

ADENOVÍRUS EM ÁGUAS SUPERFICIAIS DO ARROIO BELO EM CAXIAS DO SUL (RS)

Viviane Girardi, Nádia Goulart, Rahyssa Chagas Hahn, Renata Cornelli, Rodrigo Staggmeier, Caroline Rigotto, Vania Elisabete Schneider, Suelen Paesi, Fernando Rosado Spilki

Arroio Belo, inserido no município de Caxias do Sul (RS), pertence à bacia hidrográfica do rio Caí e é usado para recreação pela população local e recebe efluentes de origem doméstica e industrial. Mais de cem tipos de vírus patogênicos, entre eles os Adenovírus (AdV), são excretados nas fezes de origem humana e animal e podem estar presentes em ambientes aquáticos indicando contaminação fecal, estes patógenos causam doenças respiratórias e gastrointestinais. O objetivo do presente estudo foi avaliar a presença de AdV em águas superficiais em amostras concentradas e não concentradas por real time PCR (qPCR) e PCR convencional (nested-PCR). As coletas das amostras foram realizadas de Março a Junho de 2015 no Arroio Belo em quatro locais: P1 e P2 na região urbana, P3 região rural e P4 área de recreação aquática. Amostras concentradas (método de absorção-eluição) e não concentradas foram submetidas à extração de ácidos nucleicos com kit comercial (RTP® DNA / RNA Virus Mini Kit - Invitex®). Para identificar a presença de AdVs, uma sequência parcial do gene DNA polimerase (*pol*) foi amplificado por nested-PCR objetivando detectar tipos de AdV dos gêneros *Mastadenovirus* e *Atadenovirus*. Foi realizada a qPCR com alvo na sequência parcial do gene hexon conservada entre as espécies de adenovírus humano C (HAdV-C). As amostras positivas pelo nested-PCR foram encaminhadas para sequenciamento. Em um total de oito amostras concentradas, três (37.5%) foram positivas para AdV por nested-PCR e três (37.5%) foram positivas para HAdV-C por qPCR. A quantificação das três amostras positivas por qPCR variaram de 4.23×10^3 a 4.74×10^4 cg/L. Em amostras não concentradas, 38.4% foram positivas para AdV por nested-PCR e 7.69% ($1,82 \times 10^5$ cg/L) para HAdV-C por qPCR. No sequenciamento foram identificados HAdV das espécies C e F e AdV animal bovino e murino. Foi observado que o método de concentração detectou e quantificou genomas por nested-PCR e qPCR. No entanto, as análises de amostras não concentradas por qPCR foram comprometidas provavelmente pela presença de inibidores ou o método nested-PCR foi mais sensível para assegurar a presença de AdV. Os resultados do sequenciamento identificaram a diversidade de AdV nos locais de amostragem e as fontes de contaminação. Este estudo em andamento irá complementar a avaliação de contaminação na bacia hidrográfica do rio Caí em Caxias do Sul.

Palavras-chave: Adenovírus, Arroio Belo, qPCR, nested-PCR, sequenciamento.

Apoio financeiro: CAPES, FEEVALE, ISAM, UCS.