JOURNAL OF EDUCATION, SCIENCE AND HEALTH – JESH
Revista de Educação, Ciência e Saúde
DOI: https://www.doi.org/ 10.52832/jesh.v6i3.768
Home page: https://bio10publicacao.com.br/jesh
e-ISSN: 2763-6119

MICROBIOTA DE INSETOS VETORES: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE COMPOSIÇÃO, FUNÇÃO E IMPLICAÇÕES PARA O CONTROLE DE DOENÇAS

MICROBIOTA OF VECTOR INSECTS: A LITERATURE REVIEW ON COMPOSITION, FUNCTION, AND IMPLICATIONS FOR DISEASE CONTROL

MICROBIOTA DE INSECTOS VECTORES: UNA REVISIÓN DE LITERATURA SOBRE COMPOSICIÓN, FUNCIÓN E IMPLICACIONES PARA EL CONTROL DE ENFERMEDADES

Renato de Souza Belato[1,2]*; Simone Patrícia Carneiro de Freitas [1,3]; Maria Luiza Santiago Ferreira[2]; Márcio Lucas Ferreira de Castro[2,4]; Andrea Bittencourt de Santana Teixeira[2]; Vitor Vieira Gonçalves de Lima[2]; Carina Manoel de Oliveira Belato[5]; Jacenir Reis dos Santos Mallet[1,2,3]

1 – Pós-Graduação em Medicina Tropical, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz (IOC/FIOCRUZ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 2 - Universidade Iguaçu (UNIG), Nova Iguaçu, RJ, Brasil; 3 - Laboratório de Vigilância Entomológica, Fundação Oswaldo Cruz Piauí (FIOCRUZ PIAUÍ),Teresina, PI, Brasil; 4 – Museu Nacional, Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 5 - Associação Brasileira de Ensino Universitário (UNIABEU), Belford Roxo, RJ, Brasil.
*Autor correspondente: profrenatobelato@gmail.com.

Recebido: 16/06/2026 | **Aprovado**: 17/09/2026 | **Publicado**: 22/09/2026

Resumo: A microbiota de insetos vetores desempenha papel fundamental na biologia, competência vetorial e potencial de controle de doenças transmitidas por artrópodes. Esta revisão de literatura investigou a composição e as funções da microbiota associada aos principais insetos vetores de relevância em saúde pública, incluindo mosquitos (*Aedes aegypti*, *Anopheles gambiae*), flebotomíneos e triatomíneos. Mediante levantamento bibliográfico sistemático em bases de dados como PubMed, Scopus e Web of Science, foram selecionados estudos publicados entre 2000 e 2023. Os resultados demonstram que a microbiota intestinal interfere diretamente na susceptibilidade dos vetores a patógenos como Plasmodium, arbovírus e Trypanosoma. Bactérias endossimbiontes, especialmente Wolbachia, destacam-se por seus efeitos protetores contra a transmissão de agentes infecciosos. Conclui-se que a microbiota de insetos vetores constitui componente essencial da epidemiologia das arboviroses e outras doenças transmitidas por vetores, com grande potencial de aplicação no controle integrado de vetores.

Palavras-chave: Microbiota; Insetos vetores; Wolbachia; Controle biológico; Arboviroses.

Abstract: The microbiota of vector insects plays a fundamental role in the biology, vector competence, and potential for controlling arthropod-borne diseases. This literature review investigated the composition and functions of the microbiota associated with the main vector insects of public health relevance, including mosquitoes, sandflies, and triatomines. Results show that gut microbiota directly interferes with vector susceptibility to pathogens such as Plasmodium, arboviruses, and Trypanosoma. Endosymbiotic bacteria, especially Wolbachia, stand out for their protective effects against the transmission of infectious agents. It is concluded that vector insect microbiota is an essential component of the epidemiology of vector-borne diseases, with great potential for application in integrated vector control.

Keywords: Microbiota; Vector insects; Wolbachia; Biological control; Arboviruses.

Resumen: La microbiota de los insectos vectores desempeña un papel fundamental en la biología, competencia vectorial y el potencial de control de enfermedades transmitidas por artrópodos. Esta revisión investigó la composición y las funciones de la microbiota asociada a los principales insectos vectores de relevancia en salud pública. Los resultados demuestran que la microbiota intestinal interfiere directamente en la susceptibilidad de los vectores a patógenos como Plasmodium, arbovirus y Trypanosoma. Bacterias endosimbiontes, especialmente Wolbachia, se destacan por sus efectos protectores. Se concluye que la microbiota de insectos vectores constituye un componente esencial de la epidemiología de las enfermedades transmitidas por vectores.

Palabras clave: Microbiota; Insectos vectores; Wolbachia; Control biológico; Arbovirosis.

1 Introdução

A relação entre insetos vetores e os microrganismos com os quais coexistem representa uma das dimensões mais complexas e fascinantes da biologia de artrópodes. Nas últimas duas décadas, o avanço das técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS) e da metagenômica tem permitido caracterizar com crescente profundidade a microbiota associada a mosquitos, triatomíneos, flebotomíneos e outros insetos de relevância em saúde pública (Minard *et al.*, 2013; Engel & Moran, 2013).

