

Rede Corona-ômica.BR-MCTI informa possível nova variante da COVID-19 no interior de SP com mutação também encontrada na variante indiana

Publicado em 04/05/2021 14h57 Atualizado em 18/06/2021 15h48



A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-ômica.BR-MCTI, através do Instituto de Biotecnologia (IBTEC), Instituto de Biociências - UNESP Botucatu, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (IBILCE) - UNESP, São José do Rio Preto, do Laboratório de Pesquisa em Virologia da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto - FAMERP- e da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP Pirassununga (FZEA-USP), reporta a identificação de uma possível nova linhagem, relacionada à B.1.1.28, em amostras da região de Araraquara (DRS-3), que apresenta a **mutação L452R** na proteína S dos SARS-CoV-2.

Informamos que, de 148 amostras dessa região que foram tipificadas pelo nosso grupo, 118 foram da variante P1, 17 como P2/N9, 4 como B.1.1.7 e **9 como B.1.1.128 (nova variante)**. Isso ressalta a importância dessa nova variante que permanece em circulação onde predomina as variantes de preocupação (VOC).

A sequência de genoma completo de duas amostras coletadas em 24/03/2021 e 05/04/2021 na cidade de Porto Ferreira – SP, classificadas como B.1.1.28 pelo Pango lineages, apresentou a mutação L452R na proteína S. Devido à importância desta mutação, relacionada ao escape de anticorpos neutralizantes, estando a mesma presente nas variantes B.1.617 (Indiana), B.1.427 e B.1.429 (ambas da Califórnia), realizamos análises filogenéticas comparando com outras sequências da linhagem B.1.1.28, já depositadas no GISAID (Tabela 1). A análise revelou que as duas sequências de Porto Ferreira formam um grupo monofilético, com outras 17 sequências de cidades da mesma região (Figura 1), com alta sustentação de ramos. (Figura 2). Foram identificadas 13 mutações não-sinônimas e 5 sinônimas próprias do clado, sendo 4 na proteína S.

As substituições que definem o clado encontram-se descritas na Tabela 2. A formação de um grupo monofilético com alto suporte de ramo, a presença de mutações características e a circulação em determinada região geográfica são fatores que sugerem que se trata de uma nova linhagem descendente de B.1.1.28.

Com o intuito de rastrear a frequência dessa variante na região, realizamos investigação de 64 amostras das cidades dessa região geográfica via sequenciamento Sanger da região RBD da proteína S, onde se encontra a mutação L452R. Foram identificadas outras 7 amostras contendo esta mutação, sendo 6 de Porto Ferreira – SP e uma de Descalvado – SP. O genoma completo dessas amostras está sendo sequenciado e será depositado no GISAID.

É importante destacar que a sequência mais antiga depositada desta possível nova linhagem data de Fevereiro de 2021 sugerindo um surgimento recente. Observa-se também a circulação em regiões que apresentam predomínio da linhagem **P.1**.

Tabela 1. Informações das sequências que compõe o clado. Em negrito as sequências depositadas por este grupo.

Numero de acesso GISAID	Cidade	Depositante
EPI_ISL_1734841	Porto Ferreira	Rede Corona-ômica (IBTEC-UNESP)
EPI_ISL_1734875	Porto Ferreira	Rede Corona-ômica (IBTEC-UNESP)
EPI_ISL_1520132	Mococa	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1520133	Mococa	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1580269	Cesário Lange	Rede de Vigilância Genômica (Vigênômica)/UNESP
EPI_ISL_1625982	Itirapina	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1625983	Araras	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1795091	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795092	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795084	Tambaú	Instituto Butantan

EPI_ISL_1795085	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795086	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795413	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795087	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795088	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795089	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795090	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795401	Rio Claro	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795412	Sumaré	Instituto Butantan

