

Brasília, 10 de novembro de 2021

INFORME Nº 41 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

Informe vigilância Genômica - Detecção de Variante de SARS-CoV2 em RS

Um total de 94 amostras (Tabela 1) de SARS-CoV-2 foram submetidas ao sequenciamento genômico através da plataforma Illumina MiSeq no Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale, pólo da Rede Corona-ômica.BR-MCTI. As amostras foram coletadas entre início de setembro e final de outubro de 2021, a partir de pacientes provenientes das cidades de Alvorada (2), Bagé (1), Camaquã (1), Campo Bom (6), Canoas (10), Estância Velha (5), Garibaldi (9), Novo Hamburgo (20), Pelotas (1), Piratini (1), Porto Alegre (14), Putinga (1), Santa Cruz do Sul (20), São Sebastião do Caí (1), Tapes (1), Triunfo (1), Viamão (1). O trabalho foi realizado em parceria com secretarias municipais da saúde, hospitais e a Universidade de Santa Cruz do Sul.

Os genomas sequenciados foram primeiramente analisados através da plataforma online *Pangolin* (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>), e caracterizados como pertencentes às linhagens Delta (B.1.617.2, AY.33, AY.43, AY.44, AY.45 e AY.46), Gamma (P.1, P.1.17) e B (B, B.1). Das 94 amostras, 53 foram parcialmente classificadas, sendo previamente caracterizadas como AY.33-like, AY.43-like, AY.44-like, AY.45-like e AY.46-like. Tais sequências foram classificadas pela ferramenta *Nextclade* (<https://clades.nextstrain.org/>) como pertencentes à VOC Delta, mesmo apresentando algumas mutações diversas do padrão das amostras mais similares dentre as ramificações de Delta já classificadas, como por exemplo. Dados mais completos podem ser observadas na Tabela 1. Tais resultados apontam para a constante evolução do SARS-CoV-2 e remetem à necessidade de uma constante vigilância genômica. Também é notável a presença importante da variante AY.43, que recentemente tem se tornado foco de atenção pela sua rápida expansão no Reino Unido.

Tabela 1. Quadro de mutações na região do gene S. As células preenchidas por cores refletem a presença de mutação. As que não possuem indicação de proporção sobre o total das amostras, indicam 100% de frequência. As células brancas representam a ausência de mutação em relação à sequência genômica de referência.

	B.1.1.617.2	AY.33	AY.33-like	AY.43	AY.43-like	AY.45	AY.45-like	AY.44-like	AY.46-like
L5F	1/7			1/29					
T19R									
L54F	1/7								
T95I	2/7								
G142D	3/7								
L452R									
R158G	3/7								
T478K									
D614G									
P681R	3/6			20/29					
D950N				28/29					

As frequências correspondentes as VOC foram: 94,6% de Delta, 4,2% da variante Gamma. É interessante pontuar que, no sequenciamento anterior, a frequência da linhagem Gamma era ainda expressiva (25%); e Delta representava 75% das sequências analisadas. Esse acompanhamento permitiu observar que Gamma (P.1 e suas ramificações), a variante predominante e que gerou maior impacto no Brasil e no RS no primeiro semestre de 2021, foi praticamente substituída pela variante Delta no estado. Os dados temporais completos do sequenciamento de variantes de SARS-CoV-2 em 2021 pelo laboratório podem ser observados na Figura 1.

