

**\*RedeVirus MCTI comunica \***

A Rede Corona-ÔmicaBR-MCTI, através do Laboratório de Biologia Integrativa do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais em colaboração com o Laboratório de Virologia Molecular da Universidade Federal do Rio de Janeiro e o Instituto Hermes Pardini com sede em Belo Horizonte, sequenciou 25 genomas de SARS-CoV-2 pertencentes ao variante viral do Reino Unido (B.1.1.7 também conhecida como VOC202012/01 ou 501Y.V1) provenientes de oito estados brasileiros. As amostras são oriundas das seguintes regiões: nordeste (Bahia e Sergipe), centro-oeste (Mato Grosso), sudeste (Espírito Santo, Minas Gerais, Rio de Janeiro e São Paulo) e região sul (Paraná). Estas amostras foram obtidas do Instituto Hermes Pardini, que realizou 740 mil exames de COVID-19 no último trimestre do ano passado em todos os estados do Brasil. Amostras desta base de dados foram pré-selecionadas por apresentarem falha na amplificação do gene S com detecção do gene N no diagnóstico de SARS-CoV-2 por RT-PCR, baseado no kit multiplex da Thermo Fisher Scientific, utilizado pelo Instituto Hermes Pardini. A falha na detecção do gene S não invalida o diagnóstico de COVID-19 e já foi descrito como consequência de deleções nas posições 69/70 da proteína de superfície "spike", caracterizando o variante B.1.1.7 do Reino Unido.

Todas as 25 amostras apresentando falha na detecção do gene S foram caracterizadas como pertencentes à linhagem B.1.1.7 sendo provenientes do estado de Minas Gerais incluindo a capital Belo Horizonte e cidades do interior (Betim, Araxá, e Barbacena), Rio de Janeiro incluindo capital e Campos dos Goytacazes, Curitiba (PR), Mato Grosso incluindo Cuiabá e Primavera do Leste, Aracajú (SE), São Paulo capital e interior (Americana, Santos e Valinhos), interior da Bahia (São Sebastião do Passe) e interior do Espírito Santo (Barra do São Francisco). Todas as amostras foram coletadas entre os dias 07 e 21 de Janeiro/21 (semana epidemiológica de 1 a 3).

Estudos científicos já sugerem que a linhagem B.1.1.7 é mais transmissível e nossas análises mostraram a sua circulação em cerca de 8 estados, além de São Paulo que já havia sido reportada. Ressaltamos a importância da vigilância genômica para essa variante nos demais estados brasileiros e sugerimos que a falha de detecção no gene S relacionado à deleção 69/70 na proteína viral "spike" deve ser levada em consideração na seleção de amostras pertencentes a esta variante.

Os genomas virais já foram analisados e demonstram a presença de outras mutações no gene S, características da linhagem B.1.1.7 como N501Y, P681H, deleção 144Y e A570D. Todos os dados serão disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (Corona-ÔmicaBR – LNCC) e internacionais (GISAID) com a posterior submissão do trabalho ao periódico científico.

Desta forma, recomendamos, que as providências cabíveis sejam tomadas pelos órgãos estaduais e federais competentes no controle da dispersão dos variantes de SARS-CoV-2 em território brasileiro e agradecemos todo o apoio e financiamento do MCTI, bem como a colaboração com o Instituto Hermes Pardini.

<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>

**Equipe envolvida:**

Filipe Romero Rebello Moreira <sup>1</sup>, Diego Menezes Bonfim <sup>2</sup>, Danielle Alves Gomes Zauli <sup>3</sup>, Joice do Prado Silva <sup>3</sup>, Aline Brito de Lima <sup>3</sup>, Frederico Scott Varella Malta <sup>3</sup>, Alessandro Clayton de Souza Ferreira <sup>3</sup>, Victor Cavalcanti Pardini <sup>3</sup>, Daniel Costa Queiroz <sup>2</sup>, Rafael Marques de Souza <sup>2</sup>, Victor Emmanuel Viana Geddes <sup>2</sup>, Walyson Coelho Costa <sup>2</sup>, Wagner Carlos Santos Magalhaes <sup>2</sup>, Rennan Garcias Moreira <sup>4</sup>, Carolina Moreira Voloch <sup>1</sup>, Renan Pedra de Souza <sup>2</sup>, Renato Santana Aguiar <sup>2,5</sup>.

<sup>1</sup> Departamento de Genética, Instituto de Biologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil

<sup>2</sup> Laboratório de Biologia Integrativa, Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brazil

<sup>3</sup> Instituto Hermes Pardini, Belo Horizonte, Brazil

<sup>4</sup> Centro de Laboratórios Multiusuários, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brazil.

<sup>5</sup> Instituto D'Or de Pesquisa e Ensino (IDOR), Rio de Janeiro, Brazil.

<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>