

## Teste de RT-PCR é seguro para detectar a presença das variantes do coronavírus recentemente descritas

Imagem: CanStockPhoto



Pouco mais de um mês após anunciar a chegada da linhagem de origem britânica B.1.1.7 do SARS-CoV-2 no Brasil, a Dasa, líder brasileira em medicina diagnóstica, esclarece que o teste de RT-PCR, considerado padrão-ouro para o diagnóstico do vírus é a melhor ferramenta para detectar qualquer uma das três novas variantes recentemente descritas: a britânica, a sul-africana e a amazônica.

Validado no Brasil em fevereiro de 2020, o teste de RT-PCR evoluiu e já é capaz de identificar três alvos distintos e não apenas o gene S da proteína spike, que o vírus usa para se ligar à célula humana. A metodologia considerada “padrão-ouro” minimiza as chances de resultados falso negativos nos diagnósticos quando comparada a alguns testes de imunologia e de sorologia, que só identificam a proteína S.

Dado o poder de transmissão das novas variantes, o diretor médico da Dasa, Gustavo Campana, reforça a importância do isolamento e das medidas de prevenção já amplamente conhecidas pela população. “Usar máscaras, higienizar as mãos com frequência e evitar aglomeração ainda são os métodos mais eficientes de proteção ao vírus, independente do cronograma previsto

no Plano Nacional de Imunização. Enquanto o vírus estiver circulando haverá risco de contaminação, por isso é importante manter os cuidados”, afirma.

Para identificar a linhagem a qual pertence cada amostra/exame seria necessário fazer o sequenciamento genético do vírus, metodologia que ainda não está disponível em larga escala no país. A Dasa segue acompanhando o desenvolvimento de novos exames e estuda incorporar ao portfólio metodologias que permitam identificar a variante, em cada exame realizado.

“Determinar a linhagem da variante não tem impacto para o paciente, já que os cuidados de prevenção e tratamento seguem os mesmos protocolos, a depender da evolução de cada caso”, explica o virologista da Dasa, José Eduardo Levi. Esta classificação é relevante apenas para vigilância epidemiológica, uma vez que alterações na linhagem podem mudar a transmissibilidade do vírus. “Ainda não dá para afirmar que as variantes sejam mais patogênicas do que outras linhagens do SARS-COV-2”, completa.

Fonte: Dasa