

Hemocentro de Ribeirão Preto detecta vírus emergente em amostras de sangue de doadores saudáveis; entenda

Estudo encontrou o gemykibivrs-2 humano (HuGkV-2) em bancos de três regiões brasileiras. Não há indícios de que ele provoque doenças.

Por Bárbara Marques, g1 Ribeirão Preto e Franca

21/08/2023 04h00 · Atualizado há 4 horas



Pesquisadores do Hemocentro de Ribeirão Preto detectam vírus emergente em amostras de sangue de doadores saudáveis — Foto: Carlos Poly

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE



Pesquisadores vinculados ao Hemocentro de **Ribeirão Preto (SP)** detectaram um vírus pouco conhecido em amostras de sangue de doadores saudáveis de três regiões brasileiras.

A suspeita é de que o gemykibivrs-2 humano (HuGkV-2) faça parte do viroma humano e que não seja responsável por provocar doenças.

“Numa amostra clínica, a gente pode identificar diversos agentes virais, bacterianos, etc. Isso não quer dizer que esse conjunto de todos esses agentes está ligado a alguma doença”, explica o pesquisador do Instituto Butantan e do Hemocentro Svetoslav Nanev Slavov, coautor do estudo.

Ainda sim, a descoberta mostra a importância do uso da análise metagenômica, técnica que analisa todo o material genético contido em amostras de sangue, saliva, urina e outros materiais. Esse sequenciamento de última geração e análise do metagenoma são técnicas de alto desempenho que podem investigar potenciais ameaças.

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE

“Qualquer vírus que a gente descubra é importante, isso pode direcionar as pesquisas para identificar futuras ameaças transfusionais que a gente nem suspeita que estão circulando”, explica Slavov.

No Brasil, ainda há poucos estudos aprofundados sobre o tema, mas a tecnologia pode ajudar a detectar ameaças à saúde com antecedência.

Na década de 1980, por exemplo, o vírus HIV, causador da Aids, contaminou derivados sanguíneos em diversos bancos de sangue mundialmente e foram anos até que seu efeito fosse identificado.

“Hoje em dia, nós temos uma ferramenta muito poderosa que a gente pode identificar um novo agente viral, ver como ele é, como ele é transmitido e se de fato causa alguma coisa em horas”, diz Slavov.



Hemocentro de Ribeirão Preto (SP) — Foto: Arquivo Cedoc/EPTV

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE

Que vírus é esse?

O vírus HuGkV-2 ainda é pouco conhecido pela comunidade científica. Ele foi descoberto em 2019 em um paciente chinês que sofria de uma síndrome respiratória aguda inexplicada, o que, na época, causou preocupação nos cientistas.

Mas, quatro anos depois, ainda não foi possível estabelecer nenhuma relação deste vírus com alguma doença. Por isso, os pesquisadores acreditam que ele faça parte do metaviroma das pessoas, ou seja, vírus que convivem

pacificamente sem causar patologias ao organismos.

“A gente sabe pouco sobre esse vírus. O que a gente sabe é que ele tem genoma circular, são muito distribuídos na natureza e infectam desde fungos até o ser humano. Então, isso quer dizer que eles são vírus ambientais, provavelmente, na minha opinião, ele não está relacionado a alguma patologia”, explica Slavov.

Além disso, o fato dele ter sido encontrado no sangue não significa que ele possa ser transmitido por transfusão sanguínea. Slavov explica que para que um agente seja considerado uma ameaça transfusional, é preciso atender **alguns requisitos, como:**

- ser comprovadamente patogênicos, ou seja, causar alguma doença no receptor de sangue;
- serem transmitidos via transfusão,
- resistirem a todas as condições envolvidas no tratamento dos produtos sanguíneos como, por exemplo, o uso de radiação ultravioleta.

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE



Doação de sangue no Hemocentro de Ribeirão Preto — Foto: Divulgação/ Fundação Hemocentro de Ribeirão Preto

O que é a análise metagenômica?

