

SESARAM participa em estudo sobre o genoma do coronavírus

O SESARAM, através do Serviço de Patologia Clínica (Laboratório) do Hospital Dr. Nélio Mendonça, participa no estudo da diversidade genética do novo coronavírus (Covid-19) em Portugal que está a ser desenvolvido pelo Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA). Trata-se de um projecto de âmbito nacional que conta com a colaboração de uma rede de cerca de 20 hospitais de todo o país (continente e regiões autónomas) e que pretende, numa primeira fase, sequenciar o genoma de cerca de 1.000 coronavírus SARS-CoV-2.

Segundo uma nota publicada no portal do INSA, o 'Estudo da diversidade genética do novo coronavírus SARS-CoV-2 (COVID-19) em Portugal' está a ser coordenado pelo investigador João Paulo Gomes do Departamento de Doenças Infecciosas daquela entidade e visa determinar os perfis mutacionais do SARS-CoV-2 para identificação e monitorização de cadeias de transmissão do novo coronavírus, bem como identificação de novas introduções do vírus em Portugal.

Graça Andrade, directora do Serviço de Patologia Clínica do SESARAM confirma a participação regional neste estudo e diz ser, "de facto, importante fazer a genotipagem dos casos positivos". Nesse sentido, o que tem sido feito da parte do SESARAM passa pelo envio de amostras positivas de Covid-19 diagnosticadas na Região (em zaragatoas) para o INSA, onde será feita a sequenciação do genoma.

Para já, a responsável não sabe se será descoberta alguma diferença no genoma dos casos positivos da Região, mas acredita que devem ser semelhantes aos restantes.

Acima de tudo, Graça Andrade realça a importância do SESARAM participar nestes estudos de âmbito nacional e recorda que esta não é a primeira vez em que isso acontece. "Já participamos noutros estudos. Noutros casos, como o surto de dengue, também participamos num estudo nacional e enviamos para lá [INSA] os nossos positivos", recorda

É de salientar que até ao dia 16 de Abril, o SESARAM realizou 1326 testes Covid-19 na RAM, a maioria em ambiente hospitalar, sendo que desde o dia 29 de Fevereiro de 2020, a realização de testes obedece a uma gestão criteriosa assente em orientações científicas nacionais e internacionais. O SESARAM já triplicou a sua capacidade de resposta ao nível laboratorial e actualmente consegue realizar o processamento de 150 testes diariamente.

Aferir impacto das medidas de contenção

O trabalho de investigação agora iniciado pelo Instituto Ricardo Jorge, que vai ao encontro às orientações das autoridades de saúde e da comunidade científica internacional de efectuar estudos focados no genoma do novo coronavírus, "permitirá também determinar o início da transmissão na comunidade e aferir sobre o impacto das medidas de contenção. Outro dos objectivos da investigação passa por determinar possíveis associações entre perfis mutacionais do SARS-CoV-2 e diferentes graus de severidade da doença (Covid-19)", acrescenta a mesma informação.

De acordo com o INSA, o estudo possibilitará ainda "determinar o grau de variabilidade genética de antígenos do SARS-CoV-2 (pro-

vel impacto no desenvolvimento de medidas terapêuticas".

No âmbito deste estudo, o qual foi submetido a pedido de financiamento à Fundação para a Ciência e Tecnologia (FCT) e à Agência de Investigação Clínica e Inovação Biomédica (AICIB), mas que se pretende que seja alargado a curto prazo mediante financiamento compatível, foi já criado um site (<https://insaflu.insa.pt/covid19/>) em que estão disponíveis todos os resultados obtidos e que será actualizado à medida que existirem mais dados. A nova plataforma estará também disponível através do portal 'Science4COVID-19', criado recentemente pela FCT e pela AICIB, em colaboração com o INSA.

Refira-se ainda que, até à data, já foram analisados cerca de 150 genomas de SARS-CoV-2 obtidos de amostras positivas colhidas em vários pontos do país. "A sequência completa do genoma é identificada com recurso a tecnologias de sequenciação de nova geração e análise bioinformática através da plataforma online INSAFLU, sendo, posteriormente, a integração dos dados genómicos de Portugal na diversidade à escala global efectuada com recurso às ferramentas do projecto Nextstrain", explica ainda o INSA.

RESULTADOS OBTIDOS

DOS 150 GENOMAS DE SARS-COV-2 ANALISADOS, OBSERVA-SE:

- alguma diversidade genética, sendo que a maioria dos vírus pertence ao clade (A2) mais representado em toda a Europa.
- múltiplos perfis genéticos, apesar do número de mutações médio por genoma se enquadrar dentro do previsto para este vírus (i.e., cerca de 2 mutações por genoma por mês).
- uma grande dispersão do posicionamento das mutações no genoma do SARS-CoV-2.
- perfis genéticos congruentes com dados epidemiológicos (ex, geografia, contactos confirmados, etc) e outros sugestivos de potencial link epidemiológico.



Ana Luísa Correia

In “*Diário de Notícias*”