

Edital UFRJ nº 54, de 30 de janeiro de 2024 (Consolidado com seus editais de retificação) Versão inicial publicada no DOU em: 02/02/2024 | Edição: 24 | Seção: 3 | Página: 71 a 80, código MC-056 – Setor: Virologia/Desenvolvimento de estratégias para prevenção e controle de vírus emergentes e reemergentes de importância em saúde humana – Departamento de Virologia – Instituto de Microbiologia Paulo de Góes – CCS – UFRJ.

PROVA ESCRITA

CANDIDATO: 502875

A prova será respondida segundo a ordem abaixo dos tópicos selecionados: a) primeiramente será discutido o tópico 3 (que) onde será abordado os conceitos de vírus emergente e reemergente assim como os fatores genéticos e ambientais selecionados, exemplificando as duas classes de vírus; b) para melhor compreensão e linkamento do conteúdo será abordado o tópico 4, onde será apresentada a replicação dos vírus com genoma de DNA e suas (pequenas) peculiaridades. c) por fim será abordado o tópico 6, onde serão apresentados os principais tratamentos anti vírus e seus mecanismos de resistência dos principais vírus causadores de doenças em humanos.

Tópico 3: Genética e evolução das doenças emergentes e reemergentes

Doenças emergentes são aquelas em que um novo vírus surge e acarreta problemas de saúde no seu hospedeiro. Enquanto doenças reemergentes são aquelas em que o vírus estava controlado / monitorado na população e volta a causar surtos e epidemias.

Diferentes fatores estão relacionados com a

MW
1

desenvolvimento de doenças emergentes. Esses fatores podem estar relacionados ao hospedeiro, os vírus ou as condições ambientais.

No que se refere aos fatores víricos, o tipo de genoma que o vírus apresenta vai ditar diferenças genéticas importantes. Assim, vírus com genoma de RNA são mais instáveis, com maiores mecanismos de controle da replicação e transcrição e também estão mais sujeitos a mutações genéticas, diversa gênica, formando de quasi-espécies e mais propensos a ultrapassar a barreira interespécie. Isto seja, vírus de RNA sofrem mais mutações do que os vírus de DNA, geralmente na ordem de 10^4 a 10^5 , enquanto os vírus de DNA ficam na ordem de 10^1 a 10^3 . Isso favorece (pode) o surgimento de vírus novos, que podem ser selecionados positivamente, caso a mutação resultante lhe confira vantagens na relação com o hospedeiro, seja na transmissão, na biossíntese viral, no escape do sistema imunológico do hospedeiro, na liberação do vírus das células infectadas, dentre outras. Além disso, as mutações também podem favorecer o "cruzamento" com outros tipos de vírus, formando uma nova espécie ou uma variante genómica, que por ser nova no ambiente não irá encontrar barreiras para a sua instabilidade. Diferentes vírus causadores de doenças em humanos apresentam alterações genéticas que levaram a variantes gênicas, como por exemplo, o SARS-CoV-2, causador da doença coronária 2019, que tem as variantes omicron, delta, entre outras, mesmo sendo um vírus emergente novo, com poucos anos desde o seu surgimento. Um grande problema dessas mutações, além da formação de um novo vírus, é a

perda da capacidade de proteção de vacinas que também
sido desenvolvidas. Nesse sentido, é fundamental que
as políticas de saúde pública incorporam as no-
vas variantes nas campanhas de vacinação. A vacina-
ção anual para o vírus influenza é um exemplo ex-
plícito dessa política pública, onde a cada ano a va-
cina é reformulada incluindo as
novas variantes do vírus, com potencial para epidemias
e surtos.

