

VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-COV-2 NO RIO GRANDE DO SUL

01

BOLETIM GENOMICO 01/2021 INCLUI DADOS DE 2020

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA Nº 4

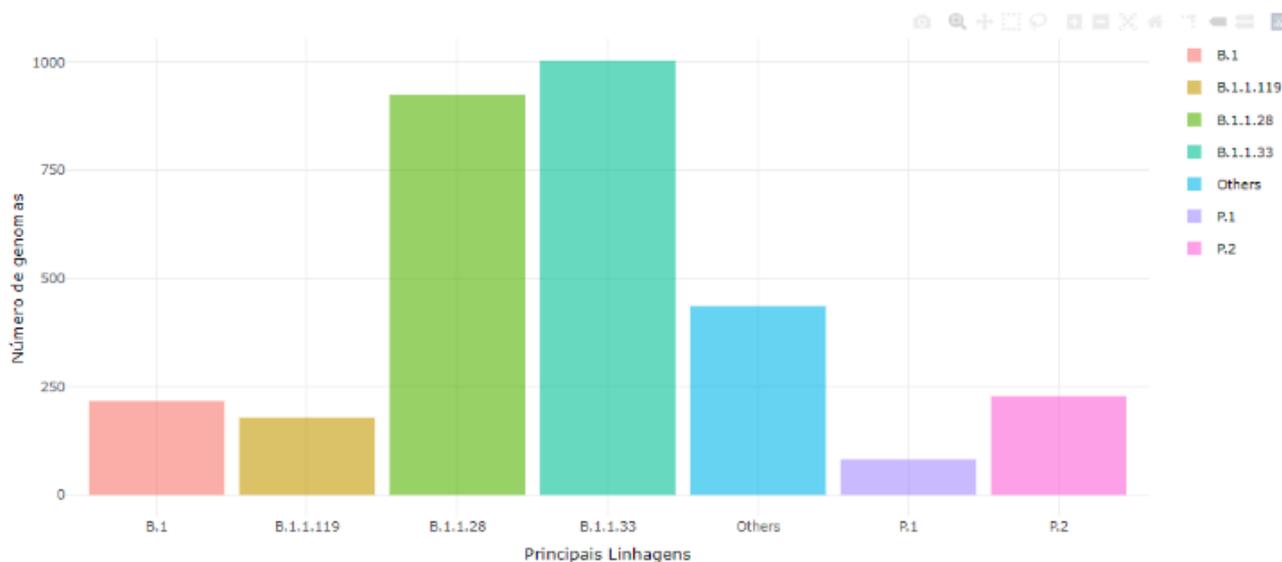
AUTORES: RICHARD SALVATO E TATIANA GREGIANINI
REVISÃO: CYNTHIA MOLINA-BASTOS – 01/02/2021

INTRODUÇÃO E CONTEXTUALIZAÇÃO

As mutações entre os vírus são extremamente frequentes e, de forma geral, uma mutação não representa uma alteração no comportamento ou na ação do vírus. As diferentes linhagens de vírus são identificadas pelas combinações entre as mutações que permanecem ao longo do tempo, quando afirmamos que dois vírus pertencem a mesma linhagem, significa que há um ancestral em comum entre eles.

Figura 1: Principais linhagens no Brasil (Fonte: Rede Genômica)

PRINCIPAIS LINHAGENS DO SARS-CoV-2 ENCONTRADAS NO BRASIL



A Rede Genômica da Fiocruz reúne diferentes pesquisadores, de diferentes áreas, com o objetivo de estudar genética e o genoma de diferentes organismos. Os dados desse grupo são disponibilizados no GISAID, um banco internacional aberto.

