



Ao analisar todo o material genético presente em 450 amostras de plasma sanguíneo de hemocentros do Amapá, Distrito Federal e Rio Grande do Sul, pesquisadores identificaram a presença do gemykibivirus-2 humano. Estudo reforça a importância desse tipo de análise, conhecida como metagenômica, no monitoramento de possíveis ameaças transfusionais (foto: Freepik)

Vírus emergente é detectado em bancos de sangue de três regiões brasileiras

03 de julho de 2023

Julia Moióli | Agência FAPESP – Pesquisadores da Universidade de São Paulo (USP) detectaram um vírus pouco conhecido – o gemykibivirus-2 humano (HuGkV-2) – em amostras de sangue de doadores de três regiões brasileiras. Embora não haja evidências de que se trate de uma ameaça transfusional, a descoberta confirma a importância do uso de metagenômica (técnica que analisa todo o material genético contido em amostras de um determinado ambiente, sem isolar os organismos) na área de hemoterapia. O artigo com os resultados do estudo foi **publicado** na revista *Transfusion and Apheresis Science*.

Nas últimas décadas, vírus emergentes e reemergentes que podem ser transmitidos por procedimentos hemoterápicos, como transfusões de sangue, vêm sendo reconhecidos como

Pesquise

OK

mundialmente até que seu efeito fosse identificado.

Sequenciamento de última geração e análise do metagenoma viral são técnicas de alto desempenho que podem ajudar a investigar potenciais ameaças e, portanto, se tornar ferramentas úteis e viáveis no Brasil, que ainda não conta com estudos aprofundados sobre o tema.

Em trabalho anterior, o mesmo grupo de pesquisadores, vinculados ao Hemocentro de Ribeirão Preto, associado à Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP-USP), já havia identificado o gemykivirus humano-2 por análise metagenômica em doadores de sangue positivos para HIV e HBV (causador da hepatite do tipo B) do Estado do Amapá. A descoberta levantou a hipótese de disseminação do agente viral também entre doadores saudáveis. O trabalho atual, que contou com [apoio](#) da FAPESP, buscou justamente avaliar essa prevalência.

Para isso, foram investigadas 450 amostras de plasma sanguíneo de doadores sadios obtidas em três regiões brasileiras: 150 do Distrito Federal, 150 do Amapá e 150 do Rio Grande do Sul. A análise feita pela técnica conhecida como PCR (reação em cadeia da polimerase, que permite ampliar e sequenciar os ácidos nucleicos presentes em uma amostra biológica) constatou a presença do vírus HuGkV-2, ainda pouco conhecido pela comunidade científica mundial e sem relação comprovada com efeitos clínicos, mas que levantou preocupação na comunidade científica em 2019, após ter sido encontrado em um paciente chinês com síndrome respiratória aguda inexplicada.

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.

Análise metagenômica

“É importante lembrar que a metagenômica detecta uma grande abundância de material genético viral em amostras de sangue – conjunto conhecido como viroma humano –, mas isso não quer dizer que esses vírus sejam necessariamente ameaças transfusionais”, explica [Svetoslav Nanev Slavov](#), pesquisador do Instituto Butantan, do Hemocentro de Ribeirão Preto e coautor do estudo.

“Para isso, é preciso que atendam a vários requisitos, como serem comprovadamente patogênicos, ou seja, causarem alguma doença no receptor de sangue; serem transmitidos via transfusão; e, por fim, resistirem a todas as condições envolvidas no tratamento dos produtos sanguíneos, como, por exemplo, o uso de radiação ultravioleta.”

emergentes na hemoterapia, mostrar a aplicabilidade da metagenômica na área e capacitar pesquisadores brasileiros para trabalhar com esses métodos, incluindo o sequenciamento de última geração”, diz Slavov.

Também participaram do estudo pesquisadores do Centro Universitário Unieuro (Unieuro), em Brasília, da Faculdade de Medicina da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), da Fundação Hemocentro de Brasília (FHB), do Instituto de Hematologia e Hemoterapia do Amapá (Hemoap), da Universidade Campus Biomédico de Roma (Itália) e da Universidade de Brasília (UnB).

O artigo *Molecular identification of the emerging Human Gemykibivirus-2 (HuGkV-2) among Brazilian blood donors* pode ser lido em:

www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1473050222002002?via%3Dihub.

Republicar

VOLTAR

Agência FAPESP

Notícias
Agenda
Vídeos
Assine
Quem somos
Fale com a Agência FAPESP

Pesquisa para Inovação

Reportagens
Notícias

Fomento à Pesquisa

Bolsas
Auxílios
Programas
Como submeter propostas
Dúvidas Frequentes
Escritórios de Apoio (EAIP)
Liberação de Recursos
Prestação de Contas
Sistemática de Análise
Importação e Exportação
SAGe
Agilis
SIAF

Outros sites

FAPESP
Biblioteca Virtual
CEPID
Ciência Aberta
Eventos
FAPESP na mídia
Revista Pesquisa FAPESP