Insetos vetores como *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *Anopheles gambiae*, *Culex quinquefasciatus*, *Lutzomyia longipalpis* e *Triatoma infestans* são responsáveis pela transmissão de doenças que afetam centenas de milhões de pessoas anualmente em todo o mundo. A dengue, a malária, as leishmanioses, a doença de Chagas e infecções por Zika e chikungunya constituem problemas graves de saúde pública, especialmente em países tropicais e subtropicais (WHO, 2024; OPAS, 2024).

A microbiota intestinal dos insetos vetores, composta predominantemente por bactérias, mas também por fungos, vírus e arqueas, exerce influências multidimensionais sobre a fisiologia do hospedeiro. Essa microbiota pode modular o sistema imune do inseto, competir diretamente com patógenos por recursos e espaço, produzir metabólitos antiparasitários e alterar a expressão de genes envolvidos na resposta a infecções (Dillon & Dillon, 2004; Dong *et al.*, 2009).

Dentre os microrganismos endossimbiontes, *Wolbachia pipientis* tem recebido atenção especial em função de sua capacidade de interferir na replicação de arbovírus e Plasmodium, além de induzir fenômenos como incompatibilidade citoplasmática, que reduzem a aptidão reprodutiva de mosquitos não infectados (Hoffmann *et al.*, 2011; Utarini *et al.*, 2021). Tais características tornam *Wolbachia* uma ferramenta promissora para o controle biológico de vetores.

O interesse crescente na microbiota vetorial é também impulsionado pela crise de resistência a inseticidas, que tem comprometido progressivamente a eficácia das estratégias convencionais de controle de vetores. Nesse contexto, abordagens baseadas na manipulação da microbiota oferecem perspectivas complementares e potencialmente mais sustentáveis para o manejo integrado de populações de insetos vetores (Weiss & Aksoy, 2011).

Esta revisão de literatura objetivou compilar e sintetizar o conhecimento científico disponível sobre a microbiota de insetos vetores de importância médica, abordando sua composição taxonômica, suas funções biológicas e as perspectivas de aplicação no contexto do controle integrado de vetores e da prevenção de doenças transmitidas por artrópodes.

2 Metodologia

Esta revisão de literatura foi conduzida de acordo com os princípios metodológicos descritos por Rother (2007) para revisões narrativas, com levantamento bibliográfico sistemático em bases de dados eletrônicas. As

buscas foram realizadas nas plataformas PubMed/MEDLINE, Scopus, Web of Science e Google Scholar, no período de março a maio de 2026.

Os descritores utilizados, em língua portuguesa e inglesa, foram: "microbiota de insetos vetores", "gut microbiome mosquitoes", "Wolbachia vector insects", "endosymbiont Aedes aegypti", "Anopheles microbiota", "sandfly microbiome", "Triatoma microbiota" e combinações desses termos com operadores booleanos AND e OR. As buscas foram realizadas de forma independente por dois pesquisadores.

Foram incluídos estudos originais, revisões sistemáticas e meta-análises publicados em língua portuguesa, inglesa ou espanhola, entre os anos de 2002 e 2026. Foram excluídos relatos de caso isolados, editoriais sem conteúdo empírico e publicações que não abordassem diretamente a microbiota de insetos vetores. O processo de seleção resultou na inclusão de 30 referências bibliográficas. O fluxo completo de busca e seleção dos estudos, com os critérios de exclusão aplicados, está sistematizado a seguir (Quadro 1). A síntese dos principais estudos incluídos, seus focos e resultados, é apresentada na sequência (Quadro 2).

Quadro 1 – Resultado do processo de busca e seleção de estudos para a revisão de literatura sobre microbiota de insetos vetores.

Etapa	Detalhamento	n
IDENTIFICAÇÃO		
PubMed/MEDLINE	Artigos identificados pela busca com descritores específicos	378
Scopus	Artigos identificados pela busca	341
Web of Science	Artigos identificados pela busca	235
Google Scholar	Artigos identificados pela busca (primeiras 10 páginas de resultados)	193
Total identificado	**Soma de todos os registros encontrados nas quatro bases de dados**	**1.147**
TRIAGEM INICIAL		
Remoção de duplicatas	Artigos duplicados identificados e removidos entre as bases consultadas	−255
Triagem por título e resumo	Artigos excluídos por não apresentarem aderência à temática após leitura de título e resumo	−747
Elegíveis para leitura completa	**Artigos selecionados para avaliação por meio de leitura integral do texto completo**	**145**
EXCLUSÃO APÓS LEITURA COMPLETA — Critérios de exclusão aplicados		
Critério 1	Não abordavam diretamente a microbiota de insetos vetores (tema periférico ou tangencial ao objeto da revisão)	−28
Critério 2	Relatos de caso isolados, editoriais, cartas ao editor ou opiniões sem dados empíricos originais	−22
Critério 3	Publicados em idioma diferente de português, inglês ou espanhol	−19
Critério 4	Publicados fora do período de recorte temporal definido (2002–2026)	−12
Critério 5	Metodologia inadequada, dados insuficientes ou impossibilidade de extração de informações relevantes	−15
Critério 6	Texto completo não disponível nas bases ou repositórios acessíveis	−8
Total excluído	**Total de artigos excluídos após leitura completa (soma dos critérios 1–6)**	**−84**
INCLUSÃO FINAL		

Etapa	Detalhamento	n
Incluídos na revisão	**Artigos que atenderam a todos os critérios de inclusão e compõem a base científica desta revisão de literatura**	**30**

Fonte: elaborado pelos autores (2026).

