

saúde

Origem do coronavírus ainda é mistério, e debate continua

Relatório dos EUA sobre surgimento do Sars-CoV-2 em laboratório foi inconclusivo

Ana Bottallo

SÃO PAULO Um ano e oito meses após os primeiros casos de Covid-19 na cidade de Wuhan, China, ainda é um mistério de onde veio o coronavírus Sars-CoV-2, agente responsável pela doença. Na última semana, porém, três eventos independentes reacenderam o debate sobre a origem do vírus.

Primeiro, na última terça (24), o presidente americano Joe Biden recebeu a versão final do relatório das agências de inteligência, encomendado três meses antes por ele. O texto afirma que não foi possível confirmar ou negar a chamada teoria de escape laboratorial, isto é, que o vírus era estudado em um laboratório, de onde escapou e passou a infectar seres humanos.

Embora ainda exista uma certa suspeita do próprio governo sobre o resultado, as agências de inteligência americanas consideram que a hipótese de origem animal do vírus é a mais provável.

Na última quarta (25), uma equipe de especialistas da OMS (Organização Mundial da Saúde) cotada para fazer buscas na China a respeito da origem da Covid argumentou que está ficando cada vez mais difícil colher evidências sobre onde surgiu o patógeno. O relatório divulgado pela OMS em março deste ano também foi inconclusivo, embora também colocasse a hipótese de origem animal como mais provável.

E, por fim, um grupo de pesquisadores publicou na última sexta (27), na revista científica Science, um artigo que traz um bom resumo da situação e apresenta argumentos a favor de uma terceira via de transmissão: a cadeia de consumo, na qual animais selvagens capturados podem potencialmente infectar outros criados em fazendas.

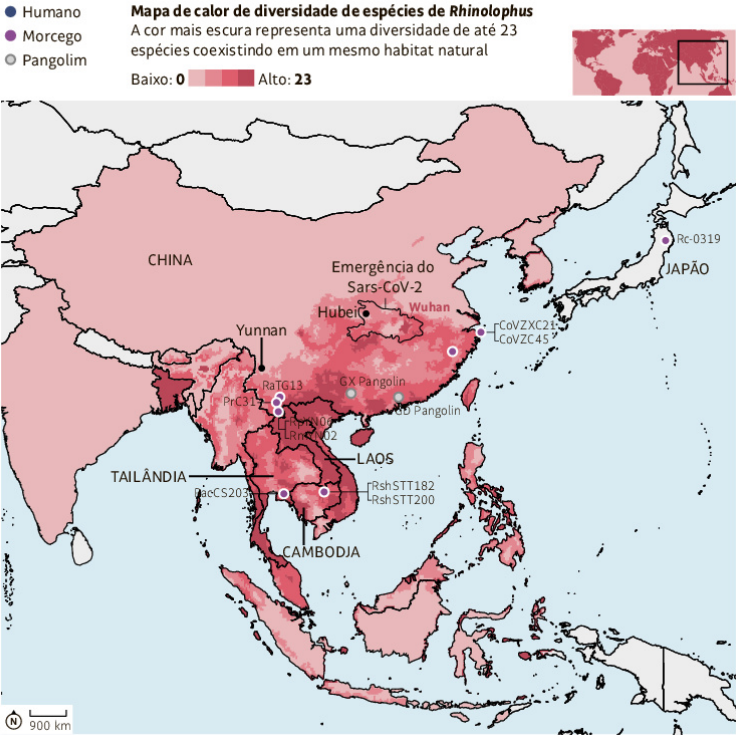
Os cientistas argumentam que, para além de uma passagem natural de um hospedeiro para humanos — o chamado “spillover”, ou o “salto” entre espécies, algo já conhecido para outros coronavírus —, é

Origem do coronavírus Sars-CoV-2

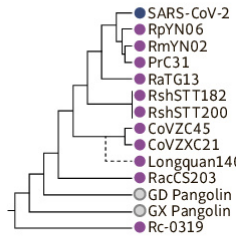
Investigação sobre origem do Sars-CoV-2 esbarra em dificuldade de coleta e rastreamento de todos os potenciais reservatórios

Coronavírus relacionados ao Sars (Sars-related)

Coronavírus que são relacionados evolutivamente ao Sars-CoV-2 foram detectados na China, Cambodja, Laos, Japão e Tailândia



A árvore filogenética foi inferida a partir de genomas completos de coronavírus e revela a RCoVZC21 como mais próximo do Sars-CoV-2



Fonte: Science; Cell

• Além do humano e de morcegos do gênero *Rhinolophus*, outro hospedeiro dos coronavírus Sars-related no sudeste asiático é o pangolim

• No entanto, nunca foi provado o pangolim como hospedeiro intermediário e, dentre as hipóteses mais prováveis, além do contato de morcegos direto com humanos, está a passagem do coronavírus de morcegos para outros animais, como os de criação, e posterior contaminação humana por consumo ou contato nas feiras de animais

• A ampla distribuição dos morcegos-ferradura pode ajudar a evidenciar essa teoria

preciso considerar a hipótese de um contágio indireto de um animal criado e comercializado, tanto para consumo de carne quanto de peles.

