

RedeVírus-MCTI informa sobre a detecção de circulação da variante B.1.621, recentemente isolada na Colômbia.

Publicado em 20/08/2021 19h30

INFORME N. 24 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, por meio do CT-Vacinas da Universidade Federal de Minas Gerais, em parceria com a Funed, tem buscado a caracterização de variantes do SARS-CoV-2 utilizando a metodologia de Sanger. O sequenciamento de amplicons de 1006 pb e de 393 pb correspondentes à duas regiões da proteína Spike contendo a sequência ligante do receptor celular (RBD) permite a identificação de mutações específicas presentes em variantes circulantes em vários países e que resultam nas mudanças de aminoácidos como mostrado na Tabela 1.

O sequenciamento de cinco amostras de swab nasofaríngeo positivas no teste de RT-PCR, proveniente de indivíduos das cidades de Virginópolis (3) e Guanhães (2), Minas Gerais e coletadas/enviadas para testagem entre os dias 13 de julho e 5 de agosto, revelou a presença das mutações R346K, E484K, N501Y, D614G e P681H, identificadas na variante B.1.621, uma VOI recentemente isolada na Colômbia.

Recomendamos, portanto que as providências cabíveis sejam tomadas pelos órgãos estaduais e federais competentes no controle da dispersão das variantes do SARSCoV-2 em território brasileiro e agradecemos a colaboração dos laboratórios envolvidos.

Tabela 1: Alterações de aminoácidos presentes nos fragmentos amplificados, em comparação com a sequência de aminoácidos da porção RBD presente na linhagem originalmente isolada em Wuhan.

Variante	Mutações nos fragmentos amplificado
P.1 – Gamma (Manaus)	K417T
	E484K
	N501Y
	D614G
B.1.1.77 – Alpha (Inglaterra)	N501Y

A570D

D614G

K417N

E484K

B.1.351- Beta
(Africa do Sul)

N501Y

D614G

L452R

T478K

B.1.617.2 – Delta
(India)

D614G

P681R

R346K

E484K

B.1.621
(Colombia)

N501Y

D614G

P681H