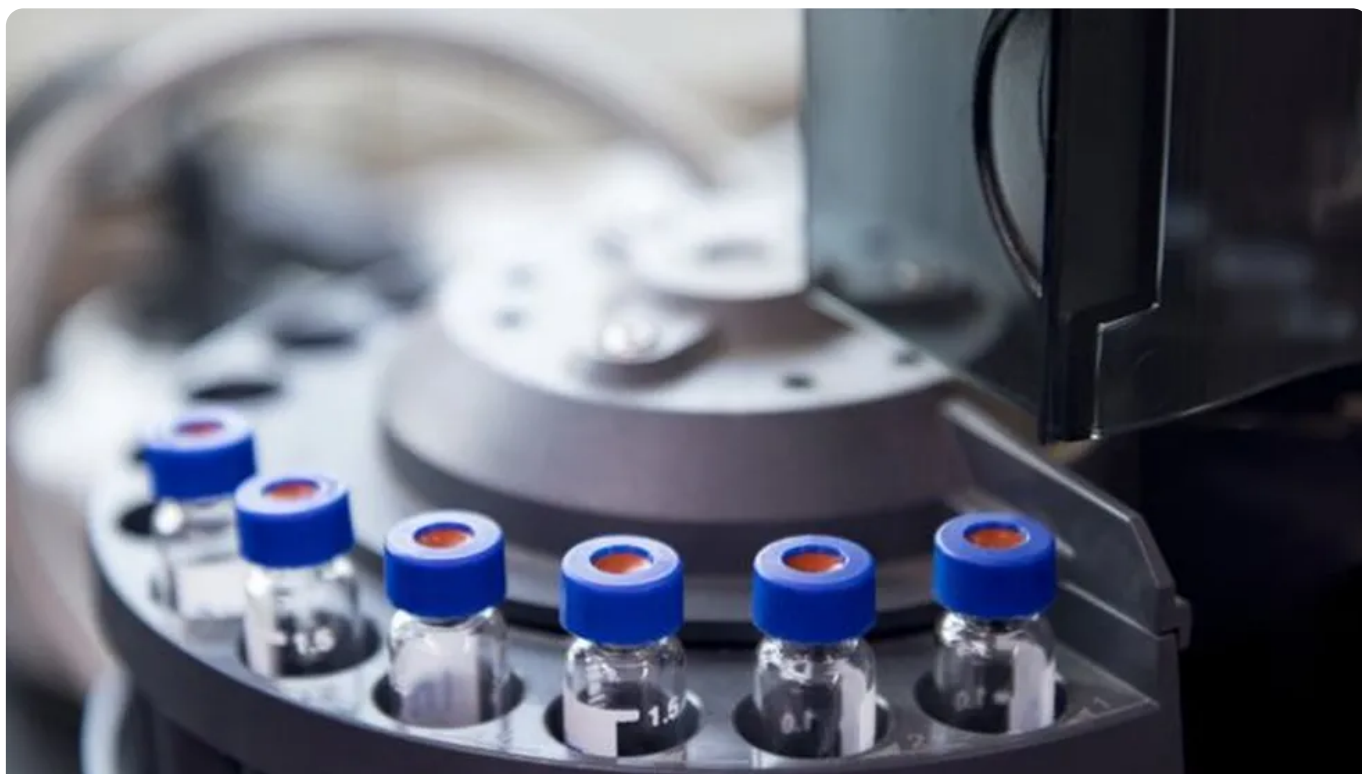
A metagenômica é uma técnica para analisar todo o material genético de uma amostra por meio de um sequenciamento de última geração. Ela pode ser especialmente útil para investigar quadros suspeitos.

“Quando a gente tem uma suspeita de doença, de um quadro agudo que não seja detectado nenhum agente viral com os métodos convencionais, a gente aplica a metagenômica para identificar um possível agente causador”, diz Slavov.

Neste estudo, os pesquisadores investigaram 450 amostras de plasma sanguíneo de doadores saudáveis de três regiões brasileiras: 150 do Distrito Federal, 150 do Amapá e 150 do Rio Grande do Sul.

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE

A prevalência geral desses agentes nas amostras avaliadas foi de 7,78% – com 15,33% em doadores da região amazônica, 6% do Centro-Oeste e 2% do Sul.



Pesquisadores do Hemocentro de Ribeirão Preto usaram análise metagenômica para detectar vírus em bancos de sangue de três regiões brasileiras — Foto: GETTY IMAGES/BBC

Como é feita a análise metagenômica?

A análise é feita a partir de uma técnica conhecida como PCR, reação em cadeia da polimerase, que permite ampliar e sequenciar os ácidos nucleicos presentes em uma amostra biológica.

Segundo Slavov, o primeiro passo da técnica é extrair os ácidos nucleicos presentes na amostra. “Através de um processo de polimerização, esses ácidos nucleicos vão ser amplificados numa quantidade que possa permitir a realização de sequenciamento”, explica.

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE

Após esse processo de multiplicação, os ácidos se transformam em fragmentos de mesmo tamanho, o que os pesquisadores chamam de bibliotecas genômicas.

“Essas bibliotecas genômicas, depois de preparadas, elas vão ser colocadas em um aparelho que a gente chama de Flow Cell, que é uma placa onde será feito o sequenciamento de última geração”, detalha Slavov.

A partir daí, todos os ácidos nucleicos são sequenciados e todos os agentes são identificados. “Ele vai sequenciar absolutamente tudo que está presente nessa amostra”, afirma o pesquisador.

Após esta etapa, por fim, é preciso fazer uma análise bioinformática, onde os dados do sequenciamento são analisados por profissionais chamados bioinformatas.

“Eles pegam esses dados e através de um processo de diferentes programas nós podemos identificar os genomas, as sequências de todos os vírus presentes nesta amostra que a gente está analisando”, explica Slavov.

Para o pesquisador, o sucesso do estudo mostra a aplicabilidade da metagenômica na área da hemoterapia e também a possibilidade de capacitar mais pesquisadores brasileiros para trabalhar com o método.

“Através da aplicação dessa metodologia a gente pode descobrir futuros vírus que tenham importância pra medicina e não apenas para a medicina transfusional, mas para a medicina em geral”, diz Slavov.

CONTINUA DEPOIS DA PUBLICIDADE

Veja mais notícias da região no g1 Ribeirão Preto e Franca



Crime contra democracia: a discussão sobre a punição

O Assunto



00:00

26:38

VÍDEOS: Tudo sobre Ribeirão Preto, Franca e região