



VÍRUS: REINTERPRETANDO A HISTÓRIA NATURAL E SUA IMPORTÂNCIA ECOLÓGICA

Francisco Prosdocimi¹
Sávio Torres de Farias²

¹ Doutor em Bioinformática pela UFMG
Professor do Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis da UFRJ
prosdocimi@bioqmed.ufrj.br

² Doutor em Genética pela UFMG
Professor do Centro de Ciências Exatas e da Natureza da UFPB
stfarias@yahoo.com.br

Resumo

O presente ensaio visa propor uma mudança na forma pela qual os vírus têm sido entendidos pelos seres humanos. Normalmente são considerados como agentes infecciosos, os vírus na verdade são as entidades biológicas mais abundantes em nosso planeta, tendo uma função absolutamente crucial na ecologia e na evolução da vida na Terra. Se consideramos a teoria biossemiótica, que define a vida enquanto um processo operado por códigos orgânicos, concluímos que os vírus devem ser enquadrados dentro da categoria de seres vivos uma vez que eles compreendem a linguagem mais básica da biologia, ao apresentarem proteínas codificadas na forma de ácidos nucleicos. Além disso, a anatomia e fisiologia viral devem ser compreendidas como um tipo de estratégia alternativa alcançada por esses organismos para expressarem suas informações genéticas. De fato, vírus não necessitam infectar células para manifestar seus metabolismos, eles precisam unicamente ter acesso ao ribossomo para serem capazes de replicar suas informações. Finalmente, é possível supor que alguns grupos virais sejam mais antigos do que as células e contemporâneos aos

Abstract

The current essay aims to propose a modification in the way viruses have been understood historically in biology. Often taken as infectious agents, viruses are actually the most abundant biological entities in our planet and perform functions that are absolutely crucial both for ecology and evolutionary biology. If we take on account biosemiotics theories that define life as a process operated by organic codes, we must conclude that viruses should be considered inside the category of living beings because they indeed understand the most basic language of biology as they present proteins encoded by nucleic acids. Plus, the viral physiology and anatomy must be understood as an alternative form reached by those organisms to express their genetic information. In that sense, viruses do not need to infect cells to manifest their metabolism; they merely need to get access to ribosomes in order to be capable to replicate their information. Finally, it is possible to suppose that some viral groups are older than cells, being possibly contemporaries to the pré-cellular subsystems known as progenotes. Viruses are crucial

subsistemas pré-celulares conhecidos como symbiotic agents that facilitate the evolution progenotos. Os vírus são agentes simbióticos and promote plasticity to the genomes. They cruciais para a evolução e plasticidade dos ge- present fundamental relevance to: (i) organize nomas, são importantes para organizar a cro- the chromatin and allow efficient DNA pack- matina e permitir o empacotamento do DNA, ing, (ii) allow the development of some or- têm relevância no desenvolvimento de órgãos gans in multicellular organisms, and (iii) reg- em organismos multicelulares e são importan- ulate the equilibrium in ecosystems. tíssimos para o equilíbrio dos ecossistemas.

Palavras-chave: Vírus. Simbiose. Endossim- **Keywords:** Virus. Symbiosis. Endosymbiosis. biose. Origem da vida. Progenotos. Ecosis- Origin of life. Progenote. Ecosystems. Biose- temas. Biossemiótica. miotics.

1 Introdução

Classicamente tidos como um dos grandes vilões da biologia, os vírus são vistos pela grande maioria das pessoas como agentes infecciosos malignos. Os vírus são essas entidades que nos atacam em nossos momentos de maior debilidade e que sequestram a maquinaria metabólica das nossas células, fazendo-as replicar suas informações genéticas até que nossas células explodam de tantos vírus produzidos. Em um mundo pós-COVID-19, um sentimento de medo e uma visão catastrofista sobre o papel dos vírus se torna ainda mais forte na população. Como parasitas intracelulares obrigatórios, os vírus estão dentro de nossas células e podem copiar seus conteúdos genéticos, feitos de DNA ou RNA, diretamente dentro da estrutura de nossos cromossomos. Isso faz com que seja praticamente impossível matar os vírus se não matarmos nossas próprias células infectadas junto com eles. Por isso, doenças virais como a COVID-19, a AIDS, a herpes, a dengue, a meningite e a varíola se mostram um desafio para a medicina moderna. É incrível notar que, etimologicamente

falando, a própria palavra vírus vem do latim e significa “toxina” ou “veneno”. Segundo a teoria do gene egoísta (DAWKINS, 1976), tanto os vírus quanto também quaisquer outros organismos vivos podem ser considerados como “máquinas de sobrevivência” para os seus genes que só escutam ao chamado evolutivo para replicar-se. Seria como se os vírus contivessem uma única instrução genética: “copie-me”; e quanto mais eles infectam e se replicam, passando tal informação adiante, mais bem-sucedidos eles se tornam.

