

Rede Corona-ômica-MCTI conclui estudo que analisou a estimativa da frequência de variantes de SARS-CoV-2 no estado de Minas Gerais

Publicado em 14/06/2021 21h27 Atualizado em 14/06/2021 21h37



A Rede Vírus-MCTI comunica que a Rede Corona-ômica BR-MCTI, através do Laboratório de Biologia Integrativa (LBI-UFMG), CT-Vacinas (CTV-UFMG) e Laboratório de Vírus (LV-UFMG) todos membros da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) e membros da Rede, em colaboração com a Fundação Ezequiel Dias (FUNED), Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais (SES-MG), Núcleo de Ações e Pesquisa em Apoio Diagnóstico da UFMG (NUPAD-UFMG), Laboratório Municipal de Biologia Molecular da Prefeitura de Belo Horizonte (LMBM-PBH), Laboratório de Vírus da Universidade Federal de Viçosa (LV-UFV), Laboratório Institucional de Pesquisa em Biomarcadores da UFMG (LINBIO-UFMG) e o Laboratório de Referência da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (LR-UFVJM), concluiu estudo de estimativa da frequência de variantes de SARS-CoV-2 no estado de Minas Gerais.

A amostragem foi realizada por conglomerados definidos pelas 28 Unidades Regionais de Saúde (URS) caracterizadas pela SES-MG, ou seja, o estudo foi planejado para que todas as 28 URS fossem representadas. O cálculo amostral considerou a densidade populacional de cada regional. Dos 853 municípios do Estado, 282 (33,06%) foram amostrados. No total foram caracterizadas 1198 amostras o que possibilita a detecção de variantes circulantes com frequência superior a 0,5% (European Centre for Disease Prevention and Control, 2021) uma vez que amostras tipadas que não se enquadraram no perfil de mutação das variantes alfa (B.1.1.7), gama (P.1), zeta (P.2) serão submetidas ao sequenciamento de genoma completo. Destas 1198, 1111 (92,74%) amostras foram caracterizadas por genotipagem com primers específicos desenhados no LBI-UFMG para as mutações K417T, E484K e N501Y do SARS-CoV-2 em amostras obtidas no Estado de Minas Gerais (Geddes e cols, 2021), 75 (6,26%) utilizando sequenciamento de Sanger

de um fragmento do gene viral S com primers previamente descritos (Tyson e cols., 2020) e 12 (1,00%) por sequenciamento de genoma completo. As amostras caracterizadas possuíam Ct menor que 30 e foram obtidas aleatoriamente de nove laboratórios de diagnóstico que atuam como Laboratórios de Referência para o diagnóstico da Covid-19 na rede pública do Estado de Minas Gerais (Figura 1). As datas de coleta foram de 01 de março de 2021 até 12 de abril de 2021.

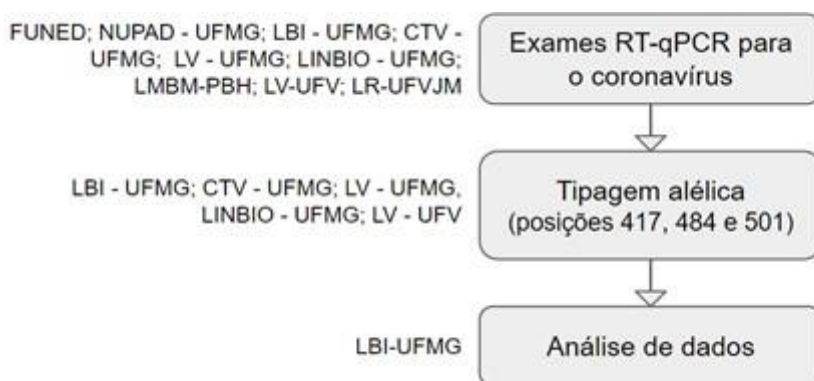


Figura 1: Fluxo do trabalho executado.

Com 74,12%, a variante mais frequente no Estado de Minas Gerais foi a gama (P.1) sendo que esta atingiu 100% das amostras nas URS Patos de Minas e URS Uberlândia eram da variante gama (P.1) (Tabela 1). Por outro lado, as URS Teófilo Otoni e URS Pedra Azul apresentaram as menores frequências desta variante no Estado com 23,68% e 30,30%, respectivamente. Os resultados ainda indicam que as variantes de preocupação alfa (B.1.1.7) e gama (P.1) juntamente com a variante de interesse zeta (P.2) respondem por quase 98% das amostras analisadas.

