

Funed sequencia 41 genomas do novo coronavírus que circula em Minas

Qua 15 abril

O vírus da Covid-19 que circula em Minas Gerais tem as mesmas características ou já sofreu algum tipo de mutação? Os sintomas mais graves do coronavírus são provocados por um vírus diferente dos demais? Estas são algumas das perguntas que motivaram os pesquisadores da [Fundação Ezequiel Dias \(Funed\)](#), em parceria com a Fundação Osvaldo Cruz (Fiocruz), a sequenciar o genoma do vírus SARS-CoV-2. Em 24 horas, a equipe teve resultado de 41 genomas, sendo o estudo mais representativo em Minas Gerais até o momento.

Segundo a diretora do Laboratório Central de Saúde Pública da Funed, Marluce Oliveira, os resultados preliminares mostram que todas as sequências de genomas isoladas em Minas Gerais se agrupam, formando um grupo único, e são similares. “Mesmo que tenham uma relação filogenética próxima, ainda assim a Funed irá seguir analisando mais amostras para termos mais informações sobre a dispersão do vírus em Minas”, garante.

Este trabalho de vigilância genômica a longo prazo pode indicar respostas sobre a relação dos subtipos de vírus com os sintomas apresentados e como se dá a circulação e a dispersão do novo coronavírus no estado. A pesquisa de sequenciamento genético é importante para subsidiar as ações de vigilância em saúde e as tomadas de decisões do governo, reforça Marluce.

O projeto é desenvolvido pela Funed, em colaboração com o grupo liderado pelo pesquisador Luiz Alcântara, da Fiocruz. Os resultados deste estudo serão disponibilizados na [Revista online BioRxiv](#).