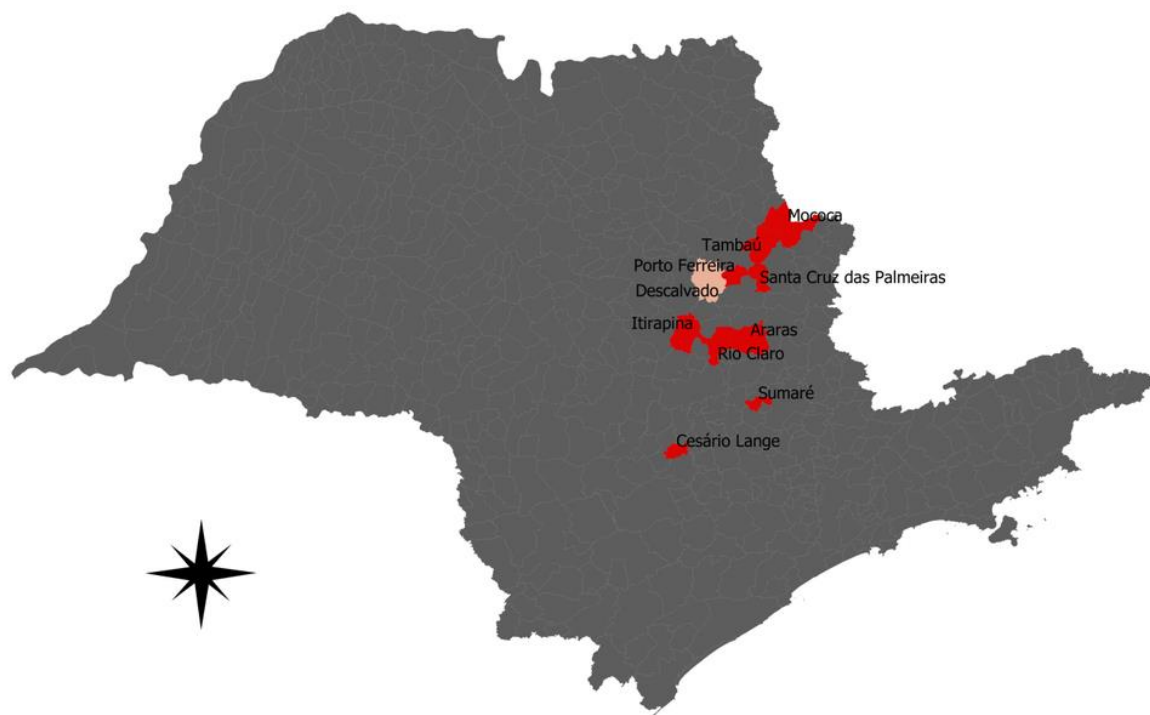


Figura 1. : Mapa das cidades onde possível nova variante foi identificada. Vermelho – Cidades com sequências de genoma completo (19 amostras) . Bege – Cidade com sequenciamento da região RBD da proteína Spike (6 amostras)