Provavelmente você vai achar normal e até correto escutar um discurso como esse que passamos no parágrafo anterior e, de fato, essa é a visão mais corriqueira sobre esse grupo “maldito” de entidades chamadas vírus. Mas o que é um vírus? De que eles são feitos, exatamente?

Os vírus mais clássicos consistem nos menores sistemas biológicos conhecidos. Medindo cerca de 10 a 500 nanômetros, eles são cerca de 20 a 100 vezes menores do que uma bactéria comum. Eles não possuem uma estrutura celular clássica e não apresentam membrana plasmática formada por uma dupla camada de fosfolípidos; eles apresentam apenas uma molécula de ácido nucleico – que pode ser de DNA ou RNA e que contém a informação genética e hereditária do vírus – e um envoltório composto pela justaposição de dezenas de proteínas idênticas, que é chamado de capsídeo. Dentro de seus genomas, os vírus mais simples possuem basicamente proteínas para a replicação do conteúdo viral (*pol*), proteínas de recombinação, que fazem com que o genoma viral seja integrado ao DNA das células hospedeiras (*gag*), e as proteínas de envelope ou capsídeo (*env*). E nada além disso. Por não terem membrana

plasmática nem estrutura celular, os vírus não possuem metabolismo quando estão em sua forma encapsulada. Essas são duas das principais razões pelas quais eles não têm sido considerados seres vivos. Uma outra razão comumente usada está relacionada à sua falta de autonomia, ou seja, eles são sistemas que dependem de outro sistema (no caso, células) para sobreviverem. Por não terem estrutura celular, metabolismo nem autonomia, eles não são considerados seres vivos. A visão mais difundida hoje em dia, sugere que o metabolismo viral apenas se expressaria de forma parasitária a partir do instante em que eles conseguem acessar a maquinaria celular de um hospedeiro e sequestrá-la, fazendo com que ela pare de trabalhar na manutenção de seu próprio metabolismo e homeostase, passando a atuar quase que exclusivamente como aquilo que os microbiologistas chamam de fábrica viral: ou seja, a replicação do genoma viral, a produção das proteínas de capsídeo que envolverão esses genomas e a montagem desse capsídeo.

Embora os microbiologistas em geral continuem transmitindo essas informações às novas gerações, novos entendimentos sobre o papel dos vírus na natureza têm surgido em muitos campos. Principalmente capitaneados pelos biólogos evolutivos e pelos ecólogos, estamos hoje em ponto de questionar essas afirmações clássicas sobre a natureza íntima dos vírus. No presente artigo, vamos tentar apresentar evidências e argumentos em prol da ideia de que os vírus não constituem um grupo de organismos infecciosos, mas sim um tipo particular de seres vivos (sim!) que apresenta uma estratégia de vida diferenciada. Tal estratégia pode ter evoluído de múltiplas formas, como

veremos a seguir, e pode eventualmente sair do controle ao causar dano e infecções a outros organismos. Porém, essas características são excepcionais não devem ser vistas como a maneira mais fundamental através da qual os vírus interagem com as espécies e evoluem ao lado delas. Além disso, reanalisaremos dados interessantes sobre a função ecológica dos vírus nos ecossistemas, já que eles parecem ser os seres vivos mais abundantes na biosfera.

2 Vírus enquanto estratégia

Inúmeros modelos vêm sendo discutidos sobre a origem dos vírus e, atualmente, três linhas de pensamento vêm sendo aprofundadas ao tentarem identificar evidências e argumentos sobre a evolução dessas incríveis entidades biológicas. Vale notar que, no atual cenário de entendimento, tais alternativas devem ser vistas como não excludentes e nos levam a repensar o papel dos vírus, assim como sua história natural. As três linhas são: (i) a origem primitiva dos vírus, (ii) o modelo de escape e (iii) a redução celular. Nesse sentido, sugere-se que os vírus não formam um grupo monofilético único que seria herdeiro de um único ancestral vivendo no passado, mas sim uma estratégia diferenciada de vida que diversos grupos teriam adquirido ao longo de sua evolução.

