

DETECÇÃO DA VARIANTE ÔMICRON EM CRIANÇAS DE ESCOLAS PRIMÁRIAS DE MAPUTO CIDADE E PROVÍNCIA (2022-2023)

MARLENE DJEDJE^{1,2}; ADILSON BAUHOFFER^{1,3}; BENILDE MUNLELA^{1,3}; ÉDIO USSIVANE¹; FERNANDA CAMPOS¹; FÁTIMA IAHAIA¹; EMERSON MIRANDA¹; RAMÍGIO POLOLO¹; LUCIANA MAPENDERA¹; NILSA DE DEUS^{1,4}.

¹Instituto Nacional de Saúde; ²Centro de Biotecnologia, Universidade Eduardo Mondlane; ³Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Portugal; ⁴Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Eduardo Mondlane.

Introdução

A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, tem afectado milhões de pessoas em todo o mundo, resultando em mais de 7 milhões de mortes até o final de 2023. Embora inicialmente se acreditasse que as crianças eram menos afectadas, o aumento dos casos entre os mais jovens tem gerado preocupação. Em Moçambique, há poucos dados sobre a infecção em crianças, especialmente quanto às variantes do vírus. **Objectivo:** Detectar a variante Ômicron de SARS-CoV-2 em crianças de escolas primárias de Maputo.

Metodologia

5 amostras (nasal/orofaríngea) de crianças de 4 escolas de diferentes áreas de Maputo (rural, peri-urbana, urbana), da primeira à quinta classe, colhidas no âmbito do projecto Kids-CoV, positivas para o teste rápido de antígeno, foram confirmadas por RT-qPCR. O sequenciamento das amostras positivas por RT-qPCR, foram realizados usando a plataforma Illumina Miseq, usou-se a plataforma Nexclade para identificação das variantes, linhagem e mutações. As análises filogenéticas foram realizadas utilizando o *software* especializado IQ-TREE, o alinhamento das sequências foi realizado usando MAFFT e foram utilizados métodos de inferência filogenética, como Máxima Verossimilhança.

Resultados

- 3 amostras de crianças das escolas primárias, foram positivas por RT-qPCR. Duas eram do sexo feminino, uma do sexo masculino, sendo que as suas idades eram de 7 anos, 8 anos e 10 anos, provenientes das escolas primárias 7 de Setembro (urbana), Ingrid Chawener (peri-urbana) e Centro Educacional (rural) respectivamente.
- Observou-se que as crianças, apresentaram manifestações clínicas variadas, incluindo caso assintomáticos (Tabela 1).
- Duas amostras de crianças foram sequenciadas com sucesso, identificando a variante Ômicron e linhagens diferentes BA.5.2 e XBB.2. Foram identificadas um total de 82 mutações nucleotídicas no genoma do SARS-CoV-2, sendo 39 pertencentes à linhagem BA.5.1 e 43 à XBB.2.

Tabela 1. Características Clínicas das Crianças positivas ao SARS-CoV-2: Idade, Sexo, Proveniência e Sintomas.

Amostra	Ano de colheita	Idade	Sexo	Proveniência (Escolas)	Sintomas
Kidscov1	2022	8	F	Ingrid Chawener	Congestão nasal; Dor de barriga; perda de paladar
065	2023	10	M	Centro Educacional	Nenhum sintoma específico
094	2023	7	F	7 de Setembro	Sintomas Observados

- Foram identificadas 32 tipos de mutações aminoácídicas nas variantes BA.5.1 e XBB.2 do SARS-CoV-2, sendo que as mutações E27del, N28del, A29del, E31del, R32del e S33del foram as mais frequentes observadas nas duas linhagens BA.5.2 e XBB.2 (100%).

