



Câmara Municipal de Porto Ferreira

ESTADO DE SÃO PAULO
CNPJ 47.794.169/0001-24

Of. N°

REQUERIMENTO N° 255/2021 SENHOR PRESIDENTE

Considerando o INFORME N.16 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI, de 04 de maio, referente à detecção de possível nova linhagem, relacionada à B.1.1.28, que apresenta a mutação L452R, também presente na variante india, em anexo.

Considerando que segundo o Informe nº. 16 "a sequência de genoma completo de duas amostras coletadas em 24/03/2021 e 05/04/2021 na cidade de Porto Ferreira - SP, classificadas como B.1.1.28 pelo Pango lineages, apresentou a mutação L452R na proteína S".

Considerando que segundo o Informe nº. 16 "Devido à importância desta mutação, relacionada ao escape de anticorpos neutralizantes, estando a mesma presente nas variantes B.1.617 (Indiana), B.1.427 e B.1.429 (ambas da Califórnia), realizamos análises filogenéticas comparando com outras sequências da linhagem B.1.1.28, já depositadas no GISAID".

Considerando a conclusão do Informe nº 16 que "Devido à presença da mutação L452R, que é motivo de preocupação mundial, recomendamos às autoridades responsáveis que medidas sejam adotadas com urgência para evitar a dispersão desta possível nova linhagem para outras localidades".

Considerando o Ofício Circular DRS III-D nº 16/2021, da Diretoria do Departamento Regional de Araraquara, em anexo, que comunicou os responsáveis pela Vigilância Sanitária das cidades envolvidas e ainda recomendou que "as providências cabíveis sejam tomadas no controle da dispersão das variantes de SARS-CoV-2 em território brasileiro."

Requeiro a Vossa Excelência, obedecidas às normas regimentais, que seja oficiado aos Excelentíssimos Ministro da Saúde, Dr. Marcelo Queiroga, Governador do Estado de São Paulo, Sr. João Agripino da Costa Dória Junior, Secretário de Saúde do Estado de SP, Dr. Jean Carlo Gorinchteyn, Secretário de Desenvolvimento Regional do Estado de São Paulo, Sr. Marco Vinholi, Diretor do Instituto Butantan, Sr. Dimas Tadeu Covas, Presidente da Fundação Oswaldo



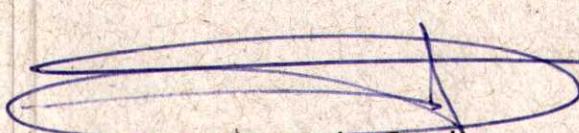
Câmara Municipal de Porto Ferreira

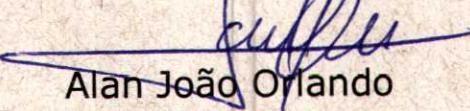
ESTADO DE SÃO PAULO
CNPJ 47.794.169/0001-24

Of. Nº

Cruz, Dra. Nísia Trindade Lima e a Presidente da Pfizer do Brasil, Sra. Marta Díez, solicitando aos mesmos, um pedido URGENTE de vacinação em massa para o Município de Porto Ferreira/SP, como a única forma eficaz de conter a dispersão das variantes do COVID-19.

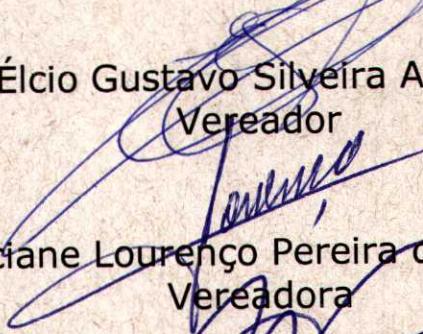
Plenário Syrio Ignátios, 13 de maio de 2021.