A hipótese a favor da origem natural do Sars-CoV-2 já trazia indícios de diversos outros estudos do passado, incluindo o maior estudo evolutivo de coronavírus, com mais de 2.000 genomas, evidenciando uma origem a partir de morcegos do vírus para os humanos.

No entanto, o fato de nunca ter sido encontrado o hospedeiro natural de uma espécie próxima ao Sars-CoV-2 — o coronavírus isolado de morcegos RaTG13, antes tido como o ancestral comum mais recente, compartilhando apenas 96,3% do genoma com o Sars-CoV-2, o que representa um salto evolutivo grande — ainda intriga os especialistas.

Como, então, um vírus do tipo Sars-CoV, teria surgido em Wuhan, a cerca de 1.500 quilômetros de Yunnan, onde foi encontrado o RaTG13, quase uma década depois, evoluiu e saltado para humanos?

O foco, dizem os pesquisadores, não deve ser na população de morcegos de Yunnan, mas sim a distribuição de espécies tidas como potenciais reservatórios para vírus em toda China, de leste a oeste, e ainda em grande parte do Sudeste Asiático do Japão.

Como os morcegos do gênero *Rhinolophus*, conhecidos como morcegos-ferradura, e de onde foram obtidas as amostras do RaTG13, têm distribuição ampla na Ásia, a distância não seria um problema.

Recentemente, um estudo publicado na revista Cell identificou, a partir de mais de 400 amostras de morcegos *Rhinolophus*, 24 genomas completos de coronavírus, dos quais sete eram desconhecidos e quatro eram do tipo Sars-CoV.

Uma dessas espécies de coronavírus encontradas nos morcegos, a RCoVZC21, é hoje a mais relacionada ao Sars-CoV-2, com quem compartilha uma extensa parcela do seu genoma viral.

A teoria defendida pelos cientistas é que um salto para os humanos poderia ter ocorrido por meio da troca de vírus entre animais selvagens vendidos nos mercados e os criados em fazendas, uma vez que ambos são comercializados, transportados e confinados nos mesmos espaços na maioria dos mercados asiáticos. Porém, não há, ainda, uma definição clara de como essa passagem teria ocorrido. A contaminação de carnes

e outros itens de origem animal já foi investigada pela OMS, que testou cerca de 80 mil animais e produtos de origem animal para o coronavírus em sua investigação. Mas mesmo uma amostragem desse tamanho representa uma “agulha no palheiro” se não for considerado todo o universo de possibilidades ainda desconhecido.

“A escala em grandes quantidades do transporte de carnes, incluindo carcaças de animais suscetíveis de transmissão do Sars-CoV-2, pode ter tido um papel na emergência do coronavírus em Wuhan”, afirmam os autores, e, portanto, ser proveniente de uma área muito mais distante, não apenas da cidade que foi o epicentro da Covid-19.

A argumentação dos autores é que a grande escassez de carne suína em 2019 devido ao vírus da febre suína africana na China teria deslocado o consumo para outras carnes, inclusive espécies selvagens, o que torna o contato desses animais com os de criação muito mais próximo.

Dois outros estudos divulgados ainda este ano já apontam para os riscos do modo de transporte e produção associado à venda (ilegal ou não) de produtos derivados de origem animal. Um deles trazia uma classificação de risco para novos eventos de zoonose conforme o tipo de mercado, dividindo-os em para consumo ou não, como bens perecíveis (carne fresca, incluindo animais vivos) ou não perecíveis.

A conclusão desse estudo é que há maior risco sanitário e também para a biodiversidade nos chamados mercados úmidos, como era o de Huanan.

O tema é complexo, uma vez que consiste em fazer monitoramento genômico exaustivo em todas as populações de animais que podem ser reservatórios naturais desses vírus — que inclui espécies distintas como galinhas e visons —, e ainda não se sabe se a passagem do vírus de morcegos para humanos teve ou não hospedeiro intermediário.

Para a ciência, quanto mais tempo passa, mais difícil fica juntar evidências que possam desvendar esse mistério. Isso porque as amostras biológicas, como amostras de sangue dos primeiros pacientes, começam a se degradar. Traços genéticos do vírus e de seus ancestrais nos locais prováveis de origem ou de contágio indireto, como o mercado de animais de Huanan, também se perdem.

