

Brasília, 17 de dezembro de 2021

INFORME Nº 43 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

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

Um total de 91 amostras de SARS-CoV-2 oriundas das regiões do Vale do Sinos e Serra, estado do Rio Grande do Sul, 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 os dias 29 de outubro e 07 de dezembro 2021, a partir de pacientes provenientes das cidades de Campo Bom (24), Canoas (22), Estância Velha (6), Esteio (1), Garibaldi (1), Novo Hamburgo (30), Porto Alegre (3), São Sebastião do Caí (2), Sapucaia do Sul (1), Taquara (1).

Com relação à caracterização genética, 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 1). Todas as amostras (91) foram classificadas como pertencentes ao clado 21J da variante Delta. Posteriormente, as sequências foram analisadas através da plataforma online *Pangolin* (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>), onde foram caracterizadas como pertencentes às seguintes sublinhagens de Delta: AY.99.2 (60/91 – 65,94%), AY.101 (24/91 – 26,4%), AY.43 (4/91 – 4,4%) e AY.102 (1/91 – 1,09%), AY.34.1 (1/91 – 1,09%), AY.122 (1/91 – 1,09%). Recentemente, em informe epidemiológico realizado pelo Instituto Butantã, a sublinhagem AY.99.2 foi identificada pela rede pela primeira vez, e já se mostrou dominante em São Paulo. De acordo com *cov-lineages.org*, ela foi identificada no Chile, Portugal, França, Estados Unidos e no Brasil, onde já representa 98% das sequências descritas.

A frequência correspondente a VOC Delta no período informado foi de 100%. A variante foi detectada pela primeira vez no mês de junho e se mostra predominante nos sequenciamentos realizados pelo nosso laboratório desde agosto. Esse acompanhamento permitiu observar que Gamma (P.1 e suas ramificações), a variante predominante até julho, e que gerou o maior impacto no Brasil e no RS no primeiro semestre de 2021, foi totalmente substituída pela variante Delta no estado. Os dados completos podem ser observados na Figura 2. 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.

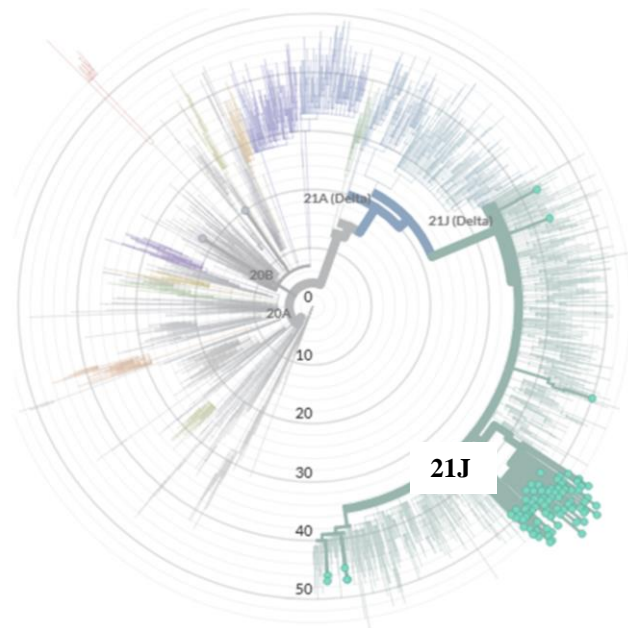


Figura 1. Árvore filogenética realizada através da plataforma online *NextClade*. Em verde, as 91 sequências pertencentes ao clado 21J (Delta).

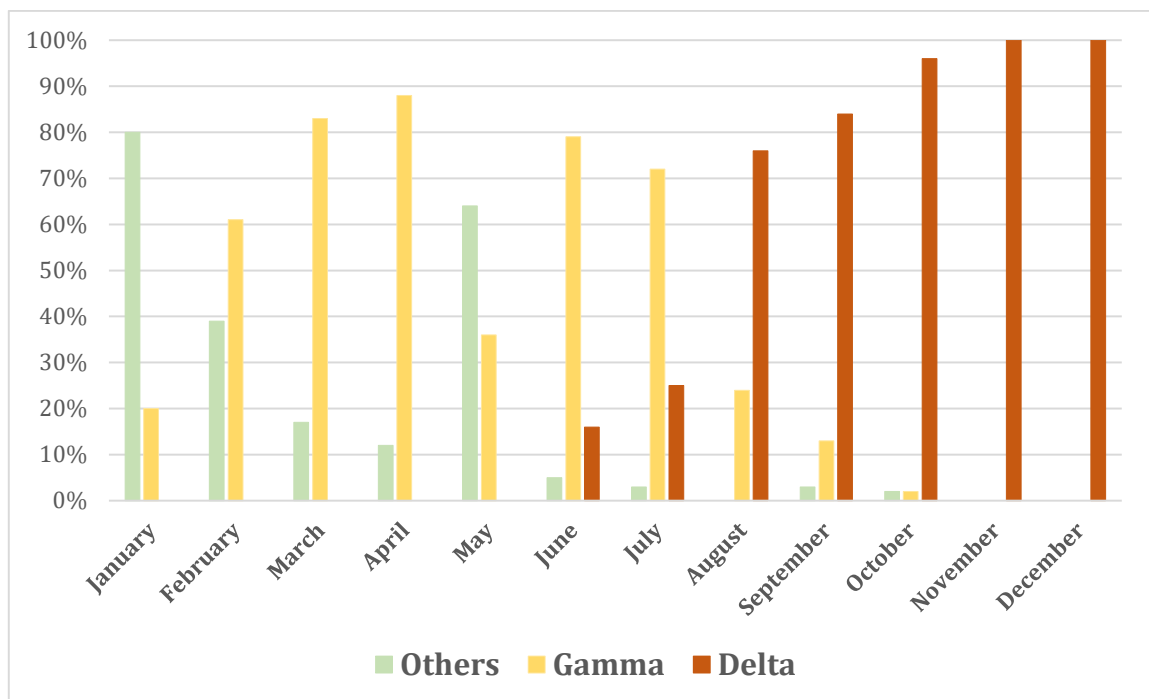


Figura 2. Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular na Universidade Feevale entre os meses de janeiro e dezembro de 2021.

Informamos ainda que a Rede permanece vigilante e utilizando ferramentas de genotipagem e sequenciamento buscando auxiliar na detecção e acompanhamento da futura dispersão da variante Ômicron no Brasil.

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI
