



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Multiplex RT-qPCR para diagnóstico de COVID-19 e genotipagem das sublinhagens da variante Ômicron
<b>Autor</b>	JOÃO VITOR BARBOZA CARDOSO
<b>Orientador</b>	ILMA SIMONI BRUM DA SILVA

Os custos associados à identificação das linhagens circulantes de SARS-CoV-2 através do sequenciamento completo do genoma viral limitam o seu uso de forma rotineira. Além disso, há relatos de regiões do genoma suscetíveis a falhas de amplificação que afetam o diagnóstico. Portanto, desenvolver abordagens mais acessíveis para identificação das variantes circulantes e eficientes para diagnóstico das linhagens atuais e futuras, são de grande importância para mitigar os impactos da pandemia. A identificação por genotipagem de mutações específicas das linhagens se mostrou uma abordagem acessível e vem sendo usada para vigilância genômica no país. Dentro das sublinhagens da variante *Ômicron*, apenas BQ.1, BA.4, BA.5 e BF.7 tem a mutação S:Del69/70; ausente, portanto, em XBB, FE.1 BA.2. Adicionalmente, o gene *Nsp10* é mais conservado do que genes como *N*, *S* e *RdRp*, sendo um bom candidato a gene alvo para diagnóstico. Dessa forma, buscamos desenvolver um ensaio multiplex capaz de, simultaneamente, detectar o vírus e triar as sublinhagens da variante *Ômicron*. Os primers e sondas para o gene *Nsp10* foram desenhados com Primer-BLAST e PrimerQuest Tool, enquanto os primers e sondas para a mutação S:Del69/70 e RNase P humana foram retirados da literatura, e já são usados em laboratórios de referência. Os fluoróforos escolhidos para marcar as sondas foram ABY, VIC e FAM pois podem ser detectados em equipamentos com menor quantidade de filtros para coleta de fluorescência, melhorando o acesso da técnica aos laboratórios com menos recursos. Noventa e três amostras previamente genotipadas com perfis conhecidos para S:Del69/70 foram submetidas a avaliação do protocolo multiplex. O ensaio se mostrou sensível e específico, capaz de simultaneamente detectar a presença do vírus e distinguir as sublinhagens BQ.1 de XBB e FE.1.