distanciamento social. Comparando os índices LIRAA (Levantamento Rápido de Índices do *Aedes aegypti*) nos anos 2019 e 2021 com o número total de casos dos seus respectivos anos fica indicativo subnotificações dos casos de Dengue em Belo Horizonte neste período. Contudo, em 2020 o LIRAA foi suspenso devido a transmissão comunitária do Coronavírus. Também é possível que as notificações dos casos de Dengue ficaram comprometidos com laboratórios e serviços de saúde voltados para o enfrentamento da pandemia do COVID-19. Os resultados encontrados pelo nosso estudo através dos dados oficiais de Belo Horizonte, pode-se sugerir que a situação epidemiológica tenha sido e ainda esteja mais drástica do que a demonstrada.

Palavras-chave: mosquito, arbovirus, pandemia, SARS-COV-2