

**DETECÇÃO MOLECULAR DE DIFERENTES ESPÉCIES DE ADENOVÍRUS EM ÁGUA BRUTA
PROVENIENTE DAS ESTAÇÕES DE TRATAMENTO DE ÁGUA (ETAs) DE OITO
MUNICÍPIOS DO VALE DO RIO DOS SINOS**

Mayra Cristina Soliman¹, Fernanda Gil de Souza¹, Larissa Ferreira de Jesus¹ e Fernando Rosado Spilki^{1,2} (orient.)

¹Laboratório de Microbiologia Molecular, Instituto de Ciências da Saúde, Universidade FEEVALE; ²Programa de Pós Graduação em Qualidade Ambiental, Universidade FEEVALE; mayra_soliman@hotmail.com; fernandors@feevale.br

As atuais estações de tratamento da água empregam como indicador de contaminação fecal, bactérias do grupo dos coliformes termotolerantes. Contudo a ausência destes patógenos não exclui a possível presença de vírus entéricos. Estes últimos são eliminados em grandes quantidades nas fezes, normalmente não são monitorados e podem permanecer viáveis e infecciosos após o atual tratamento microbiológico empregado nas ETAs. Dentre o grupo de vírus entéricos, os adenovírus (AdV), membros da família *Adenoviridae*, podem ser candidatos como microrganismos indicadores de poluição fecal de diferentes fontes hídricas. O objetivo deste trabalho foi detectar e quantificar diferentes espécies de AdV (canino, CAV; aviário, EDS; bovino, BAV; humano, HAdV e AdV porcino) em amostras de água bruta coletadas nas ETAs de oito municípios do Vale do Rio dos Sinos (Santo Antônio da Patrulha, Rolante, Três Coroas, Taquara, Parobé, Campo Bom, Esteio e Nova Santa Rita). Para tanto, entre os meses de janeiro a junho de 2012, foram coletadas 43 amostras de 500 mL de água bruta em frascos previamente esterilizados. Após a coleta, estas amostras foram submetidas ao processo de concentração pelo método de adsorção-eluição, posteriormente, realizada a extração do DNA viral e sua detecção e quantificação através da reação em cadeia da polimerase em tempo real (qPCR). A reação utilizou oligonucleotídeos desenhados a partir das sequências completas dos genes virais alvo, que possibilitaram a detecção de diferentes espécies de AdV. Das 43 amostras analisadas, 67,44% (29/43) resultaram positivas para CAV; 11,63% (05/43) para BAV; 20,93% (09/43) para EDS; 2,33 % (01/43) para AdV porcino. Não foi detectado HAdV nas amostras analisadas pela técnica diferencial, mas em ensaios complementares foram detectados vírus de origem humana em 79% das amostras. Tais resultados indicam contaminação por diferentes espécies de AdV, apontando para contaminação fecal destas amostras por diferentes espécies de animais. Tendo em vista que o sistema de tratamento empregado nas ETAs não garante a segurança virológica da água, torna-se necessário o monitoramento do vírus e alternativas para a eliminação viral, tornando assim a água apta para consumo.

(Apoio: CNPq/ FAPERGS/Universidade FEEVALE/ CAPES)