O modelo mais hegemônico hoje em dia está baseado na ideia da redução celular, em que a maioria dos grupos virais possivelmente se

originaram através da simplificação de organismos celulares pré-existentes. Dessa forma, a morfologia e fisiologia virais seriam alcançadas através da perda consecutiva de enzimas e vias bioquímicas inteiras, produzindo organismos mais simples que perderiam sua autonomia e passariam a necessitar de outros organismos para que sejam capazes de se reproduzir.

Nesse sentido, acreditamos que a perda da autonomia do organismo não deve ser vista como fator importante para deixarmos de classificar um organismo enquanto ser vivo. Nesse sentido, devemos notar que o próprio termo autonomia carrega múltiplos sentidos, muitos ambíguos, apresentando uma série de problemas conceituais e de aplicabilidade. Dessa forma, poderíamos considerar, por exemplo, que a própria integração ecológica e/ou fisiológica de organismos ou populações poderia ser entendida como um processo de perda de autonomia. Observando a natureza, podemos identificar que existem várias espécies de plantas que só são capazes de se reproduzir através da ação de uma espécie específica que a poliniza. Entre esses organismos podemos citar as mais de 750 diferentes espécies de figo (rosídeas do gênero *Ficus*) que se reproduzem exclusivamente através da interação entre essa planta e uma espécie de vespa da família dos agaonídeos. Para cada uma das espécies de figo, existe uma espécie de vespa particular que poliniza cada espécie de planta. Caso essas vespas desaparecessem, os figos também desapareceriam. Dessa forma, as espécies de figo não possuem autonomia. Mas nem por isso nos arriscaríamos a dizer que os figos ou cada uma das espécies de vespa não seriam organismos vivos, mesmo que sua autonomia seja

dependente de outros seres vivos. Portanto, a autonomia não pode ser considerada uma condição suficiente para definir o que é um ser vivo.

Uma questão que vem sendo bastante discutida na literatura científica recente – através do estudo dos grandes vírus nucleocitoplásmicos de DNA, também chamados de vírus gigantes – é a de que muitos grupos de vírus são prováveis descendentes de organismos mais complexos. Os mimivírus foram descobertos acidentalmente em 1997 por pesquisadores franceses e ingleses (BIRTLES *et al.*, 1997). Eles consistem em um grupo de vírus que parece interagir exclusivamente com amebas. Esses vírus possuem um tamanho próximo ao de uma bactéria, podendo chegar a um tamanho medido em micrômetros. Além disso, eles não possuem apenas poucas dezenas de genes codificando aquelas proteínas de replicação, recombinação e capsídeo que discutimos anteriormente. De fato, eles podem conter milhares de proteínas codificando praticamente todas as proteínas ribossomais e fatores associados ao mecanismo de tradução. Um desses organismos, o chamado Tupanvirus, contém mais de um milhão e meio de nucleosídeos de DNA, tendo um genoma maior do que muitos grupos de organismos celulares (ABRAHÃO *et al.*, 2018). Uma das explicações para a origem e evolução deste grupo de vírus encontra apoio na ideia de que a perda do ribossomo levou este grupo de organismos a apresentar um comportamento “viral” devido à perda de autonomia no processamento de sua informação genética.

Um outro modelo bastante aceito e discutido para a origem dos vírus, a teoria do escape, propõe que vários grupos virais surgiram quando

determinados pedaços de ácidos nucleicos se tornaram encapsulados casualmente dentro de envelopes proteicos de vírus pré-existentes, gerando grupos virais totalmente novos. Para isso, genes codificando proteínas polimerases deveriam ter sido encapsulados junto com genes para proteínas de função recombinase e genes codificando proteínas responsáveis por fazer os capsídeos. Há diferentes tipos de capsídeos virais e através de suas estruturas, sequências e propriedades pode-se propor a formação de grupos virais mais similares. Embora menos provável, é possível que alguns grupos virais tenham surgido dessa maneira.

