

VIGILÂNCIA GENÔMICA DE SARS-COV-2 EM RONDÔNIA, AMAZÔNIA OCIDENTAL BRASILEIRA

I Simpósio de Microbiologia de Rondônia: Saúde, Ambiente e Inovação., 1ª edição, de 23/03/2021 a 25/03/2021
ISBN dos Anais: 978-65-86861-91-4

BOTELHO-SOUZA; Luan Felipe¹, NOGUEIRA-LIMA; Felipe Souza², ROCA; Tarcio Peixoto³, NAVECA; Felipe Gomes⁴, SANTOS; Alcione de Oliveira dos⁵, RAMPAZZO; Rita de Cássia Pontello⁶, MEDEIROS; Jansen Fernandes de⁷, MÁXIMO; Fernando Rodrigues⁸, VILLALOBOS-SALCEDO; Juan Miguel⁹, VIEIRA; Deusilene Souza¹⁰

RESUMO

Introdução: O SARS-CoV-2, vírus causador da COVID-19, se espalhou rapidamente pelo mundo, sendo o Brasil considerado atualmente epicentro da pandemia no continente sul-americano. A região Norte do país está entre aquelas que apresentam as maiores taxas de incidência e mortalidade. Inserido neste cenário, Rondônia é um dos estados brasileiros que carecem de informações sobre a vigilância genômica e a epidemiologia molecular do surto pandêmico na região. Tais informações são úteis para avaliar como o vírus chegou à região, como tem se espalhado e quais alterações ele vem adquirindo e acumulando conforme naturalmente evolui em seres humanos. **Objetivo:** Portanto, este estudo teve como objetivo investigar, através de um passo inicial na vigilância genômica de SARS-CoV-2 em Rondônia, informações sobre a história evolutiva da disseminação epidêmica e os aspectos genéticos de cepas isoladas na Amazônia Ocidental, no Estado de Rondônia, Brasil. **Método:** Para tal, esta pesquisa fez uso de uma abordagem de biologia molecular para isolamento e sequenciamento do genoma completo de 8 cepas de SARS-CoV-2, oriundas de amostras de pacientes atendidos em diferentes unidades de saúde e que foram encaminhadas ao Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia para diagnóstico molecular. A partir disto, ferramentas bioinformáticas foram utilizadas para caracterização de mutações e inferência filodinâmica, para avaliar a história evolutiva e consequente perfil de disseminação das cepas isoladas. **Resultados:** Foi possível detectar um total de 22 mutações. Algumas dessas alterações podem, possivelmente, estar relacionadas a efeitos sobre a transmissibilidade, a fidelidade da replicação do RNA, a capacidade de pacientes com câncer responderem à infecção, além de uma mutação que surgiu após a introdução do SARS-CoV-2 em Rondônia. Pelo menos dois eventos de introdução foram detectados, correspondentes às linhagens europeias B.1 e B.1.1. Possivelmente, uma rota de entrada observada foi possivelmente através da Argentina, de onde originaram-se cepas que circularam nos estados de Minas Gerais e Ceará, antes de Rondônia (B.1.); além de outra através do estado de Minas Gerais e Distrito Federal, que deram origem às cepas que se espalhou para Rondônia, da capital para o interior do estado (B.1.1.). **Conclusão:** Os resultados mostram as características genômicas de SARS-CoV-2 circulante durante o período inicial do surto no estado, demonstrando sua rota de origem e como ele tem se alterado; além de reafirmarem a necessidade de monitorar a

¹ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia (LACEN-RO), luan_botelho@hotmail.com

² Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Programa de Pós-graduação em Biologia Experimental da Universidade Federal de Rondônia (PGBIOEXP-UNIR), limafsn@hotmail.com

³ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Programa de Pós-graduação em Biologia Experimental da Universidade Federal de Rondônia (PGBIOEXP-UNIR), tarcioroca@hotmail.com

⁴ Instituto Leônidas e Maria Deane (ILMD) - FIOCRUZ Amazonas, felipe.naveca@fiocruz.br

⁵ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia (LACEN-RO), alcione.m@hotmail.com

⁶ Instituto de Biologia Molecular do Paraná -IBMP, rcrampazzo@gmail.com

⁷ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO), jansen.medeiro@fiocruz.br

⁸ Governo do Estado de Rondônia, fernandomaximo007@hotmail.com

⁹ Secretaria Estadual de Saúde (SESAU/RO), juanlito2001@yahoo.com.br

¹⁰ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Centro de Pesquisa em Medicina Tropical de Rondônia (CEPEM-RO), deusylenebio@hotmail.com

epidemiologia genética da COVID-19, a fim de acompanhar a evolução, dispersão e diversificação de seu vírus causador.

PALAVRAS-CHAVE: COVID-19, Filogenética, Mutações, SARS-CoV-2.

¹ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia (LACEN-RO), luan_botelho@hotmail.com

² Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Programa de Pós-graduação em Biologia Experimental da Universidade Federal de Rondônia (PGBIOEXP-UNIR), limafsn@hotmail.com

³ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Programa de Pós-graduação em Biologia Experimental da Universidade Federal de Rondônia (PGBIOEXP-UNIR), tarcioroca@hotmail.com

⁴ Instituto Leônidas e Maria Deane (ILMD) - FIOCRUZ Amazonas, felipe.naveca@fiocruz.br

⁵ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia (LACEN-RO), alcione.m@hotmail.com

⁶ Instituto de Biologia Molecular do Paraná -IBMP, rcprampazzo@gmail.com

⁷ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO), jansen.medeiro@fiocruz.br

⁸ Governo do Estado de Rondônia, fernandomaximo007@hotmail.com

⁹ Secretaria Estadual de Saúde (SESAU/RO), juanlito2001@yahoo.com.br

¹⁰ Fundação Oswaldo Cruz de Rondônia (FIOCRUZ-RO) e Centro de Pesquisa em Medicina Tropical de Rondônia (CEPEM-RO), deusylenebio@hotmail.com