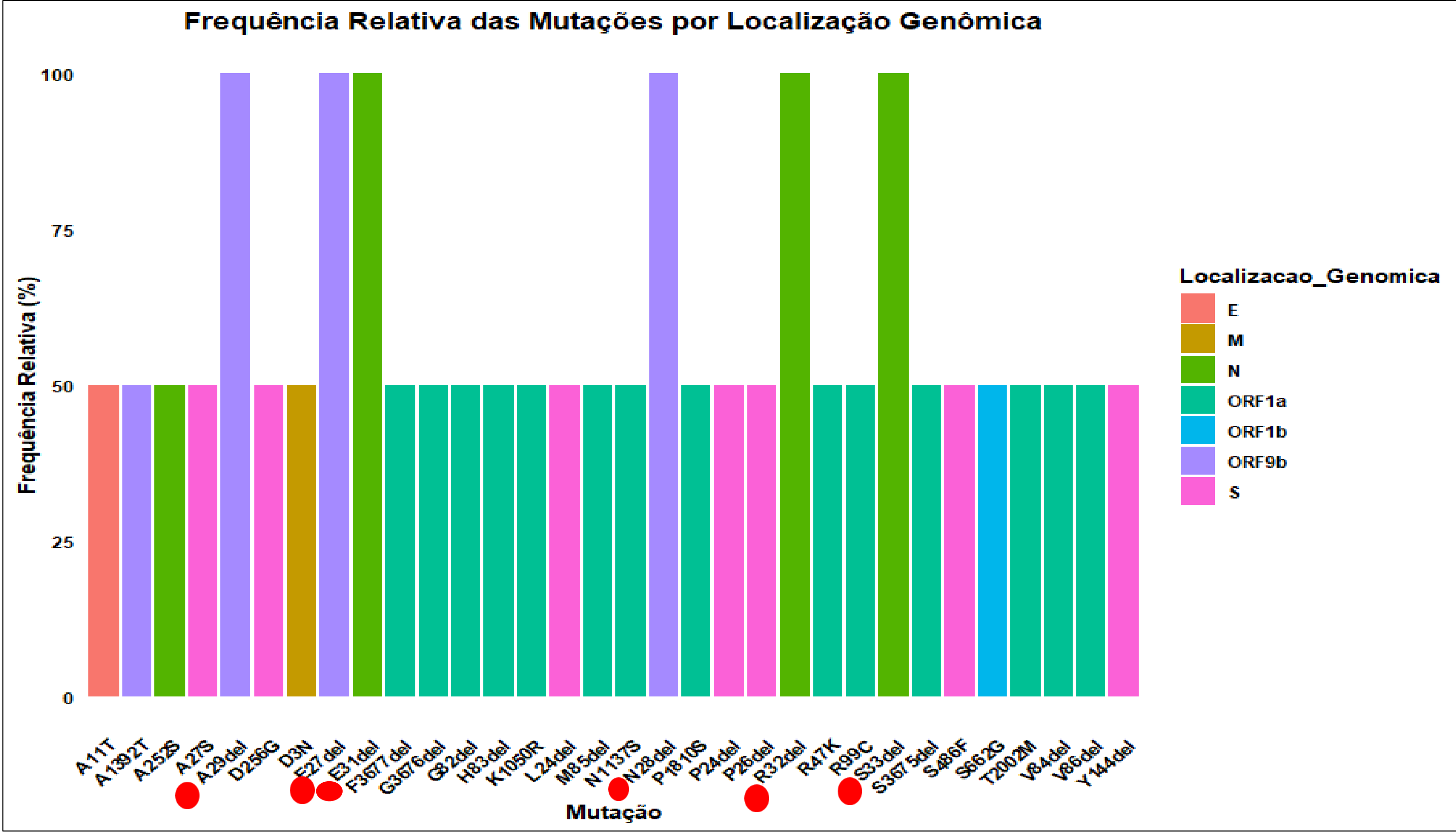


Figura 1. Distribuição de mutações nas regiões genômicas das linhagens BA.5.1 e XBB.2 do SARS-CoV-2. Pontos vermelhos indicam mutações compartilhadas entre as linhagens

- A árvore filogenética indicou que as linhagens BA.5.1 e XBB.2 se agruparam com outras sequências locais e internacionais da mesma linhagem, mostrando uma circulação semelhante das variantes na região e outros locais.

