

# COMUNICADO RELATIVO AO DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE VARIANTES DE SARS-COV2

Publicado em 24/12/2020 19h00 Atualizado em 23/05/2021 19h52

## Mutação pode provocar falso negativo em testes de covid, alerta Ministério

Pesquisadores explicam que os testes de RT-PCR disponíveis no Brasil são capazes de detectar a nova linhagem do vírus, desde que se tome o cuidado de buscar a detecção de mais de um gene alvo do vírus

O surgimento de uma linhagem de SARS-COV2, a partir de novembro de 2020, que se disseminou rapidamente para diversas regiões do Reino Unido, e que tem sido associada à hipótese de maior potencial de transmissão, desencadeou grande preocupação na comunidade científica e entre as autoridades de saúde pública em diversos países, em relação aos aspectos epidemiológicos, à patogenicidade, ao impacto na resposta às vacinas e na detecção do vírus, pelos testes de diagnóstico molecular.

A variante, designada VUI-202012/01, apresenta mutação na sequência do gene da proteína Spike, a qual está associada ao reconhecimento pelo receptor da enzima conversora da angiotensina. Essa sequência também é alvo para amplificação do genoma do vírus em kits de diagnóstico molecular. De acordo com a Agência Executiva do Sistema Público de Saúde da Inglaterra, kits que empregam sondas voltadas à detecção desta sequência alvo tem potencial de gerar resultados falso negativos em pacientes infectados com a variante VUI- 202012/01, tendo em vista que esta apresenta uma deleção de seis nucleotídeos no gene S, que resulta na perda de dois aminoácidos nas posições 69 e 70 ( $\Delta 69-70$ ). Devido à deleção, sondas usadas em ensaios comerciais perdem a capacidade de se ligar ao amplicon, com consequente perda de sensibilidade (Bal, A. et al. medRxiv 2020).

Considerando este cenário e o fato de que outras variantes além dessa podem emergir, pesquisadores da Rede de Pesquisa em Vírus Emergentes do Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações (MCTI), RedeVirus MCTI, vem por meio deste comunicado, alertar a comunidade científica, fabricantes de testes de diagnóstico e laboratórios que realizam diagnóstico de SARS-COV2 para possíveis falhas no diagnóstico molecular em amostras de pacientes infectados com linhagens variantes.

Nesse contexto, ressalta-se a importância da utilização de mais de um alvo, nas reações de qPCR, como sequências dos genes N (proteína do nucleocapsídeo) e E (proteína do envelope),

para evitar resultados falso-negativos, dada a eventual circulação desta ou de outras variantes que possam emergir. Recomenda-se ainda vigilância permanente para a presença de resultados inesperados e o encaminhamento de amostras atípicas para sequenciamento de genoma.

Os laboratórios da Rede Virus/MCTI se colocam à disposição para realizar o sequenciamento do genoma viral e prestar esclarecimentos à comunidade.

## Contatos

Sub-Rede em Diagnóstico

Centro de Tecnologia em Vacinas (CTVACINAS )

BH-Tec - Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil CEP 31.210-360 – Fone 55 31 3401-1113

ctvacinas@gmail.com

Corona-ômica BR MCTI

<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>

Universidade Feevale

Laboratório de Microbiologia Molecular ERS-239 no.2755 - Novo Hamburgo, RS - CEP 93525075

+ 55 51 35868800 - Ramal: 9337 fernandors@feevale.br

<http://www.ctvacinas.ufmg.br/index.php/contato> / Rua Professor José Vieira de Mendonça, 770, sala 206