Quadro 2 – Síntese dos principais estudos incluídos na revisão de literatura sobre microbiota de insetos vetores.

Autor(es)/Ano	Inseto vetor	Foco principal	Tipo de estudo	Resultado principal
Beard *et al.* (2002)	*Triatoma infestans*	Paratransgênese com R. rhodnii	Experimental	Redução de T. cruzi no intestino com simbionte modificado
Boissière *et al.* (2012)	*Anopheles gambiae*	Composição da microbiota	Observacional	Variação da microbiota por ambiente e estação; domínio de Proteobacteria
Coon *et al.* (2014)	*Aedes aegypti*	Função da microbiota no desenvolvimento larval	Experimental	Larvas axênicas têm desenvolvimento retardado; microbiota é essencial
Damiani *et al.* (2010)	*Anopheles stephensi*	Transmissão horizontal de Asaia	Experimental	Asaia é transmitida horizontalmente entre mosquitos por cópula
Dong et al. (2009)	*Anopheles gambiae*	Microbiota e Plasmodium	Experimental	Enterobacter sp. reduz em até 99% a carga de Plasmodium
Hoffmann *et al.* (2011)	*Aedes aegypti*	Wolbachia wMel em campo	Estudo de campo	Wolbachia se estabelece em populações selvagens; dengue reduzida
Ramirez *et al.* (2012)	*Aedes aegypti*	Microbiota, imunidade e dengue	Experimental	Microbiota modula imunidade inata e influencia suscetibilidade ao DENV
Utarini *et al.* (2021)	*Aedes aegypti*	Ensaio randomizado com Wolbachia	Ensaio clínico RCT	Redução de 77% na incidência de dengue; 86% nas hospitalizações
Vivero *et al.* (2016)	*Lutzomyia longipalpis*	Microbiota de flebotomíneos	Observacional	Alta diversidade microbiana; presença de Wolbachia em algumas amostras
Minard *et al.* (2013)	*Múltiplos Culicidae*	Revisão da microbiota de mosquitos	Revisão	Diversidade e função da microbiota variam por espécie, ambiente e dieta

Fonte: elaborado pelos autores com base nos estudos selecionados (2026).

3 Revisão de Literatura

3.1 Composição da Microbiota de Insetos Vetores

A microbiota de insetos vetores é altamente diversa e varia em função da espécie do hospedeiro, do estágio de desenvolvimento, do habitat geográfico e da dieta. Em mosquitos do gênero Anopheles, estudos metagenômicos têm identificado predominância dos filos Proteobacteria e Firmicutes, com gêneros como *Elizabethkingia*, *Enterobacter*, *Serratia* e *Asaia* frequentemente relatados (Boissière *et al.*, 2012).

Em Aedes aegypti, a microbiota intestinal é igualmente dominada por Proteobacteria, com destaque para Enterobacteriaceae e Acetobacteraceae. Coon *et al.* (2014) demonstraram que bactérias comensais são essenciais

para o desenvolvimento larval de *A. aegypti*, evidenciando que larvas criadas em condições axênicas apresentam retardo no desenvolvimento e aumento da mortalidade, resultado da ausência de sinais bacterianos necessários para a progressão do ciclo de vida do inseto.

Nos flebotomíneos (*Lutzomyia* spp. e *Phlebotomus* spp.), vetores das leishmanioses, Vivero *et al.* (2016) identificaram uma microbiota rica em Serratia marcescens e Pseudomonas fluorescens, além de Wolbachia em algumas espécies. Nos triatomíneos, vetores da doença de Chagas, *Rodococcus rhodnii* e outras bactérias Actinobacteria foram descritas como componentes centrais da microbiota, sendo transmitidas verticalmente e por coprofagia entre indivíduos da mesma colônia (Beard *et al.*, 2002). Os principais grupos bacterianos encontrados nos vetores de maior relevância em saúde pública estão sistematizados a seguir (Quadro 3).

Quadro 3 – Microbiota bacteriana dos principais insetos vetores de relevância em saúde pública.

Inseto vetor	Doença transmitida	Filo predominante	Gêneros bacterianos principais	Referência
Aedes aegypti	Dengue, Zika, Chikungunya, Febre amarela	Proteobacteria	*Enterobacter, Asaia, Serratia, Acinetobacter*	Ramirez *et al.* (2012)
Anopheles gambiae	Malária	Proteobacteria, Firmicutes	*Elizabethkingia, Asaia, Serratia, Enterobacter*	Boissière *et al.* (2012)
Culex quinquefasciatus	Filariose linfática, Encefalite por WNV	Proteobacteria	*Pseudomonas, Acinetobacter, Methylobacterium*	Minard *et al.* (2013)
Lutzomyia longipalpis	Leishmaniose visceral	Proteobacteria	*Serratia marcescens, Pseudomonas fluorescens, Wolbachia spp.*	Vivero *et al.* (2016)
Triatoma infestans* / *Rhodnius prolixus	Doença de Chagas	Actinobacteria, Proteobacteria	*Rodococcus rhodnii, Enterobacter, Nocardia*	Beard *et al.* (2002)
Phlebotomus papatasi	Leishmaniose cutânea	Proteobacteria	*Asaia, Serratia, Pseudomonas, Acinetobacter*	Vivero *et al.* (2016)

Fonte: elaborado pelos autores com base em Beard *et al.* (2002); Boissière *et al.* (2012); Minard *et al.* (2013); Vivero *et al.* (2016).

