

ANÁLISE DE VÍRUS ENTÉRICOS EM AMOSTRAS DE ESCOLAS DO INTERIOR DO RIO GRANDE DO SUL

Rafael Bandeira Fabres¹, Mayra Cristina Soliman¹, Mariana Kluge¹, Roger Bordin da Luz¹, Aline Mara Pacheco¹, Thaís Fontana¹, Marcelo Jung Eberhardt¹, Manoela Tressoldi Rodrigues¹, Rodrigo Staggemeier¹, Bianca Bergamaschi², Juliana Comerlato³, Juliane Deise Fleck^{1,4}, Ana Beatriz Oliveira⁴ e Fernando Rosado Spilki^{1,4}

¹Laboratório de Microbiologia Molecular, Instituto de Ciências da Saúde, Universidade Feevale; ²Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, UFRGS; ³Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, UFRGS; ⁴CECANE, UFRGS; rafafabres@hotmail.com; fernandors@feevale.br.

Os vírus entéricos humanos são importantes causas de enfermidades veiculadas através da água. Esses patógenos, que são eliminados em grandes quantidades pelas fezes de indivíduos infectados, podem permanecer viáveis e infecciosos durante vários meses no ambiente e, assim, contaminar águas destinadas ao consumo humano, além de resistirem aos atuais processos de tratamento da água e do esgoto aplicados no controle bacteriano. Nesse estudo analisamos as amostras para detecção de *Enterovirus* (EV), vírus pertencente à família Picornaviridae, que apresentam genoma viral formado por uma molécula de RNA de fita simples com polaridade positiva; *Adenovirus* (AdV) pertencente à família Adenoviridae genoma viral de DNA de fita dupla não segmentado, e rotavírus do grupo A, pertencentes à família Reoviridae com genoma viral constituído de 11 segmentos de RNA de fita dupla. Ao todo, foram 71 amostras de água de torneira assepticamente coletadas em escolas estaduais e municipais das cidades Bagé, Caxias do Sul, Santa Maria, Pelotas, Santa Cruz e Passo Fundo, as quais foram concentradas em um protocolo de filtração-eluição. Em seguida, tiveram seu RNA extraído, o qual foi submetido à síntese de DNA complementar (cDNA) utilizando iniciadores randômicos. Por fim, foi realizada a reação da polimerase em cadeia (PCR), utilizando-se oligonucleotídeos com potencial alinhamento em regiões conservadas do genoma de cada espécie viral, correspondendo ao gene da proteína do hexon de AdV, denominados VTB2-HAdVCf (5'-GAGACGTACTTCAGCCTGAAT-3') e VTB2-HAdVCr (5'-GATGAACCGCAGCGTCAA-3'); e para o gene VP6 de GARV, denominados ROTAFEEVALE-FW (5'-GATGTCCTGTACTCCTTGT-3') e ROTAFEEVALE-VER (5'-GGTAGATTACCAATTCCTCC) e a região 5' UTR de EV denominados ENT-F1 (5'-CCTCCGGCCCCCTGAATG-3') e ENT-R2 (5'-ACACGGACACCCAAAGTAG-3'). Os produtos das PCRs foram corados com SYBRGreen™, submetidos à eletroforese em agarose 1% e analisados sob luz ultravioleta (UV). A presença de GARV foi confirmada em 11,26% (8/71), para EV 28,16% (20/71), e para AdV 22,53% (16/71) das amostras analisadas. Conclui-se que água de torneira coletada em escolas de diferentes municipalidades do RS pode conter genoma de vírus entéricos. Neste momento, a presença de vírus viáveis nas amostras está sendo analisada pelo isolamento em cultivo celular.

(Apoio: CNPq/FAPERGS/CAPES/Feevale)