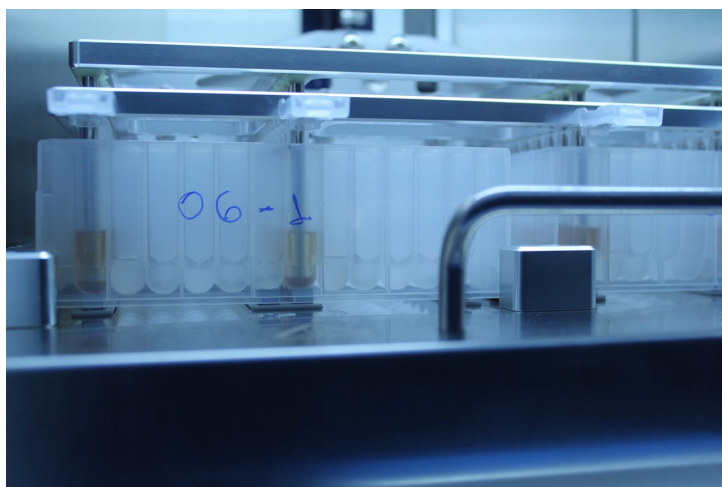


11/08/2021 11:57 - Fiocruz Rondônia divulga novos resultados de sequenciamento genético do coronavírus



A Fiocruz Rondônia realizou o sequenciamento genético de amostras positivas de SARS-CoV-2, referentes aos meses de junho e julho de 2021, e identificou a presença da variante P.1 em 100% das amostras analisadas. Ou seja, do total de 25 amostras, todas foram caracterizadas como P.1, sendo que 8% das amostras (2/25) foram caracterizadas como subvariantes da P.1. Destas subvariantes, 4% foram descritas como P.1. 4 e 4% como subvariante P.1.7.

De acordo com a coordenadora do estudo em Rondônia, Deusilene Vieira, que é pesquisadora em Saúde Pública e chefe do Laboratório de Virologia Molecular da Fiocruz Rondônia, o estudo foi realizado com amostras coletadas em dez cidades de Rondônia, contemplando todas as regiões do Estado, entre os dias 23 de junho e 03 de julho. As análises foram feitas em parceria com a Rede de Vigilância Genômica

da Fiocruz, que reúne especialistas de todas as unidades da Fiocruz e institutos parceiros, o Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia (Lacen) e o Instituto Leônidas e Maria Deane (ILMD/Fiocruz Amazônia).

Deusilene Vieira destaca que em outro estudo realizado pelo Laboratório de Virologia Molecular, em parceria com o Centro de Pesquisa em Medicina Tropical (Cepem), Secretaria Municipal de Saúde (Semusa), Lacen e o Centro de Controle e Prevenção de Doenças (CDC/Brasil/Estados Unidos), em colaboração com a Fiocruz Amazônia, intitulado “Estudo Longitudinal urbano para elucidar a epidemiologia das variantes do SARS-CoV-2”. Das 638 amostras sequenciadas do município de Porto Velho, a P.1 continua sendo a variante mais prevalente.

Do total de amostras sequenciadas, 88,71% foram caracterizadas como P.1. As outras variantes caracterizadas foram P.2 em 0,16% das amostras e B.1.621 em 0,47% das amostras analisadas, essa variante havia sido descrita pela primeira vez na Colômbia. No estudo, também foi possível identificar as subvariantes P.1.1; P.1.2; P.1.3; P.1.4 e P.1.7. “É importante enfatizar que o estudo e a vigilância genômica não mostraram a presença em Rondônia da variante Delta, de origem indiana, mas que as variantes descritas em nossas análises podem estar associadas à alta transmissibilidade do vírus”, esclarece Deusilene Vieira.

Diante desses dados, é necessário que a população continue seguindo todas as medidas de segurança e os cuidados preventivos recomendados pelas autoridades sanitárias, “além de seguir rigorosamente o cronograma de vacinação estipulado em cada região, pois a vacina continua sendo a forma mais segura de impedir a disseminação do vírus”, pontua a pesquisadora.

Estudos de sequenciamento genético do SARS-CoV-2 continuarão sendo realizados no estado e os dados oficiais serão divulgados oportunamente nos canais oficiais da Fiocruz Rondônia.

Fonte: Secom - Governo de Rondônia