

**NOTA TÉCNICA LACEN-PE N.º 016 / 2021**

Recife, 25 de maio de 2021.

**Assunto: Realização de sequenciamento genético de SARS-CoV-2 em amostras de nasofaringe provenientes do Estado de Pernambuco no Laboratório**

Considerando que o Laboratório de Saúde Pública de Pernambuco (LACEN-PE) é o laboratório de referência estadual e regional para diagnóstico laboratorial de doenças, eventos e agravos de interesse de saúde pública conforme Portaria GM/MS N.º 2031 de 23/09/04 e N.º 70 de 23/12/04.

Considerando que a Organização Mundial de saúde (OMS) classificou em 11 de março de 2020 a doença causada pelo Novo Coronavírus como pandemia.

Considerando que o Ministério da Saúde declarou Emergência em Saúde Pública de Importância Nacional (ESPN) em decorrência da infecção pelo Novo Coronavírus por meio da Portaria GM/MS N.º 188 de 3/02/2020, assim como o Decreto Legislativo n.º 06 de 20 de março de 2020 reconhece, para fins do artigo 65 da lei complementar n.º 101 de 04 de maio de 2000, a ocorrência do estado de calamidade pública no país, nos termos da solicitação do Presidente da República encaminhada por meio da mensagem n.º 93 de 18 de março de 2020.

Considerando o Decreto n.º 48833 de 20 de março de 2020 que declara situação anormal caracterizada como Estado de calamidade pública, no âmbito do estado de Pernambuco, em virtude da emergência de saúde pública de importância internacional decorrente do Novo Coronavírus.

Considerando o alto número de casos suspeitos de COVID-19 e o aumento de positividade das amostras de SARS-CoV-2, assim como a circulação de diferentes variantes da doença no estado de Pernambuco. Considerando ainda a possibilidade de introdução de novas variantes circulantes em outros estados do país e a possibilidade de circulação da variante B.1.617, descoberta na Índia, com possibilidade de aumento de casos.

Considerando que a detecção das diferentes cepas de circulantes somente é possível por meio da realização de seqüenciamento genético das amostras detectáveis para SARS-CoV-2 e que o LACEN-PE não dispõe dessa tecnologia, sendo necessário encaminhar a outros laboratórios de referência. A liberação do resultado do sequenciamento dessas amostras demoram em media 30 dias e o número de amostras permitido para o envio de 22 amostras/mês, sendo esta uma quantidade muito pequena considerando o total de amostras detectáveis no mês de abril que foram 38.306 pelo LACEN-PE e considerando não abranger a representatividade dos 184 municípios do estado e 1 distrito estadual.

O LACEN PE está iniciando trâmites técnicos e administrativos para firmar um convênio com o Instituto Aggeu Magalhães, com o objetivo de seqüenciar as amostras do estado de Pernambuco, no entanto, este convênio não foi firmado para realizar tal técnica nas amostras provenientes da II e I macrorregiões do estado, que nas ultimas duas semanas apresentou uma elevação aguda de casos.

Neste contexto, é de fundamental importância investigar a linhagens do SARS-CoV-2 no desenvolvimento da Síndrome Respiratória Severa Aguda (SARS) por meio da obtenção de sequências genômicas completas desses vírus.

Existe atualmente um lacuna de conhecimento sobre as linhagens de SARS-CoV-2 que circulantes no Estado e de estudos sobre a coinfeção dessas linhagens assim como o surgimento de novas variantes de preocupação, estas podem impactar o cenário epidemiológico da doença e o desfecho da vacinação da população do estado.

Realizar o monitoramento da evolução viral desses vírus e compreender o impacto da infecção única e coinfeção nos sintomas e desfecho dos quadros respiratórios da COVID-19, ajudará na tomada de decisões de medidas sanitárias, na vigilância epidemiológica do Estado, no controle da disseminação viral na população e compreensão da enfermidade em Pernambuco.

Diante do exposto, torna-se relevante a realização de sequenciamento genético completo do SARS-CoV-2 em amostras analisadas LACEN-PE com resultado detectável, para ser possível avaliar o padrão mutacional e possíveis eventos de recombinação que levam a mudanças nas proteínas virais, e surgimento de novas variantes. O vírus SARS-CoV-2 por sua característica de RNA, apresenta uma maior frequência de mutações,

resultando em diferentes genótipos à medida que se espalham e infectam mais pessoas. Portanto, a identificando a circulação e o padrão de espalhamento das linhagens, as variantes de preocupação e a identificação de novas mutações poderá ser realizado de forma mais oportuna.

Atenciosamente,



Roselene Hans

Diretora Geral de Laboratório de Saúde Pública - LACEN-PE