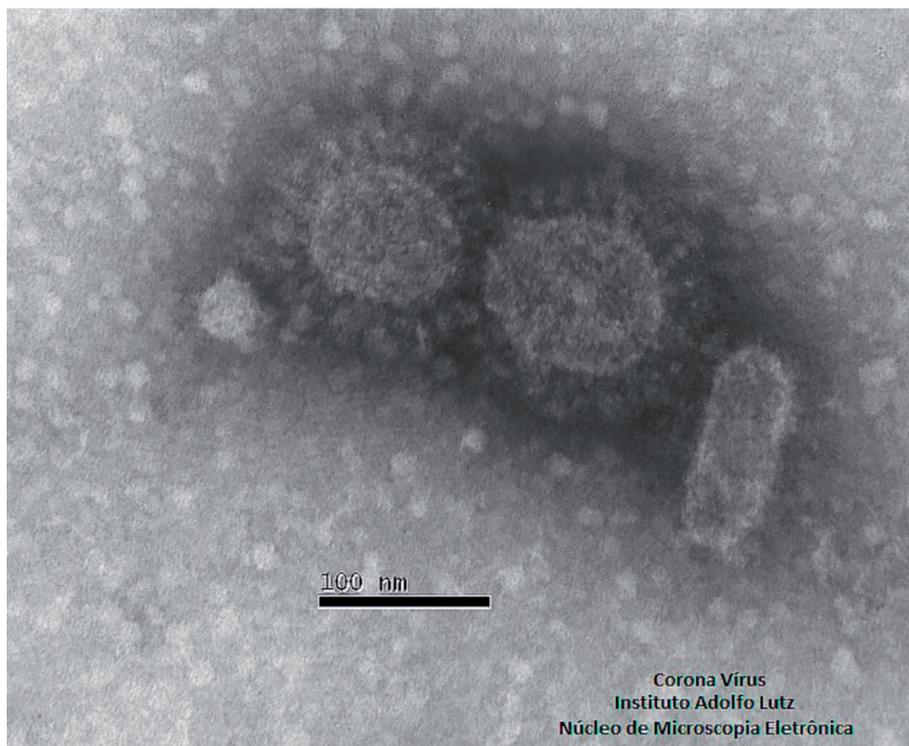


Notícia

Laboratório Estratégico do Instituto Adolfo Lutz – LEIAL***Strategic Laboratory of the Adolfo Lutz Institute - LEIAL***

Instituto Adolfo Lutz. Coordenadoria de Controle de Doenças. Secretaria de Estado da Saúde. São Paulo, Brasil.



Durante o ano de 2019, o Laboratório Estratégico (LEIAL), em colaboração com os pesquisadores do Centro de Bacteriologia (CB), sequenciou o genoma completo de 34 exemplares de *Salmonella* Typhi, 53 exemplares de *Vibrio cholerae* do Estado de São Paulo e 299 exemplares de *Neisseria meningitidis* de todo o Brasil. Esses agentes foram escolhidos em virtude de sua importância em saúde pública, como o seu potencial em causar surtos e epidemias. As 386 sequências foram, então, depositadas no GenBank.

Os dados gerados nos trouxeram o conhecimento em nível genômico dos clones circulantes desses três agentes, tanto em nível estadual, quanto nacional, e a partir de

janeiro deste ano encontra-se implantada a Vigilância Genômica em Tempo Real dessas bactérias no Instituto Adolfo Lutz. Para que ocorra o monitoramento em tempo real, todas as cepas desses patógenos que chegarem ao Instituto serão imediatamente submetidas ao sequenciamento de seu genoma completo para inserção em nosso banco de dados, visando sua caracterização completa.

Tais procedimentos, além de melhorarem o conhecimento da diversidade das populações bacterianas, possibilita seu monitoramento, para detectar possíveis emergências de novos clones em tempo real, garantindo a prontidão do laboratório de saúde pública para as vigilâncias epidemiológicas estadual e federal.

SARS-CoV-2: Diagnóstico implantado

O surto na China do novo coronavírus (SARS-CoV-2) tem sido detectado exponencialmente e, até o momento (22 de março de 2020), foram confirmados mais de 290 mil casos no mundo todo. Trata-se de um vírus respiratório de origem zoonótica que, em humanos, provoca sinais de resfriado, podendo evoluir, em cerca de 3 a 5% dos casos, para uma síndrome respiratória aguda grave. Dados divulgados pela Organização Mundial de Saúde (ainda nesta data) registram 12.700 casos fatais, transmissão interna em mais de 100 países, em todos os continentes.

O Instituto Adolfo Lutz, por meio do Laboratório Estratégico e do Centro de Virologia, com o auxílio do Instituto de Medicina Tropical da Faculdade de Medicina da USP, liberou os primeiros 24 resultados no país (todos negativos) para amostras de pacientes com suspeita de infecção pelo SARS-CoV-2. A identificação do SARS-CoV-2 é realizada pela técnica de PCR em Tempo Real, segundo protocolo recomendado pela Organização Mundial de Saúde, após a pesquisa por outros vírus respiratórios, que podem causar sintomas parecidos.

Com o diagnóstico implantado no Instituto Adolfo Lutz, foi possível identificar rapidamente a entrada do agente no país, no intuito de que fossem tomadas decisões para contenção do avanço da doença no âmbito da Secretaria de Estado da Saúde, assim como pelo Governo Federal.

