Diversidade viral em *Didelphis aurita*: uma análise baseada no viroma de fezes de fêmeas de gambás-de-orelhas-pretas do Estado do Rio de Janeiro

Maria Eduarda Soares, Mirela D'arc, Caryne Braga

Didelphis aurita é um marsupial didelfídeo, que habita a Mata Atlântica, encontrado em ambientes florestais e urbanos. Sendo assim, esta espécie é um bom modelo para estudos de comparação que busquem, por exemplo, investigar os efeitos da ação humana no ambiente. Um ponto importante de comparação é o que relaciona a influência da atividade humana na saúde. A análise da diversidade viral (viroma) de um animal em ambiente natural e em ambiente urbano pode ajudar a identificar como podemos afetar a saúde dos animais e ser afetados pelo contato com eles. As fezes, por exemplo, possibilitam o estudo do viroma do trato gastrointestinal. Entretanto, o viroma de marsupiais didelfídeos permanece pouco representado na literatura, com poucas informações sobre quais famílias virais neles circulam. Por isso, o objetivo desse trabalho é descrever o viroma de *D. aurita* em paisagens florestais e urbanas do Estado do Rio de Janeiro. Para isso, os animais foram capturados em armadilhas vivas do tipo Tomahawk® em três locais: ReBio União, APA da bacia do rio São João e Campos dos Goytacazes. As fezes foram coletadas em tubos tipo *Falcon*[®] de 15mL com tampão RNAlater®. As amostras foram submetidas ao sequenciamento massivo, e as famílias virais identificadas taxonomicamente a partir de uma pipeline que compara as sequências obtidas com bancos de dados públicos. Até o momento, duas bibliotecas (A e B) foram sequenciadas, ambas de duas áreas da ReBIO União, reunindo amostras de fêmeas. Um total de 13.898.426 reads (8.500.890 Biblioteca A e 5.397.536 Biblioteca B) foram obtidas. Dentre essas, 39.633 eram *reads* virais (7.148 na A e 32.485 na B). Através de montagem de novo foi possível montar e identificar 303 contigs virais na biblioteca A e 556 na biblioteca B. No total, 63 famílias virais foram identificadas, com 32 sendo encontradas em ambas bibliotecas. Na biblioteca A tivemos 16 famílias exclusivas, enquanto na B 15. Algumas das famílias compartilhadas eram também as mais bem representadas nas bibliotecas. As famílias mais representadas nas duas bibliotecas eram de bacteriófagos. Essa abundância de bacteriófagos e diversidade de famílias virais é esperada e está em consonância com outros achados relacionados ao viroma de fezes de animais saudáveis e com a microbiota equilibrada. Além disso, por serem amostras de fezes, era de se esperar a presença de vírus que infectam bactérias do trato gastrointestinal. Por fim, como as amostras analisadas são oriundas da ReBio União, uma área de proteção, podemos inferir que fragmentos florestais preservados, abrigam animais mais saudáveis.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro Eixo temático: 4.6 UENF – PPG Ecologia e Recursos Naturais Fomento da bolsa (quando aplicável): Capes

















Viral diversity in *Didelphis aurita:* a survey based on the fecal virome of female black-eared opossums from the State of Rio de Janeiro

Maria Eduarda Soares, Mirela D'arc, Caryne Braga

Didelphis aurita is a didelphid marsupial from the Atlantic Forest, which is found in forest fragments as well as urban centers. As a result, this species can be a valuable subject for comparative studies aiming to investigate the impact of human activities on the environment and their effects on animal health. Conducting a viral diversity (virome) survey on this species in both natural and urban landscapes can help to uncover how we can affect their health and be affected by contact with them. For instance, fecal samples can be used to study the virome of the gastrointestinal tract. However, the virome of didelphid marsupials is poorly represented in the literature, with little to no information available on the viral families that circulate amongst these species. Here, we aim to describe the fecal virome of Didelphis aurita in forest and urban landscapes in the Rio de Janeiro state. To achieve this, the animals were captured in live traps (Tomahawks®) in three different localities: ReBIO União; APA da bacia do Rio São João and Campos dos Goytacazes. The fecal samples from captured animals were stored in 15mL Falcon® tubes, mixed with RNAlater®. Samples were then subjected to High Throughput Sequencing, and viral families were taxonomically assigned through a pipeline that compares the sample with public online databases. Currently, two libraries (A and B) have been prepared, each consisting of samples from female individuals of *D. aurita* from ReBIO União. We obtained a total of 13,898,426 reads (8,500,890 library A and 5,397,536 library B), amongst those 39,633 reads (7,148 on A and 32,485 on B) were from viral families. The reads were *de novo* assembled and the concatenated viral reads, were referred to as contigs. We assigned a total of 303 contigs to library A and 556 contigs to library B. We identified 63 viral families in the libraries, with 32 shared between them. Library A had 16 unshared families, and library B had 15. Some of the shared families were also the most abundant in both libraries, with the most abundant families belonging to bacteriophages. The abundance and diversity of viral families were expected and resonated with other fecal virome studies on healthy individuals with balanced microbiota. Finally, since the analyzed samples come from ReBio União, a protected area, we can infer that preserved forest fragments harbor healthier animals.















