

Cientistas sequenciam genomas do coronavírus em Minas Gerais

Qui 26 março

Durante o último fim de semana, pesquisadores da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ) e do Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC) sequenciaram, em tempo recorde de 48h, os primeiros 19 genomas do Covid-19 de pacientes de Minas Gerais, Rio de Janeiro, Goiás, Rio Grande do Sul e São Paulo. O projeto contou com o apoio da [Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais \(Fapemig\)](#).

As amostras foram coletadas de pacientes atendidos, na capital mineira, pelos laboratórios Hermes Pardini e Símile, e no Rio de Janeiro, pela UFRJ. De acordo com o professor do Departamento de Genética, Ecologia e Evolução da UFMG, Renato Santana, membro da equipe de pesquisa, os dados genéticos sugerem que o SARS-CoV-2 chegou ao Brasil por meio de pessoas infectadas oriundas de diversos países europeus e da China, este último em menor número.

Além disso, Santana explica que o sequenciamento possibilitou identificar de maneira genética tanto as transmissões locais (pessoas infectadas que retornaram de viagem e infectaram seus familiares), quanto comunitárias (pessoas que não tiveram histórico de viagem, mas acabam se infectando e infectando outras pessoas). “Estes resultados reforçam a necessidade do isolamento social”, enfatiza.

A identificação da origem das infecções é importante porque possibilita ações mais eficazes de prevenção. “A relevância em sequenciar os vírus em Minas Gerais consiste em entender, teoricamente, a origem das infecções. Sabemos, por exemplo, que os casos de Covid-19 no Brasil entraram por meio de voos internacionais de pessoas retornando ao país ou de visitantes. Então, especificamente para o estado de Minas Gerais, é de suma importância entender este trânsito para que possamos adotar medidas de vigilância de fronteiras e tentar diminuir a entrada do Covid-19”, alerta.

Controle

É a partir do sequenciamento que os cientistas podem desenhar testes diagnósticos específicos, evitando reações cruzadas com outros vírus que causam sintomas respiratórios, além do desenvolvimento de vacinas a longo prazo.

“Sem você saber a sequência e o genoma do coronavírus, não é possível desenhar um diagnóstico apropriado e específico. Isto é importante para não correr o risco de confundir com outros vírus que também causam a gripe, como a Influenza”, explica. Além disso, é a partir do estudo e do sequenciamento que os cientistas podem verificar a capacidade de mutação do Covid-19 e como é possível agir nestes casos e desenvolver meios para a criação de uma barreira física de migração do vírus.