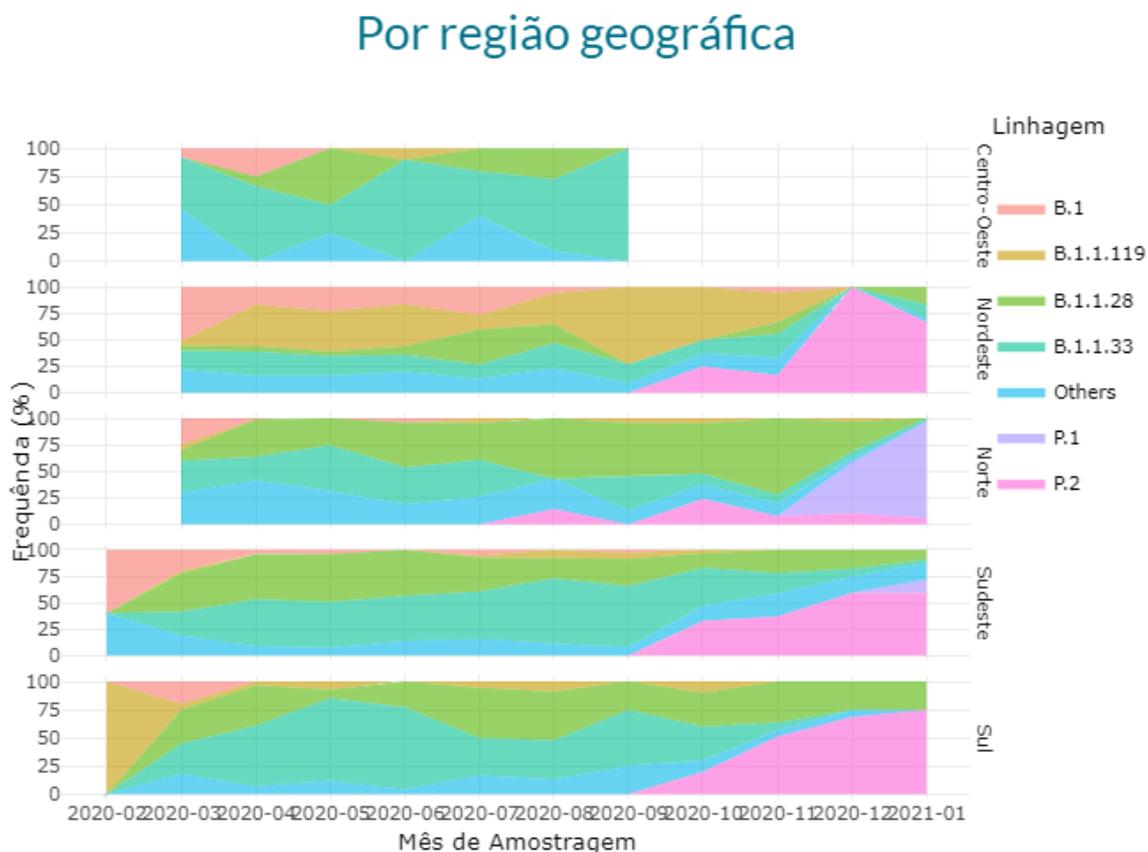


A GISAID é uma parceria público-privada sem fins lucrativos, com sede em Munique, na Alemanha, fundada em 2008 que fornece acesso aberto a dados genômicos de vírus Influenza, e atualmente do Coronavírus responsável pela Pandemia da Covid-19. Criado como resposta a disseminação do vírus Influenza H5N1, responsável pela Gripe Aviária, a *Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data* iniciou suas atividades como um consórcio em 2006.

O lançamento oficial da GISAID como um banco de dados público, na Assembleia Mundial de Saúde, é um modelo de compartilhamento, colaboração, transparência – com pesquisadores de diferentes áreas – que traz uma nova forma de fazer ciência e avaliar dados.

Após o sequenciamento, as informações genéticas precisam ser analisadas, com objetivo de identificar as mutações presentes e identificar a linhagem do vírus. A *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages* – Pangolin é um aplicativo da Web que atribui linhagens – ou seja, nomeia - aos sequenciamentos com base na metodologia proposta por um grupo de pesquisadores ingleses e australianos, disponível na Revista *Nature Microbiology*.

Figura 2: Principais linhagens em diferentes regiões do país (Fonte: Rede Genômica)



O Rio Grande do Sul já enviou pelo menos 200 amostras para a Rede Genômica e foram identificadas mais de 12 linhagens diferentes. Conforme dados da Rede Genômica da Fiocruz, a linhagem mais frequente no território brasileiro é B.1.1.33, na Figura 1. A segunda linhagem mais frequente é a B.1.1.28 e entre as mutações presentes podemos citar: K417N, E484K, N501Y

Avaliando a distribuição proporcional nas diferentes regiões do país é possível identificar o aparecimento da linhagem P1 e P2 no terceiro e quarto trimestre de 2020, como é possível identificar na Figura 2.

A avaliação detalhada da distribuição de diferentes linhagens para desenvolvimento de vacinas ou fármacos, ou ainda para identificação de variações na transmissibilidade ou no quadro clínico da doença são estratégias que unem ciência e tecnologia a serviço da saúde da população.

