



Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Monitoramento de variantes genéticas do vírus SARS-CoV-2 circulantes na região do Alto Paranaíba

Samyra Stéphanie Neves Pereira¹, samyra.pereira@ufv.br, Maria Luiza dos Santos Leocádio¹, maria.leocadio@ufv.br, Karine Frehner Kavalco¹, kavalco@ufv.br, Rubens Pasa¹, rpasa@ufv.br.

1 - Universidade Federal de Viçosa, *campus* de Rio Paranaíba
Ciências Biológicas e da Saúde - Genética

Trabalho de Pesquisa

Palavras-chave: Sequenciamento, COVID-19, vírus.

Introdução

A pandemia de COVID-19 assolou o mundo por 3 anos e foi uma das maiores crises de saúde pública já enfrentada. O vírus causador da doença, o SARS-CoV-2, provoca uma ampla gama de sintomas, desde casos assintomáticos até quadros clínicos graves e fatais, e sofre mutações rapidamente, prejudicando a resposta imunológica e o desenvolvimento de vacinas. Dentre suas variantes, se destacam as VOCs (variantes preocupantes), caracterizadas por maior transmissibilidade, gravidade e capacidade de evadir diagnósticos, tratamentos e vacinas existentes. Algumas VOCs foram detectadas no Brasil, como a P1 (GAMA), B.1.617 (DELTA) e a B.1.1.529 (ÔMICRON). O monitoramento de VOCs para fins epidemiológicos se tornou necessário, sendo realizado por meio do sequenciamento completo do genoma viral ou pelo sequenciamento simplificado de uma região específica do gene S. No Laboratório de Diagnósticos Moleculares (LDM) da Universidade Federal de Viçosa, *campus* de Rio Paranaíba, iniciou um projeto visando caracterizar as variantes do SARS-CoV-2 na região. O LDM foi estabelecido em maio de 2020 para auxiliar no diagnóstico de casos de COVID-19 em Minas Gerais, atendendo principalmente os municípios da Superintendência Regional de Saúde de Patos de Minas (SRS Patos de Minas). Ao decorrer da pandemia, as VOCs passaram a ser cada vez mais detectadas nas amostras sequenciadas no Brasil, entretanto, os recursos limitados para o monitoramento eram frequentemente concentrados nas capitais e regiões metropolitanas, deixando lacunas no monitoramento local e no controle efetivo da pandemia.

Objetivos

O objetivo deste trabalho foi identificar a diversidade genômica de vírus SARS-CoV-2 circulantes na região de abrangência da SRS Patos de Minas.

Materiais e Métodos

Para o estudo, foram selecionadas amostras previamente diagnosticadas como positivas para o vírus pelo LDM e armazenadas anonimamente, com CT médio dos genes virais inferior a 30. Essas amostras, representativas do conjunto amostral, foram submetidas à extração automatizada do material genético e à amplificação por meio de reação de PCR convencional, variando de protocolo, primers específicos para a amplificação do gene S e kit para PCRS. Após a PCR, o produto passou por checagem de amplificação via gel de agarose a 2% e quantificação e checagem da pureza e foi preparado e enviado a serviço terceirizado de sequenciamento “Sanger”, conforme instruções.

Resultados e Discussão

Embora em gel a checagem de amplificação tenha se mostrado positiva, duas tentativas de sequenciamento foram feitas, mas, infelizmente, não obtivemos sucesso. Após isso, houve insucesso nas amplificações por problemas de causa não identificada apesar dos esforços e vários testes realizados. Por isso, nossas análises não prosseguiram para o sequenciamento.

Conclusão

A redução no número de amostras recebidas e analisadas pelo laboratório, devido ao avanço da vacinação e ao aumento do uso de testes de antígeno, impactou o projeto, limitando o conjunto de amostras disponíveis para estudo.

Bibliografia

Bloemen M., et al.. Fast detection of SARS-CoV-2 variants including Omicron using one-step RT-PCR and Sanger sequencing, 2022. *Journal of Virological Methods*, Volume 304, 114512, ISSN 0166-0934. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2022.114512>. Acesso em: agosto de 2022.

Jorgensen T. S., et al.. A rapid, cost efficient and simple method to identify current SARS-CoV-2 variants of concern by Sanger sequencing part of the spike protein gene, 2021. *medRxiv*, 2021.03.27.21252266; Doi: <https://doi.org/10.1101/2021.03.27.21252266>. Acesso em: outubro de 2021.

Apoio financeiro

