

# Rede Corona-Ômica BR-MCTI identifica possível nova variante de SARS-CoV-2 emergente no Estado do Rio Grande do Sul

Publicado em 05/07/2021 15h55 Atualizado em 05/07/2021 15h56



A Rede Vírus-MCTI comunica que a Rede Corona-Ômica BR-MCTI, através do Laboratório de Microbiologia Molecular (LMM), Universidade FEEVALE, Novo Hamburgo, Rio Grande do Sul (RS), sequenciou 26 genomas de SARS-CoV-2 de amostras de suabe nasofaríngeo, coletadas entre final de abril de metade de junho de 2021. Do total de amostras, 20 são provenientes de viajantes que cruzavam a fronteira entre a Argentina e o RS, na cidade de Uruguaiana; quatro oriundas da Secretaria Municipal da Saúde de Porto Alegre (SMS) e duas que foram recebidas no próprio laboratório. As amostras foram selecionadas para o sequenciamento de alto desempenho através da plataforma Illumina MiSeq.

As sequências consenso dos 26 genomas completos, apresentando mais de 98% de cobertura, foram primeiramente submetidas a plataforma *online* Pangolin (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>) e caracterizadas como pertencentes a linhagem V.O.I B.1.1.28. No entanto, por tratar-se de uma linhagem atualmente pouco detectada, a análise de “*variant calling*” foi empregada nos arquivos FASTQ, com o objetivo de analisar possíveis novas mutações, em menor frequência. Como resultado, além das mutações características de B.1.1.28 (ORF1ab: L3930F e P4715L, proteína S: D614G e V1176F e proteína N: RG203KR), oito mutações não-sinônimas adicionais foram identificadas na ORF1ab (Q3777H, M3934I, Q3998R, L4182F, E4572D, RV4573QI, Q4576K, Y5601I), sete em S (G232A, I233L, N234P, N234K, T236S, V362E, E471Q), duas em N (P13L, D63E) e uma na ORF8 (A65S). Baseado nessas análises é possível que uma provável nova variante P.X tenha sido detectada, e que sua emergência esteja sendo observada em tempo real, em razão da metodologia aplicada.

Dentre as mutações adicionais observadas, seis chamaram atenção devido a frequência total em que apareceram nas amostras e que parecem ser assinaturas da provável nova variante P.X

emergente, especialmente N234P e E471Q, na proteína S, e, M3934I e L4182F, na ORF1ab. É importante salientar que as mutações características de P.1 e P.2 não foram encontradas em nenhum dos genomas gerados neste estudo. Os resultados completos podem ser observados na Tabela 1.

Foi realizado, também, o alinhamento e a árvore filogenética dos 26 genomas completos, com sequências representativas de outras linhagens, assim como a sequência referência de Wuhan (hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019). A filogenia (*Maximum Likelihood*, GTR+I, 1000 *bootstraps*) foi realizada através da plataforma online *IQtree* v2.1.2, e mostrou que as sequências claramente agrupam-se em um clado separado das demais, corroborando os resultados anteriores de uma provável nova variante em emergência, mais relacionada à B.1.1.28 (Figura 1).

A constante descoberta de novos genomas e possíveis novas linhagens, assim como o monitoramento de novas mutações são de especial relevância, considerando o impacto causado por outras linhagens como B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1, e B.1.617.2 (Delta), no Reino Unido, África do Sul, Brasil e Índia, respectivamente. 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.

Gene	Mutação	Frequência Mínima	Frequência Máxima	Frequência Total
ORF1a b	Q3777H	25.90%	78.40%	7/26
	<b>L3930F*</b>	87.10%	99.80%	26/26
	M3934I	28.90%	66.70%	23/26
	Q3998R	25.00%	36.40%	5/26
	<b>L4182F</b>	31.80%	84.70%	26/26
	E4572D	26.00%	35.00%	7/26
	RV4573QI	35.40%	50.40%	8/26
	Q4576K	26.60%	40.50%	5/26
	<b>P4715L*</b>	92.90%	100.00%	13/26
	Y5601I	35.20%	69.20%	5/26
S	G232A	39.00%	98.10%	7/26
	I233L	36.30%	87.40%	9/26
	<b>N234P</b>	30.00%	78.10%	13/26
	N234K	28.00%	56.00%	5/26
	<b>T236S</b>	27.80%	75.20%	17/26
	V362E	14.00%	35.10%	7/26
	E471Q	26.80%	70.80%	22/26
	<b>D614G*</b>	86.80%	100.00%	23/26
<b>V1176F*</b>	87.30%	100.00%	26/26	
ORF8	A65S	25.20%	47.10%	7/26
N	<b>P13L</b>	26.70%	83.70%	25/26
	D63E	26.80%	54.90%	8/26
	<b>RG203KR*</b>	87.00%	100.00%	26/26

\*Mutações características de B.1.1.28.