O terceiro modelo que tenta explicar a origem dos vírus propõe que esses organismos teriam se originado há muito tempo atrás, junto com os primeiros sistemas biológicos. Dessa forma, eles teriam sido contemporâneos de organismos pré-celulares chamados de progenotos e teriam seguido uma história evolutiva paralela à história evolutiva das células, podendo ser considerados como produtos diretos do processo de origem da vida em nosso planeta. Esse modelo é chamado de "*virus first*", que poderia ser traduzido como vírus primeiro, vírus antes, ou vírus primitivos.

A partir dos diversos modelos que buscam explicar a origem e a história natural dos vírus, propusemos que os vírus, em realidade, não necessitam verdadeiramente de células para replicar seus conteúdos gênicos (FARIAS, JHEETA & PROSDOCIMI, 2019). Nesse sentido, sugerimos a ideia de que os vírus necessitam apenas de ribossomos para que possam traduzir suas informações contidas na forma de ácidos nucleicos. Desta forma, sugerimos que

a anatomia e morfologia virais devem ser entendidas como uma estratégia evolutiva (alternativa à estratégia celular) para manutenção e perpetuação de informação genética. Uma vez que os vírus apresentam proteínas codificados em códons, de acordo com o código genético, conclui-se que essas entidades “falam a língua da biologia” e, portanto, contêm informação codificada capaz de organizar seu metabolismo e replicação de forma adequada. De fato, eles necessitam apenas da maquinaria traducional para que sejam capazes de se reproduzir com eficácia. Embora, hoje em dia, os ribossomos possam ser encontrados exclusivamente dentro das células, é possível supor que nem sempre isso tenha acontecido dessa forma. Assim, para entendermos melhor os cenários sobre a origem dos vírus e sua relação com os organismos celulares, devemos agora nos debruçar sobre os mais recentes modelos que versam sobre a origem da própria vida.

3 Os vírus e a origem da vida

Já existe um certo consenso na comunidade científica de que a vida se originou a partir da evolução da maquinaria de tradução. Muitas pesquisas concordam que o ribossomo foi provavelmente uma das primeiras macromoléculas biológicas que surgiram. Propusemos anteriormente (PROSDOCIMI & FARIAS, 2019) que o ribossomo surgiu a partir do momento em que um RNA autorreplicante foi capaz de catalisar a síntese de

aminoácidos. Nesse momento, o proto-organismo que chamamos de FUCA (*First Universal Common Ancestor*, da sigla em inglês para Primeiro Ancestral Comum Universal) foi concebido. O ribossomo teria surgido inicialmente nesse ancestral quando uma ribozima autorreplicante de RNA teria se tornado capaz de ligar aminoácidos através de oligomerização. Isso teria permitido o surgimento do centro catalítico do ribossomo, chamado de PTC (da sigla em inglês para centro de transferência de peptídeos), que posteriormente teria evoluído para produzir o ribossomo através de mecanismos ainda não muito bem conhecidos (PETROV *et al.*, 2015). Esse ancestral chamado de FUCA teria alcançado sua maturidade no momento em que um código genético tivesse sido inicialmente estabelecido, proporcionando uma ligação mais específica entre ácidos nucleicos e aminoácidos que funcionava através de um intermediário (tRNA) que teria estabelecido um código biosemiótico para a comunicação entre essas moléculas (FARIAS & PROSDOCIMI, 2019). Os vírus certamente falam a linguagem da biologia, já que possuem proteínas codificadas em formas de ácido nucleico e, portanto, o estabelecimento desse código é anterior ao surgimento dessas entidades.

Entretanto, desde a maturação do FUCA até o surgimento da primeira célula, muita coisa aconteceu. O renomado microbiologista norte-americano Carl Woese e colaboradores, definiram em 1990 a existência de 3 domínios da vida: Archaea, Bacteria e Eukaria. Normalmente, os estudos sobre a origem da vida que usam uma estratégia de cima para baixo consideram que essa primeira célula deveria ter sido o ancestral comum entre os dois grandes grupos de

organismos mais basais, a saber, os domínios Bacteria e Archaea. Isso se deve ao fato de que uma série de estudos vêm sugerindo que os eucariotos surgiram a partir da complexificação de um grupo de arqueobactérias chamado de Lokiarqueota (SPANG *et al.*, 2015), no qual também outras eubactérias teriam sido engolfadas e passariam a viver dentro delas, em endossimbiose (SAGAN, 1967). De qualquer forma, o ancestral entre o Domínio Archaea e Bacteria teria possivelmente constituído o primeiro organismo celular, normalmente chamado de LUCA (o último ancestral comum universal, da sigla em inglês para *Last Universal Common Ancestor*), de acordo com as ideias de Carl Woese (WOESE, 1998).