Figura 3 - Genomas e linhagens disponíveis (Fonte: Rede Genômica)

DEMONSTRATIVOS DE LINHAGENS E GENOMAS SARS-CoV-2

27 resultados por página Pesquisar

Estado	# Genomas	# Linhagens	Linhagens
São Paulo	850	26	B, B.1, B.1.1, B.1.1.143, B.1.1.244, B.1.1.248, B.1.1.28, B.1.1.307, B.1.1.314, B.1.1.315, B.1.1.33, B.1.1.44, B.1.1.64, B.1.1.7, B.1.1.73, B.1.1.94, B.1.212, B.1.23, B.1.255, B.1.272, B.1.5, B.23, B.3, B.40, B.6, P2
Rio de Janeiro	499	16	A.2, B, B.1, B.1.1, B.1.1.109, B.1.1.28, B.1.1.314, B.1.1.315, B.1.1.33, B.1.255, B.1.3, B.1.5, B.39, B.6, N.1, P2
Rio Grande do Sul	200	12	A.5, B, B.1.1, B.1.1.143, B.1.1.175, B.1.1.28, B.1.1.33, B.1.3, B.1.5, B.1.91, B.6, P2
Pernambuco	111	0	R.1.1.1.1.1.107, R.1.1.1.1.1.150, R.1.1.1.1.1.240, R.1.1.1.1.1.28, R.1.1.1.1.1.33, R.1.5

AMOSTRAGEM E PERÍODO

As informações presentes neste relatório foram obtidas na base de dados GISAID, disponíveis no endereço: www.gisaid.org, uma plataforma responsável por promover o compartilhamento de dados genômicos de diferentes instituições a nível global. A determinação da linhagem foi realizada através da ferramenta online Pangolin, disponível em: <https://pangolin.cog-uk.io/>. E os dados foram obtidos em 31/01/2021.

Os dados aqui apresentados incluíram 220 genomas do vírus SARS-CoV-2, agente etiológico da COVID-19. Entre os genomas, 201 das sequências estavam disponíveis na



base de dados GISAID, disponível em: www.gisaid.org, e 19 genomas foram recentemente sequenciados pelo Laboratório de Vírus Respiratórios e Sarampo da FIOCRUZ/RJ. Foram incluídas amostras coletadas entre: 09/03/2020 e 07/01/2021, sendo que apenas 4 amostras foram coletadas no ano de 2021. As amostras foram provenientes majoritariamente do Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Rio Grande do Sul (LACEN-RS) e do Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade FEEVALE e foram depositados principalmente pelo Instituto Oswaldo Cruz (FIOCRUZ) e pelo Laboratório Nacional de Computação Científica, conforme apresentado na Tabela 1. Os exames foram de indivíduos residentes em 53 dos 497 municípios do estado e 19 exames não apresentavam registro do local de residência.

Tabela 1: Característica das amostras

CARACTERÍSTICAS DAS AMOSTRAS	n=220
Obtenção dos dados	
GISAID	201
Fiocruz/RJ	19
Laboratórios de Origem	
LACEN/RS	87
Lab. FEEVALE	115
Outros	18
Laboratórios submissão	
Lab. Bioinformática	95
Lab. Fiocruz	87
Linhagens	
A.5	1
B	1
B.1	3
B.1.1.10	1
B.1.1.119	8
B.1.1.143	1
B.1.1.161	1
B.1.1.175	1
B.1.1.220	1
B.1.1.269	1
B.1.1.279	2
B.1.1.28	60
B.1.1.314	1
B.1.1.33	71
B.1.1.49	1
B.1.91	9
N.1	2
P.2	55



Desde março de 2020 foram identificados no Rio Grande do Sul 19 linhagens de SARS-CoV-2 circulantes, sendo que a linhagem mais prevalente no Brasil é mesma prevalente no Rio Grande do Sul, seguida pela B.1.1.28 e P.2, conforme apresentado no Gráfico 1.