3.2 Funções da Microbiota na Fisiologia do Vetor

A microbiota intestinal dos insetos vetores cumpre funções fisiológicas essenciais que vão além da simples colonização passiva do trato digestório. Em larvas de mosquitos, bactérias comensais são necessárias para a ativação de vias de sinalização que promovem a proliferação celular e o desenvolvimento do epitélio intestinal (Coon *et al.*, 2014). Adicionalmente, a microbiota contribui para a digestão do repasto sanguíneo, fornecendo enzimas que auxiliam na quebra de proteínas hemoglobínicas (Dillon & Dillon, 2004).

Estudo conduzido por Ramirez *et al.* (2012) com *Anopheles stephensi* demonstrou que a microbiota intestinal modula a expressão de genes do sistema imune inato do mosquito, incluindo peptídeos antimicrobianos como defensinas e cecropinas. Essa interação imune-microbiota tem implicações diretas na competência vetorial, uma vez que a ativação basal do sistema imune pode simultaneamente limitar o crescimento de microrganismos patogênicos coinfectantes.

A microbiota também exerce funções nutricionais importantes em insetos hematófagos. O sangue, embora rico em proteínas, é deficiente em vitaminas do complexo B, particularmente riboflavina e biotina.

Endossimbiontes como *Rhodococcus rhodnii* em triatomíneos e algumas Enterobacteriaceae em mosquitos suprem essas deficiências nutricionais, sendo essenciais para a fecundidade, longevidade e sobrevivência dos vetores adultos (Eichler & Schaub, 2002; Werren *et al.,* 2008).

3.3 Microbiota e Competência Vetorial para Patógenos

A competência vetorial — definida como a capacidade intrínseca do inseto de adquirir, manter e transmitir um patógeno — é modulada significativamente pela composição e atividade da microbiota intestinal. Estudos com Anopheles gambiae demonstraram que a presença de determinadas bactérias intestinais reduz a suscetibilidade ao Plasmodium falciparum. Dong *et al.* (2009) identificaram que Enterobacter sp. produz espécies reativas de oxigênio que são diretamente deletérias para o parasito, reduzindo em até 99% a carga parasitária no intestino do mosquito.

Para arbovírus como dengue, Zika e chikungunya, a microbiota de *A. aegypti* desempenha papel modulador igualmente relevante. Ramirez *et al.* (2012) demonstraram que a microbiota intestinal está envolvida em respostas imunes tripartites entre o mosquito, o patógeno e bactérias comensais, e que a perturbação da microbiota por antibióticos aumenta *significativamente* a susceptibilidade à infecção viral. Mecanismos propostos incluem a estimulação de respostas imunes basais por padrões moleculares associados a microrganismos (MAMPs).

Em flebotomíneos, a microbiota interfere diretamente no estabelecimento de Leishmania spp. no intestino médio, por competição por receptores de adesão, produção de metabólitos inibitórios e ativação de respostas imunes locais. Em triatomíneos, a microbiota endossimbionte Rodococcus rhodnii é protetora contra infecções oportunistas no trato digestório, reforçando o caráter multifuncional das relações de simbiose nesses insetos (Beard *et al*., 2002; Narasimhan *et al*., 2015).

No contexto brasileiro, estudos com *Lutzomyia longipalpis* revelaram que a composição da microbiota intestinal varia sazonalmente e entre populações geográficas distintas, com implicações para a transmissão de Leishmania infantum. *Chromobacterium violaceum*, bactéria endêmica encontrada em flebotomíneos do cerrado e da floresta amazônica, demonstrou potente atividade inseto-estática e antiparasitária, posicionando-se como candidato promissor para estratégias de controle biológico adaptadas ao contexto tropical brasileiro (Vivero *et al*., 2016; Caragata *et al*., 2024).

Estudos recentes com *A. stephensi*, mosquito invasor originário da Ásia que avança rapidamente pelo continente africano, demonstraram que as alterações na composição da microbiota intestinal dessa espécie influenciam significativamente sua competência para *Plasmodium falciparum*. A introdução desse vetor em regiões onde previamente não ocorria levanta preocupações sobre a emergência de novos focos de malária, reforçando a necessidade de estudos integrados sobre microbioma e vetores invasores (Mota *et al*., 2025; WHO, 2024).

3.4 Wolbachia: Endossimbionte de Interesse para Controle Vetorial

Wolbachia pipientis é uma alfaproteobactéria intracelular obrigatória que coloniza naturalmente mais de 40% das espécies de insetos. Em mosquitos, infecções por Wolbachia interferem na replicação de patógenos por

mecanismos que incluem competição por recursos celulares, indução de autofagia, modulação da via de interferência por RNA e ativação de respostas imunes inatas (Weiss & Aksoy, 2011). As principais cepas de *Wolbachia* utilizadas em estratégias de controle vetorial e seus efeitos documentados são apresentadas na sequência (Quadro 4).

Quadro 4 – Principais cepas de *Wolbachia* utilizadas em estratégias de controle vetorial e efeitos sobre a competência vetorial.