Marcelo Ozelin
Vereador


Alan João Orlando
Vereador


Élcio Gustavo Silveira Arruda
Vereador


João Lázaro Batista
Vereador


Luciane Lourenço Pereira de Sousa
Vereadora

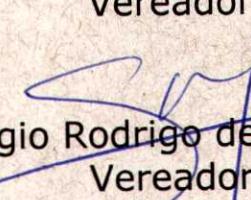

Marcelo Nery de Oliveira
Vereador


Pedro Celso Wanderley de Melo
Vereador


Priscila Franco de Oliveira
Vereadora


Ricardo Luis Patroni
Vereador


Renato Pires da Rosa
Vereador


Sérgio Rodrigo de Oliveira
Vereador

CAMARA MUNICIPAL DE PORTO FERREIRA
LEITURA NO EXPEDIENTE DA SESSÃO ORDINÁRIA
REALIZADA EM: 13/05/2021
DESPACHO : APROVADO POR UNANIMIDADE

PRESIDENTE

1º SECRETÁRIO

2º SECRETÁRIO

Av. Eng. Nicolau de Vergueiro Forjaz, 1068 - Fone (19) 3581-1022

CEP 13660-005 - Porto Ferreira - SP

E-mail camaraportoferreira@camaraportoferreira.sp.gov.br

Rede Vírus-MCTI

Brasília, 04 de maio de 2021

INFORME N.16 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

Detecção de possível nova linhagem, relacionada à B.1.1.28, que apresenta a mutação L452R, também presente na variante india.

A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, através do Instituto de Biotecnologia (IBTEC), Instituto de Biociências - UNESP Botucatu, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (IBILCE) - UNESP, São José do Rio Preto, do Laboratório de Pesquisa em Virologia da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto - FAMERP- e da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP Pirassununga (FZEA-USP), reporta a identificação de uma possível nova linhagem, relacionada à B.1.1.28, em amostras da região de Araraquara (DRS-3), que apresenta a **mutação L452R** na proteína S dos SARS-CoV-2.

Informamos que, de 148 amostras dessa região que foram tipificadas pelo nosso grupo, 118 foram da variante P1, 17 como P2/N9, 4 como B1.1.7 e **9 como B.1.1.128 (nova variante)**. Isso ressalta a importância dessa nova variante que permanece em circulação onde predomina as variantes de preocupação (VOC).

A sequência de genoma completo de duas amostras coletadas em 24/03/2021 e 05/04/2021 na cidade de Porto Ferreira – SP, classificadas como B.1.1.28 pelo Pango lineages, apresentou a mutação L452R na proteína S. Devido à importância desta mutação, relacionada ao escape de anticorpos neutralizantes, estando a mesma presente nas variantes B.1.617 (Indiana), B.1.427 e B.1.429 (ambas da Califórnia), realizamos análises filogenéticas comparando com outras sequências da linhagem B.1.1.28, já depositadas no GISAID (Tabela 1). A análise revelou que as duas sequências de Porto Ferreira formam um grupo monofilético, com outras 17 sequências de cidades da mesma região (Figura 1), com alta sustentação de ramos. (Figura 2). Foram identificadas 13 mutações não-sinônimas e 5 sinônimas próprias do clado, sendo 4 na proteína S. As substituições que definem o clado encontram-se descritas na Tabela 2. A formação de um grupo monofilético com alto suporte

<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>

de ramo, a presença de mutações características e a circulação em determinada região geográfica são fatores que sugerem que se trata de uma nova linhagem descendente de B.1.1.28.

Com o intuito de rastrear a frequência dessa variante na região, realizamos investigação de 64 amostras das cidades dessa região geográfica via sequenciamento Sanger da região RBD da proteína S, onde se encontra a mutação L452R. Foram identificadas outras 7 amostras contendo esta mutação, sendo 6 de Porto Ferreira – SP e uma de Descalvado – SP. O genoma completo dessas amostras está sendo sequenciado e será depositado no GISAID.

