

RedeVírus-MCTI avalia a circulação de diferentes variantes de SARS-COV2 no estado de Tocantins

Publicado em 18/08/2021 11h57 Atualizado em 18/08/2021 15h28



A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, através do Laboratório de Bioinformática & Biotecnologia (Labinftec) da Universidade Federal do Tocantins (UFT) em colaboração com o Laboratório Central de Saúde Pública do Tocantins (LACEN-TO) identificou e sequenciou 36 genomas de SARS-CoV-2 de amostras coletadas em 15 cidades do estado do Tocantins (Tabela 1).

Informamos que, de 36 amostras sequenciadas nessa região, 25 (69,4% das amostras sequenciadas) foram classificadas como P.1.7 pelo *Pango Lineages*, 10 (27,8%) como P.1 e apenas uma amostra como P.1.2 (2,8%). A variante P.1.7 representa cerca de 48% dos genomas sequenciados no Brasil e apresenta 20 mutações não-sinônimas, ou seja, com substituições de aminoácidos. Sendo 13 dessas mutações localizadas no gene S (L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, P681H, T1027I, V1176F) (P.1.7 Lineage Report). Ressaltamos também que identificamos nesses genomas 47 mutações do tipo SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único) e uma mutação do tipo InDel (Inserção-Deleção). Dentre os 47 SNPs identificados, 44 SNPs estão localizados em regiões codificantes do genoma viral, dois SNPs na região 5'UTR (C241T e G256A) e um SNP na região 3'UTR (C29750T). Dessas, 15 mutações na região codificante foram caracterizadas como sinônimas ou silenciosas e 29 foram preditas com substituições de aminoácidos. Dentre essas 29 substituições, 44,8% são localizadas no gene spike (sendo 13 mutações pontuais: L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, P681H, T1027I, V1176F). A ORF1ab que compreende aproximadamente 67% do genoma e codifica 16 proteínas não-estruturais apresentou um total de 7 mutações com substituições de aminoácidos (S1188L, K1795Q, S2015I, V2061I, P4715L, E5665D, T6566M). Seis substituições de aminoácidos foram encontradas no gene N (P80R, S202C, S202T, R203K,

G204R e Q409R). Duas substituições de aminoácidos foram encontradas na ORF3a (T223I e S253P) e apenas uma substituição na ORF8 (E92K).

Desta forma, recomendamos que as providências cabíveis sejam tomadas pelos órgãos estaduais e federais competentes e agradecemos a colaboração com o Laboratório Central de Saúde Pública do Tocantins (LACEN-TO) na obtenção dos presentes resultados.

Tabela 1. Data de sequenciamento, localidade e variante identificada nas 36 amostras provenientes de 15 cidades do estado do Tocantins.

Data de Sequenciamento	Cidade	N	Pango Lineage
06/08/2021	Araguaína	8	P.1.7
06/08/2021	Aurora do Tocantins	1	P.1.7
06/08/2021	Combinado	4	P.1.7
06/08/2021	Conceição do Tocantins	1	P.1.7
06/08/2021	Dois Irmãos do Tocantins	1	P.1
06/08/2021	Filadélfia	1	P.1
06/08/2021	Formoso do Araguaia	1	P.1.7
06/08/2021	Gurupi	3	P.1.7
06/08/2021	Lagoa da Confusão	2	P.1

06/08/2021	Miracema	1	P.1.7
		3	P.1
06/08/2021	Palmas	4	P.1.7
06/08/2021	Paraiso do Tocantins	1	P.1.7
06/08/2021	Porto Nacional	1	P.1.2
06/08/2021	Rio Sono	1	P.1
06/08/2021	Santa Maria do Tocantins	1	P.1.7

A EQUIPE

Universidade Federal do Tocantins (UFT)

Fabrcio Souza Campos

Ueric Jose Borges de Souza

Raissa Nunes dos Santos

Laboratrio Central de Sade Pblica do Tocantins (LACEN-TO)

Jucimria Dantas Galvo

Sirlene Borges Damasceno

Tereza Cristina Vieira de Rezende

REFERNCIAS

P.1.7 Lineage Report. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G. Andersen, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes, and the Center for Viral Systems Biology. outbreak.info, (available at <https://outbreak.info/situation-reports?pango=P.1.7>). Accessed 9 August 2021.