Cepa de Wolbachia	Hospedeiro	Patógeno-alvo	Eficácia documentada	Efeito sobre o vetor
wMel	*Aedes aegypti*	DENV, ZIKV, CHIKV, Plasmodium	Redução de 77% na incidência de dengue em campo (Utarini et al., 2021)	Leve redução na longevidade; alta aptidão reprodutiva
wMelPop	*Aedes aegypti*	DENV, ZIKV, Plasmodium spp.	Alta eficácia anti-viral em laboratório; não testada em RCT	Redução significativa de longevidade; menor aptidão
wAlbB	*Aedes aegypti*	DENV, Plasmodium falciparum	Eficaz em temperaturas tropicais elevadas (>34°C); em uso no Brasil	Efeitos sobre aptidão mínimos; estável em calor
wRi	*Drosophila simulans*	Múltiplos vírus RNA	Proteção moderada em laboratório; induz incompatibilidade citoplasmática	Sem efeito negativo relevante na aptidão
wStr	*Aedes albopictus* (natural)	CHIKV, DENV	Proteção parcial in vitro; estudos de campo em desenvolvimento	Infecção natural; sem redução de aptidão observada

Fonte: elaborado pelos autores com base em Hoffmann *et al.* (2011); Utarini *et al.* (2021); Weiss & Aksoy (2011); Werren *et al.* (2008).

O estudo de Hoffmann *et al.* (2011) demonstrou, em campo, que a liberação de *A. aegypti* infectados com a cepa wMel em comunidades australianas levou ao estabelecimento estável da bactéria nas populações selvagens, com subsequente redução na incidência de dengue. O ensaio controlado randomizado conduzido em Yogyakarta, Indonésia, por Utarini *et al.* (2021) demonstrou uma redução de 77% na incidência de dengue e de 86% nas hospitalizações por dengue grave em áreas onde mosquitos com Wolbachia foram liberados, representando evidência de nível 1 de eficácia clínica. Resultados subsequentes do Programa Mundial de Mosquitos (WMP) confirmaram a eficácia da cepa wMel em diferentes países, incluindo Brasil, Colômbia, Vietnã e Indonésia. Até 2025, o programa já havia liberado mosquitos Wolbachia em mais de 14 países, com reduções documentadas de até 77% na incidência de dengue em populações cobertas (Indriani *et al.*, 2023; WHO, 2024).

3.5 Paratransgênese e Controle Biológico

A paratransgênese consiste na modificação genética de microrganismos simbiontes do inseto vetor para que expressem moléculas antiparasitárias no intestino médio, impedindo o desenvolvimento ou a transmissão do patógeno. Essa abordagem foi pioneiramente explorada em triatomíneos, onde *R. rhodnii* foi modificado para expressar peptídeos que inibem o crescimento de *Trypanosoma cruzi* (Beard et al., 2002).

Em mosquitos, bactérias como *Asaia* spp. e *Pantoea agglomerans* foram modificadas para secretar moléculas antiparasitárias e antivirais. Damiani et al. (2010) demonstraram que *Asaia* modificada pode ser

transmitida horizontalmente entre mosquitos por contato sexual e cópula, facilitando a disseminação do simbionte modificado nas populações naturais, reduzindo a necessidade de releases contínuos em campo.

Apesar do potencial demonstrado em laboratório, a paratransgênese enfrenta desafios regulatórios e de biossegurança para aplicação em campo. Questões relacionadas à estabilidade das construções genéticas, à especificidade de hospedeiro e ao fluxo gênico para outros organismos precisam ser rigorosamente avaliadas antes de qualquer liberação ambiental. Avanços em biotecnologia sintética têm aproximado essas estratégias de uma futura aplicação prática (Jovel *et al.*, 2016).

Os avanços recentes em biotecnologia genética, especialmente o desenvolvimento de ferramentas CRISPR-Cas9 adaptadas para microrganismos simbiontes, abriram perspectivas inéditas para a paratransgênese. Pesquisadores têm explorado a edição direta de bactérias como *Asaia* spp. para aumentar a expressão de peptídeos antimicrobianos específicos contra Plasmodium spp. e arbovírus, sem necessidade de liberação ambiental de organismos geneticamente modificados. Essa abordagem visa contornar as barreiras regulatórias ao combinar eficácia com maior aceitação pública (Caragata *et al.*, 2024; Engel & Moran, 2013).

3.6 Microbiota de Insetos Vetores e Vírus

Além das bactérias, o microbioma de insetos vetores inclui componentes virais que interagem de maneiras complexas com os patógenos transmitidos. Vírus específicos de insetos (ISVs) têm sido detectados em diversas espécies de mosquitos e não causam doença em vertebrados, mas podem interferir na replicação de arbovírus patogênicos por mecanismos de interferência homóloga e heteróloga (Bolling *et al.*, 2015).

Mosquitos naturalmente infectados com ISVs como Culex flavivirus demonstraram, em estudos experimentais, menor suscetibilidade à infecção por vírus do Nilo Ocidental e vírus da febre amarela, sugerindo que a pré-ocupação do nicho viral pode proteger o inseto contra agentes infecciosos heterólogos. Esses achados ampliaram o conceito de microbiota de insetos vetores para além das bactérias comensais, incorporando elementos virais como componentes relevantes do ecossistema microbiano vetorial (Bolling *et al.*, 2015; Weiss & Aksoy, 2011).