É importante destacar que a sequência mais antiga depositada desta possível nova linhagem data de Fevereiro de 2021 sugerindo um surgimento recente. Observa-se também a circulação em regiões que apresentam predomínio da linhagem P.1.

Tabela 1. Informações das sequências que compõe o clado. Em negrito as sequências depositadas por este grupo.

Numero de acesso GISAID	Cidade	Depositante
EPI_ISL_1734841	Porto Ferreira	Rede Corona-ômica (IBTEC-UNESP)
EPI_ISL_1734875	Porto Ferreira	Rede Corona-ômica (IBTEC-UNESP)
EPI_ISL_1520132	Mococa	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1520133	Mococa	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1580269	Cesário Lange	Rede de Vigilância Genômica (Vigenômica)/UNESP
EPI_ISL_1625982	Itirapina	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1625983	Araras	Instituto Adolfo Lutz
EPI_ISL_1795091	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795092	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795084	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795085	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795086	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795413	Tambaú	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795087	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795088	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795089	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795090	Santa Cruz Das Palmeiras	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795401	Rio Claro	Instituto Butantan
EPI_ISL_1795412	Sumaré	Instituto Butantan

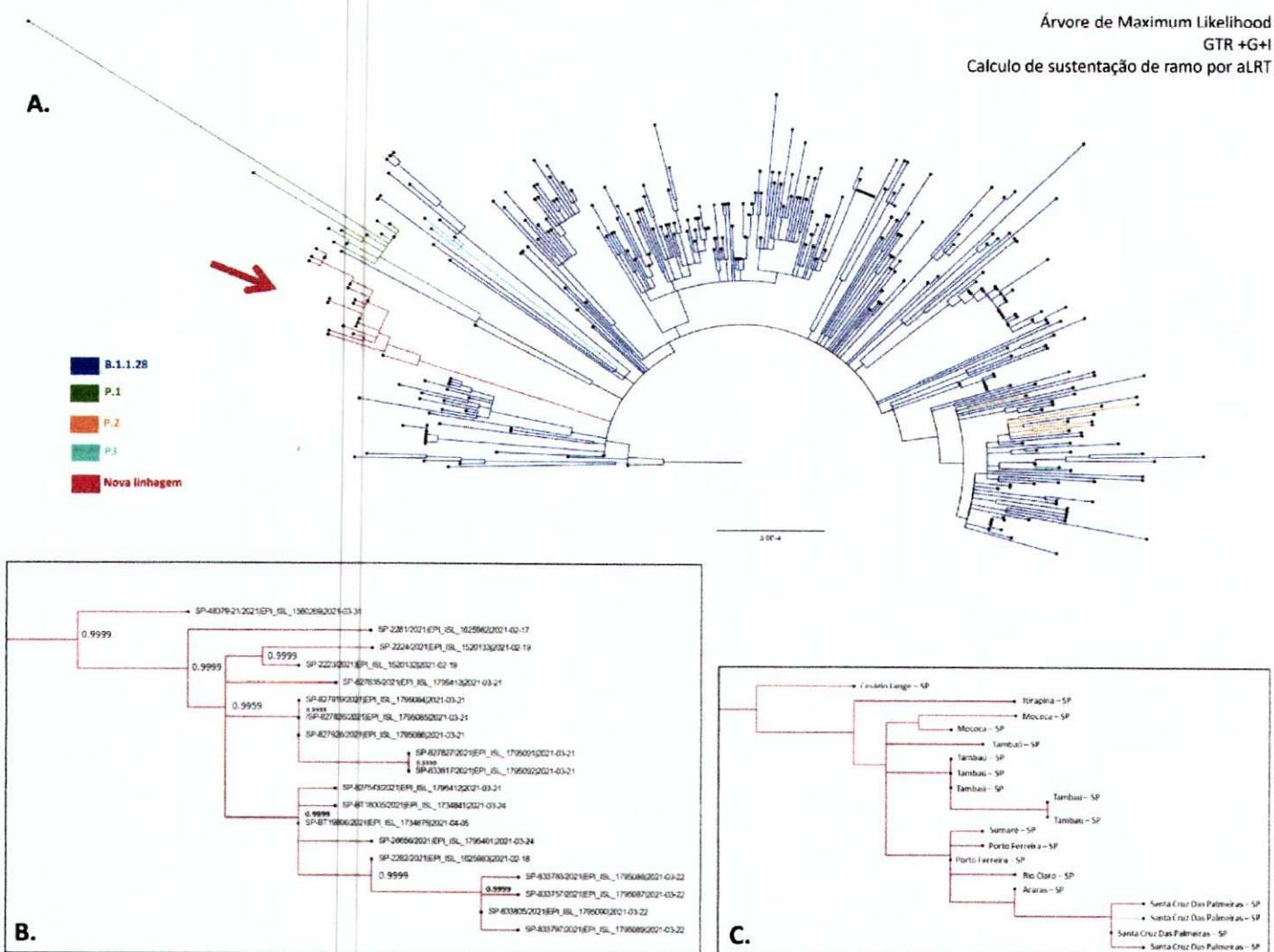
<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>



