

# RedeVírus-MCTI detecta variante Delta do novo coronavírus na cidade de Belo Horizonte/MG

Publicado em 27/07/2021 16h34



A Rede Vírus-MCTI comunica que a Rede Corona-Ômica BR-MCTI, através do Laboratório de Biologia Integrativa da Universidade Federal de Minas Gerais (LBI-UFMG), em colaboração com a Secretaria Municipal de Saúde da Prefeitura de Belo Horizonte, realizou a caracterização de variantes do SARS-CoV-2 por genotipagem em 435 amostras provenientes do Laboratório Municipal de Biologia Molecular da Prefeitura de Belo Horizonte no âmbito do projeto "Observatório de Vigilância Genômica de Belo Horizonte (OVigen-BH)".

As amostras caracterizadas foram coletadas em Belo Horizonte, Minas Gerais, durante os meses de janeiro (n = 55), fevereiro (n = 67), março (n = 90), abril (n = 95), maio (n = 102) e julho (n = 13) de 2021 (Tabela 1). As genotipagens foram realizadas com primers específicos desenhados pela equipe do LBI-UFMG para as mutações K417T, E484K e N501Y do SARS-CoV-2 (Geddes e cols, 2021).

Mês	Total	Gama (P.1)	Zeta (P.2)	Alfa (B.1.1.7)
Janeiro	55	0	55	0
Fevereiro	79	34	41	4

Março	90	74	8	8
Abril	95	88	0	7
Maio	102	102	0	0

Tabela 1. Distribuição das variantes analisadas ao longo dos meses \* As amostras classificadas como zeta (P.2) foram testadas para a mutação G1264T da ORF1a descritas na linhagem N.9 (Resende e cols., 2021).

Os resultados indicam uma alternância entre as linhagens zeta (P.2) e gama (P.1) como linhagem mais predominante ao longo dos cinco primeiros meses deste ano no município de Belo Horizonte (Figura 1).

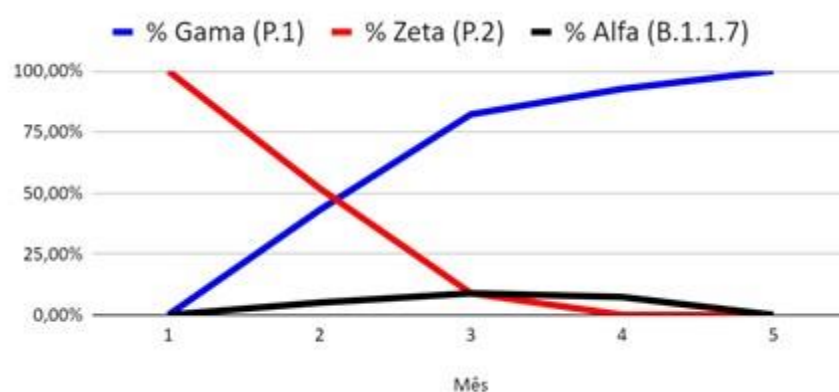


Figura 1. Frequência relativa das variantes ao longo dos cinco primeiros meses de 2021.

Todas as amostras de julho são pertencentes à semana epidemiológica 28 (data de coleta de 12 até 16 de julho de 2021) sendo 11 amostras enviadas para o monitoramento semanal e outras duas como suspeitas da variante delta (B.1.617.2). Cem por cento das amostras enviadas para o monitoramento semanal (n = 11) eram da variante gama.

**As duas amostras suspeitas (data de coleta 16 de julho de 2021) foram confirmadas como variante delta (B.1.617.2) por sequenciamento de nova geração.**

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.

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

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>