



Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Avaliação epidemiológica de casos de COVID-19 na região do Alto Paranaíba – Minas Gerais

Autores: Matheus Fernandes de Oliveira¹; Rubens Pasa¹; Karine Frehner Kavalco¹

¹Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde – Universidade Federal de Viçosa – Campus Rio Paranaíba - matheus.oliveira3@ufv.br; rpasa@ufv.br; kavalco@ufv.br

Área temática: Saúde Coletiva

Grande Área: Ciências Biológicas e da Saúde

Categoria do trabalho: Trabalho de Pesquisa

Introdução

O SARS-CoV-2, membro do gênero Betacoronavirus, é o agente causador da COVID-19, uma síndrome respiratória aguda grave. É um vírus de RNA de fita simples com envelope, com um genoma de cerca de 30 kb. Foi detectado pela primeira vez em Wuhan, na China, em dezembro de 2019, tornando-se uma pandemia em março de 2020. A COVID-19 já causou quase 7 milhões de mortes globalmente, com impactos sociais e econômicos profundos, comparáveis à gripe espanhola. A situação epidemiológica hoje varia por país devido às medidas de controle e vacinas. O Laboratório de Diagnósticos Moleculares (LDM) da Universidade Federal de Viçosa em Rio Paranaíba, integrante da RedeLab-Covid-19 (MG), realizou exames para 21 cidades da Superintendência Regional de Saúde de Patos de Minas.

Objetivos

O trabalho teve como objetivo principal realizar uma avaliação epidemiológica dos exames realizados pelo Laboratório de Diagnósticos Moleculares, no período de maio de 2020 a setembro de 2022, além de discutir sobre os dados gerais, separando os casos por sexo e idade, por exemplo. Com o objetivo final de entender mais sobre a epidemiologia do coronavírus e assim poder melhorar nossas medidas de controle, seja de maneira local ou regional. Em última instância, os dados epidemiológicos podem ser úteis até de maneira global, para compreender melhor a disseminação do vírus e se as medidas de controle estão surtindo efeito.

Material e Método

Foram analisadas amostras de saliva, swab nasofaríngeo e orofaríngeo, aspirado traqueal e coletas *post mortem* no Laboratório de Diagnósticos Moleculares, enviadas pelas Secretarias de Saúde municipais. Utilizamos técnicas de biologia molecular, como RT-qPCR, para detectar o SARS-CoV-2 e utilizamos como base em laudos de 05/2020 a 09/2022. Os dados foram organizados em uma planilha Excel, criamos gráficos sobre pacientes que tiveram o material genético do coronavírus detectado em suas amostras e que tiveram os laudos emitidos. A extração e purificação do material genético foram automatizadas, com o Locus Extracta 32, seguidas por RT-qPCR com o Kit Molecular SARS-CoV-2 (EDx) da Bio-Manguinhos.

Apoio financeiro



Resultados e Discussão

O Laboratório de Diagnósticos Moleculares (LDM) desempenhou um papel significativo nos diagnósticos de SARS-CoV-2 na região de Patos de Minas. Os exames começaram em 2020 e continuam até hoje, ajudando a orientar as medidas de controle. A maioria dos laudos foi emitido para Patos de Minas, seguida de Rio Paranaíba, onde está a Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba. As mulheres representaram 55% dos casos positivos, principalmente nas faixas etárias de 20-30 e 30-40 anos. A maioria dos detectados apresentou sintomas de 4 a 6 dias após a coleta da amostra. Cerca de 86% dos casos foram liberados do atendimento médico, 13% foram hospitalizados, e a taxa de mortalidade foi baixa, com mais homens do que mulheres falecendo, possivelmente devido às diferenças na busca por atendimento médico.

Conclusões

A testagem em massa e individual, com certeza fez com que a pandemia tomasse outro rumo e o Laboratório de Diagnósticos Moleculares realizou seu trabalho com excelência, contribuindo com o combate ao coronavírus, não somente de maneira regional com a testagem, mas também de maneira global com as informações levantadas nos laudos e nos projetos que envolveram o laboratório. A análise epidemiológica nos permite observar dados interessantes sobre as pessoas que foram infectadas pelo coronavírus, como qual faixa etária ele atinge mais, qual sexo ou mesmo qual a tendência do vírus em causar situações de hospitalizações. Atualmente, com o advento das vacinas e campanhas políticas de vacinação em massa, a COVID-19 teve sua disseminação freada.

Bibliografia

- WU, F. et al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. **Nature**, v. 579, n. 7798, p. 265–269, mar. 2020a.
- ZHOU, P. et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. **Nature**, v. 579, n. 7798, p. 270–273, mar. 2020.
- ZHU, N. et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. **New England Journal of Medicine**, v. 382, n. 8, p. 727–733, 20 fev. 2020.

Agradecimentos

