

RedeVírus MCTI identificou variante do Reino Unido em 15 cidades brasileiras

Publicado em 24/02/2021 11h14 Atualizado em 23/05/2021 19h52



A Rede Vírus-MCTI comunica que a Rede Corona-ÔmicaBR-MCTI, através do Laboratório de Biologia Integrativa do Instituto de Ciências Biológicas da UFMG em colaboração com o Laboratório de Virologia Molecular da UFRJ e o Instituto Hermes Pardini com sede em Belo Horizonte, identificou e sequenciou 25 genomas de SARS-CoV-2 pertencentes à variante viral do Reino Unido (B.1.1.7 também conhecida como VOC202012/01 ou 501Y.V1) provenientes de oito estados brasileiros.

Os dados encontrados estão de acordo com a tabela abaixo:

Cidade	Nº amostras	Data da coleta	Variante	Mutações
				aa:orf1ab:T1001I
				aa:orf1ab:A1708D
				aa:orf1ab:I2230T
				del:11288:9
Belo Horizonte/MG	10	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	del:21765:6

del:21991:3
aa:S:N501Y
aa:S:A570D
aa:S:P681H
aa:S:T716I
aa:S:S982A
aa:S:D1118H
aa:Orf8:Q27*
aa:Orf8:R52I
aa:Orf8:Y73C
aa:N:D3L
aa:N:S235F

Betim/MG	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Araxá/MG	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Barbacena/MG	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Rio de Janeiro/RJ	02	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Campos dos Goytacazes/RJ	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Curitiba/PR	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas

Cuiabá/MT	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Primavera do Leste/MT	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Americana/SP	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Santos/SP	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Valinhos/SP	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
São Sebastião do Passe/BA	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Barra do São Francisco/ES	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas
Aracajú/ SE	01	07 a 21 Jan/21	B.1.1.7	Idem em todas

Esclarecemos que estas amostras foram obtidas partir dos exames RT-PCR realizados pelo Instituto Hermes Pardini. O laboratório realizou mais de 740 mil exames de COVID-19 no último trimestre do ano passado em todos os estados do Brasil e dentre estes, foram pré-selecionadas 25 amostras que apresentaram falha na amplificação do gene S. Nestes casos, a confirmação do diagnóstico foi realizada com a detecção do gene N de SARS-CoV-2 por RT-PCR. Cabe ressaltar que a falha na detecção do gene S não invalida o diagnóstico de COVID-19 e já foi descrito como consequência de deleções nas posições 69/70 da proteína de superfície S "spike".

Desta maneira, ressaltamos a importância da vigilância genômica para essa variante nos demais estados brasileiros e sugerimos que a falha de detecção no gene S relacionado à deleção 69/70 na proteína viral "spike" deve ser levada em consideração na seleção de amostras pertencentes a esta variante. Estudos científicos já sugerem que a linhagem B.1.1.7 é mais transmissível e nossas análises mostraram a sua circulação em cerca de 8 estados, além de São Paulo que já havia sido reportada.

Todos os dados estão sendo disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (Corona-Ômica.BR – MCTI) e internacionais (GISAID) com a posterior submissão do trabalho ao periódico científico.

Desta forma, recomendamos, que as providências cabíveis sejam tomadas pelos órgãos estaduais e federais competentes no controle da dispersão das variantes de SARS-CoV-2 em território brasileiro e agradecemos a colaboração com o Instituto Hermes Pardini.