Figura 1: Mapa das cidades onde possível nova variante foi identificada. Vermelho – Cidades com sequências de genoma completo (19 amostras) . Bege – Cidade com sequenciamento da região RBD da proteína Spike (6 amostras)

<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>

Figura 1. A. Árvore filogenética de *Maximum Likelihood* reconstruída com base em um *dataset* de 337 sequências de genoma completo, incluindo B.1.1.28 e variantes descendentes (P.1, P.2, P.3). B. Detalhe do ramo da possível nova linhagem, apresentando a identificação das sequências e o suporte de ramo (aLRT). C. Detalhe apresentando as cidades onde as amostras de cada ramo foram coletadas.



<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>

Tabela 2. Mutações compartilhadas pelas sequências do clado (excluindo as já presentes na B.1.1.128 original) e a região genômica correspondente.

Região genômica	Nucleotídeo	Aminoácido
	A136G	-
ORF1a	G1811A	A516T
ORF1a	C3177T	P971L
ORF1a	C9693T	A3143V
ORF1a	T9867C	L3201P
ORF1a	C11450A	Q3729K
ORF1a	C12008T	L3915F
ORF1a	C12880T	-
ORF1b	A15932G	Y822C
ORF1b	G18756T	-
ORF1b	C20436T*	-
S	G21987T	G142V
S	C22079A*	Q173K
S	T22917G	L452R
S	A23720G**	I720V
ORF3a	G25540A	V50I
	A28271C	-
N	C28932T	A220V

* Não estão presentes na sequência de Cesário Lange

** Não está presente na sequência de Itirapina

Informamos que envidaremos esforços para rastrearmos o surgimento dessa nova variante em amostras armazenadas da região e analisarmos dados epidemiológicos para determinação da sua possível origem para posterior publicação.

Devido à presença da mutação L452R, que é motivo de preocupação mundial, recomendamos às autoridades responsáveis que medidas sejam adotadas com urgência para evitar a dispersão desta possível nova linhagem para outras localidades.

Responsáveis por esse comunicado:

Profa. Cintia Bittar (PPG em Microbiologia IBILCE – UNESP Bolsista de PNPD)
Prof. João Pessoa Araujo Junior (IBTEC/IB – UNESP)

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI

<http://www.corona-omica.br-mctic.lncc.br/>

Ofício Circular DRS III-D nº 016/2021

Araraquara, 29 de Abril de 2021.

