



Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Detecção de mutações no SARS-CoV-2
Autor	JOÃO VITOR BARBOZA CARDOSO
Orientador	ILMA SIMONI BRUM DA SILVA

A COVID-19 é causada pelo vírus SARS-CoV-2. Por possuir um genoma de RNA, está mais propenso a sofrer mutações. O *Receptor Binding Domain (RBD)* é uma região do gene *Spike* com alta taxa de mutação. Com isso, diversas linhagens surgiram e estas podem apresentar perfis diferentes em protocolos de diagnóstico, com falhas de amplificação de alguns genes. Este estudo teve como objetivo detectar mutações no genoma do SARS-CoV-2. As amostras foram extraídas a partir de coletas de swab nasofaríngeo de descarte diagnóstico. Utilizou-se o kit MagMAX™ MVP (Thermo Fisher Scientific, EUA) em equipamentos automatizados, seguindo instruções dos fabricantes. Logo após, as amostras foram avaliadas por RT-qPCR com o kit Allplex™ 2019-nCoV Assay (Seegene, Coréia do Sul) em equipamentos QuantStudio™ 5 System e 7500 Fast Real-Time PCR System (Thermo Fisher Scientific, EUA). Amostras com falha ou amplificação tardia do gene *N* e outras amostras previamente genotipadas foram analisadas por sequenciamento Sanger, utilizando-se o kit SuperScript™ II Reverse Transcriptase seguido de amplificação total do gene *N* e parte da região do *RBD*. Durante o período de janeiro de 2021 a fevereiro de 2022 foram identificadas 25.925 amostras com diagnóstico positivo para COVID-19. Dessas, foi sequenciado o gene *N* de 11 amostras onde detectou-se duas deleções não descritas nas linhagens atuais, p.A208_G215del e p.S203_P208delinsT, além das mutações p.P80R, p.R203K e p.G204R das linhagens *Gamma* (P.1) e *Zeta* (P.2) e da mutação p.P13L da linhagem *Ômicron*. Com isso, os dados preliminares encontrados sugerem o surgimento de uma possível nova variante de SARS-CoV-2, que precisa ser melhor investigada, derivadas das linhagens P.1 e/ou P.2. Também foi sequenciada a região *RBD* de 62 amostras onde detectou-se as mutações p.K417T, p.E484K, p.N501Y, p.D614G e p.H655Y da linhagem P.1 e as mutações p.L452R, p.T478K, p.D614G e p.P681R da linhagem *Delta* (B.1.617.2), registrando a transmissão comunitária da variante *Delta*.