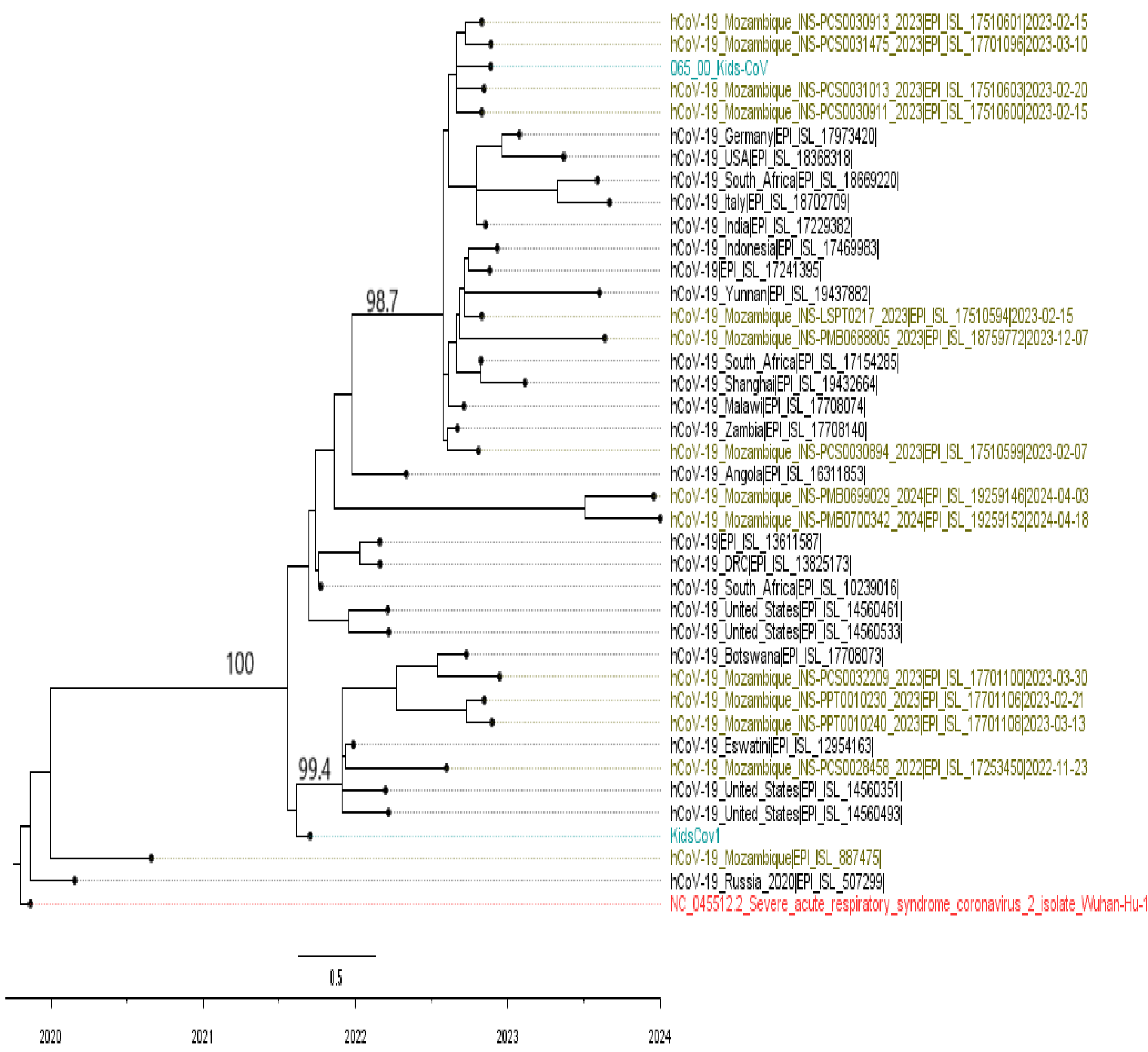


Figura 2. Árvore filogenética das linhagens Ômicron do SARS-CoV-2, mostrando a relação evolutiva entre as sequências do estudo, de Moçambique e de outros países. As sequências destacadas, 065 e Kids1, são provenientes do presente estudo; Sequências em Verde: Representam amostras coletadas em Moçambique; Sequências em Preto: Correspondem a amostras do restante do mundo.

Conclusão

As mutações na variante Ômicron em crianças tem impacto significativo na saúde pública, destacando a importância da vigilância genômica na compreensão da disseminação viral e monitoramento de mutações que podem afectar a transmissibilidade ou gravidade da doença, especialmente em crianças. **Palavras chave:** Vigilância, crianças, SARS-CoV-2, Ômicron, Mutações

Referências Bibliográficas

- LUDVIGSSON, J. F. The first eight months of Sweden’s COVID-19 strategy and the key actions and actors that were involved. *Acta Paediatrica*, v. 109, n. 12, p. 2459–2471, dez. 2020
- ISMAEL, N. *et al.* Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 during the first four waves in Mozambique. *PLOS Global Public Health*, v. 3, n. 3, p. e0001593, 6 mar. 2023.

Correspondência:
Nome do autor a contactar: Marlene Djedje.
Filiação do autor: Instituto Nacional de Saúde.

E-mail: marlenedjedje1@gmail.com. **Tell:** +258 847561587