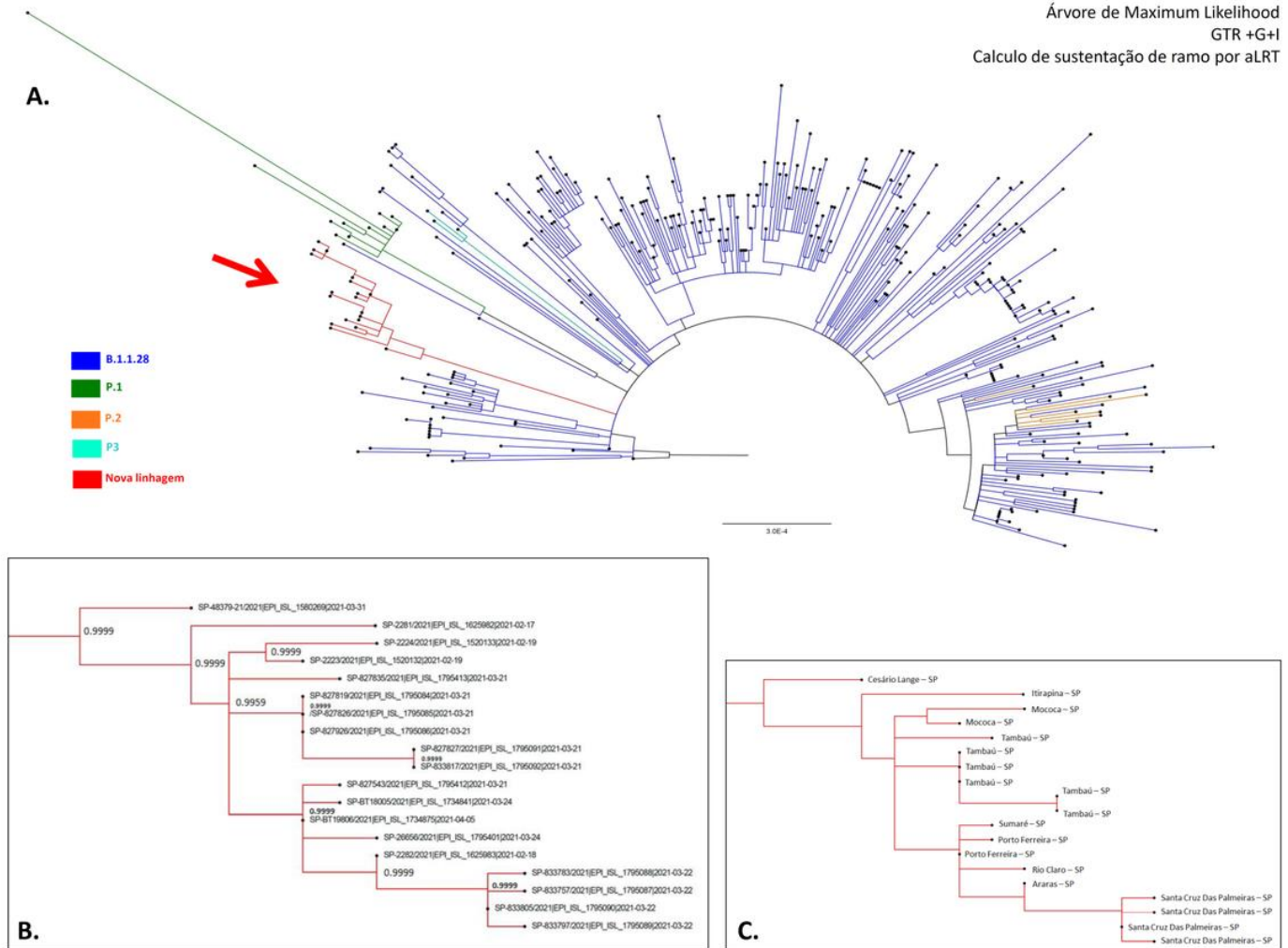


Figura 1. **A.** Árvore filogenética de Maximum Likelihood reconstruída com base em um dataset de 337 seqüências de genoma completo, incluindo B.1.1.28 e variantes descendentes (P.1, P.2, P.3). **B.** Detalhe do ramo da possível nova linhagem, apresentando a identificação das seqüências e o suporte de ramo (aLRT). **C.** Detalhe apresentando as cidades onde as amostras de cada ramo foram coletadas.

Tabela 2. Mutações compartilhadas pelas seqüências do clado (excluindo as já presentes na B.1.1.128 original) e a região genômica correspondente.

Região genômica	Nucleotídeo	Aminoácido
	A136G	-
ORF1a	G1811A	A516T
ORF1a	C3177T	P971L
ORF1a	C9693T	A3143V
ORF1a	T9867C	L3201P

ORF1a	C11450A	Q3729K
ORF1a	C12008T	L3915F
ORF1a	C12880T	-
ORF1b	A15932G	Y822C
ORF1b	G18756T	-
ORF1b	C20436T*	-
S	G21987T	G142V
S	C22079A*	Q173K
S	T22917G	L452R
S	A23720G**	I720V
ORF3a	G25540A	V50I
	A28271C	-
N	C28932T	A220V

* Não estão presentes na sequência de Cesário Lange

** Não está presente na sequência de Itirapina

Informamos que envidaremos esforços para rastreamos o surgimento dessa nova variante em amostras armazenadas da região e analisarmos dados epidemiológicos para determinação da sua possível origem para posterior publicação.

Devido à presença da mutação L452R, que é motivo de preocupação mundial, recomendamos às autoridades responsáveis que medidas sejam adotadas com urgência para evitar a dispersão desta possível nova linhagem para outras localidades.