Pois bem, antes que o LUCA surgisse, Woese (1998) sugeriu a existência de proto-organismos denominados progenotos. De acordo com sua hipótese, durante a era dos progenotos, os sistemas biológicos não seriam compartimentalizados em células e não formariam sistemas fechados (WOESE, 1998). Nessa época, os sistemas biológicos seriam abertos e trocariam informações em alta taxa através do mecanismo que chamamos de transferência genética lateral. Teria sido na época dos progenotos que as vias bioquímicas surgiram. Isso teria acontecido possivelmente de forma independente, na medida em que vários subsistemas biológicos evoluíam através de diferentes rotas. Em um determinado momento, os progenotos já apresentariam genomas parciais relativamente grandes, os quais precisariam ser traduzidos em proteínas para que as vias bioquímicas pudessem ser organizadas. Dessa forma, enquanto as vias bioquímicas evoluíam em alguns subsistemas, outros

suportariam essa evolução ao serem responsáveis pela tradução da informação presente nos primeiros. Essa tradução seria feita através de “subsistemas tradutores” que possivelmente eram os mais abundantes, já que todos os outros subsistemas dependiam deles para poderem expressar suas informações.

Nesse sentido, é possível supor que existiriam alguns desses subsistemas abertos onde proteínas parecidas com aquelas usadas nos capsídeos virais teriam surgido. Dessa forma, não parece absurdo supor que alguns tipos de vírus poderiam ter surgido ainda antes do surgimento das primeiras células e que eles poderiam ser contemporâneos aos progenotos. Nesse sentido, um envelope proteico que porventura tivesse surgido, poderia ter protegido o conteúdo genético de alguns subsistemas e ter permitido que determinados “protovírus” tenham sido melhor adaptados em determinadas condições ambientais. É claro que esses subsistemas precisariam encontrar subsistemas tradutores para que pudessem expressar suas informações genéticas; e assim se replicar.

Assim, quando os ribossomos foram cooptados a viver dentro de sistemas compartimentalizados é que teria se estabelecido a dependência que hoje observamos entre vírus e células. Dessa forma, é possível supor que alguns grupos virais sejam descendentes de uma era pré-celular. Nesse caso, enfatiza-se novamente a ideia de que os vírus não dependem de células e que dependem, sim, de ribossomos que sejam capazes de traduzir suas informações genéticas em informações proteicas. O cenário apresentado modifica inicialmente nossa visão sobre as relações até então amplamente difundidas

sobre os vírus e os organismos celulares, visto que deslocamos o foco de uma mera relação de parasitismo e reposicionamos nossa análise para uma relação ecológica de interdependência em um determinado grau, onde os vírus passam a ser observados como agentes do processo evolutivo do ecossistema onde estão inseridos.

4 As funções ecológicas dos vírus

Um tema recorrente na microbiologia moderna vem da consideração de que há muito mais microrganismos existentes em nosso planeta do que normalmente consideramos. Esse assunto é normalmente referido como a “matéria escura” da microbiologia, em clara metáfora à ideia da matéria escura que conhecemos na astrofísica. No campo da Física, existe justamente uma discussão sobre a quantidade de matéria existente no universo. Se o universo tiver uma quantidade de matéria muito maior do que hoje imaginamos, seria possível propor que, em algum momento futuro, essa matéria voltará a se atrair devido às forças gravitacionais e o universo entrará em retração. Nesse caso, toda essa matéria não visível – presente, por exemplo, nos buracos negros – seria capaz de se atrair novamente dando origem a um novo ovo cósmico, na teoria conhecida como a teoria do Grande Colapso (ou *Big Crunch*). Nesse sentido, sabe-se que há muito mais microrganismos do que conhecemos hoje, assim como sabemos que há mais matéria do que aquela que conseguimos ver.

