



Detecção de Sapovírus (HSAVs) em amostras de fezes de moradores de comunidades ribeirinhas no Amapá

Everson S. David^{1,2}, Erique C. Fonseca^{1,2}, Robson S. S. Marinho³, Rodrigo L. S. Duro³, Shirley V. Komninakis³, Raimundo N. P. Souto^{1,2}

¹Laboratório de Arthropoda, Universidade Federal do Amapá, 68903-419, Macapá -AP

²Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia na Amazônia legal - Rede Bionorte, Universidade Federal do Amapá, 68903-419, Macapá -AP

³Laboratório de Retrovirologia, Universidade Federal de São Paulo, São Paulo, Brasil

* eversondavid5@gmail.com

Palavras-chave: Diarreia, Sapovírus, Metagenômica, NGS, Amapá.

Introdução

Os Sapovírus (HSAVs) são classificados em cinco genótipos e pelo menos 17 genótipos, sendo o genótipo GI o mais prevalente. São responsáveis pela ocorrência da diarreia aguda em humanos de todas as idades com casos pontuais, de gravidade leve, porém podendo levar a hospitalizações de crianças, imunocomprometidos, ou idosos, é uma das causas constantes de surtos, tornando-se um grave problema de saúde pública em todo o mundo (1). O objetivo deste estudo foi a detecção de vírus entéricos por meio da técnica de metagenômica viral e NGS.

Materiais e Métodos

Foram processadas 53 amostras de fezes de crianças, adolescentes, adultos e idosos que buscavam atendimento nas Unidades Básicas de Saúde (UBS) de Comunidades Ribeirinhas do Município de Santana - AP. O estudo teve caráter transversal e prospectivo. O projeto obteve a aprovação dos CEPs da Universidade Federal do Amapá (nº3.442.352) e da Universidade Federal de São Paulo (nº 3.689.032). As amostras foram enviadas para o laboratório de Retrovirologia/UNIFESP, onde foram processadas homogeneizando, 2g de fezes com 1 mL de PBS e 50uL de *beads* de sílica e esferas de vidro, seguido de centrifugação e filtragem de 500uL do sobrenadante. O produto da filtragem foi tratado por mistura de nucleases. Posteriormente, DNA complementar (cDNA) foi gerado, bem como sua fita complementar e seguiu-se a preparação das bibliotecas e sequenciamento no Miseq sequencer. Após foram realizadas as análises com sequências virais de alta qualidade (Phred 30) em pipeline (2). Os *singlets* e *contigs* foram submetidos para o BLASTx para estudo de similaridade de proteínas de todas as sequências virais no RefSeq vírus do Genbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/viruses/>).

Resultados e Discussão

As sequências da família *Astroviridae* foram detectadas na amostra fecal de uma criança do gênero feminino, de 18 meses que apresentava um quadro de infecção gastrointestinal. Foram detectados 3.492 alinhamentos (hits) da espécie *Sapporo virus*, membro do gênero *Sapovirus*. A infecção por sapovirus está associada a surtos de gastroenterite aguda transmitidos por alimentos e água em todo o mundo (1). No Estado de Tocantins foram analisadas oito amostras fecais de pacientes que apresentavam diarreia aguda, vômito e febre. Seis cepas

Sapovírus humanos (HSAVs) GI.2 e duas GI.3 foram detectadas (3). Assim como em Goiânia, Goiás, onde amostras fecais 56 crianças entre 6 e 55 meses de idade, onde 25 amostras (4,6%) foram positivas para sapovirus (4). Ambos estudos passaram pela aplicação minuciosa do protocolo de metagenômica viral, análises de bioinformática e filogenéticas.

Conclusões

A utilização da técnica de metagenômica viral permite a identificação de agentes etiológicos indetectáveis por métodos convencionais. Dessa forma, a detecção de Sapovirus em amostras diarreicas de crianças visa alertar os órgãos de vigilância em saúde para a circulação de outros vírus entéricos, além desses resultados vislumbrar futuros estudos epidemiológicos, da diversidade de vírus e da sua incidência mundial.

Agradecimentos

CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, nº 88887.823555/2023-00); FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, nº 2015/19343-0)

Referências

- 1 OKA, T. et al. Comprehensive Review of Human Sapoviruses. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 28, n. 1, p. 32, jan. 2015. doi: 10.1128/CMR.00011-14. Disponível em: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/CMR.00011-14>.
- 2 DENG, X. et al. An ensemble strategy that significantly improves de novo assembly of microbial genomes from metagenomic next-generation sequencing data. **Nucleic Acids Res.** 2015;43(7):e46. doi:10.1093/nar/gkv002
- 3 CILLI, A. et al.. Human sapovirus GI.2 and GI.3 from children with acute gastroenteritis in northern Brazil. **Mem Inst Oswaldo Cruz.** v. 114, p. e180574, 4 abr. 2019. doi: 10.1590/0074-02760180574. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0074-02762019000100403.
- 4 OLIVEIRA, D. M. M. et al. P.Monitoring of Calicivirus among day-care children: evidence of asymptomatic viral excretion and first report of GI.7 Norovirus and GI.3 Sapovirus in Brazil. **Journal of Medical Virology**, v. 86, n. 9, p. 1569–1575, set. 2014. doi: 10.1002/jmv.23791. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/jmv.23791>.