



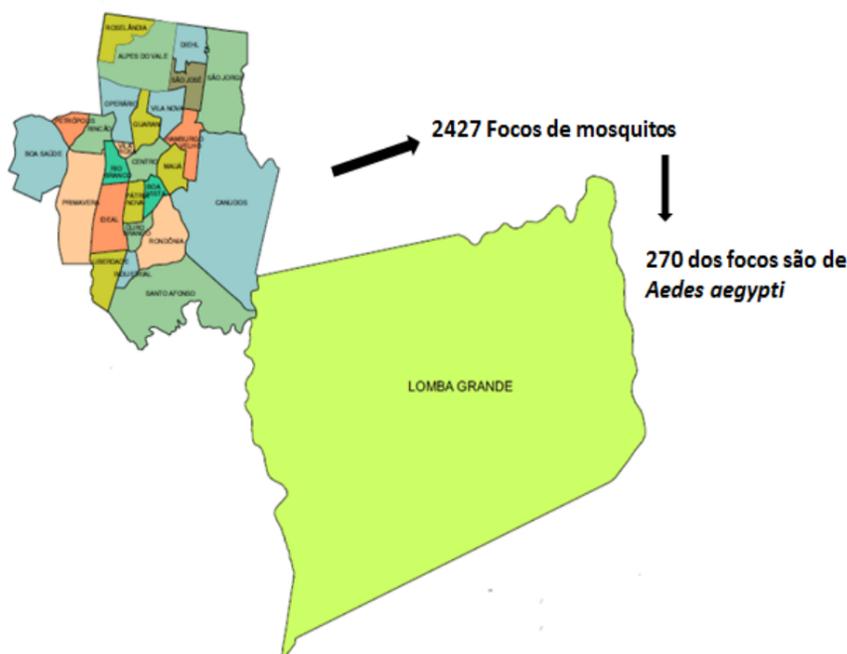
Identificação de Flavivírus em culicídeos circulantes em Novo Hamburgo, Rio Grande do Sul.

Victória Brandalise¹ Larissa Heinzmann¹

¹ Laboratório de Microbiologia Molecular, Universidade Feevale.

INTRODUÇÃO

A circulação de *Aedes aegypti* aumentou consideravelmente no Brasil na última década. Em Novo Hamburgo, RS, programas de controle e vigilância do vetor como LIRAA (Levantamento de Índice rápido de *Aedes Aegypti*) corroboram esse cenário. Entre 2014 e 2016, o número crescente de focos relatados representou um aumento de mais de 200%, categorizando o município em situação de Perigo Eminente para a Saúde Pública, de acordo com a Classificação de índices de infestação Predial (IIP). Dados da CEVS/RS (SE 52/2016) apontam que o município apresentou mais de 20 casos de Dengue e 19 casos de Zika, sendo destes, 17 autóctones. Os dados de 2017 apresentaram queda em relação à 2016, mas a situação permanece preocupante. Até o momento, não há dados referentes a detecção de arbovírus nos mosquitos que circulam em Novo Hamburgo.



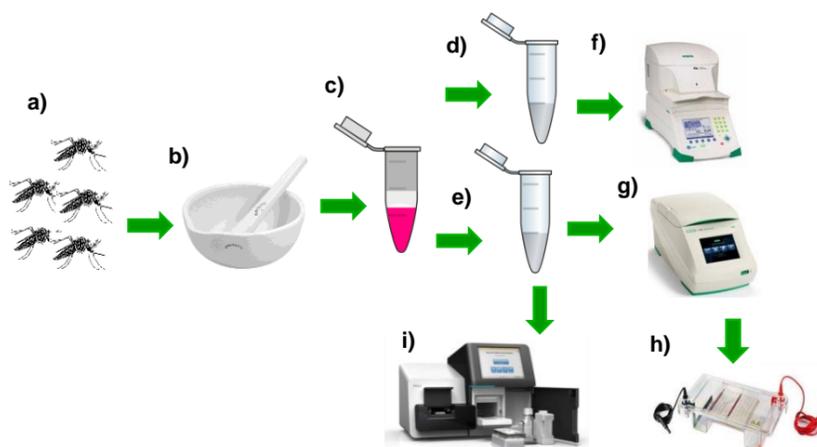
Dados de 02 de junho de 2017 - Projeto de Combate e Prevenção a Dengue. Fonte: Prefeitura Municipal de Novo Hamburgo - 2017.