Unidade Regional De Saúde	Amostras n	Gama (P.1) n (%)	Zeta (P.2)* n (%)	Alfa (B.1.1.7) n (%)	Outras n (%)
Alfenas	33	27 (81,82%)	2 (6,06%)	0 (0,00%)	4 (12,12%)
Barbacena	34	23 (67,65%)	7 (20,59%)	4 (11,76%)	0 (0,00%)
Belo Horizonte	155	120 (77,42%)	19 (12,26%)	14 (9,03%)	2 (1,29%)
Coronel Fabriciano	47	18 (38,30%)	3 (6,38%)	25 (53,19%)	1 (2,13%)
Diamantina	77	44 (57,14%)	29 (37,66%)	3 (3,90%)	1 (1,30%)

Divinópolis	45	37 (82,22%)	4 (8,89%)	4 (8,89%)	0 (0,00%)
Governador Valadares	39	32 (82,05%)	3 (7,69%)	4 (10,26%)	0 (0,00%)
Itabira	38	30 (78,95%)	1 (2,63%)	7 (18,42%)	0 (0,00%)
Ituiutaba	24	22 (91,67%)	0 (0,00%)	1 (4,17%)	1 (4,17%)
Januária	38	35 (92,11%)	1 (2,63%)	0 (0,00%)	2 (5,26%)
Juiz De Fora	15	14 (93,33%)	0 (0,00%)	1 (6,67%)	0 (0,00%)
Leopoldina	20	16 (80,00%)	3 (15,00%)	1 (5,00%)	0 (0,00%)
Manhuaçu	42	19 (45,24%)	10 (23,81%)	12 (28,57%)	1 (2,38%)
Montes Claros	74	63 (85,14%)	8 (10,81%)	2 (2,70%)	1 (1,35%)
Passos	27	21 (77,78%)	3 (11,11%)	1 (3,70%)	2 (7,41%)
Patos De Minas	13	13 (100,00%)	0 (0,00%)	0 (0,00%)	0 (0,00%)
Pedra Azul	33	10 (30,30%)	18 (54,55%)	4 (12,12%)	1 (3,03%)

Pirapora	23	22 (95,65%)	0 (0,00%)	0 (0,00%)	1 (4,35%)
Ponte Nova	52	45 (86,54%)	3 (5,77%)	3 (5,77%)	1 (1,92%)
Pouso Alegre	69	53 (76,81%)	13 (18,84%)	1 (1,45%)	2 (2,90%)
São João Del Rei	30	22 (73,33%)	1 (3,33%)	6 (20,00%)	1 (3,33%)
Sete Lagoas	53	41 (77,36%)	2 (3,77%)	10 (18,87%)	0 (0,00%)
Teófilo Otoni	38	9 (23,68%)	8 (21,05%)	20 (52,63%)	1 (2,63%)
Ubá	29	15 (51,72%)	12 (41,38%)	1 (3,45%)	1 (3,45%)
Uberaba	54	47 (87,04%)	5 (9,26%)	1 (1,85%)	1 (1,85%)
Uberlândia	31	31 (100,00%)	0 (0,00%)	0 (0,00%)	0 (0,00%)
Unaí	19	18 (94,74%)	1 (5,26%)	0 (0,00%)	0 (0,00%)
Varginha	46	41 (89,13%)	2 (4,35%)	1 (2,17%)	2 (4,35%)
Total	1198	888 (74,12%)	158 (13,19%)	126 (10,52%)	26 (2,17%)

Tabela 1: Distribuição das variantes analisadas nas 28 Unidades Regionais de Saúde. * As amostras classificadas como zeta (P.2) foram testadas para a mutação G1264T da ORF1a descritas na linhagem N.9 (Resende e cols., 2021).

A distribuição espacial indica uma difusão da variante gama (P.1) por quase todo o Estado com frequência superior a 50% com alguns *clusters* das variantes zeta (P.2) e alfa (B.1.1.7) (Figura 2). Observa-se ainda a baixa frequência das amostras classificadas como outras variantes e a homogeneidade das frequências destas ao longo do território estadual.

