

COVID-19: VARIANTES DO SARS-COV-2 JÁ DOMINAM SETE ESTADOS, APONTA FIOCRUZ



Apenas Minas Gerais e Alagoas em que as variantes não foram predominantes, após exames RT-PCR comuns.

As variantes do coronavírus com maior potencial de transmissão e possivelmente mais letais já dominam seis estados do país, além do Amazonas, de acordo com um estudo da Fiocruz (Fundação Oswaldo Cruz).

O estudo avaliou cerca de mil amostras do vírus coletadas em oito estados brasileiros das regiões Nordeste, Sul e Sudeste: Alagoas, Ceará, Minas Gerais, Paraná, Pernambuco, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul e Santa Catarina.

Dos oito estados avaliados, seis demonstraram a presença da variante como dominante, ou seja, com prevalência maior de 50% das amostras analisadas: CE (71,1%), PR (70,4%), PE (50,8%), RJ (62,7%), RS (62,5%) e SC (63,7%). Apenas dois dos estados avaliados não apresentaram a presença predominante da variante: AL (42,6%) e MG (30,3%).

A análise identifica a presença de uma das três variantes de preocupação (chamadas de VOCs, em inglês) do Sars-CoV-2, a britânica (B.1.1.7), a sul-africana (B.1.351) e a brasileira ou de Manaus (P.1), que se espalharam por todo o mundo e geram receio por serem mais transmissíveis e, no caso das formas da África do Sul e do Amazonas, diminuírem a ação de anticorpos que garantem proteção imune.

No entanto, nos testes realizados não é possível distinguir entre as três variantes, ou seja, a prevalência apontada pode se referir a qualquer uma das três —ou até mesmo a um conjunto delas.

Diferentemente do método de sequenciamento genômico, que busca novas variantes do vírus existentes e aquelas ainda não conhecidas, o estudo da Fiocruz utilizou testes de RT-PCR, iguais aqueles utilizados para o diagnóstico de pacientes infectados com o vírus, para detectar as variantes de preocupação.

A novidade em relação ao teste comum é a ferramenta de busca por uma parte do gene que codifica a proteína S do Spike do vírus (usado como porta de entrada para infectar as células) que, nas três variantes, apresenta uma deleção —ou seja, não existe na variante.

Caso o teste “acenda” para essa região, os pesquisadores podem descartar que aquela amostra seja de uma linhagem ancestral do vírus, que não possui a deleção.

Em um estudo com 91 amostras coletadas na Grande São Paulo, o novo teste apontou a incidência de 77% dessa linhagem de alto potencial transmissível na região. Segundo José Eduardo Levi, coordenador de pesquisa e desenvolvimento do Dasa e pesquisador do IMT/USP, quanto mais forte a presença de uma variante em um conjunto amostral, maior a prevalência dessa linhagem na população.

“Se hoje estamos falando de prevalência da P.1 em torno de 80%, 90%, testar de 100 a 200 amostras que sejam representativas do universo [de casos] já é suficiente para verificar essa presença mais dominante”, diz.

Camila Romano, pesquisadora do Hospital das Clínicas da USP e do IMT/USP, um caso emblemático é o colapso recente em Araraquara. *“Na metade de janeiro para o início de fevereiro, analisei algumas amostras vindas de lá que apontaram incidência de 84% da P.1. De 18 de fevereiro para cá, todas as amostras que eu sequenciei de Araraquara eram da P.1.”*

A bióloga criou um protocolo similar ao desenvolvido pela Fiocruz, mas com uma vantagem: o teste é capaz de detectar infecção ao mesmo tempo por duas linhagens distintas do coronavírus. *“Temos hoje várias linhagens circulando ao mesmo tempo no país e, pior, com chance de contaminação com mais de uma cepa”, afirma.*

A possibilidade de reinfecção associada a essa linhagem também afeta o sistema de saúde, que fica sobrecarregado com mais pacientes com necessidade de atendimento hospitalar. Para a pesquisadora, em todos os lugares que há colapso hoje, se houver testagem, vai ser detectada a P.1.

Por ser mais rápido e com menor custo do que o sequenciamento, o teste desenvolvido por Romano vem sendo utilizado também em outros laboratórios de pesquisa que buscam monitorar a circulação do vírus no país, incluindo o Dasa.

O principal entrave é, no entanto, na importação de insumos e reagentes, especialmente na rede pública. Romano conta que usaram insumos do grupo de colaboração do Reino Unido e, simultaneamente, fizeram o pedido de importação dos reagentes. *“Já usamos todos os reagentes da Inglaterra e o pedido que fizemos no país ainda nem sequer chegou”, diz.*

Além dos problemas de importação de insumos, a falta de recursos para pesquisa também dificulta os estudos de evolução de vírus e o sequenciamento genético.

Por isso, o tempo gasto é muito maior, além dos equipamentos utilizados serem caros, afetam negativamente a chamada vigilância genômica no país.

O biomédico e doutor em ciências Raphael Parmigiani, explica que, caso houvessem mais recursos no país, o ideal seria fazer um sequenciamento genético mais agressivo das amostras. Na ausência deles, o uso dos testes de PCR em tempo real para buscar variantes quebra o galho.

“A estratégia que podemos empregar no país é uma combinação das duas tecnologias: fazer sequenciamento do maior número possível com o recurso que temos disponível, e para verificar a distribuição das variantes já conhecidas, usar o teste de PCR adaptado para detectar essas cepas, que qualquer laboratório de biologia molecular no país tem condições de fazer.”

Foto: Divulgação