

Duas novas variantes derivadas da BQ.1 são identificadas no ABC paulista

Pesquisadores sequenciaram nove amostras do coronavírus e encontraram linhagens inéditas no país

Ana Bottallo

São Paulo

Duas novas linhagens do coronavírus foram identificadas em amostras coletadas no ABC paulista, na região metropolitana de São Paulo, na manhã desta segunda-feira (28).

As duas subvariantes, denominadas BQ.1.1.17 e BQ.1.18, derivam da cepa BQ.1 da ômicron, que apareceu pela primeira vez no país no último mês e causou a morte de uma paciente que estava internada com quadro grave de Covid.

Não havia nenhum registro no país até então das novas linhagens. A identificação foi feita por pesquisadores do laboratório de sequenciamento genômico do Centro Universitário da Faculdade de Medicina do ABC (FMABC).

Os dois casos ocorreram em pacientes com Covid nos municípios de Santo André e São Caetano do Sul.

Em nota, o laboratório disse que retomou o sequenciamento genômico do Sars-CoV-2 em razão do aumento recente de casos de Covid na região do Grande ABC.

Ainda não se sabe se essas novas sublinhagens possuem características mais agressivas quanto à progressão da doença ou se são mais transmissíveis. Os testes foram feitos com pacientes que haviam apresentado sintomas leves de Covid, sem maiores complicações, afirmou a nota.

Segundo a pesquisadora e coordenadora do setor de biologia molecular do laboratório, Beatriz da Costa Aguiar Alves, as novas mutações adquiridas pelo vírus podem explicar o aumento de casos, mas isso ainda não se reflete em

agravamento do quadro de saúde. "Conforme surgem novas mutações sempre temos algumas alterações no número de casos, mas isso não impacta necessariamente na gravidade", explica.

Além das sublinhagens, o centro identificou também um novo caso de BQ.1 dentro de um lote com nove amostras no total. A maioria dos testes apontou a variante BA.5 do vírus como prevalente na região.

Nas últimas semanas, foram identificadas três novas sublinhagens da ômicron no estado de São Paulo pela rede de vigilância genômica do Instituto Butantan e uma outra sublinhagem, a BE.9, pela Fiocruz Amazônia, em Manaus.

De acordo com especialistas, o surgimento de novas variantes do vírus está relacionado com um aumento da transmissão e circulação nas últimas semanas. Ao se replicar, novas mutações podem ocorrer. Quando essas alterações ocorrem em áreas de ligação com o receptor, como a proteína S, elas podem significar vantagem para o vírus —como, por exemplo, maior escape de anticorpos produzidos por vacina.

"Muito provavelmente em grupos específicos [da população] podem surgir variantes e aí elas começam a se transmitir, tem uma pressão de seleção que é dada por vacinação incompleta somada a indivíduos que se infectaram no passado e não possuem uma imunidade robusta e possibilitam esse escape em locais-chave para resposta imune", explica Fernando Spilki, coordenador da rede Coronavírus BR, ligada ao Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovação.

Para ele, a atualização da vacinação com reforços seria importante para diminuir a possibilidade de o vírus se espalhar e encontrar pessoas com baixa imunidade devido ao tempo desde a última dose. "É um tema que preocupa, pois uma parte da população mais suscetível já recebeu sua última dose do reforço há um período superior a quatro ou seis meses, e isso pode trazer uma preocupação. Seria importante, mesmo que essas subvariantes sejam menos agressivas, fazer a atualização do calendário vacinal", afirma Spilki.

Na última terça (22), a Anvisa aprovou a vacina bivalente da Pfizer, com proteção contra as novas cepas da ômicron. A expectativa é que as primeiras doses cheguem ao país nas próximas semanas.

<https://www1.folha.uol.com.br/eqilibrioesaude/2022/11/duas-novas-variantes-derivadas-da-bq1-sao-identificadas-no-abc-paulista.shtml>

Veículo: Online -> Portal -> Portal Folha de S. Paulo

Seção: ABC