

Genes ligam vírus da gripe comum ao da espanhola

Patógenos têm, no genoma, ao menos oito segmentos de RNA semelhantes, mostra estudo alemão. Segundo cientistas, a descoberta pode ajudar no entendimento da evolução de outros micro-organismos, incluindo o causador da covid-19

» VILHENA SOARES

Em 1918, uma gripe desconhecida provocou a morte de cerca de 100 milhões de pessoas, tornando-se a maior catástrofe de origem viral da história recente. Agora, graças a ajuda do mapeamento genético, especialistas do Instituto Robert Koch, na Alemanha, concluíram que o patógeno da influenza comum pode ser um descendente direto do vírus responsável pela gripe espanhola. Os dados obtidos no estudo ajudam na compreensão de um capítulo do passado ainda repleto de segredos e, segundo os pesquisadores, podem ampliar a compreensão sobre como micro-organismos evoluem à medida que se espalham pelo mundo.

Apesar de ter ficado conhecida como gripe espanhola, até hoje, é impossível determinar onde essa gripe começou. Os primeiros casos confirmados da doença vieram dos Estados Unidos, mas especialistas acreditam que ela tenha se espalhado, por meses ou anos, antes de ter sido detectada. A causa dessa enfermidade também demorou a ser desvendada, e ela chegou a ser atribuída à disseminação de bactérias, a mosquitos e até a tiros de canhão. "Já era especulado, em 1918, que a pandemia foi desencadeada por um vírus, mas isso só foi finalmente comprovado na década de 1930, quando foram obtidas evidências mais ricas em laboratório", destacaram os autores do artigo, publicado na última edição da revista *Nature Communications*.

Acredita-se que o pico dessa pandemia se deu no outono de 1918, e ela continuou até o inverno de 1919. Segundo os pesquisadores da Alemanha, a análise genômica do patógeno que se espalhou nesse período histórico é difícil de ser feita devido à raridade de sequências virais daquela



Esse tipo de investigação é como um quebra-cabeças, precisamos unir pedaços de um material bastante antigo (...) Isso mostra o tanto que esse trabalho é espetacular"

Salmo Raskin, médico pediatra e geneticista e diretor do Laboratório Genetika, em Curitiba

Amostras do vírus causador da pandemia de 1918 foram encontradas no Museu de História da Medicina de Berlim: espécimes raríssimos

época disponíveis. "A gripe espanhola ainda é um enigma na virologia. Existem muitas questões em aberto para as quais não sabemos as respostas", afirma, em comunicado, Thorsten Wolff, coautor do estudo e pesquisador do Instituto Robert Koch.

Quando a equipe de cientistas iniciou o estudo, havia apenas 18 espécimes desse patógeno com sequências genéticas disponíveis e apenas dois genomas completos. "A maioria deles era de origem americana, e apenas dois eram de Londres. Também não havia informações amplas sobre o genoma relacionado à fase inicial da pandemia", disse, em coletiva on-line, Sébastien

Navena Widulin/Divulgação



Calvignac-Spencer, também coautor do estudo.

O grupo saiu, então, em busca de novos dados que ajudassem a revelar os segredos da gripe espanhola. Ao vasculhar a coleção do Museu de História Médica de Berlim, eles encontraram duas sequências genéticas parciais coletadas na capital alemã, em junho de 1918, e um genoma completo de 1918, com origem na cidade de Munique.

O material foi submetido a uma análise chamada modelagem do relógio molecular, em que são feitas comparações entre materiais genéticos de vírus distintos, com o objetivo de identificar semelhanças e

diferenças, considerando também a evolução ao longo do tempo. O método mostrou que os oito segmentos de RNA que compõem o genoma do vírus da gripe comum podem ter descendido diretamente do patógeno da gripe espanhola.

As análises genéticas também revelaram as mutações sofridas ao longo do tempo pelo patógeno mais antigo, que coincidiram com as datas de pico da pandemia. Isso, segundo os autores, sugere uma ação ainda mais devastadora da enfermidade quando o vírus se adaptou ao organismo humano. "As mudanças relacionadas aos processos

adaptativos mostraram o patógeno otimizando a sua replicação", explicam.

Mais estudos

Análises anteriores já haviam ligado a gripe espanhola ao vírus sazonal atual, mas por outros mecanismos. "Nossas descobertas contradizem outras hipóteses que sugerem que o patógeno da gripe sazonal surgiu por meio de rearranjo, que é a troca de segmentos genômicos entre diferentes vírus", comparam os autores.

