

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

Publicado em 18/08/2021 12h06 Atualizado em 18/08/2021 16h29



INFORME N. 23 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, através do Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale, identificou e sequenciou 86 genomas completos de SARS-CoV-2 de amostras coletadas em 12 cidades do estado do Rio Grande do Sul e de amostras coletadas de viajantes coletadas no Aeroporto Salgado Filho, em colaboração com a Secretaria Municipal da Saúde de Porto Alegre. Foram incluídas amostras dos municípios de Alvorada (1), Campo Bom (3), Canoas (31), Estância Velha (1), Esteio (1), Garibaldi (16), Minas do Leão (1), Novo Hamburgo (14), Porto Alegre (11), além de viajantes de outros estados. A idade dos pacientes variou de 10 a 93 anos. Cinquenta e uma amostras eram de pacientes do sexo feminino.

Foram analisadas amostras tomadas de 15/06/2021 a 09/08/2021. A análise geral revelou uma predominância de amostras da variante Gamma (20J, V3, 75,29%) contra 25,88% da variante Delta (21A) conforme a ferramenta *Nextclade*. A análise pormenorizada utilizando a ferramenta *Pangolin* na sua versão 3.1.11, revelou a seguinte distribuição em linhagens: P.1, 56 amostras; P.1.7, 5 amostras; P.2, 2 amostras; P.1.8, uma amostra. Já no clado da variante Delta, foram observadas 12 amostras na linhagem B.1.617.2; 9 amostras de AY.4, uma amostra de AY.12.

Dentre os fatos mais relevantes, destacamos:

- o achado de 2 casos da linhagem B.1.617.2 a partir de amostras coletadas em 17/06/2021 no município de Garibaldi/RS, ainda antes das primeiras notificações da variante Delta no estado do RS;
- das 11 amostras coletadas na segunda quinzena de junho, 4 foram positivas para a variante Delta (36,66%) e 7 para a variante Gamma;
- das 65 amostras analisadas coletadas no mês de julho, 13 (20%) foram classificadas como variante Delta, contra as 52 amostras restantes da variante Gamma e seus ramos derivados;
- das 10 amostras mais recentes, coletadas no mês de agosto, 5 amostras (50%) pertencem à variante Delta.
- dentre as amostras analisadas, 8 eram provenientes de viajantes cujos suabes nasais foram coletados no Aeroporto Salgado Filho, na chegada a Porto Alegre. Seis das amostras foram positivas para a variante Gamma (P.1), uma para a linhagem derivada P.1.7 e outra amostra, de uma passageira oriunda do Rio de Janeiro, positiva para a linhagem AY.4 derivada da variante Delta.
- a variante Delta e linhagens derivadas desta foram encontradas em pacientes coletados nos municípios de Canoas, Estância Velha, Garibaldi, Novo Hamburgo e Porto Alegre.
- apenas seis das 86 amostras eram oriundas de indivíduos vacinados, estando envolvidas nestes casos as linhagens AY.12, B.1.617.2 (Delta), P.1.7 e P.1 (Gamma).

Os dados corroboram portanto os achados recentes encontrados em outros estados brasileiros de uma continuada evolução e diversificação da variante Gamma, bem como de uma ocorrência crescente da variante Delta. Ressaltamos que a vigilância constante da circulação e distribuição relativa das diferentes variantes é uma ferramenta importante para o enfrentamento da pandemia. Informamos ainda que os genomas obtidos no presente estudo devem ser depositados em bases internacionais nos próximos dias.