Com relação aos fatores ambientais é muito im-
portante frisar que diversas doenças surgiram ou reacme-
giram devido a mudanças nas condições ambientais, de-
sastres ambientais e mudanças de população de seu local.
Assim, a migração populacional que surgiu com os oce-
anos tecnológicos e nos transportes, além de situações de des-
locamento devido a guerras, fez com que diferentes populações
habitasse regiões diferentes, sendo expostas a condições am-
bientais diferentes, animais diferentes, rotas diferentes. Situa-
ções de guerra, onde os países deixaram de lado as políticas
públicas de saúde, como por exemplo a vacinação, através
de dificuldade de se obter elementos, acabou favorecendo a popula-
ção a se alimentar de animais e plantas diferentes, tendo
contato com novos vírus e favorecendo o surgimento de
novas espécies de vírus, em emergência. O surgimento
do vírus da imunodeficiência humana (HIV) é um
excelente exemplo dessa condição, onde o contato com uma
população que se alimentava de carne de chimpanzé acabou
levando a mutações do vírus, até então simio, para os huma-
nos. O vírus SARS-CoV-2, causador da COVID-19, também
parece ter surgido de contato com populações chinesas que
se alimentavam de macacos.

Além disso, os desastres ambientais que se torna-
ram cotidianos, alguns em função do aquecimento

global desprendido observado nos últimos anos, acabam forçando a migração de diferentes animais do seu habitat de origem. Vários desses animais são reservatórios de diferentes vírus, que podem ser propagados com as condições do novo habitat.

Os vírus também podem ultrapassar a barreira interespécie, por conta dessas mudanças ou mudanças de habitat de seu hospedeiro, levando ao desenvolvimento de novas doenças.

A além disso, o contato com um novo ambiente pode levar ao contato com vetores, como mosquitos, cerva-potes, rãs-dores, e fornecer a disseminação de doenças existentes em outras localidades. Esse caso pode ser exemplificado com a ampliação das áreas geográficas de diferentes arboviroses, como a dengue e a febre amarela. Indesistir, em algumas regiões a espécie de mosquito vetor foi modificada, como pode ser observado com a espécie de Anopheles spp que passaram a transmitir a dengue, que só então era realizada apenas pelo Aedes aegypti.

Com relação aos fatores associados ao hospedeiro pode-se citar a mudança de comportamento. Assim, por exemplo, o uso de preservativos, ou possuir mais de um parceiro sexual favorece a disseminação de diferentes vírus presentes no sangue, como o HIV, o vírus das hepatites B (HBV) e C (HCV), dentre outros. A epidemia de uso de drogas ilícitas injetáveis, observada atualmente em diferentes países, como os Estados Unidos, vem aumentando a transmissão dos vírus citados e pode fornecer o contato de diferentes vírus num mesmo hospedeiro, facilitando o surgimento de novos vírus seletivamente positivamente.

Com relação a reemergência de vírus, a falta de a mudança de políticas públicas é um fator importante. Além da situação de países em conflito explicada inicialmente, se não existir, em definitivo que realize vigilância epidemiológica, causa em residência o ressurgimento de doenças já controladas. Recentemente, foi observado no Brasil e em outros países, a perda de "status" de erradicação do sarampo, principalmente devido a grande quantidade de imigrantes de guerra recebidos no país, mas também devido à baixa cobertura vacinal para essa doença. Indistintamente, a baixa cobertura vacinal observada em diferentes países, tem sido motivo de preocupação das autoridades sanitárias internacionais e mesmo o movimento anti-vacina tem crescido mundialmente afetando países que possuem o controle ou a erradicação de diferentes doenças.

Todos esses fatores associados colocam as populações atuais em risco para o desenvolvimento de novas doenças por vírus emergentes ou a ampliação da área de atuação de doenças reemergentes, podendo surgir naos surtos, epidemias ou pandemias () a qualquer momento.

