

Rede Corona-ÔmicaBR-MCTI, identifica 16 amostras de SARS-CoV-2 pertencentes à variante viral brasileira P.2 (B.1.1.28.2) em Belo Horizonte

Publicado em 01/03/2021 01h30 Atualizado em 21/06/2021 19h13



A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-ÔmicaBR-MCTI, por meio do CT Vacinas e o Laboratório de Biologia Integrativa/ICB, ambos da UFMG e membros da Rede, identificaram e sequenciaram 16 amostras de SARS-CoV-2 pertencentes à variante viral brasileira P.2 (B.1.1.28.2) obtidas de indivíduos em Belo Horizonte. As amostras são referentes aos meses de novembro de 2020 a janeiro de 2021 e foram sequenciadas utilizando duas estratégias distintas: sequenciamento de Sanger com iniciadores que cobrem o gene S e sequenciamento completo dos genomas virais por Next Generation Sequencing (Artic Protocol SARS-CoV-2 primers V.3).

Ressaltamos que apesar de se tratar de uma amostragem aleatória de pacientes positivos para SARS-CoV-2 de acordo com os resultados RT-PCR identificados na capital, 16 de um total de 17 amostras analisadas, foram classificadas como pertencentes à linhagem P2, sugerindo uma dominância desta variante nos últimos meses em Belo Horizonte. Uma única amostra não apresentou variações na sequência do gene S compatível com as sequências dos novos variantes.

Os dados encontrados estão de acordo com a tabela abaixo:

Cidade	Nº amostras	Data da coleta	Variante	Mutações
--------	-------------	----------------	----------	----------

		06/11/2020 à 28/01/2021 (Lab de Biol. Integrativa)		
Belo Horizonte/MG	16	(CTVacinas)	P.2	SNV G23012A (E484K)

A linhagem P.2 de SARS-CoV-2 foi originalmente descrita em dezembro de 2020 no estado do Rio de Janeiro com possível datação de julho deste mesmo ano por membros da REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI (Voloch *et al.*, 2020). Esta linhagem é definida, dentre outras mutações, pela substituição E484K na proteína de superfície “spike”. O fato de que quase 100% das amostras sequenciadas apresentaram essa mutação nos preocupa e ressaltamos a importância da vigilância genômica na capital e estado de MG com um aumento progressivo do número de amostras a serem sequenciadas, a fim de avaliar, a sua prevalência no estado e propor medidas mais eficazes para evitar a dispersão deste e de outras variantes. 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 dos laboratórios envolvidos.