

**18 DE JUNHO DE 2021 POR MICROBIOLOGANDO**

# Uso de genotipagem para detecção de variantes do SARS-CoV-2.

Dr. Patricia Valente – professora do DEMIP/ICBS, UFRGS.

Acabamos de publicar uma postagem sobre o aumento de casos da variante delta no Reino Unido ([ver postagem aqui](#)). A utilização de uma nova metodologia para detecção das variantes, mais rápida que o sequenciamento do genoma completo do vírus (metodologia padrão para este fim), foi essencial para que o Reino Unido conseguisse monitorar o surgimento e disseminação da variante de origem indiana em seu território.

A nova metodologia adotada é a genotipagem, cujo protocolo já é bem estabelecido para outros vírus, como o HIV, que causa a AIDS. O problema é que para cada vírus há a necessidade de estabelecer um protocolo de genotipagem apropriado, o que só é conseguido após a criação de um banco de dados contendo inúmeras sequências completas das variantes do vírus.

Afinal, qual é a diferença entre sequenciamento de genoma completo e genotipagem?

O genoma é o material genético completo do vírus. Desde que a primeira sequência do genoma do SARS-CoV-2 foi lançada em janeiro de 2020, dezenas de milhares de sequências do genoma completo foram compartilhadas online em bancos de dados públicos, podendo ser utilizadas para comparação entre as diferentes variantes. Como é fácil imaginar, o sequenciamento do material genético completo do vírus é caro e pouco ágil, não permitindo que todas as amostras virais sejam analisadas.

Genotipagem é uma metodologia na qual são sequenciadas apenas algumas partes do genoma viral, barateando o processo e tornando-o ágil. Com a comparação das sequências de genoma completo nos bancos de dados públicos, é possível avaliar quais partes do genoma viral são mais importantes para a diferenciação das variantes, elaborando um protocolo de genotipagem apropriado para um determinado vírus.

O Consórcio Britânico para estudo de COVID-19 (The COVID-19 Genomics UK Consortium) publicou o artigo utilizado como fonte para esta postagem ([ver o artigo original aqui](#)), divulgando o protocolo de genotipagem por SNP (polimorfismos de nucleotídeo simples ou “single nucleotide polymorphism”, em inglês) para o SARS-CoV-2. Foram selecionadas posições polimórficas no genoma viral, isto é, posições com nucleotídeos que variavam entre as variantes. Essas posições polimórficas foram analisadas com a finalidade de escolher algumas apropriadas para diferenciar as variantes. Essas posições apropriadas no genoma foram denominadas marcadores de SNP e o protocolo de genotipagem foi estabelecido com base nelas. A concordância entre os protocolos de sequenciamento de genoma completo e de genotipagem de SNP na detecção das variantes do SARS-CoV-2 foi avaliada para validar a nova metodologia.

Veja o vídeo abaixo explicando a metodologia da genotipagem.



Segundo os autores, a genotipagem foi capaz de detectar amostras virais mistas, interpretadas como possível evidência de infecção por dois genótipos virais. A genotipagem é altamente escalável e não requer equipamento personalizado, o que a torna adequada como um método de triagem adicional em instalações de teste de

diagnóstico. Não é, entretanto, uma substituta para o sequenciamento de genoma completo. Em vez disso, as duas abordagens são complementares e os painéis de genotipagem precisarão ser cruzados com os alinhamentos de sequência de genoma completo em intervalos regulares para garantir que novas mutações sejam incluídas na análise de genotipagem.

FONTE: Detecting SARS-CoV-2 variants with SNP genotyping. Helen Harper, Amanda Burridge, Mark Winfield, Adam Finn, Andrew Davidson, David Matthews, Stephanie Hutchings, Barry Vipond, Nisha Jain, The COVID-19 Genomics UK (COG-UK) Consortium, Keith Edwards, Gary Barker. PLoS ONE 16 (2): e0243185. 24 de fevereiro de 2021. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243185>.

## ATUALIDADES