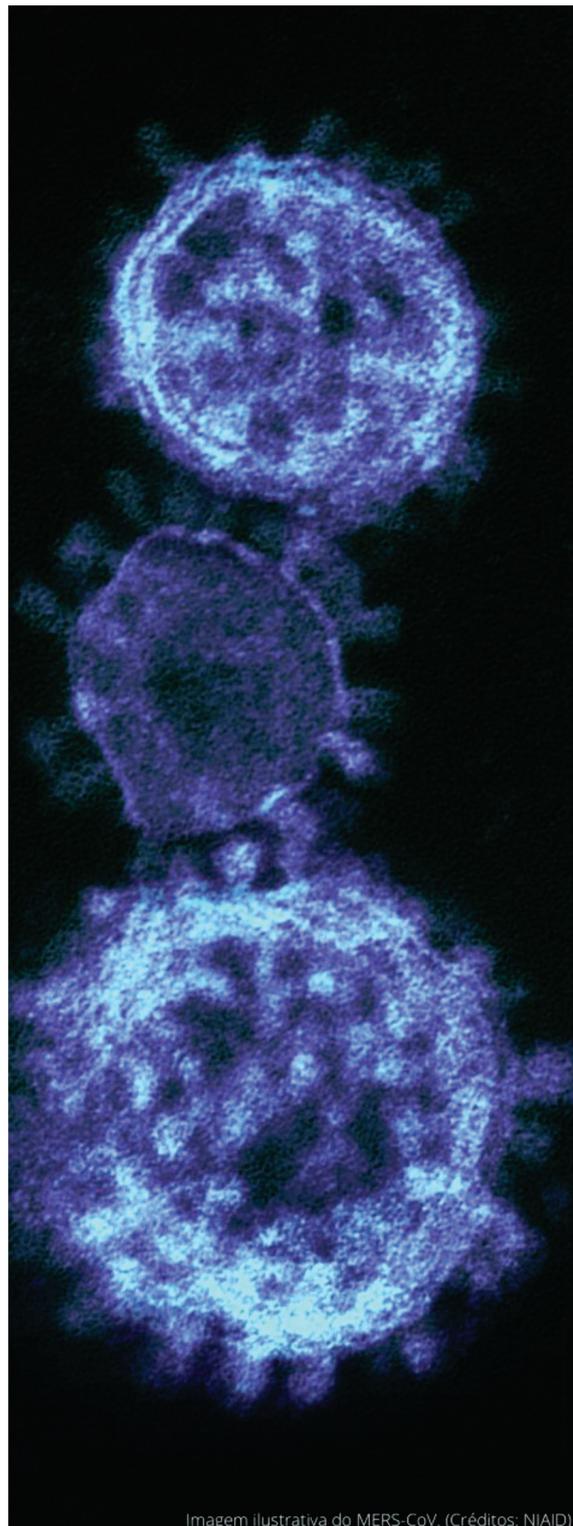


Imagem ilustrativa do MERS-CoV. (Créditos: NIAID)

Genoma do SARS-CoV-2 do primeiro caso de COVID-19 da América Latina sequenciado em 48 horas pelo Instituto Adolfo Lutz

O Instituto Adolfo Lutz, em conjunto com o Instituto de Medicina Tropical da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo e com a Universidade de Oxford, completou em 28/02/2020 o sequenciamento do primeiro caso de coronavírus da América Latina, apenas 2 dias após o caso ter sido confirmado. Os pesquisadores fazem parte do projeto CADDE, que tem apoio da Fapesp e do Medical Research Council (MRC) do Reino Unido, e desenvolve novas técnicas para monitorar epidemias em tempo real.

Os dados de genomas completos do SARS-CoV-2 dos casos de COVID-19 são essenciais para o desenvolvimento de vacinas e de testes diagnósticos. Esses dados são importantes para a compreensão da dispersão do vírus e para detectar mutações que possam alterar a evolução da doença.

O primeiro caso de COVID-19 no Brasil (BR1) teve o diagnóstico molecular confirmado pelo Instituto Adolfo Lutz no dia 26 de fevereiro de 2020. O caso refere-se a um paciente infectado com o vírus durante uma visita à região da Lombardia, no norte de Itália, entre os dias 9 e 21 deste mês. O

genoma completo do vírus foi disponibilizado à comunidade científica no dia 28 de fevereiro de 2020.

Uma análise preliminar da nova sequência, em conjunto com dados disponibilizados por outros pesquisadores, encontra-se disponível no [Virological.org](http://virological.org/t/first-cases-of-coronavirus-disease-covid-19-in-brazil-south-america-2-genomes-3rd-march-2020/409), um fórum de discussão para virologistas, epidemiologistas e especialistas em saúde pública: <http://virological.org/t/first-cases-of-coronavirus-disease-covid-19-in-brazil-south-america-2-genomes-3rd-march-2020/409>.

A figura abaixo mostra o número oficial de casos de COVID-19 confirmados na Itália pela Organização Mundial de Saúde (OMS), em fevereiro/2020, e mostra a rapidez da resposta do grupo de pesquisa brasileiro. Grupos internacionais têm demorado em média 15 dias para gerar e submeter as suas sequências relativas a casos de COVID-19, o que destaca a relevância científica da pesquisa brasileira.