OBJETIVO

Identificação de flavivírus por métodos moleculares em culicídeos do município de Novo Hamburgo, RS.

METODOLOGIA

No período de abril a novembro de 2016, foram testados métodos de coleta passiva (Adultrap®, Victrap) mensalmente, em pontos identificados como altamente infestados no município. O armadilhamento variou entre 3 dias e uma semana. Após identificação, os mosquitos foram separados por espécie em 3 grupos (média de 11 mosquitos por grupo) e macerados em nitrogênio líquido (cabeça e abdome). Os ácidos nucleicos foram submetidos à extração por trizol e kit Promega® Reliap Prep™ Blood gDNA Miniprep System. As amostras de *Culex quinquefasciatus* foram submetidas a sequenciamento de alto desempenho (Miseq Illumina) a fim de se avaliar a eficiência do processo de detecção. Foram realizadas ampliações de genomas virais nas amostras por qPCR e PCR convencional para confirmar os achados em *C. quinquefasciatus* e avaliar as demais espécies.



a) Mosquitos identificados e separados por espécie b) maceração com nitrogênio líquido c) conservados em MEM d) Extração de DNA e) extração de RNA f) qPCR para Adenovírus humano g) termociclador para PCR convencional h) eletroforese i) Miseq Illumina.

RESULTADOS

Foram coletados e identificados 14 *Culex quinquefasciatus*, 7 *Aedes albopictus* e 13 *Aedes aegypti*, os meses de novembro e dezembro foram mais representativos para o gênero *Aedes*. O sequenciamento de alto desempenho gerou 10.400 leituras, resultando em 1.833 *contigs* maiores do que 75 pb, (MIRA). O rastreo genômico foi realizado em um banco de dados gerais (BLAST) e específicos para genomas virais (BLAST2Go). 237 sequências dos *contigs* originais de 1833 mostraram similaridade com genomas de adenovírus, especificamente os genes que codificam a hexon e a proteína de ligação ao DNA.

Não foram identificados HAdV e Flavivírus nas amostras de *C. quinquefasciatus* até o momento. Análises moleculares para detecção de genomas virais de HAdV e Flavivírus nas amostras de *A. aegypti* e *A. albopictus* serão realizadas.

DISCUSSÃO

A baixa incidência de temperaturas durante o período de amostragem, e o baixo índice pluviométrico observado podem ser fatores limitantes ao número de indivíduos coletados. O resultado do sequenciamento de alto desempenho levantou questões importantes sobre a possibilidade de *C. quinquefasciatus* albergar HAdV, vírus utilizado como marcador de contaminação fecal detectado em águas.

Não é possível definir se a presença deste vírus nos mosquitos se deu pelo contato deste com água contaminada no momento da ovoposição ou pelo contato com o sangue de pessoas em viremia.

Estudo de Guedes et al., 2017, mostrou que *C. quinquefasciatus* coletados em áreas urbanas de Recife são capazes de albergar Zika Vírus. Análise adicionais, estão sendo realizadas para aperfeiçoar o uso de qPCR e PCR convencional para detecção de Flavivírus e HAdV em mosquitos da região;

REFERENCIAS

CEVS/RS – Centro Estadual de Vigilância em Saúde do Rio Grande do Sul. **Informativo epidemiológico, semana epidemiológica 52**, 31/12/2016.

GUEDES, D. R. et al. Zika virus replication in the mosquito *Culex quinquefasciatus* in Brazil. **Emerging Microbes & Infections**, v. 6, n. 8, p. e69, 9 ago. 2017.

Prefeitura Municipal de Novo Hamburgo, 2017.