



São Paulo, 01 de outubro de 2020.

Gostaríamos de solicitar o suporte da Associação R3 Animal para o desenvolvimento do projeto de pesquisa intitulado “Metagenômica em animais silvestres - detecção e caracterização de agentes virais de importância à Saúde Pública e Conservação de espécies ameaçadas no Brasil”. Este projeto é uma parceria entre pesquisadores do Instituto de Medicina Tropical (IMT/USP), Universidade de Oxford (UO), num esforço para detectar e conhecer a dinâmica de transmissão de agentes virais zoonóticos circulantes no Brasil.

O objetivo deste estudo é realizar metagenômica viral de amostras coletadas de animais silvestres de várias regiões do território brasileiro, utilizando sequenciamento de próxima geração (Next Generation Sequencing). Esta técnica permite que seja feito um “scan viral” em amostras biológicas, sendo capaz de detectar qualquer vírus que esteja presente no material, o que facilita uma maior detecção destes agentes infecciosos e, por conseguinte, entender sua distribuição na população de animais silvestres ameaçados de extinção, estimar prevalência do vírus entre as espécies animais acometidas, avaliar possíveis associações com sinais e sintomas apresentados e facilitar o diagnóstico e tratamento de outros animais resgatados que, por ventura, apresentem sinais e sintomas semelhantes.

O Brasil ocupa grande parte territorial da América do Sul e possui diversos biomas que abrigam milhares de animais silvestres, algumas de ocorrência somente dentro do país, correspondendo a mais de 20% do número total de espécies da Terra. Já se sabe que 70% das doenças zoonóticas provêm de animais silvestres, sendo de extrema importância realizar estudos de detecção nestas populações.



Detectar agentes virais em animais silvestres é de extrema importância não só para a conservação das espécies, mas também para a saúde pública, uma vez que diversos agentes virais também são zoonóticos, podendo acometer os seres humanos, inclusive dentro do ambiente de trabalho.

Alguns estudos internacionais utilizam esta técnica, porém é uma metodologia escassa no Brasil devido ao seu alto custo de execução, sendo mais utilizada em seres humanos. Utilizá-la para conhecer a população viral circulante em animais silvestres do país é de extrema relevância.

As amostras serão adquiridas através de parcerias com instituições que recebem animais doentes e acidentados. Animais nestas condições possuem altas chances de estarem albergando algum microrganismo, quando comparado às capturas de animais em vida livre. Serão contemplados na pesquisa animais terrestres e marinhos.

As amostras serão submetidas ao sequenciamento de ácidos nucleicos totais, visando o sequenciamento de todos os possíveis vírus que estejam acometendo os espécimes animais. Os vírus não sequenciados completamente por meio desta abordagem terão seus trechos faltantes amplificados e re-sequenciados. As sequências consenso geradas serão submetidas à caracterização genética, focando na identificação das redes de transmissão, focos epidêmicos, origem e propagação viral, sendo possível determinar as relações evolutivas das cepas circulantes nos contextos nacional e global. Os vírus detectados em animais com sintomatologia clínica grave também serão sequenciados e analisados para verificar se há alguma correlação com a severidade. Em resumo, o estudo irá combinar dados genéticos, clínicos e de vigilância para entender a dinâmica dos vírus circulantes no Brasil. Iremos também avaliar o potencial risco de transmissão destes agentes virais aos seres humanos.



Outro aspecto importante a respeito do projeto é a possibilidade de descoberta de novos vírus, por se tratar de amostras provenientes de animais silvestres dentro de seu habitat natural no território brasileiro.

Caso seja interesse da Instituição essa parceria científica, seria necessário a coleta de 1,5 ml de sangue total e swab oral e anal (para animais vivos) e um pequeno fragmento (de 1 cm²) de víscera (fígado/pulmão/baço/intestino/encéfalo) para animais recolhidos mortos.

O ideal é que as amostras sejam colhidas nas primeiras horas da chegada ao Centro de Triagem, para excluir ao máximo a possibilidade de infecção cruzada. Em relação às vísceras, dentro da possibilidade, também é ideal que sejam coletados diferentes órgãos, pois cada família de vírus possui tropismo para um determinado órgão. Desta forma, conseguimos maximizar a detecção de algum agente viral no organismo do animal.

Conseguimos contemplar cinco indivíduos de uma mesma espécie, nesse primeiro momento. As espécies de interesse são:

Sotalia guianensis

Pontoporia blainvillei

Kogia simu

Feresa attenuata

Arctocephalus australis

Arctocephalus tropicalis

Lobodon carcinophagus

Chelonia mydas

Caretta caretta

Dermochelys coriacea

Sula leucogaster

Larus dominicanus

Fregata magnificens

Nannopterum brasilianus

Spheniscus magellanicus

Thalasseus acufavidus

Puffinus puffinus

Thalassarche melanophris



Laboratório de Investigação Médica 46 - LIM46
INSTITUTO DE MEDICINA TROPICAL DE SÃO PAULO - IMT
UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO - USP



Thalassarche chlororhynchos

Macronectes giganteus

Macronectes halli

Procellaria aequinoctialis

Atenciosamente,

Roberta Marcatti de Azevedo
Médica Veterinária - Mestre em Saúde Coletiva
Doutoranda do Instituto de Medicina Tropical - USP

Celular: (11) 9 7246 0617

Av. Dr. Enéas de Carvalho Aguiar, 470 - Prédio 1 – sala 106
CEP 05403-000 - São Paulo/SP - Brasil
Telefone: (11) 3061 8779