

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI identificou e sequenciou um genoma de SARS-CoV-2 pertencente à variante viral do Reino Unido em Taquaritinga/SP

Publicado em 03/03/2021 18h46 Atualizado em 21/06/2021 19h04



A Rede Vírus-MCTI informa que a Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, através do Instituto de Biotecnologia (IBTEC) e Instituto de Biociências - UNESP Botucatu, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (IBILCE) - UNESP, São José do Rio Preto, do Laboratório de Vírus da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP) e da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP Pirassununga (FZEA), identificou e sequenciou um genoma de SARS-CoV-2 pertencente à variante viral do Reino Unido (B.1.1.7 também conhecida como VOC202012/01 ou 501Y.V1) em uma amostra coletada na cidade de Taquaritinga em São Paulo.

Esta amostra apresentou diferentes mutações e deleções ao longo do genoma do SARS-CoV-2. Na sequência do gene que codifica a proteína “spike” (S) foram identificadas as deleções de aminoácidos em diferentes posições (D69/70 e D144) na estrutura da proteína. Um estudo científico sugere que a deleção D144 confere resistência à neutralização pelos anticorpos monoclonais (McCarthy et al. 2021, doi: <https://doi.org/10.1126/science.abf6950>) Contudo, ela ainda não é suficiente para induzir ausência completa à neutralização pelos anticorpos produzidos contra diferentes porções da proteína S (policlonais). Estas alterações da proteína fazem parte da evolução antigênica dos coronavírus e este estudo sugere que deleções de múltiplos aminoácidos podem conferir resistência à neutralização dos vírus pelos anticorpos policlonais. Além destas deleções, oito mutações foram observadas na proteína S. A mutação D614G parece facilitar a replicação do vírus no trato respiratório superior de acordo com estudos experimentais em animais (Plante et al. 2020, doi: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2895-3>).

Outras mutações foram também identificadas em diferentes proteínas virais e estudos posteriores devem ser realizados para avaliar o impacto destas mutações na interação vírus-hospedeiro.

Cidade	Nº amostras	Data da coleta	Variante	Mutações
Taquaritinga /SP	1	04 de fevereiro/21	B.1.1.7	Spike A570D, Spike D614G, Spike D1118H, Spike H69del, Spike N501Y, Spike P681H, Spike S982A, Spike T678I, Spike T716I, Spike V70del, Spike Y144del, M A2S, N D3L, N G204R, N R203K, N S235F, NS3 R134C, NS8 Q27stop, NS8 R52I, NS8 Y73C, NSP3 A890D, NSP3 I1412T,

NSP3 T183I,

NSP6 F108del,

NSP6 G107del,

NSP6 S106del, NSP12
P323L, NSP13 T214I

Todos os dados estão disponíveis 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.