Gráfico 1- Proporção das diferentes linhagens do vírus SARS-CoV-2 entre 220 genomas circulantes no Rio Grande do Sul

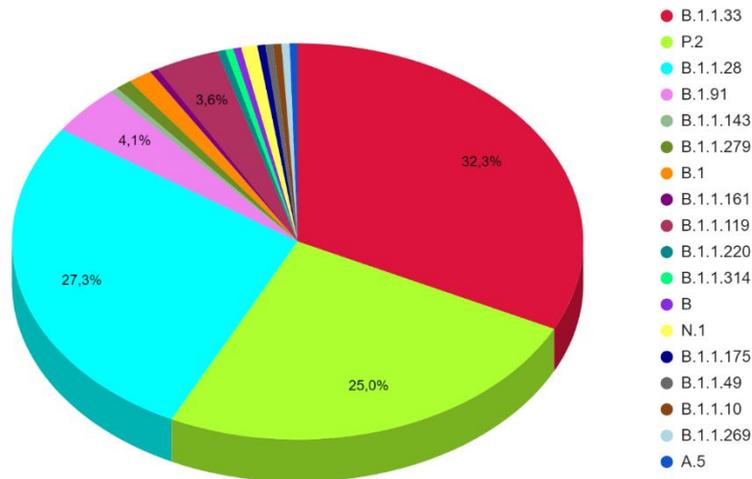
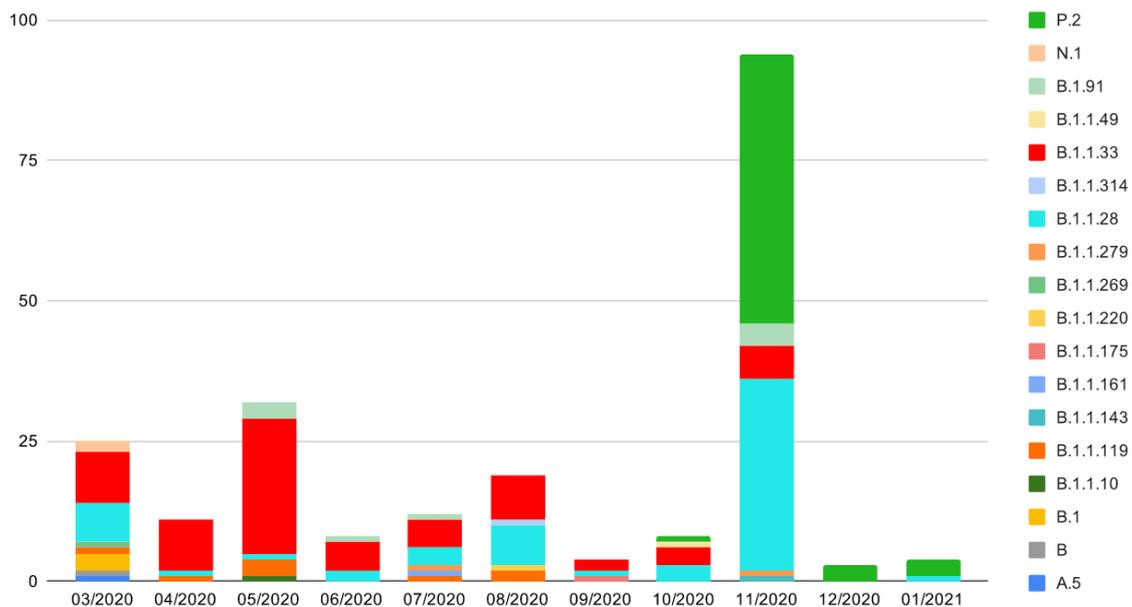