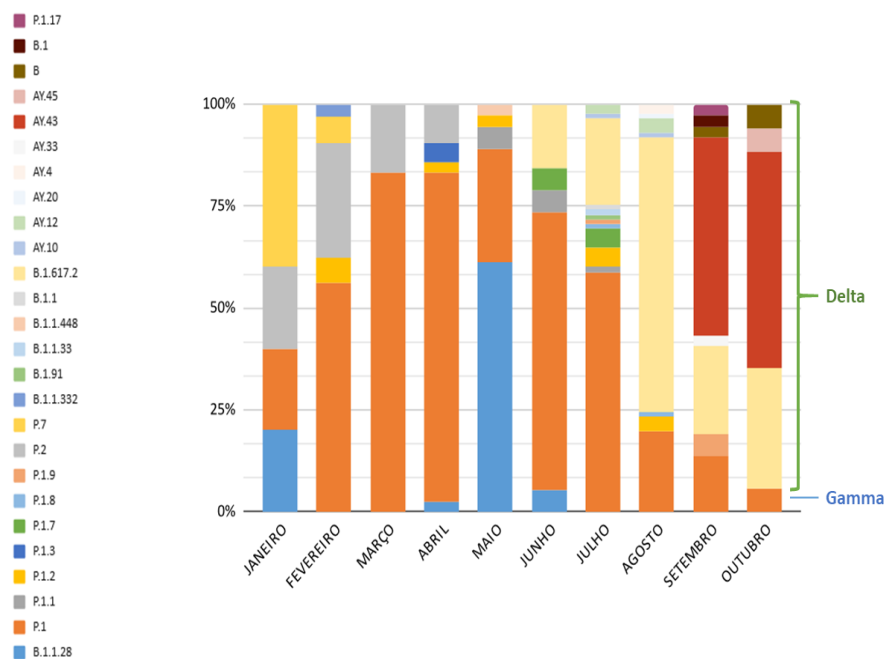


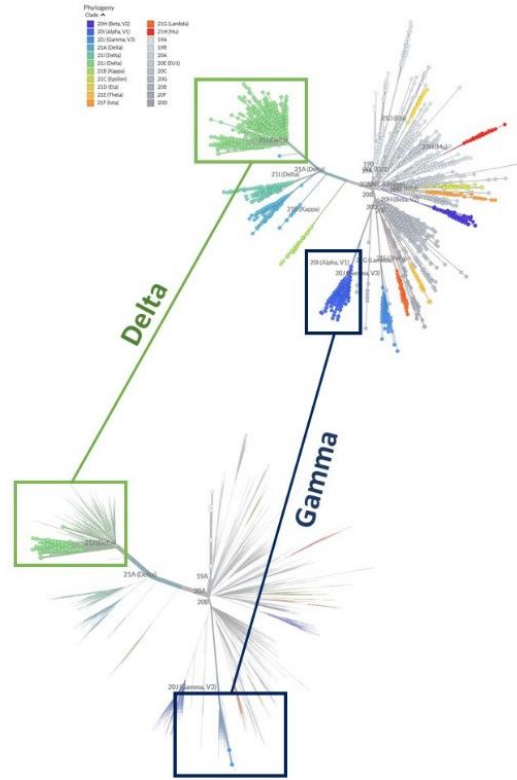
Figura 1. Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular na Universidade Feevale entre os meses de janeiro e outubro de 2021.

Com o objetivo de confirmar os dados obtidos, as sequências foram alinhadas com genomas completos de SARS-CoV-2 de diferentes variantes através da plataforma online *NextClade* e a árvore filogenética foi inferida (Figura 2) confirmando os dados prévios. O constante acompanhamento de novos genomas, assim como a entrada e distribuição de novas linhagens são de especial relevância, considerando o impacto causado por linhagens como B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1, e B.1.617.2 (Delta), no Reino Unido, África do Sul, Brasil e Índia, respectivamente. 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.

Figura 1. Árvore filogenética realizada através da plataforma online NextClade.

Delta Lineage (n=92)

Amostra	Linhagem
hCoV-19/Brazil/RS-LMD661499/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666142/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666143/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666144/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666145/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666146/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665717/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665718/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665719/2021	AY.45 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665720/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665721/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665722/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665723/2021	AY.45 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665724/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665726/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665727/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665728/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665729/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665730/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665731/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665732/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665733/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665734/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665735/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665736/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665737/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665738/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665704/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665709/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666128/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666130/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666131/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666132/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666133/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666134/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666135/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666136/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666137/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666138/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666140/2021	AY.43 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664161/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664112/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD663533/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD663583/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664106/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664943/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666059/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665636/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666058/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD663720/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD663786/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664046/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664126/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664174/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664224/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664393/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664316/2021	AY.44 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664485/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664512/2021	AY.33
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664636/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664669/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664790/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664811/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664880/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664924/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD664986/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665087/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665241/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665307/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665346/2021	AY.46 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665443/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665495/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665591/2021	AY.45
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665626/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665806/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665822/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665965/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD665997/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666108/2021	AY.33 - like
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666212/2021	AY.43
hCoV-19/Brazil/RS-LMD666216/2021	AY.46 - like



Gamma Lineage (n=2)

Amostra	Linhagem
hCoV-19/Brazil/RS-LMM66141/2021	Gamma (p.1-like)
hCoV-19/Brazil/RS-LMM66126/2021	Gamma (p.1-like)