Em verde: possíveis mutações características da nova variante P.X.

Tabela 1. Análise de “variant calling” realizada nos arquivos de reads (FASTQ). As frequências máximas e mínimas representam o maior e menor percentual em que uma mutação foi detectada em uma dada amostra. A frequência total representa o total de amostras em que uma mutação foi detectada em uma dada amostra. A frequência total representa o total de amostras em que uma dada mutação foi identificada.

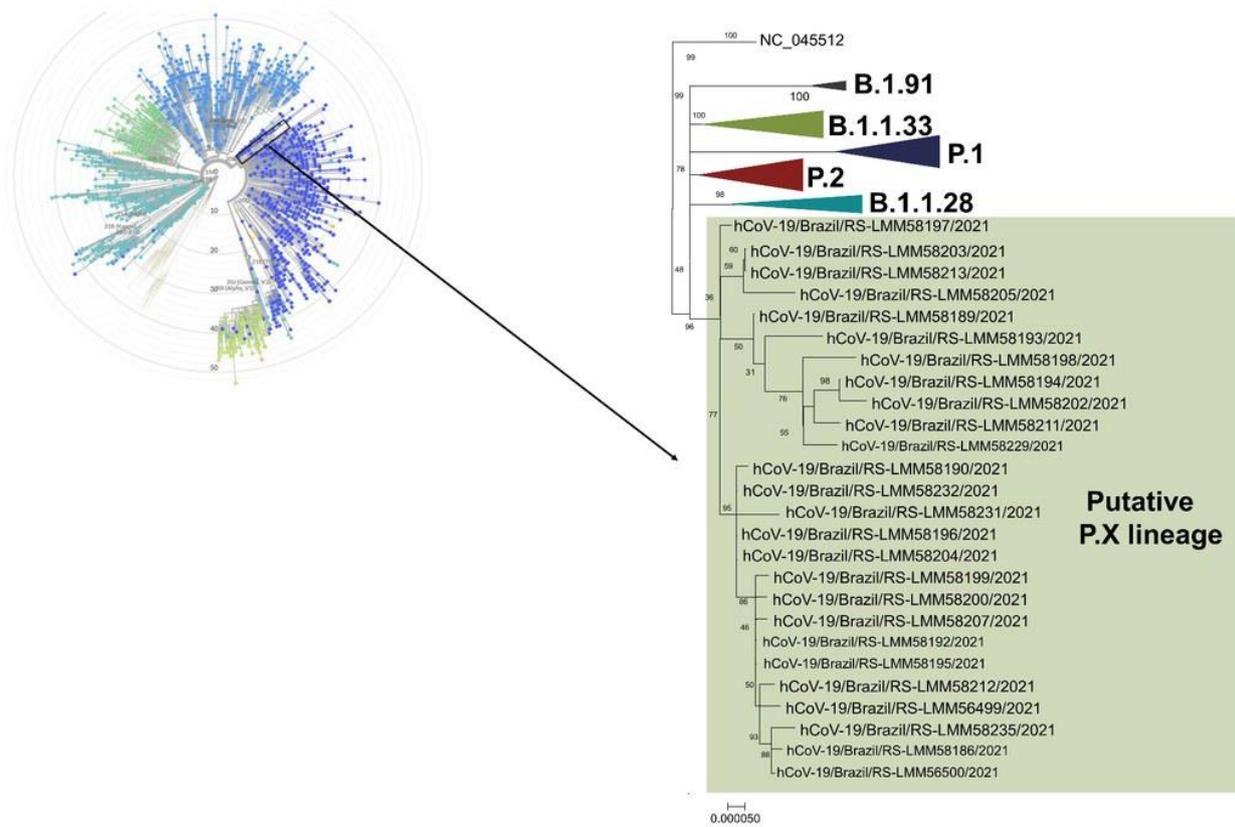


Figura 2. Análise filogenética do genoma completo de SARS-CoV-2. Na esquerda, uma filogenia global gerada pela plataforma online Nextclade. Na direita, análise filogenética Maximum Likelihood, GTR+I, 1000 bootstraps, gerada no servidor online IQ-TREE v.2.1.2. Marcadas na caixa verde, as sequências geradas neste estudo.