Ainda nesse sentido, estudos contemporâneos sobre os microbiomas nos permitiram perceber que nosso corpo humano apresenta pelo menos o mesmo número de células bacterianas do que de células humanas (SENDER, FUCHS & MILO, 2016). Da mesma forma, sabemos que a maioria dos organismos multicelulares vivem em simbiose com bactérias e, na verdade, não faz sentido entendermos os organismos multicelulares como organismos independentes, separados ou mesmo autônomos. De fato, um novo termo designado como “holobionte” tem sido utilizado para indicar mais claramente que somos organismos múltiplos e estamos em constante interação simbiótica com células de microrganismos (SALVUCCI, 2016). Embora esse tema já seja consensual com relação às bactérias e fungos, falta-nos entender um pouco mais sobre nossas relações simbióticas com os nossos vírus endógenos, como veremos a seguir.

Por ora, vale salientar que, cada vez mais, os vírus têm sido vistos como fundamentais para a manutenção do equilíbrio ecológico nos ecossistemas (MIDDELBOE & BRUSSAARD, 2017). Desde muito tempo, já se reconhece que os vírus são os organismos mais abundantes em determinados ambientes, como por exemplo nos oceanos (BERGH *et al.*, 1989). Pesquisadores já demonstraram, através de estudos de metagenômica, que os genes produzidos por vírus nos oceanos podem ter uma relevância crucial para a ciclagem de nutrientes como o enxofre o nitrogênio nesses ambientes (ROUX *et al.*, 2016). Já se demonstrou também que o número de partículas virais encontradas nos solos é absurdamente abundante e que a produção de enzimas por eles pode ter um

impacto altíssimo na constituição desses ecossistemas (WOMMACK *et al.*, 2015). A cada novo estudo realizado com técnicas cada vez mais sensíveis, o número de partículas virais encontradas nos mais diferentes ecossistemas parece aumentar, aumentando assim o número estimado de vírus conhecidos e, aumentando também a importância ecológica desses minúsculos seres vivos na regulação dos ambientes (PAEZ-ESPINO *et al.*, 2016). Além da função ecológica na contenção dos níveis populacionais dentro dos ecossistemas, atualmente temos diversas evidências da importância dos vírus no contexto da história evolutiva de inúmeros grupos de organismos celulares, que teriam se modificado significativamente através da incorporação de material genético de origem viral.

5 Retrovírus endógenos

Finalmente, estudos de genoma realizados em organismos complexos têm identificado uma enorme presença de elementos virais dentro desses genomas. Estima-se que o próprio genoma humano possa conter um número próximo de 50% de elementos repetitivos e sequências tipo-virais, que são chamadas de retrovírus endógenos. Dentre essas regiões, estão os SINES e LINES, consistindo em sequências curtas ou longas que estão dispersas ao longo do nosso genoma e de diversos outros genomas animais. Tais regiões parecem ter sido originadas a partir de infecções virais acontecidas ao longo da

evolução das linhagens biológicas. Antigamente considerados aquilo que foi chamado de DNA-lixo, ou seja, resquícios irrelevantes da ação do processo evolutivo, hoje em dia os pesquisadores têm encontrado possíveis funções importantes para esses elementos genômicos tipo-virais. Dentre os SINES, por exemplo, temos os chamados elementos *Alu*, que são elementos repetitivos de cerca de 300 pb que estão presentes ao longo de todos os cromossomos humanos e que podem representar até 10% do nosso genoma (BATZER & CORDAUX, 2009). Tais elementos são comuns em outras espécies e alguns estudos têm demonstrado que eles podem ter uma relevância importantíssima durante os processos de empacotamento do DNA, sendo usados para indicar regiões onde a cromatina deve ser dobrada (SOSA *et al.*, 2013). Além disso, os retrovírus endógenos parecem ser importantes por permitir o chamado embaralhamento dos éxons, fenômeno que permite o surgimento de novos genes. A cada novo genoma estudado, os pesquisadores descobrem um número incrível e não-esperado de genes órfãos, ou seja, genes sem função conhecida e muitas vezes únicos para aquela espécie. É possível supor que muitos desses genes tenham sido formados recentemente através de eventos de recombinação produzidos através da ação de enzimas produzidas pelos retrovírus endógenos. Dessa forma, os vírus que estão incrustados dentro dos nossos genomas ainda precisam ser melhor estudados, de forma que se possa compreender melhor qual é o mecanismo através do qual eles agem enquanto agentes de contínua transformação dos genomas, permitindo o surgimento de novidades genômicas através de eventos de recombinação genética (ENARD *et al.*, 2016).

