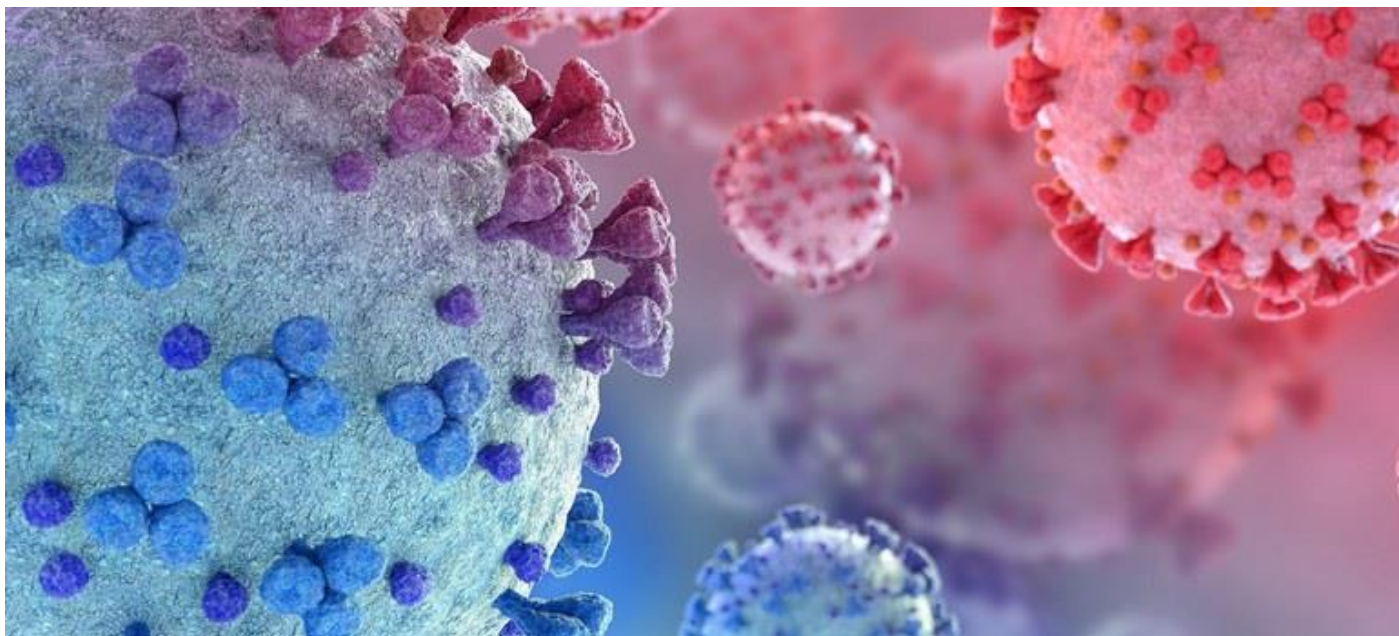


# RedeVírus MCTI: pesquisadores identificam coinfeção de pacientes por duas linhagens diferentes do coronavírus

Amostras foram coletadas no Sul do Brasil e depositadas em bases internacionais, além de submetidas, por meio de um estudo, em um periódico científico

Publicado em 27/01/2021 16h30 Atualizado em 23/05/2021 19h52



Uma semana depois que a Organização Mundial da Saúde (OMS) demonstrou preocupação com as novas variantes da Covid-19, salientando a necessidade de fazer uma investigação meticulosa sobre possíveis impactos em vacinas, casos de reinfecções e coinfeções, pesquisadores apresentaram resultados de estudos de amostras coletadas no Rio Grande do Sul. Os genomas sequenciados foram depositados em bases internacionais e o estudo foi submetido a um periódico científico.

O trabalho foi realizado pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale (Novo Hamburgo-RS), coordenado pelo professor Fernando Spilki, e pelo Laboratório de Bioinformática (Labinfo) do Laboratório Nacional de Computação Científica (Petrópolis-RJ), coordenado por Ana Tereza Vasconcelos. Essa iniciativa faz parte da RedeVírus MCTI, do Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações (MCTI), da qual participam os dois laboratórios envolvidos na pesquisa.

O material genético foi coletado pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale, que recebe espécimes clínicos de pacientes de 40 municípios do Rio Grande do Sul. A amostragem é realizada por funcionários de saúde dessas cidades e enviada ao Laboratório juntamente com informações dos pacientes, como idade, sexo, sinais clínicos e possível cantata com outros casos suspeitos ou confirmados. Para esses estudos, foram selecionadas 92 amostras de pacientes com faixa etária de 14 a 80 anos de idade, sendo 50% homens e 50% mulheres.

Posteriormente, as amostras foram enviadas ao LNCC - Laboratório de Bioinformática do Laboratório Nacional de Computação Científica, unidade de pesquisa vinculada ao Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações (MCTI) para a realização do sequenciamento genético e

análises de bioinformática. Usando ferramentas desenvolvidas pelo grupo do Laboratório de Bioinformática (Labinfo), foi possível a caracterização de cinco linhagens diferentes que estão circulando no Rio Grande do Sul, sendo uma nova, a princípio denominada VUI-NP13L, e dois casos de coinfeção.

### **Possibilidade de dispersão do vírus**

Os estudos realizados com amostras do Rio Grande do Sul geram preocupação devido à possibilidade de dispersão do vírus para outros Estados e países vizinhos da América do Sul. A Região Metropolitana de Porto Alegre concentra o maior número de casos. Por isso a análise do genoma ajuda a entender melhor a dinâmica, a estrutura populacional e as cadeias de transmissão locais do vírus. Os pesquisadores também estão conduzindo experimentos in vitro na nova linhagem encontrada no Estado, incluindo isolamento viral e investigação sobre neutralização ou anticorpos presentes no soro de pacientes infectados e recuperados. Foi possível, ainda, confirmar a disseminação generalizada da variante E484K na proteína S, que é a mesma mutação do coronavírus identificada no Rio de Janeiro no mês passado. "Isso é preocupante, pois sabe-se que essa mutação pode estar associada a um escape de anticorpos formados contra outras linhagens do vírus. É mais uma evidência que essas novas linhagens podem causar problemas mesmo em pessoas que já tenham uma imunidade prévia contra o Sars-Cov-2", afirma Fernando Spilki.

Outro ponto importante foi a identificação da coinfeção, que é uma infecção simultânea por vírus com genomas distintos em um mesmo indivíduo, e que foi encontrada em dois casos clínicos ocorridos no final de novembro. A coinfeção com a variante E484K não havia sido descrita até o momento.

A preocupação é porque a mistura de genomas de diferentes vírus coinfectando o mesmo indivíduo. A chamada recombinação, é um dos fenômenos que está na base da evolução de coronavírus. "Mas, apesar da coinfeção, os dois pacientes tiveram um quadro de Covid-19 de leve a moderado e se recuperaram sem a necessidade de hospitalização", comentam os pesquisadores, lembrando a importância de se estabelecer medidas de distanciamento social para conter a propagação de novas variantes, potencialmente mais transmissíveis.

Segundo a coordenadora do Laboratório de Bioinformática do Laboratório Nacional de Computação Científica, unidade de pesquisa do Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações(LNCC/MCTI), Ana Tereza Vasconcelos, os dados visam alertar as autoridades sanitárias que estudos sobre a dispersão do Sars-Cov-2 são extremamente importantes para a segurança de todos.