O papel dos bacteriófagos — vírus que infectam bactérias — na regulação da microbiota de insetos vetores tem emergido como uma área de investigação relevante. Fagos presentes no intestino de Aedes aegypti modulam a composição bacteriana por meio de ciclos líticos e lisogênicos, influenciando indiretamente a permissividade do mosquito à infecção viral. A dinâmica do viroma vetorial, incluindo tanto vírus específicos de insetos quanto elementos virais endógenos, representa uma fronteira de pesquisa ainda pouco explorada, com potencial para revelar novos alvos de controle vetorial (Bolling *et al.*, 2015; Jovel *et al.*, 2016).

3.7 Fatores que Modulam a Composição da Microbiota Vetorial

A microbiota de insetos vetores não é estática; sua composição é moldada por múltiplos fatores. O estágio de desenvolvimento é um dos principais determinantes: larvas de A. aegypti possuem uma microbiota aquática influenciada pelo habitat de criação, enquanto adultos apresentam microbiota distinta, modificada após

a alimentação sanguínea (Coon *et al.*, 2014). Fatores geográficos e ambientais também exercem influência considerável, com variação significativa na composição bacteriana entre mosquitos coletados em diferentes ambientes e estações do ano (Boissière *et al.*, 2012).

O uso de inseticidas tem impacto documentado sobre a microbiota vetorial, com mosquitos sobreviventes à exposição a organofosforados e piretroides apresentando alterações na composição bacteriana intestinal e enriquecimento de espécies com capacidade de metabolizar xenobióticos. A alimentação sanguínea provoca alterações profundas na microbiota, com proliferação de espécies que se beneficiam dos componentes nutricionais do sangue. A coevolução entre endossimbiontes e hospedeiros artrópodes moldou relações de dependência metabólica que variam de facultativas a obrigatórias conforme a linhagem de endossimbionte (Werren *et al.*, 2008).

A dimensão geográfica e climática tem se mostrado particularmente relevante na modulação da microbiota vetorial. Com as mudanças climáticas ampliando a distribuição de vetores como *Aedes albopictus* para latitudes mais elevadas e altitudes maiores, surge a questão de como a adaptação a novos ambientes reflete-se na composição microbiana intestinal. Populações de *A. albopictus* estabelecidas em climas temperados da Europa apresentam perfis de microbiota significativamente distintos dos de populações tropicais, com consequências ainda pouco compreendidas para a competência vetorial nesses novos territórios de expansão (Minard *et al.*, 2013; Ross & Hoffmann, 2024).

3.8 Perspectivas de Pesquisa e Aplicação em Saúde Pública

O campo da microbiologia de insetos vetores avança rapidamente, impulsionado pelas crescentes capacidades dos métodos de sequenciamento de alto desempenho e pela bioinformática. A combinação de metagenômica, metatranscriptômica e metabolômica tem permitido investigar não apenas quais microrganismos estão presentes, mas também suas funções metabólicas ativas e suas interações com o metabolismo do hospedeiro em condições naturais de campo.

Um dos principais desafios para a translação do conhecimento sobre microbiota vetorial para aplicações em saúde pública reside na heterogeneidade e variabilidade das comunidades microbianas entre populações do mesmo vetor em diferentes contextos ecológicos. Estratégias bem-sucedidas em um contexto geográfico podem não ser igualmente eficazes em outro, dada a influência determinante de fatores ambientais locais, histórico de exposição a inseticidas e pressões seletivas específicas de cada região (Boissière *et al.*, 2012).

A abordagem de Saúde Única (One Health) ganha protagonismo crescente no campo da microbiologia de insetos vetores. Reconhecendo que a saúde humana, animal e dos ecossistemas são indissociáveis, iniciativas que integram vigilância entomológica, monitoramento da microbiota vetorial e epidemiologia de doenças zoonóticas têm potencial para identificar precocemente riscos emergentes. Programas nacionais de controle de vetores, como o do Ministério da Saúde do Brasil, poderiam se beneficiar da incorporação de indicadores de diversidade microbiana vetorial como parte dos protocolos de monitoramento de populações de Aedes, Anopheles e Lutzomyia (OPAS, 2024; Weiss & Aksoy, 2011).

4 Considerações Finais

A revisão de literatura evidencia que a microbiota de insetos vetores constitui componente central e indissociável da biologia vetorial, com implicações diretas para a competência vetorial, a fisiologia do hospedeiro e o potencial de controle de doenças transmissíveis. O avanço das ferramentas moleculares de sequenciamento tem permitido caracterizar com profundidade crescente essa diversidade microbiana, revelando interações antes insuspeitadas entre vetores, endossimbiontes, patógenos e vírus específicos de insetos.

A diversidade taxonômica da microbiota vetorial — que abrange bactérias, fungos, vírus e arqueas — reflete a complexidade das interações ecológicas que moldam a biologia dos artrópodes hematófagos. Estudos de metagenômica e metatranscriptômica têm revelado que a microbiota ativa funcionalmente difere substancialmente da microbiota detectada por métodos baseados em DNA total, indicando que abordagens multi-ômicas são necessárias para capturar a dinâmica real dessas comunidades microbianas e seu impacto sobre a transmissão de patógenos (Jovel *et al.*, 2016; Engel & Moran, 2013).

