

# Monitoramento de diferentes variantes de SARS-CoV2 no Estado do Rio Grande do Sul

Publicado em 26/08/2021 10h00

A Rede Vírus MCTI através da Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, dando continuidade aos esforços de vigilância genômica nas regiões Metropolitana de Porto Alegre, Vale do Sinos e Serra Gaúcha, informa que Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale, realizou nova rodada de sequenciamento completo de 29 genomas de SARS-CoV-2 de amostras escolhidas de forma aleatória a partir de material colhido nos municípios de Campo Bom (4 amostras no total), Canoas (3 amostras), Garibaldi (17 amostras) e Novo Hamburgo (5 amostras). O material incluído para análise foi coletado entre 24/07/2021 e 13/8/2021. A idade dos pacientes variou de 14 a 86 anos, sendo a mediana de 31 anos. Havia 14 indivíduos do sexo masculino.

A análise geral para todo o período revelou 13 amostras classificadas como variante Gamma (20J, V3, contra 16 casos 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, 9 amostras; P.1.1, 3 amostras; P.1.8, 1 amostra. Já no clado da variante Delta, foram observadas 9 amostras na linhagem B.1.617.2; 1 amostra de AY.4, 6 amostras de AY.6.

Dentre os fatos mais relevantes, destacamos:

- o achado de 2 casos da variante Delta no município de Campo Bom em material coletado no dia 11 de agosto último, além casos adicionais desta mesma variante para os demais municípios ;

- das 10 amostras coletadas entre os dias 24 de julho e 1º de agosto, 4 foram positivas para a variante Delta (40%) enquanto nas amostras analisadas no período entre 6 e 13 de agosto esta taxa se elevou para 63,15% (12/19 amostras), ratificando a tendência de alta já observada pela Rede Corona-Ômica.BR-MCTI para a região.

Os resultados complementam trabalhos recentes realizados na região e os dados estão sendo compartilhados com as autoridades sanitárias. Reforçamos que a vigilância da circulação e distribuição relativa das variantes do SARS-CoV-2 é uma ferramenta importante para o combate à pandemia de COVID-19. Informamos ainda que os genomas obtidos no presente estudo serão depositados em bases internacionais nos próximos dias.

**Rede Corona-Ômica.BR-MCTI**