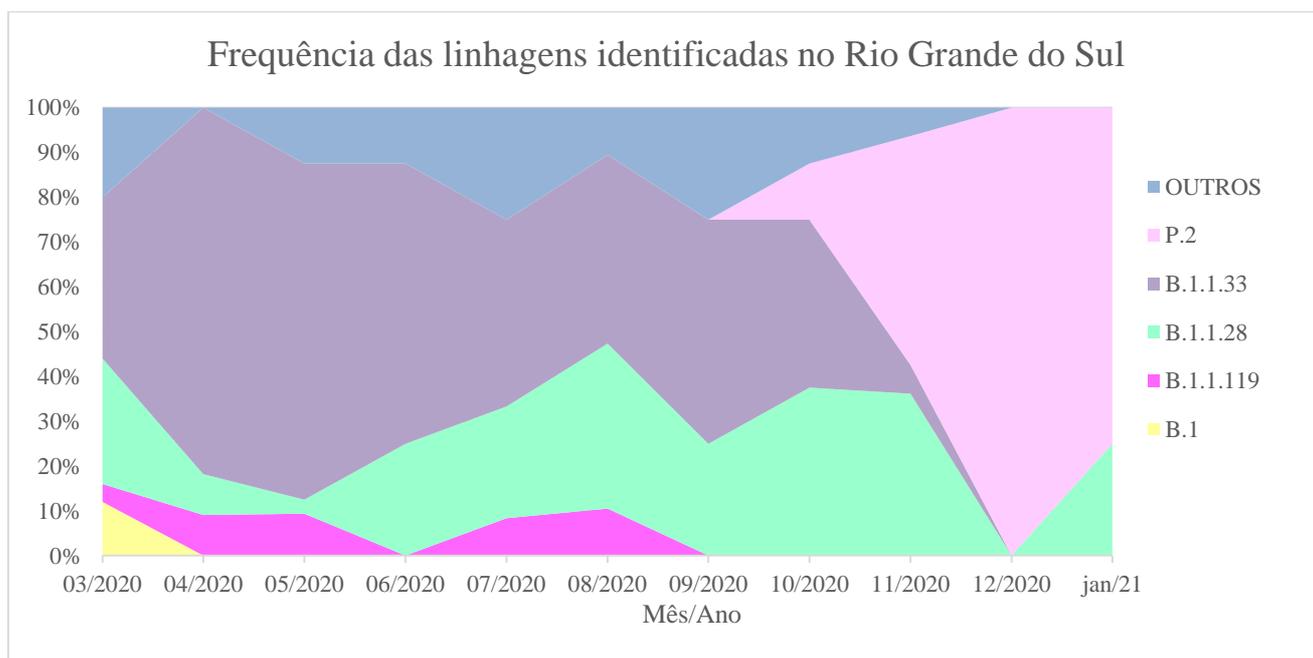
Gráfico 2 - Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes mês de coleta das amostras



Os dados são fornecidas pelo depositante das sequências na plataforma GISAID, a data de coleta se refere ao dia que o exame foi realizado. O Gráfico 2 revela o aumento no mês de novembro de 2020 da linhagem P.2. Identificada inicialmente no Rio de Janeiro, carrega a mutação E484K no domínio de ligação do receptor da proteína Spike, e configura uma variante da linhagem brasileira B.1.1.28. Importante destacar que os depositantes de parte dessas sequências classificadas como linhagem P.2, descreveram também a presença de um cluster incluindo amostras de 12 pacientes de sete diferentes cidades, carregando novas variantes genômicas representando uma potencial nova linhagem (VUI-NP13L).

A avaliação em conjunto do número de pacientes hospitalizados e as linhagens mais frequentes distribuídas é essencial para a compreensão da Pandemia. Nos últimos meses a diminuição no número de hospitalizações pode estar associada ao aumento proporcional da cepa P.2.

