

Corona-ômica.BR-MCTI identifica caso de infecção pela variante P.1 e reinfeção dada pela variante P.2 em paciente do RS

Publicado em 19/04/2021 15h06 Atualizado em 18/06/2021 16h36



A Rede Vírus-MCTI comunica que a Rede Corona-ômica BR-MCTI, através do Laboratório de Microbiologia Molecular (Universidade FEEVALE, Novo Hamburgo, Rio Grande do Sul) sequenciou recentemente dois genomas de SARS-CoV-2 de amostras de suabes nasofaríngeas, coletadas em final de novembro de 2020 e meados de março de 2021, a partir de um caso suspeito de reinfeção por SARS-CoV-2, sendo o resultado uma primeira infecção pela variante P.1 e a reinfeção dada pela variante P.2.

Os genomas sequenciados obtidos de um paciente residente na cidade de Campo Bom (RS), ambos com mais de >99% de cobertura, foram primeiramente analisados através da plataforma online *Pangolin*, e foram caracterizados como pertencentes as variantes P.1 e P.2, na primeira infecção e reinfeção, respectivamente. Após análise prévia, as sequências foram alinhadas com 98 genomas de SARS-CoV-2 brasileiras e sequências de referência de diferentes linhagens. Os resultados das análises filogenéticas corroboraram com a análise inicial. Além disso, as leituras de cada amostra foram comparadas com a sequência referência (NC_045512) e observou-se mutações de aminoácidos já descritas anteriormente. Outras mutações não descritas foram destacadas em vermelho na Figura 01.

| P.1 | P.2 |
|-----------------------|-----------------------|
| LMM 38991/2020 | LMM 50731/2021 |
| aa:ORF1ab:I1091K | aa:ORF1ab:D2801E |
| aa:ORF1ab:P1096A | aa:ORF1ab:V2862M |
| aa:ORF1ab:A1151P | aa:ORF1ab:F2864L |
| aa:ORF1ab:G1591R | aa:ORF1ab:V2865F |
| aa:ORF1ab:K1795Q | aa:ORF1ab:L3468V |
| aa:ORF1ab:P4715L | aa:ORF1ab:L3930F |
| aa:ORF1ab:E5665D | aa:ORF1ab:P4715L |
| del:11288:9 | aa:ORF1ab:N5419S |
| aa:S:L18F | aa:S:E484K |
| aa:S:T20N | aa:S:D614G |
| aa:S:P26S | aa:S:V1176F |
| aa:S:D138Y | aa:N:A119S |
| aa:S:R190S | aa:N:RG203KR |
| aa:S:K417T | aa:N:M234I |
| aa:S:E484K | |
| aa:S:N501Y | |
| aa:S:D614G | |
| aa:S:H655Y | |
| aa:S:T1027I | |
| aa:S:V1176F | |
| aa:ORF3a:S253P | |
| aa:ORF8:E92K | |
| aa:N:P80R | |
| aa:N:RG203KR | |

Figura 1: Mudança de aminoácidos encontradas nos genomas associados a este relato de reinfecção.

Até a presente data, sabe-se que as evidências apontam a origem da variante P.1 se deu mais provavelmente no norte do país, em data imediatamente progressa à relatada para a coleta da primeira amostra deste relato (30/11/2020). Não foi possível determinar a fonte exata de transmissão desta variante ao paciente analisado, pois até onde foi possível investigar este manteve contato com múltiplos outros indivíduos infectados nos dias anteriores à coleta de material. Considerando a data evidentemente precoce da detecção da variante P.1 no estado do RS, foram realizados estudos adicionais acerca da presença da referida variante em outras amostras da mesma região geográfica, apontando que se tratou naquele momento de um caso isolado e que a variante só se disseminou de forma intensa na mesma área a partir do final de janeiro. Dados pormenorizados da investigação e dos achados relevantes serão prestados em publicação já submetida, bem como as sequências genômicas foram disponibilizadas em bancos de dados internacionais.

Os pesquisadores responsáveis e a Rede Corona-ômica.BR MCTI enfatizam por este comunicado e os achados aqui descritos a relevância da ação continuada da vigilância genômica e investigações associadas no combate à Pandemia de COVID-19.