Variante delta já corresponde a 96% das amostras no Rio

Júlia Barbon

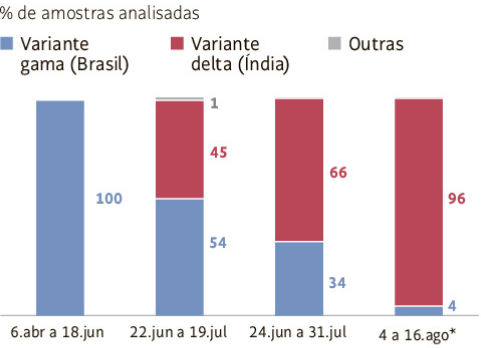
RIO DE JANEIRO A variante delta do coronavírus avança no Rio de Janeiro e já corresponde a 96% das amostras analisadas na capital e a 89% no estado, conforme novo boletim da Secretaria Estadual de Saúde, publicado nesta terça (31). No relatório anterior, as porcentagens eram de 66% no município e 60% no estado, considerando amostras colhidas entre o final de junho e durante o mês de julho. Até então, a cepa havia sido detectada em 67 dos 92 municípios fluminenses, mas agora ela já está presente em 87 deles. A nova rodada do sequen-

ciamento genético considera a linhagem B.1.617.2, identificada inicialmente na Índia, e outras oito sublinhagens também classificadas como delta. O estudo mais recente investigou 377 amostras (51 delas na capital) coletadas entre os dias 4 e 16 de agosto.

A variante delta foi detectada pela primeira vez no Rio de Janeiro em junho, nas cidades de Seropédica e São João de Meriti, em pacientes que não tiveram contato com locais de risco. Ela então se espalhou para todas as nove regiões do estado.

Em julho, a variante ultrapassou a linhagem gama (P1), que surgiu no Amazonas no

Variante delta avança na cidade do Rio



*Inclui sublinhagens da delta
Fonte: Secretaria Estadual de Saúde do RJ

fim do ano passado e figurou como a cepa mais frequente de fevereiro até junho.

A delta é apontada pela Fiocruz como uma das responsáveis pelo aumento expressivo de casos de Covid-19 no Rio, na contramão do resto do país, segundo nota técnica divulgada nesta terça. Outros motivos seriam a grande circulação de pessoas nas ruas e a perda de imunidade de idosos vacinados.

“Há ainda intensa circulação do vírus, e alta transmissão comunitária. É possível dizer que, na impossibilidade de conter novamente este crescimento de casos, e um preparo adequado da rede de

serviços de saúde, o horizonte a respeito de novo crescimento das mortes é previsível”, afirma a nota.

As UTIs da cidade e do estado encheram no último mês, chegando a 96% e 77% de ocupação na rede pública nesta terça, respectivamente.

O prefeito do Rio de Janeiro, Eduardo Paes (PSD), manteve medidas que impedem o funcionamento de casas de show e boates (que na prática abrem com frequência). Comércio, serviços, restaurantes, bares e shoppings já funcionam sem restrições de horário há meses, incluindo atividades como rodas de samba e música ao vivo.

Reforço deve priorizar imunodeprimidos, diz OMS

BRUXELAS A direção-geral da OMS voltou a pedir que os países adiem ao menos até o final de setembro reforços de vacinação contra Covid e disse que os dados conhecidos até agora justificam sua aplicação apenas em pacientes imunodeprimidos. “Distribuir e administrar a primeira e a segunda doses em países com baixas taxas de vacinação continua sendo a prioridade”, afirmou nesta

terça (31), em resposta sobre a diferença de posição expressa pela seção europeia. O diretor regional da OMS na Europa, Hans Kluge, havia afirmado que “uma terceira dose da vacina não é um reforço de luxo retirado de alguém que ainda está esperando pela primeira injeção; é basicamente uma forma de manter os mais vulneráveis seguros”. Na semana passada, a vaci-

nação de reforço foi descrita como um “erro técnico, moral e político” pelo diretor-geral da OMS, Tedros Ghebreyesus. Adotada no Brasil para idosos, ela também foi anunciada por mais de 30 países. Segundo a direção-geral da agência da ONU, para pessoas em boa forma e saudáveis as terceiras doses são “um item de luxo” e impedem a meta de vacinar ao menos 10% da população de cada país.

Sofá Lafer Trio

Conforto em suas três funções

SOFÁ CHAISE CAMA

40% de desconto em 10x no cartão

R. do Lavapés 6 T 3208.6722 • R. Teodoro Sampaio 1709 T 3812.5596 • Shopping D&D T 3043.9259
Shopping de móveis Moera Av. Ilirapuera 3303 T 5535.4193 www.lafer.com.br

interdomus LAFER