

Encontrado primeiro coronavírus semelhante ao MERS em morcegos na América do Sul

Detectado no Ceará, novo vírus apresenta semelhanças com o causador da Síndrome Respiratória do Oriente Médio, identificado em 2012

Por André Julião | Agência FAPESP

19 fev 2025, 11h00



Morcego insetívoro da espécie *Molossus molossus* em que foram identificados um novo coronavírus na América do Sul, próximo ao MERS-CoV, e um gemykibivirus relacionado a humanos (*Larissa Leão Ferrer de Sousa/Agência Fapesp/Reprodução*)



Uma colaboração entre pesquisadores dos estados de São Paulo e do Ceará e da Universidade de Hong Kong resultou na descoberta de um novo coronavírus em morcegos, o primeiro na América do Sul intimamente relacionado ao causador da Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS, na sigla em inglês).

O estudo foi publicado no [*Journal of Medical Virology*](#).

“Ainda não podemos afirmar se ele tem a capacidade de infectar humanos. No entanto, encontramos partes da proteína *spike* do vírus [que se liga à célula de mamífero e inicia a infecção] que sugerem uma potencial interação com o receptor utilizado pelo MERS-CoV. Para saber mais, planejamos realizar experimentos em Hong Kong ainda este ano”, conta [**Bruna Stefanie Silvério**](#), primeira autora do estudo.

Silvério realizou mestrado na Escola Paulista de Medicina da Universidade Federal de São Paulo (EPM-Unifesp) com [bolsa](#) da FAPESP e atualmente faz doutorado na instituição.

No total, os pesquisadores identificaram sete coronavírus em amostras de cinco morcegos coletadas pelo Laboratório Central de Saúde do Ceará (Lacen), em Fortaleza, destacando a grande diversidade genética de coronavírus encontrada. Os animais pertenciam a duas espécies diferentes (*Molossus molossus* e *Artibeus lituratus*), sendo uma insetívora e outra frugívora.

Em outro estudo realizado pelos grupos do Lacen-Fortaleza e da Unifesp, foram encontradas variantes de vírus da raiva de saguis em morcegos (*leia mais em: agencia.fapesp.br/44897*).

“Os morcegos são importantes reservatórios de vírus e, por isso, devem ser alvos de vigilância epidemiológica contínua. Esse monitoramento permite identificar os vírus em circulação, antecipar potenciais riscos de transmissão para outros animais e até mesmo para os humanos”, lembra [Ricardo Durães-Carvalho](#), professor da EPM-Unifesp e orientador de Silvério.

O pesquisador coordena o projeto “[Morcegos: vigilância epidemiológica, filodinâmica de alta resolução, busca e design de peptídeos de interesse biotecnológico em vírus emergentes e reemergentes](#)”, apoiado pela FAPESP.

MERS-CoV

O coronavírus causador da MERS foi identificado pela primeira vez em 2012, na Arábia Saudita, e provocou mais de 800 mortes, com casos registrados em 27 países.

Os pesquisadores brasileiros conseguiram identificar uma sequência genética com 71,9% de similaridade ao genoma do MERS-CoV. O gene que codifica a proteína *spike* apresentou 71,74% de identidade com a *spike* do MERS-CoV, isolado de humanos na Arábia Saudita em 2015.

Para verificar se ela pode se ligar às células humanas, será necessário fazer experimentos em laboratórios com alto nível de biossegurança. Esses testes estão programados para acontecer na Universidade de Hong Kong ainda este ano.

Silvério se prepara para um estágio na Escola de Saúde Pública da instituição, onde será orientada pelo pesquisador Leo L. M. Poon, coautor do trabalho publicado agora.

Outro vírus, mesmo morcego

Em trabalho prévio, **publicado** na mesma revista, os pesquisadores identificaram um vírus emergente em humanos, o gemykibivirus, descoberto na mesma amostragem realizada no Lacen de Fortaleza.

Os pesquisadores encontraram grande semelhança com um gemykibivirus identificado em amostras do líquido cefalorraquidiano humano. O mesmo vírus também foi identificado em amostras de bancos de sangue, o que havia dado origem a um trabalho liderado por pesquisadores do Hemocentro de Ribeirão Preto e do Instituto Butantan apoiados pela FAPESP (*leia mais em: agencia.fapesp.br/41787*).

Trabalhos anteriores já haviam **relatado** a presença do gemykibivirus em pacientes com HIV, sepsis de origem desconhecida, pericardite recorrente e casos de diarreia e encefalite de causa inexplicada. É a primeira vez que se identifica esse vírus em morcegos.

O vírus encontrado exigiu o desenvolvimento de novos *primers*, pequenos trechos de DNA que se ligam a determinadas partes dos genomas que se quer conhecer. Neste caso, os *primers* foram desenvolvidos especificamente com base na sequência genética do gemykibivirus detectado em humanos.

“A falta de sequências virais disponíveis em bancos de dados impediu que pudéssemos analisar mais a fundo esses vírus. Ao mesmo tempo, o fato de identificarmos agentes virais tão pouco conhecidos torna nosso trabalho uma base para futuras investigações”, afirma Silvério.

Para Durães-Carvalho, “nossos estudos demonstram a importância de tornar esse tipo de análise mais sistemática, otimizada e integrada, com a participação de diversos setores, gerando dados em plataformas unificadas que possam ser utilizados pelos sistemas de saúde para monitorar e até prever novas epidemias e pandemias”, conclui.

Os trabalhos tiveram apoio da FAPESP ainda por meio de outros projetos e bolsas ([22/12861-0](#), [24/09079-3](#), [19/14526-0](#), [20/05146-7](#) e [20/08943-5](#)).

O artigo *Coronavirus Cryptic Landscape and Draft Genome of a Novel CoV Clade Related to MERS From Bats Circulating in Northeastern Brazil* está disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jmv.70173>.

O trabalho *Detection and Phylogenetic Analysis of Emerging Human-Associated Gemykibivirus-2 in Molossus molossus Bat From Brazil* foi publicado em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/jmv.70154>.