

CASO 01: Análise metagenômica

Aluno: Mariana Lacerda Bloj

Contextualização clínica

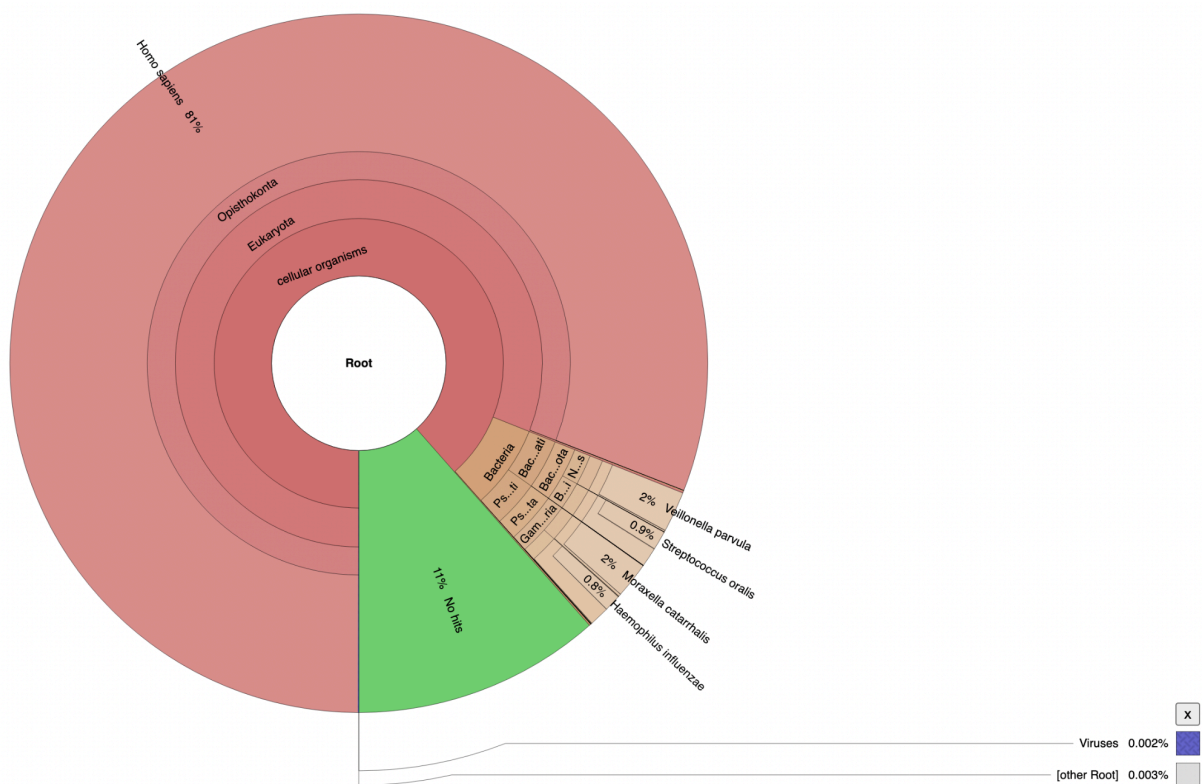
Paciente apresentou febre alta, tosse seca, dispneia e hipoxemia. Além disso, em sua tomografia se identificou opacidades em vidro fosco bilaterais. Esse é um padrão comum associado a infecções virais pulmonares.

Uma vez que o painel respiratório para patógenos conhecidos foi negativo, a metagenômica se torna uma ferramenta necessária

Análise 1º gráfico de pizza

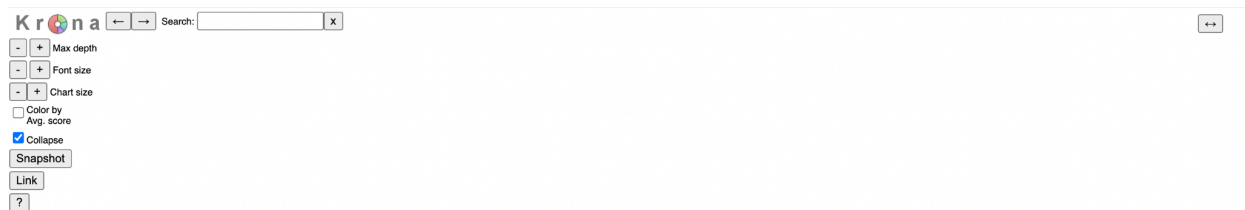
O gráfico revelou:

- 0,002% de vírus, sendo 50% correspondentes a Bat coronavirus BM48-31/BGR/2008;
- 7% de bactérias, com 49% oportunistas (potencialmente colonizadoras patogênicas) e 51% compatíveis com microbiota respiratória.



Análise 2º gráfico de pizza após filtragem do material genético

- Após a remoção de contaminantes e alinhamento contra bancos de dados taxonômicos atualizados, observou-se um conjunto de leituras sem similaridade significativa com sequências conhecidas.
- Isso sugere a presença de um novo vírus emergente, ainda não catalogado, possivelmente zoonótico, com origem relacionada a coronavírus de morcegos
- Dado o histórico de viagem recente à China e a manifestação respiratória grave, a evidência aponta para a introdução de uma nova linhagem viral compatível com um novo coronavírus humano.



- Após essa análise, podemos concluir que a presença de bactérias oportunistas pode representar uma infecção secundária decorrente da imunossupressão causada pela infecção viral primária

Recomendações ao ministério da saúde:

1. sequenciamento completo do genoma viral: buscar caracterizar sua estrutura para análise comparativa
2. análise comparativa com genoma de coronavírus de morcegos (como linhagens SARS-like) já descritos, para determinar o grau de similaridade e origem evolutiva

3. isolamento do paciente para evitar descontrole na contaminação (já que se trata de um novo vírus)
4. buscar histórico de outras pessoas similares a paciente

Conclusão:

A análise metagenômica *shotgun* de DNA total revelou a presença de material genético compatível com a família *Coronaviridae*, mas sem correspondência exata com espécies conhecidas, sugerindo uma nova linhagem viral potencialmente relacionada a coronavírus de morcegos.

Os achados, junto ao quadro clínico e ao histórico de viagem, sustentam a hipótese de que o agente etiológico provável é um novo coronavírus zoonótico, ainda não registrado em bancos de dados.