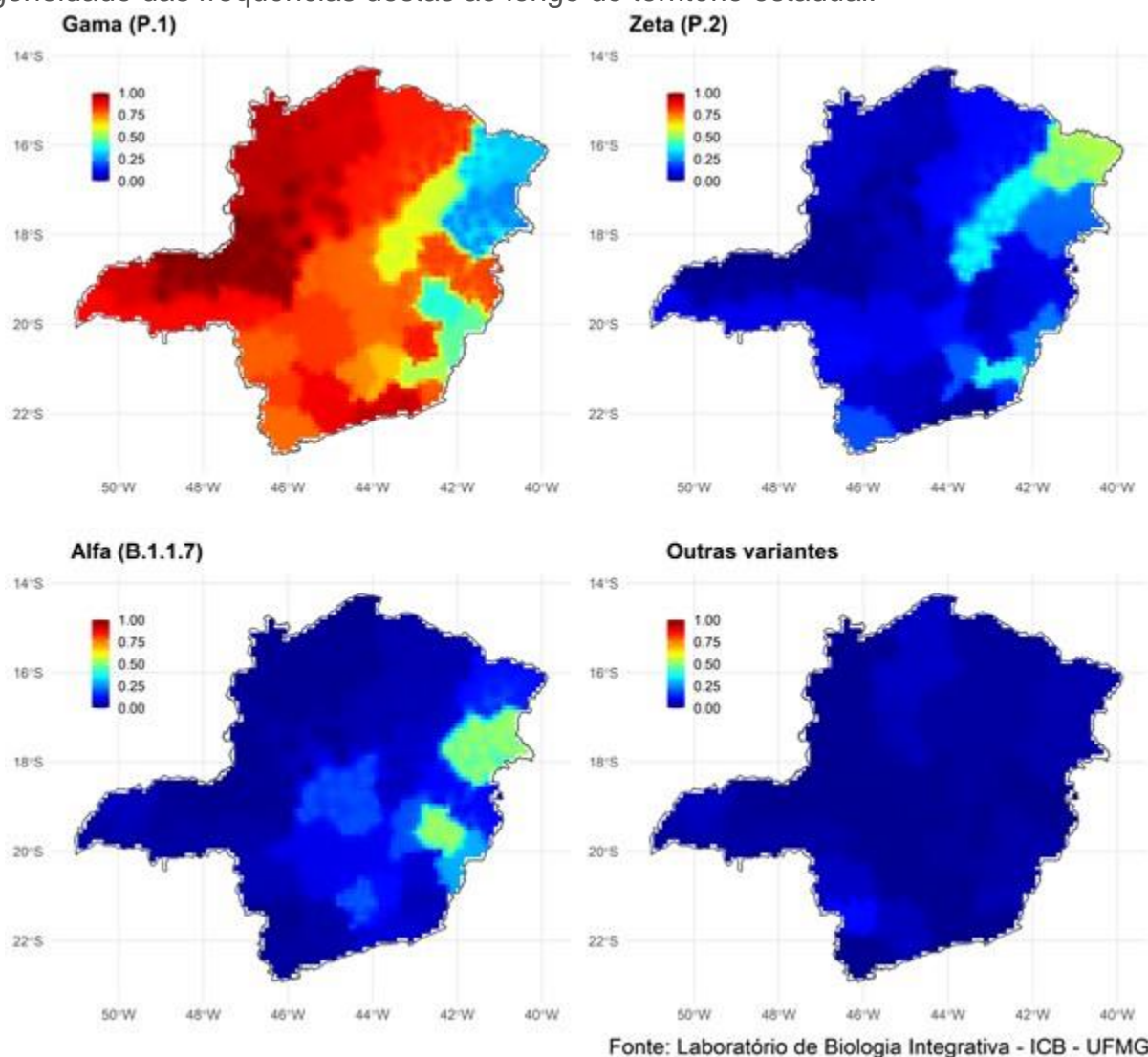


Figura 2: Distribuição espacial das variantes caracterizadas.

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. Trata-se de um estudo em andamento e as amostras classificadas como “outras variantes” serão sequenciadas o genoma completo.

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.

Referências bibliográficas:

European Centre For Disease Prevention And Control. Sequencing of SARS-CoV-2: first update. Stockholm: ECDC, 2021. Disponível em: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Sequencing-of-SARS-CoV-2-first-update.pdf>. Acesso em: 13 jun. 2021

Geddes V e cols. A novel RT-qPCR assay for detection of SARS-CoV-2 variants based on RhAmp technology (IDT technologies): Protocols.io, 2021. Disponível em: <https://www.protocols.io/view/a-novel-rt-qpcr-assay-for-detection-of-sars-cov-2-buf2ntqe>. Acesso em: 13 jun. 2021

Resende P e cols., A potential SARS-CoV-2 variant of interest (VOI) harboring mutation E484K in the Spike protein was identified within lineage B.1.1.33 circulating in Brazil: Virological, 2021. Disponível em: <https://virological.org/t/a-potential-sars-cov-2-variant-of-interest-voi-harboring-mutation-e484k-in-the-spike-protein-was-identified-within-lineage-b-1-1-33-circulating-in-brazil/645>

Tyson, JR e cols., Improvements to the ARTIC multiplex PCR method for SARS-CoV-2 genome sequencing using nanopore. bioRxiv (2020) doi:10.1101/2020.09.04.283077.