Finalmente, depois de décadas de controvérsias, parece que os vírus têm sido reconhecidos como importantes iniciadores para o desenvolvimento de alguns órgãos. Notavelmente, muitos estudos têm indicado que a origem da placenta acontece através da formação de células multinucleadas que se originam devido à multiplicação de certos tipos de retrovírus endógenos (HARRIS, 1991). Isso abre a possibilidade de que alguns órgãos e tecidos importantíssimos, formados ao longo da evolução dos animais, possam ter surgido com a ajuda dos vírus.

6 Conclusões

É incrível notar como a importância dos vírus tem sido subestimada por nossa falsa compreensão de que esses seres vivos tenham papel relevante apenas enquanto agentes infecciosos. O entendimento de que os organismos multicelulares são complexos endossimbióticos, tanto do ponto de vista externo como interno, é imprescindível para que avancemos com relação a uma compreensão mais real sobre o papel dos vírus na biosfera.

Embora suponhamos que a maioria dos grupos virais tenham sido originados a partir de células que simplificaram seus genomas e perderam grande parte de seus genes, além de sua membrana, é possível considerar que alguns grupos virais sejam descendentes de um mundo pré-celular. Dessa forma, a observação de que os vírus não necessitam de células para se reproduzirem,

porém de um ribossomo, consiste em uma constatação importante e que pode refletir sua herança progenota, em um tempo onde a biologia evoluía a partir de subsistemas semi-abertos com intensa troca de material genético.

Ainda hoje, o estudo dos viromas ambientais está apenas começando e é de se supor que nos próximos anos e décadas alcançaremos uma visão mais aprofundada sobre o número e a relevância dos vírus nos mais diferentes ecossistemas. Assim como as bactérias já foram vistas do ponto de vista apenas de sua patogenicidade, hoje elas são entendidas como importantes agentes para a homeostase dos ecossistemas e dos organismos multicelulares. Agora é hora dessa compreensão chegar também aos mais simples organismos biológicos existentes, organismos que falam a língua da biologia e que apresentam proteínas codificadas na linguagem codônica dos ácidos nucleicos. Os vírus não são apenas seres vivos em um senso estrito, eles são também organismos indispensáveis, importantíssimos e que atuaram e atuam de forma direta para permitir a manutenção desse macro organismo simbiótico incrível que é Gaia, o nosso planeta Terra.

Agradecimentos

Gostaríamos de agradecer à FAPERJ (CNE E-26/202.780/2018) e ao CNPq (PDE 205072/2018-6) pelo financiamento fornecido para a realização do presente trabalho.

Referências

ABRAHÃO, J.; SILVA, L.; SILVA, L. S.; KHALIL, J. Y. B.; RODRIGUES, R.; ARANTES, T.; ASSIS, F.; BORATTO, P.; ANDRADE, M.; KROON, E. G.; RIBEIRO, B.; BERGIER, I.; SELIGMANN, H.; GHIGO, E.; COLSON, P.; LEVASSEUR, A.; KROEMER, G.; RAOULT, D. & LA SCOLA, B. Tailed giant Tupanvirus possesses the most complete translational apparatus of the known virosphere. *Nature Communication*, 27, 9, 1, 749, 2018.

BATZER, M. & CORDAUX, R. The impact of retrotransposons on human gene evolution. *Nature Reviews Genetics*, 10, 10, p. 691-703, 2009.

BERGH, O.; BØRSHEIM, K. Y.; BRATBAK, G. & HELDAL, M. High abundance of viruses found in aquatic environments. *Nature*, 10, 340, 6233, p. 467-8, 1989.

BIRTLES, R. J.; ROWBOTHAM, T. J.; STOREY, C.; MARRIE, T. J. & RAOULT, D. Chlamydia-like obligate parasite of free-living amoebae. *Lancet*, 29, 349, 9056, p. 925-6, 1997.

DAWKINS, R. *The Selfish Gene*. Best Books, 1976.

ENARD, D.; CAI, L.; GWENNAP, C. & PETROV, D. A. Viruses are a dominant driver of protein adaptation in mammals. *Elife*, 17, 5, pii: e12469, 2016. doi:10.7554/eLife.12469.

FARIAS, S. T. & PROSDOCIMI, F. *A emergência dos sistemas biológicos: uma visão molecular da origem da vida*. Rio de Janeiro: Ed. ArtecomCiencia, 2019.

FARIAS, S. T.; JHEETA, S. & PROSDOCIMI, F. Viruses as survival strategy in the armoury of life. *History and Philosophy of Life Sciences*, 41, 45, 2019. <https://doi.org/10.1007/s40656-019-0287-5>.