Tópico 4: replicação de vírus com genoma de DNA

Como dito anteriormente, a maioria dos vírus apresentam genoma de RNA, que são mais instáveis, com maiores taxas de erro de replicação (10^4 a 10^5) e mais sujeitos a mutações e gerações de novos vírus ou variantes. Já os vírus com genoma de DNA, são mais estáveis, com uma taxa de erro de replicação menor (10^7 a 10^9) e, por isso

estão menos sujeitos a mutações, mas isso não faz desses vírus, ~~ser~~ menos patogênicos. Inclusive, vírus de doenças importantes, como o HBV e os vírus da família Herpesviridae são ~~respectivamente~~ vírus com genoma de DNA.

O processo de replicação desses vírus inicia-se com a etapa de adesão onde o vírus encontra as células suscetíveis, ou seja, com os receptores que facilitam e permitem a entrada na célula. Essa entrada pode ocorrer por fusão (onde geralmente o vírus envolve mistura a membrana do envelope com a membrana da célula hospedeira); por endocitose, muitas vezes facilitada por catinios; ou por penetração direta (que é mais comum em vírus não envolvidos). Esse processo de entrada na célula hospedeira denomina-se desnudamento.

Uma vez na célula hospedeira, os vírus com genoma de DNA tendem a se dirigir para o núcleo, onde irão se integrar ao genoma da célula, ou podem se apresentar de forma episomal, ou seja, dentro do núcleo, mas ~~(não)~~ de forma independente, sem se integrar ao genoma celular. Uma exceção são os vírus que apesar de apresentarem genoma de DNA, sua replicação ocorre no citoplasma celular. Essa característica torna esse grupo de vírus mais independentes da maquinaria celular.

De acordo com a classificação de Baltimore, os vírus com genoma de DNA estão nas classes I (vírus de DNA fita simples); classe II (vírus de DNA fita dupla - DNAs); e classe VII (vírus que possuem fragmentos de DNA).

De uma maneira geral, após entrarem na célula hospedeira e se dirigirem para o núcleo

será realizada a cópia da fita do DNA complementar e utilizam a polimerase II celular para esse processo de replicação e transcrição. Os vírus das famílias Herpesvírus e Hepadnavírus realizam estratégias de circularização do DNA antes de realizarem a replicação. Os demais vírus de genoma de DNA utilizam as estratégias de capamento da fita 5', onde adicionam o cap* (fragmento de aproximadamente 14 nucleotídeos de  ribossomo celular) ao seu genoma para permitir o reconhecimento do ribossomo e enzimas da maquinaria celular. A sobreposição de regas de leitura (ORF) e o "splicing" são outras estratégias utilizadas pelos vírus de DNA para realizarem a replicação e transcrição. Adicionar a cauda poli A fosforilada na fita 3' é outra estratégia que alguns vírus de DNA utilizam para aproveitar a maquinaria celular para produzir novas moléculas víricas.

* estratégia denominada de "cap-snatching".

As partículas víricas montadas vão para o citoplasma, inclusive o núcleo capsíde para que ocorra a montagem de novas partículas víricas completas, denominadas de ^hVírus HBV. O Hepadnavírus denomina-se partícula de Dane ou novo vírus formado.

Uma vez montados, os vírus são liberados da célula hospedeira por libertamento; como ocorre com os hepadnavírus, que fazem com que o envelope apresente pebbles da membrana plasmática da célula hospedeira; ou por excitação como é comum com os Flavívirus. Na excitação o vírus apresenta pebbles da membrana de orga-

meles e mês da membrana plasmática da célula hospedeira.

Os vírus da classe V II apresentam a enzima transcriptase reversa para formar os intermediários de DNA durante a replicação, como observado no HIV, HBV. Ao realizar a montagem do vírus, esses vírus empacotam junto com o genoma a enzima transcriptase reversa.

Uma vez liberados da célula hospedeira, os vírus formados irão invadir novas células num mesmo hospedeiro, ou retornar ao local onde entraram para serem transmitidos a novos hospedeiros. Assim, vírus transmitidos pelo trato respiratório serão liberados pela mesma via. Inclusive, a pele e os diferentes mucosos (mucosa do trato respiratório, mucosas do trato gastrintestinal, conjuntiva, sistema genital) são as principais vias de transmissão viral. A exceção são os vírus que penetram diretamente o hospedeiro através de agulhas contaminadas ou desco~~s~~ de sanguíneas e tecidos.

