

LINHAGENS CIRCULANTES E VARIAÇÃO GENÔMICA DE SARS-COV- 2 NO INÍCIO DA PANDEMIA NO ESTADO DO CEARÁ

IV Encontro de Produção de Pesquisa Científica de Servidores Docentes e Técnicos-Administrativos da UFC

Maisa Viana de Holanda Barros, Mariana Brito Dantas, Francisca Andréa da Silva Oliveira, Luína Benevides Lima, Raquel Carvalho Montenegro

A COVID-19, doença causada pelo vírus SARS-CoV-2, foi detectada inicialmente na China, sendo declarada como uma pandemia pela OMS em março de 2020. O Brasil rapidamente se tornou um dos epicentros da pandemia e o estado do Ceará foi considerado o segundo maior em número de casos e taxa de mortalidade no Nordeste brasileiro. Apesar disso, a dinâmica inicial da pandemia no Ceará ainda não é bem compreendida devido à baixa vigilância genômica realizada no período. O objetivo deste estudo foi analisar as linhagens circulantes e a variação genômica do SARS-CoV-2 no estado do Ceará no período de março de 2020 a junho de 2021. Para isso, 34 amostras clínicas positivas para SARS-CoV-2 pela técnica de RT-qPCR foram escolhidas. O RNA viral foi extraído usando o kit QIAamp Viral RNA Mini e as bibliotecas foram preparadas usando o kit COVIDSeq. O sequenciamento foi realizado na plataforma MiSeq da Illumina em um cartucho v2 300 ciclos na Central de Genômica e Bioinformática da UFC. Os dados de sequenciamento foram processados para realizar a chamada de variantes e a classificação da linhagem pelo pangolin. Dentre os genomas sequenciados, foram encontradas sete linhagens diferentes: B.1.1.33, P.1, B.1.212, B.1.1, B.1.1.28, P.2 e B.1. Posteriormente, foram combinados a esse conjunto de dados, 1.619 sequências disponíveis no banco de dados online GISAID. Considerando o conjunto de dados obtidos, as linhagens mais prevalentes foram P.1 (72,41%), P.2 (7,38%), P.1.10 (6,05%) e B.1.1.33 (3,69%). Um total de 202 SNPs foram identificados entre os 34 genomas, dos quais 127 eram mutações de sentido trocado, 74 sinônimas e 1 sem sentido. Mutações de sentido trocado com mais de 40% de prevalência foram detectadas nos genes: ORF1ab, S, ORF6 e N. A mutação D614G foi detectada em 100% dos genomas sequenciados. Os resultados confirmam a necessidade de manter a vigilância genômica contínua por meio do sequenciamento de SARS-CoV-2 para identificar linhagens circulantes e monitorar a pandemia.

Palavras-chave: SARS-COV-2. VIGILÂNCIA GENÔMICA. MUTAÇÕES.