

Trabalho apresentado no 23° CBCENF

Título: Casos registrados da Variante Gama do COVID-19 no Brasil no ano de 2021

Relatoria: LINCONL AGUDO OLIVEIRA BENITO

Autores: Rosana da Cruz Lima

Modalidade: Comunicação coordenada

Área: TECNOLOGIA, PESQUISA, CUIDADO E CIDADANIA

Tipo: Pesquisa

Resumo:

Introdução: As suas variantes da COVID-19 na atualidade, se constituem enquanto problemática que se encontram enquanto temática noticiada internacionalmente junto a inúmeros mecanismos e dispositivos comunicacionais, no sentido de alertar o mundo sobre os impactos fortemente gerados. Desta forma, toda a sociedade, profissionais de saúde, pesquisadores e instituições políticas se debruçam em desenvolverem serviços, produtos, iniciativas e políticas no sentido de mitigarem essa complexa questão de saúde pública. Objetivo: Nesse sentido, a presente pesquisa se propõe analisar a frequência de caso registrados da VOC Gama do COVID-19, no recorte geográfico formado pelo Brasil no recorte histórico formado pelo ano de 2021. Metodologia: Estudo epidemiológico, exploratório, descritivo e de análise quantitativa. Os dados foram adquiridos junto ao Ministério da Saúde (MS), em relação as Semanas Epidemiológicas (SE) de número 02 e 28 do ano de 2021. Após a captação dos dados adquiridos, os subsídios relacionados a construção deste estudo, foram organizados junto ao software Microsoft Excel 2016®, pertencente ao pacote Microsoft Office 2016® for Windows®. Foi realizada análise estatística descritiva, com a realização dos cálculos percentuais, média e desvio-padrão. Os autores declaram a inexistência de conflitos de interesse. Resultados: No processo de organização e análise dos dados foi possível identificar o universo de 7.817 casos relacionados a VOC Gama, com média e desvio-padrão de $(289,5 \pm 402,7)$. O estado do Rio de Janeiro (RJ) registrou a maior preponderância com 24% (n=1877). Conclusão: Por meio da presente pesquisa foi possível verificar que a VOC Gama foi a mais preponderante, quando comparada com a VOC Alfa, VOC Delta e a VOC Beta, identificadas por sequenciamento genômico junto as Secretarias Estaduais de Saúde (SES) respectivamente. Apesar de possuir algumas limitações, o presente estudo oferece importantes subsídios para melhor compreensão deste complexo fenômeno.