Segundo Calvignac-Spencer, a nova investigação não derruba completamente essa possibilidade. Por isso, ele enfatiza a

necessidade de novas análises sobre o fenômeno. Um dos planos do grupo alemão é avaliar mais espécimes antigas do patógeno. "Tivemos a sorte grande em achar esses no Museu de História Médica de Berlim, ao virar nossa esquina (...) Na verdade, é muito, muito difícil encontrar esses espécimes", frisa.

Salmo Raskin, médico pediatra e geneticista e diretor do Laboratório Genetika, em Curitiba, também destaca a singularidade do trabalho alemão. "É sensacional ver que esses cientistas utilizaram uma tecnologia que já foi usada com esse objetivo em estudos anteriores, mas que, desta vez, permitiu avaliar um material genético extremamente antigo, rendendo dados riquíssimos mesmo 100 anos depois", diz. "Não que fosse necessário, mas esses resultados reforçam a teoria de Darwin ao revelar a evolução desse patógeno. É impressionante que o conhecimento que temos de virologia nos permita fazer esse tipo de análise, mostrando como é promissora essa área de arqueologia molecular."

O especialista brasileiro destaca também o quanto esses trabalhos são minuciosos. "Esse tipo de investigação é como um quebra-cabeças, precisamos unir pedaços de um material bastante antigo. Vemos, agora, que eles são bem compreendidos mesmo com a degradação sofrida com o passar do tempo. Isso mostra o tanto que esse trabalho é espetacular."

Raskin acredita que o método usado pelos cientistas poderá ajudar na melhor compreensão da evolução de outros patógenos. "É uma análise que pode avaliar melhor também o novo coronavírus", sugere. "É interessante pensar que, naquela época da gripe espanhola, pouco se sabia sobre essa área, tínhamos dados reduzidos. Hoje, com ferramentas tão evoluídas, há a esperança de que surgirão projetos ainda mais elaborados, que revelarão ainda mais detalhes e em um tempo ainda mais reduzido."

OMS: casos de covid aumentam em 50 países

Novas versões do Sars-CoV-2 têm levado ao aumento de casos da covid-19 em pelo menos 50 países, alertou, ontem, a Organização Mundial da Saúde (OMS). De acordo com Tedros Adhanom Ghebreyesus, diretor-geral da agência das Nações Unidas, a subvariante BA.2 da ômicron continua sendo a dominante em todos os territórios, mas as cepas BA.4 e BA.5 impulsionaram a transmissão do coronavírus nas últimas semanas, tornando ainda mais grave a situação de países que seguem severamente castigados pela pandemia, como a África do Sul.

Em uma coletiva de imprensa, Tedros Ghebreyesus enfatizou que a atual redução da mortalidade por covid-19, desencadeada principalmente pelas vacinas, não é motivo para abandonar as medidas preventivas. "Essa pandemia não acabou, e precisamos que todos os líderes

intensifiquem os esforços para aumentar a imunidade da população e trabalhar coletivamente para obter testes, tratamentos e vacinas para todos", defendeu.

Segundo o diretor-geral da OMS, o "piores cenário" seria o surgimento de uma variante mais transmissível e mortal, o que pode ser facilitado pelas baixas taxas de imunização em alguns países. "O número crescente de casos destaca a volatilidade desse vírus. "As subvariantes estão gerando um grande aumento nos casos. Mas, pelo menos no momento, as hospitalizações e as mortes não estão aumentando tão rapidamente quanto nas ondas anteriores", comparou.

A OMS segue estudando as novas cepas do vírus e, até o momento, nenhuma delas se mostrou mais perigosa do que as antecessoras. "BA.4 e BA.5 têm apenas uma ligeira vantagem de crescimento em relação à BA.2", disse Maria Van Kerkhove, pesquisadora da OMS.

"Insustentável"

Tedros Ghebreyesus também criticou a política impulsionada pelo governo da China para conter a nova onda do vírus. "Quando falamos da estratégia 'covid zero', isso é insustentável, considerando a evolução do vírus e nossas análises feitas em Genebra até agora", justificou.

Apesar da insatisfação da população, o governo chinês mantém medidas severas, como confinamento após o registro de casos em algumas regiões. O país enfrenta a pior onda de covid-19 desde a primavera de 2020. No último fim de semana, moradores de áreas isoladas protestaram batendo painéis das janelas de casa.

Diretor de Situações de Emergência da OMS, Michael Ryan avalia que, diante do aumento do número de mortes em fevereiro e em março, é esperado que o governo asiático reaja, mas que as medidas devem considerar os apelos da população. "É uma decisão da China em busca de proteção. Mas todas as suas ações, como nós repetimos desde o início, devem ser tomadas com respeito às pessoas e aos direitos humanos", justificou.

AFF



Chineses caminham em área isolada: país enfrenta pior onda há dois anos com medidas de restrição polêmicas