A além disso, a replicação dos vírus pode~~se~~ ocorrer no local da infecção e não se disseminar, que é comum no vírus influenza. Ele pode se disseminar para outras células, como o sangue, onde continua a se replicar.

MM

Tópico 6: antivirais e seus mecanismos de resistência

Após realizada a replicação, montagem e liberação dos novos vírus, será realizada a sua transmissão e o desenvolvimento da doença viral.

A melhor forma de evitar a doença viral é através da prevenção e, nesse sentido, existem diferentes tipos de vacina para diferentes vírus como, por exemplo, vírus HAV (hepatite A); HBV (hepatite B); vírus FLU.V (influenza) entre outros.

Os antivirais são fármacos desenvolvidos para tratar alguns grupos de vírus. É vários vírus que possuem antivirais específicos que podem ser utilizados no seu tratamento. É o caso dos vírus ~~H~~ que infectam o sistema ~~digestivo~~ gastrointestinal como rotavírus, adenovírus, astrovírus; diferentes arbovírus, como dengue, zika, febre amarela. Nesses casos, o tratamento é de suporte baseado na sintomatologia do paciente. Use de reidratação oral ou venosa, de antieméticos, antipiréticos, analgésicos e anti-inflamatórios.

Existe o caso ~~H~~ de doenças onde, apesar de existir antivirais específicos, só devem ser utilizados em casos graves, como por exemplo, o ganciclovir para pacientes com herpesvírus 5.

No grupo dos herpesvírus 1 e 2, os antivirais mais utilizados são o fencideno, valaciclovir e o aciclovir. Nos casos de resistência deve ser utilizado o foscarnet.

No grupo dos herpesvírus 3, para tratar a varicela atéliga-se os mesmos antivirais citados anteriormente: fencideno, valaciclovir e o aciclovir. Podem para tratar o herpes-zoster, o fármaco

MMV
⑨

de primeira escolha é o Valaciclovir.
(Resposta rápida e eficaz)

Vírus que provocam doenças congênitas, porque são transmitidos verticalmente da gestante para o feto, (via placentária, ou células do sistema imune infectadas, ou durante o parto pelo contato com o sangue ou lesões ricas no vírus ou até mesmo pelo leite) como a rubéola, o citomegalovírus, muitas vezes não provocam doença na mãe imunocompetente; ou fazem frequentemente de forma assintomática; Desta maneira, necessitam ser monitorados na gestante em diferentes momentos da gestação. No entanto, não apresentam antivíricos específicos e muitas vezes o tratamento se limita à administração de imunoglobulinas. A prevenção com a vacina é a única forma de controlar a doença e é muito eficaz.

A hepatite A e E também apresentam tratamento de suporte. No entanto a hepatite B possui um amplo espectro de antivíricos, utilizados em terapêutica combinada como o tenofovir, lamivudina, entecavir, dentre outros. Geralmente os dois desses fármacos são administrados juntos com o interferon - peguiolado com o objetivo de reverter o HBsAg em anti-HBc. No entanto, devido a formação de DNA círculo expõe de ficar este escondido em alguns tecidos com quantidades muito pequenas, pode ocorrer a reativação da doença quando estresse ou se submetido a trânsitos ou situações de estresse.

Atualmente, os pacientes com HBeAg submetidos a uma terapia multi-drogas?

combinada, chamada de terapia anti-retroviral (TARV) que consiste na administração de 2 inibidores da transcriptase reversa + um inibidor nucleosídeo, como o dolutegravir. Esse doença não tem cura e a utilização do tratamento antiviral consiste no adiamento da instalação da doença (AIDS/ SIDA) fornecendo um melhor prognóstico + qualidade de vida ao paciente HIV positivo.

Milly
11