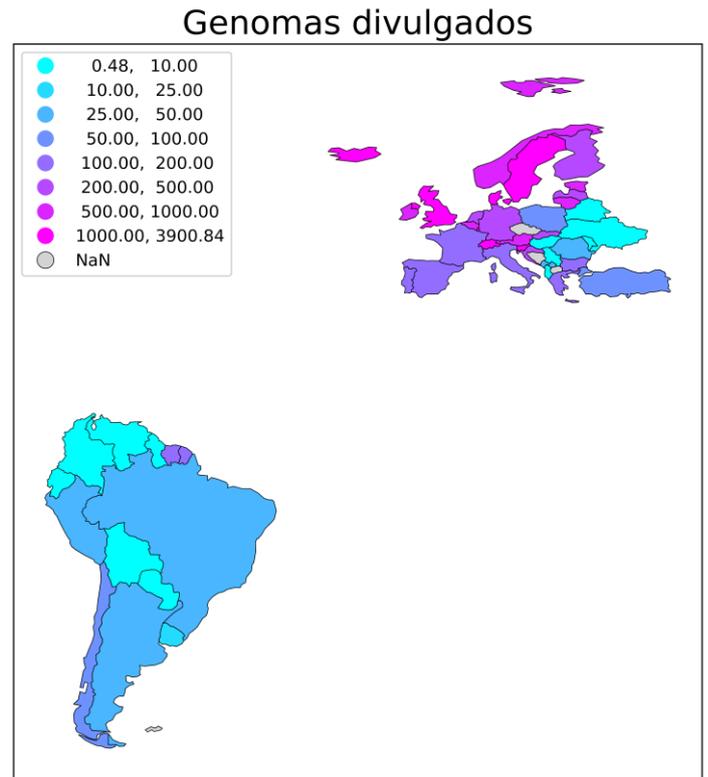


Novos protocolos de sequenciamento permitem uma redução dos custos e, conseqüentemente, uma maior eficácia na vigilância das mutações do gene da proteína S do novo coronavírus

O SARS-CoV-2, responsável pela pandemia de COVID-19 em curso, revela uma dinâmica evolutiva particular e uma extensa variabilidade genética, principalmente no gene da proteína de superfície (S), responsável pelo reconhecimento da célula hospedeira. O monitoramento das mutações do gene S é crucial para medidas de controle bem-sucedidas e detecção de variantes que podem evadir a imunidade da vacina.

O mapa mostra a distribuição normalizada dos genomas divulgados por 10^5 habitantes por país da América do Sul e da Europa (sem a Rússia). As áreas em cinza estão sem dados reportados. Os dados foram normalizados para comparar países de tamanhos populacionais diferentes.



Mesmo após a redução de custos decorrente da pandemia, as metodologias de sequenciamento de nova geração permanecem indisponíveis para um grande número de grupos de pesquisa e diagnóstico. Portanto, para apoiar a vigilância urgente do gene SARS-CoV-2 S, o grupo de trabalho multidisciplinar, liderado pelas professoras Renata Campos Azevedo e Stefanella Boatto, que reúne o departamento de virologia, do instituto de Microbiologia Paulo de Goes, UFRJ, o departamento de Matemática aplicada, do Instituto de Matemática, UFRJ e o Laboratório Central de Saúde Pública Noel Nutels, LACEN-RJ descreveram um novo protocolo viável para o sequenciamento completo de nucleotídeos do gene S usando a metodologia clássica de sequenciamento. Tal metodologia pode ser facilmente adotada por qualquer laboratório com experiência em sequenciamento, aumentando a vigilância eficaz da disseminação e evolução do SARS-CoV-2.

Utilizando este protocolo, os autores conseguiram detectar mutações consideradas de importância pela literatura, além de conseguir distinguir padrões de mutações normalmente encontrados em variantes de preocupação, demonstrando assim que esta metodologia pode sim ser uma alternativa viável para laboratórios que não possuem acesso a metodologias de sequenciamento de nova geração.

• “Genomic surveillance of SARS-CoV-2 Spike gene by sanger sequencing”, Salles and Cavalcanti *et al.*, vai ser publicado na prestigiada revista PLOS ONE no dia 20/1/2022.