HARRIS, J. R. The evolution of placental mammals. *FEBS Letter*. 295, p. 3-4, 1991.

MIDDELBOE, M. & BRUSSAARD, C. P. D. Marine Viruses: Key Players in Marine Ecosystems. *Viruses*, 9, 10, 302, 2017.

PAEZ-ESPINO, D.; ELOE-FADROSH, E. A.; PAVLOPOULOS, G. A.; THOMAS, A. D.; HUNTEMANN, M.; MIKHAILOVA, N.; RUBIN, E.; IVANOVA, N. N. & KYRPIDES, N. C. Uncovering Earth's virome. *Nature*, 25, 536, 7617, p. 425-30, 2016.

PETROV, A. S.; GULEN, B.; NORRIS, A. M.; KOVACS, N. A.; BERNIER, C. R.; LANIER, K. A.; FOX, G. E.; HARVEY, S. C.; WARTELL, R. M.; HUD, N. V. & WILLIAMS, L. D. History of the ribosome and the origin of translation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112, 50, p. 15396-401, 2015. doi:10.1073/pnas.1509761112.

PROSDOCIMI, F.; JOSÉ, M.V. & FARIAS S. T. The First Universal Common Ancestor (FUCA) as the Earliest Ancestor of LUCA's (Last UCA) Lineage. In: PONTAROTTI, P. (ed.). *Evolution, Origin of Life, Concepts and Methods*. Springer, Cham, 2019. https://doi.org/10.1007/978-3-030-30363-1_3.

ROUX, S.; BRUM, J. R.; DUTILH, B. E.; SUNAGAWA, S.; DUHAIME, M. B.; LOY, A.; POULOS, B. T.; SOLONENKO, N.; LARA, E.; POULAIN, J.; PESANT, S.; KANDELS-LEWIS, S.; DIMIER, C.; PICHERAL, M.; SEARSON, S.; CRUAUD, C.; ALBERTI, A.; DUARTE, C. M.; GASOL, J. M.; VAQUÉ, D.; TARA OCEANS COORDINATORS; BORK, P.; ACINAS, S. G.; WINCKER, P. & SULLIVAN, M. B. Ecogenomics and potential biogeochemical impacts of globally abundant ocean viruses. *Nature*, 29, 537, 7622, p. 689-93, 2016.

SAGAN, L. On the origin of mitosing cells. *Journal of Theoretical Biology*, 14, 3, p. 225-74, 1967.

SALVUCCI, E. Microbiome, holobiont and the net of life. *Critical Reviews in Microbiology*, 42, 3, p. 485-94, 2016.

SENDER, R.; FUCHS, S. & MILO, R. Are We Really Vastly Outnumbered? Revisiting the Ratio of Bacterial to Host Cells in Humans. *Cell*, 164, 3, p. 337-40, 2016. doi:10.1016/j.cell.2016.01.013.

SOSA, D.; MIRAMONTES, P.; LI, W.; MIRELES, V.; BOBADILLA, J. R. & JOSÉ, M.V. Periodic distribution of a putative nucleosome positioning motif in human, nonhuman primates, and archaea: mutual information analysis. *International Journal of Genomics*, 963956, 2013.

SPANG, A.; SAW, J. H.; JØRGENSEN, S. L.; ZAREMBA-NIEDZWIEDZKA, K.; MARTIJN, J.; LIND, A. E.; VAN EIJK, R.; SCHLEPER, C.; GUY, L. & ETTEMA, T. J. G. Complex archaea that bridge the gap between prokaryotes and eukaryotes. *Nature*, 14, 521, 7551, p. 173-9, 2015.

WOESE, C. The universal ancestor. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95, 12, p. 6854-9, 1998.

WOESE, C. R.; KANDLER, O. & WHEELIS, M. L. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 87, 12, p. 4576-9, 1990. doi:10.1073/pnas.87.12.4576.

WOMMACK, K. E.; NASKO, D. J.; CHOPYK, J. & SAKOWSKI, E. G. Counts and sequences, observations that continue to change our understanding of viruses in nature. *Journal of Microbiology*, 53, 3, p. 181-92, 2015. doi: 10.1007/s12275-015-5068-6.



Esta obra está licenciada sob a licença [Creative Commons Atribuição – Não Comercial 4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).