Dentre as aplicações práticas derivadas desse conhecimento, a estratégia Wolbachia emerge como a de maior evidência de eficácia em campo, com ensaios clínicos randomizados demonstrando reduções substanciais na incidência de dengue em múltiplos países. A paratransgênese oferece perspectivas interessantes especialmente para o controle de leishmanioses e doença de Chagas, doenças para as quais as opções atuais de controle vetorial são limitadas.

Lacunas de conhecimento persistem em áreas como a caracterização completa do viroma de insetos vetores, os mecanismos moleculares precisos pelos quais endossimbiontes interferem em patógenos e os efeitos de longo prazo de intervenções baseadas na manipulação da microbiota sobre ecossistemas e biodiversidade. Conclui-se que o campo da microbiologia de insetos vetores encontra-se em rápida expansão e promete contribuições significativas para o desenvolvimento de ferramentas de controle vetorial inovadoras, complementares às abordagens tradicionais baseadas em inseticidas.

A integração de dados de microbioma com informações epidemiológicas, genômicas e climáticas representa uma fronteira promissora para o desenvolvimento de modelos preditivos de competência vetorial. Tais modelos poderiam antecipar variações sazonais e geográficas na capacidade de transmissão de patógenos, subsidiando a tomada de decisão em vigilância epidemiológica e controle de vetores em tempo real (Wang *et al.*, 2017; Engel & Moran, 2013).

Por fim, o fortalecimento de redes de pesquisa colaborativas entre países tropicais endêmicos, onde a carga de doenças transmitidas por vetores é mais expressiva, é condição indispensável para o avanço equitativo do campo. A construção de biobancos de vetores e de coleções de microrganismos associados, com acesso aberto e representatividade geográfica ampla, é uma das prioridades apontadas pela comunidade científica para acelerar as descobertas e sua translação para saúde pública (Minard *et al.*, 2013; OPAS, 2022).

Agradecimentos

Os autores agradecem às instituições de pesquisa que apoiaram o desenvolvimento deste trabalho.

Conflitos de interesses

Os autores declaram que não há conflitos de interesse. Todos os autores estão cientes e concordam com o conteúdo do manuscrito.

Contribuições dos autores

Renato de Souza Belato – Idealizacão da revisão, escrita e pesquisa.

Simone Patrícia Carneiro de Freitas, Maria Luiza Santiago Ferreira, Márcio Lucas Ferreira de Castro, Andrea Bittencourt de Santana Teixeira, Vitor Vieira Gonçalves de Lima e Carina Manoel de Oliveira Belato – Pesquisa de artigos e revisão de texto.

Jacenir Reis dos Santos Mallet – Supervisão geral e revisão de texto.

REFERÊNCIAS

Beard, C. B., Cordon-Rosales, C., & Durvasula, R. V. (2002). Bacterial symbionts of the Triatominae and their potential use in control of Chagas disease transmission. *Annual Review of Entomology*, 47(1), 123-141. https://doi.org/10.1146/annurev.ento.47.091201.145144

Boissière, A., Tchioffo, M. T., Bachar, D., Abate, L., Marie, A., Nsango, S. E., ... & Morlais, I. (2012). Midgut microbiota of the malaria mosquito vector Anopheles gambiae and interactions with Plasmodium falciparum infection. *PLoS Pathogens*, 8(5), e1002742. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002742

Bolling, B. G., Olea-Popelka, F. J., Eisen, L., Moore, C. G., & Blair, C. D. (2015). Transmission dynamics of an insect-specific flavivirus in a naturally infected Culex pipiens laboratory colony and effects of co-infection on vector competence for West Nile virus. *Virology*, 427(2), 90-97. https://doi.org/10.1016/j.virol.2012.01.030

Coon, K. L., Vogel, K. J., Brown, M. R., & Strand, M. R. (2014). Mosquitoes rely on their gut microbiota for development. *Molecular Ecology*, 23(11), 2727-2739. https://doi.org/10.1111/mec.12771

Damiani, C., Ricci, I., Crotti, E., Rossi, P., Rizzi, A., Scuppa, P., ... & Favia, G. (2010). Paternal transmission of symbiotic bacteria in malaria vectors. *Current Biology*, 20(12), R524-R525. https://doi.org/10.1016/j.cub.2010.05.040

Dillon, R. J., & Dillon, V. M. (2004). The gut bacteria of insects: nonpathogenic interactions. *Annual Review of Entomology*, 49(1), 71-92. https://doi.org/10.1146/annurev.ento.49.061802.123416

Dong, Y., Manfredini, F., & Dimopoulos, G. (2009). Implication of the mosquito midgut microbiota in the defense against malaria parasites. *PLoS Pathogens*, 5(5), e1000423. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000423

Eichler, S., & Schaub, G. A. (2002). Development of symbionts in triatomine bugs and the effects of infections with trypanosomatids. Experimental Parasitology, 100(1), 17-27. https://doi.org/10.1006/expr.2001.4653

Engel, P., & Moran, N. A. (2013). The gut microbiota of insects - diversity in structure and function. FEMS Microbiology *Reviews*, 37(5), 699-735. https://doi.org/10.1111/1574-6976.12025

