Título:	**ANÁLISE MOLECULAR EM AMOSTRAS OBTIDAS POR OVITRAMPAS EM MUNICÍPIOS DO RIO GRANDE DO SUL PARA INVESTIGAÇÃO DO VÍRUS DA DENGUE**		
Autores:	Kamila Sabrina dos Santos Danieli Rosane Dallemole Augusto Ferreira Weber Beatriz Dorr Caniceiro Manuela Weber José Tatiele Elisa Henker Vitor André Beckenkamp Ana Paula Helfer Schneider Lia Gonçalves Possuelo Andréia Rosane de Moura Valim		
Área	[ ] Humanas [ ] Sociais Aplicadas [X] Biológicas e da Saúde [ ] Exatas, da Terra e Engenharias	Dimensão:	[ ] Ensino [ ] Pesquisa [ ] Extensão [X] Inovação

Resumo

Introdução: O aumento da incidência de arboviroses, especialmente, da dengue ocorre em um contexto marcado pelos desastres socioambientais que acometeram o Rio Grande do Sul (RS) nos últimos anos, os quais podem favorecer a dispersão do mosquito *Aedes aegypti*, principal vetor da doença. Nesse cenário, a vigilância entomológica é fundamental para o monitoramento da distribuição e da atividade do vetor. Entre as estratégias empregadas, as ovitrampas são utilizadas para detectar a presença de mosquitos do gênero *Aedes* por meio da coleta de ovos, fornecendo informações sobre a infestação e a distribuição do vetor em diferentes localidades. Além disso, as ovitrampas podem fornecer amostras para a detecção molecular do vírus da dengue, contribuindo para o entendimento da circulação viral e fortalecendo estratégias de vigilância e controle da doença, estratégia esta, ainda pouco explorada. **Objetivo:** Investigar a presença do vírus da dengue em ovos coletados por meio de ovitrampas instaladas em três municípios dos Vales do Rio Pardo e Taquari (RS). **Metodologia:** Foram analisadas amostras provenientes de ovitrampas instaladas nos municípios de Colinas, Estrela e Venâncio Aires, em diferentes períodos de coleta, entre novembro de 2025 a junho de 2026. As armadilhas foram avaliadas quanto à presença de ovos, e os dados obtidos foram organizados de acordo com os municípios de coleta. Os ovos obtidos foram agrupados em *pools*, os quais foram submetidos à maceração, seguido de extração automatizada de RNA e amplificação pela técnica de reação em cadeia da polimerase em tempo real com transcrição reversa (RT-qPCR) para investigação da presença do material genético do vírus da dengue. Foram utilizados primers específicos para os quatro sorotipos (DENV 1-4), além de controles interno (gene *rpl8*) e positivos para validação da reação. Os resultados da amplificação foram avaliados por meio das curvas de fluorescência geradas durante a reação. **Resultados:** Durante o período de estudo foram

analisadas 180 ovitrampas. Destas, 48 (26,6%) foram coletadas em Venâncio Aires, com a presença de 1.466 ovos, os quais foram distribuídos em 11 *pools*. Em Colinas foram analisadas 17 (9,4%) armadilhas, as quais apresentaram 563 ovos, sendo estes separados em 2 *pools*. Já no município de Estrela, foram analisadas 115 (63,8%) armadilhas com 7.902 ovos, os quais foram processados como 19 *pools* agrupados de acordo com a geolocalização. Nenhuma amostra apresentou resultado positivo para dengue, sugerindo baixa circulação viral no momento avaliado ou ainda, baixa transmissão vertical do vírus. Os resultados demonstraram a ocorrência do vetor nos municípios participantes e evidenciam a importância das ovitrampas como ferramenta para o monitoramento entomológico. **Conclusão:** A ausência do vírus da dengue nas amostras analisadas não exclui a possibilidade de circulação viral nos municípios avaliados, mas reforça a importância da associação entre vigilância entomológica e investigação molecular. Os dados contribuem para ampliar o conhecimento sobre a circulação e dinâmica viral nas regiões estudadas e para o aprimoramento das estratégias de vigilância e controle da dengue.

Link do Vídeo: Video_Mostra_Kamila