Gráfico 3 – Frequência das 05 linhagens mais frequentes no Rio Grande do Sul

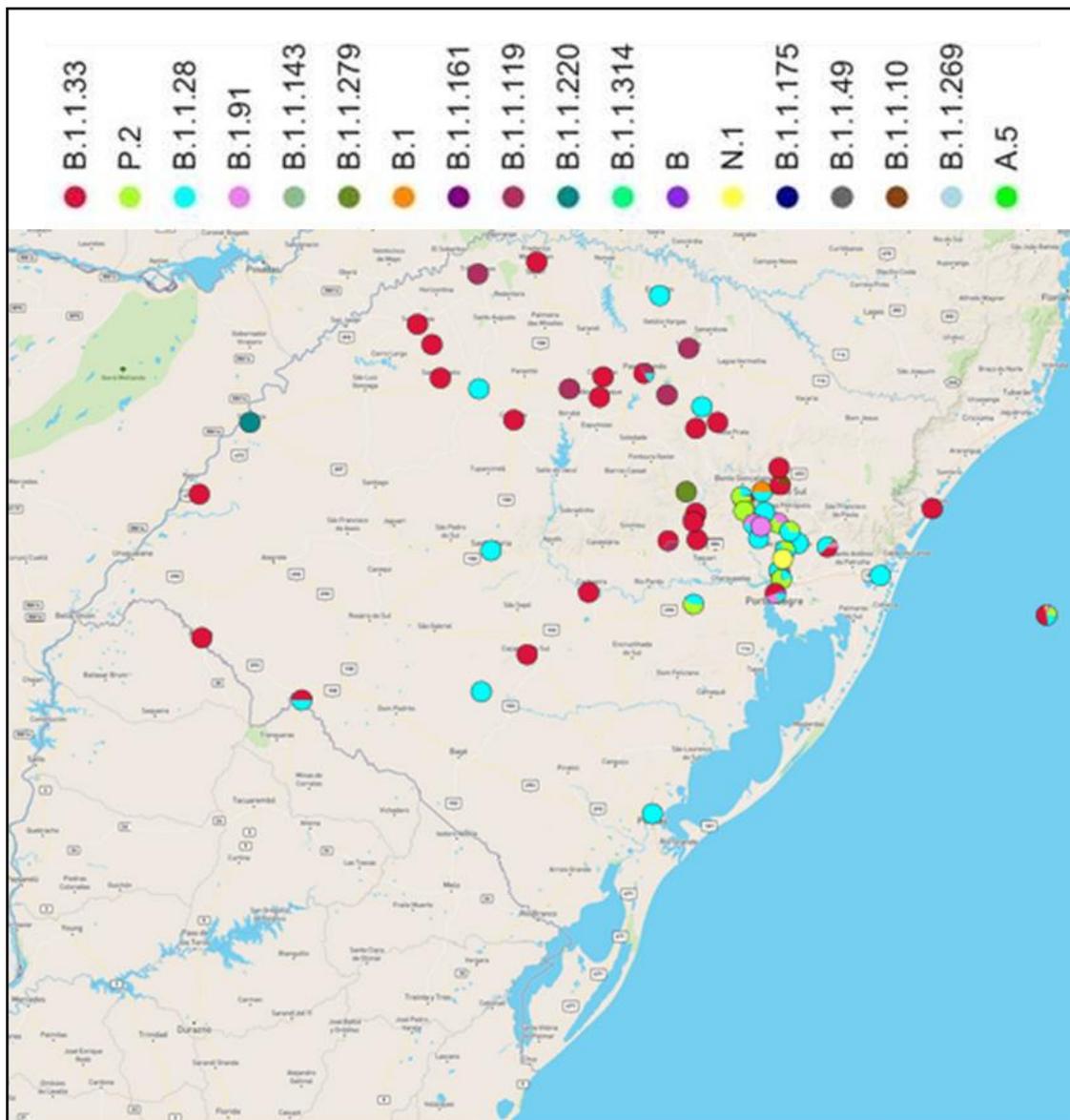


As amostras são de indivíduos que moram em 53 municípios diferentes do estado do Rio Grande do Sul, de ambos os sexos e faixa etária variada – até os 86 anos. A amostragem por conveniência não permite extrapolar a frequência com a real proporção das linhagens na população. Entretanto, é um teste que permite afirmar que as linhagens



identificadas estão em circulação no estado. Na Figura 4, os municípios que tiveram amostras com dados residências estão assinalados.

Figura 4 – Distribuição das diferentes linhagens de SARS-CoV-2 no Rio Grande do Sul.



Casos fora dos limites estaduais representam aquelas sequencias em que a cidade de origem da amostra não foi especificada. Versão interativa deste mapa disponível em: <https://microreact.org/project/wnZM8VptBhm2FcZWovRR7s>.



GOVERNO DO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL
SECRETARIA ESTADUAL DA SAÚDE
CENTRO ESTADUAL DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE



Av. Ipiranga, 5400 Porto Alegre/RS
51 3901 1107 cevs@saude.rs.gov.br



Referências

BOGNER, P., Capua, I., Lipman, D. *et al.* Uma iniciativa global de compartilhamento de dados da gripe aviária. *Nature* **442**, 981 (2006). <https://doi.org/10.1038/442981a>

FRANCISCO JUNIOR, R.S., Benites, L.F., Lamarca, A.P., et al. Pervasive transmission of E484K and emergence of VUI- NP13L with evidence of SARS-CoV-2 co-infection events by two different lineages in Rio Grande do Sul, Brazil. medRxiv 2021.01.21.21249764; doi: <https://doi.org/10.1101/2021.01.21.21249764>.

Fiocruz – Rede Genômica Fiocruz. Disponível em < <https://portal.fiocruz.br/rede-genomica-fiocruz>>

RAMBAUT, A., Holmes, E.C., O’Toole, Á. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol* **5**, 1403–1407 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>.

SHU Y, McCauley J. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data - from vision to reality. *Euro Surveill.* 2017;22(13):30494. doi:10.2807/1560-7917.ES.2017.22.13.30494.

Nota Técnica 01/2021 – Rede Genômica – Fiocruz Disponível em:

<http://www.genomahcov.fiocruz.br/wp-content/uploads/2021/01/NOTA-TECNICA-MS-2021-01-12-Copia-1.pdf>