Senhor(a) Secretário (a),

Com nossos cordiais cumprimentos, vimos comunicar que a Rede Vírus MCTI, através do Instituto de Biotecnologia (IBTEC) e Instituto de Biociências - UNESP Botucatu, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (IBILCE) - UNESP, São José do Rio Preto, do Laboratório de Vírus da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP) e da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP Pirassununga (FZEA), sequenciou parte do segmento codificante da proteína S de SARS-CoV-2 através da técnica de Sanger que possibilitou identificar as principais variantes.

Com os resultados foi possível identificar que a variante P1 (Brasileira) é predominante nos municípios da nossa região. Apenas em Porto Ferreira foi encontrado outra variante (B.1.1.28).

n Interno	Requisição	Município do Solicitante	Município de Residência	Estado de Residência	Unhagem
18005	211236030854	PORTO FERREIRA	Porto Ferreira	SP	B.1.1.28
19552	211236034173	DOURADO	Dourado	SP	P.1
19579	211236034122	DESCALVADO	Descalvado	SP	P.1
19582	211236034125	DESCALVADO	Descalvado	SP	P.1
19597	211236034301	NOVA EUROPA	Nova Europa	SP	P.1
19602	211236034141	GAVIAO PEIXOTO	Gaviao Peixoto	SP	P.1
19703	211236034400	DOURADO	Dourado	SP	P.1
19711	211236034426	BOA ESPERANCA DO SUL	Jau	SP	P.1
19712	211236034429	BOA ESPERANCA DO SUL	Boa Esperanca do Sul	SP	P.1
19729	211236034717	TRABIJU	Trabiju	SP	P.1
19731	211236034487	RINCAO	Rincao	SP	P.1
19732	211236034490	RINCAO	Rincao	SP	P.1
19735	211236034313	IBITINGA	Ibitinga	SP	P.1
19741	211236034353	IBITINGA	Ibitinga	SP	P.1
19742	211236034360	IBITINGA	Ibitinga	SP	P.1
19756	211236034335	DESCALVADO	Descalvado	SP	P.2
19771	211236034720	GAVIAO PEIXOTO	Gaviao Peixoto	SP	P.1
19779	211236034534	RIBEIRAO BONITO	Ribeirao Bonito	SP	P.1
19783	211236034446	PORTO FERREIRA	PORTO FERREIRA	SP	P.1
19784	211236034447	PORTO FERREIRA	PORTO FERREIRA	SP	P.1
19789	211236034453	PORTO FERREIRA	PORTO FERREIRA	SP	P.1
19794	211236034464	PORTO FERREIRA	PORTO FERREIRA	SP	P.1
19806	211236034507	PORTO FERREIRA	PORTO FERREIRA	SP	P.1
19828	211236034498	ARARAQUARA	Araraquara	SP	B.1.1.28
19842	211236034404	ARARAQUARA	Araraquara	SP	P.1
19845	211236034410	ARARAQUARA	Araraquara	SP	P.1
19847	211236034413	ARARAQUARA	Araraquara	SP	P.1
19857	211236034544	ARARAQUARA	Araraquara	SP	P.1
19876	211236034608	ARARAQUARA	Santos	SP	P.1

Coordenadoria de Regiões de Saúde - CRS
 Departamento Regional de Saúde de Araraquara - DRS III
 Avenida Espanha, 188, 4º andar | CEP 14801-130 | Araraquara, SP | Fone: (16) 3301-1867
 drs3@saude.sp.gov.br



Todos os dados estão sendo disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (CoronaÔmica.BR - MCTI) e internacionais (GISAID) com a posterior submissão do trabalho ao periódico científico. Solicitamos que estes resultados sejam divulgados para os responsáveis pela Vigilância Sanitária das cidades envolvidas.

Desta forma, recomendamos que as providências cabíveis sejam tomadas no controle da dispersão das variantes de SARS-CoV-2 em território brasileiro.

Atenciosamente;



Sonia Regina Souza Silva
Diretor Técnico de Saúde III
DRS III - Araraquara

Aos
Secretários Municipais de Saúde - DRS III - Araraquara

mcrsp