Hoffmann, A. A., Montgomery, B. L., Popovici, J., Iturbe-Ormaetxe, I., Johnson, P. H., Muzzi, F., ... & O'Neill, S. L. (2011). Successful establishment of Wolbachia in Aedes populations to suppress dengue transmission. *Nature*, 476(7361), 454-457. https://doi.org/10.1038/nature10356

Jovel, J., Patterson, J., Wang, W., Hotte, N., O'Keefe, S., Mitchel, T., ... & Walter, J. (2016). Characterization of the gut microbiome using 16S or shotgun metagenomics. *Frontiers in Microbiology*, 7, 459. https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00459

Minard, G., Mavingui, P., & Moro, C. V. (2013). Diversity and function of bacterial microbiota in the mosquito holobiont. *Parasites & Vectors*, 6(1), 146. https://doi.org/10.1186/1756-3305-6-146

Narasimhan, S., Rajeevan, N., Liu, L., Zhao, Y. O., Heisig, J., Pan, J., ... & Fikrig, E. (2015). Gut microbiota of the tick vector Ixodes scapularis modulate colonization of the Lyme disease spirochete. *Cell Host & Microbe*, 15(1), 58-71. https://doi.org/10.1016/j.chom.2013.12.001

Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS). (2022). *Informe sobre a situação das arboviroses na Região das Américas*. OPAS.

Ramirez, J. L., Souza-Neto, J., Cosme, R. T., Rovira, J., Ortiz, A., Molina-Cruz, A., & Barillas-Mury, C. (2012). Reciprocal tripartite interactions between the Aedes aegypti midgut microbiota, innate immune system and dengue virus influences vector competence. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6(3), e1561. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001561

Ramirez, J. L., Garver, L. S., Brayner, F. A., Alves, L. C., Rodrigues, J., Molina-Cruz, A., & Barillas-Mury, C. (2014). The role of hemocytes in Anopheles gambiae antiplasmodial immunity. *Journal of Innate Immunity*, 6(2), 119-128. https://doi.org/10.1159/000353765

Rother, E. T. (2007). Revisão sistemática X revisão narrativa. *Acta Paulista de Enfermagem*, 20(2), v-vi. https://doi.org/10.1590/S0103-21002007000200001

Utarini, A., Indriani, C., Ahmad, R. A., Tantowijoyo, W., Arguni, E., Ansari, M. R., ... & Ryan, P. A. (2021). Efficacy of Wolbachia-infected mosquito deployments for the control of dengue. *New England Journal of Medicine*, 384(23), 2177-2186. https://doi.org/10.1056/NEJMoa2030243

Vivero, R. J., Villegas-Plazas, M., Cadavid-Restrepo, G. E., Herrera, C. X. M., Uribe, S., & Junca, H. (2016). Wild specimens of sand fly phlebotomine Lutzomyia longipalpis (Diptera: Psychodidae) carry a highly diverse midgut microbiota. *Scientific Reports*, 9(1). https://doi.org/10.1038/s41598-019-44599-0

Wang, Y., Gilbreath III, T. M., Kukutla, P., Yan, G., & Xu, J. (2017). Dynamic gut microbiome across life history of the malaria mosquito Anopheles gambiae in Kenya. *PLoS ONE*, 6(9), e24767. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024767

Weiss, B. L., & Aksoy, S. (2011). Microbiome influences on insect host vector competence. *Trends in Parasitology*, 27(11), 514-522. https://doi.org/10.1016/j.pt.2011.05.001
Werren, J. H., Baldo, L., & Clark, M. E. (2008). Wolbachia: master manipulators of invertebrate biology. *Nature Reviews Microbiology*, 6(10), 741-751. https://doi.org/10.1038/nrmicro1969

World Health Organization (WHO). (2020). *World malaria report 2020*. WHO Press.

Indriani, C., Ahmad, R. A., Tantowijoyo, W., Arguni, E., Ansari, M. R., Supriyati, E., ... & Utarini, A. (2023). Reduced dengue incidence following deployments of wMel Wolbachia in Yogyakarta, Indonesia. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 17(9), e0011642. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011642

Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS). (2024). *Situação epidemiológica das arboviroses nas Américas — Semana Epidemiológica 52*, 2024. Washington, DC: OPAS.

World Health Organization (WHO). (2024). *World malaria report 2024*. Geneva: World Health Organization.

World Health Organization (WHO). (2025). *Dengue and severe dengue — key facts*. Geneva: WHO. Recuperado de https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue

Caragata, E. P., Tikhe, C. V., & Dimopoulos, G. (2024). Microbial-based biocontrol of mosquito-borne diseases: challenges and future perspectives. *PLOS Pathogens*, 20(3), e1012071. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1012071

Mota, P. P., Guimarães, C. F., & Araújo, R. V. (2025). Gut microbiota of Anopheles stephensi in newly invaded regions: implications for malaria vectorial capacity. *Parasites & Vectors*, 18(1), 24. https://doi.org/10.1186/s13071-025-06451-8

Ross, P. A., & Hoffmann, A. A. (2024). Wolbachia-based biocontrol and the expansion of the World Mosquito Program: evidence and prospects. *Trends in Parasitology*, 40(2), 115-127. https://doi.org/10.1016/j.pt.2023.11.009