

SES
Secretaria
de Estado
de Saúde



Governo de
**Mato
Grosso**



2024

RELATÓRIO 42, 43 e 44: SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO DAS AMOSTRAS DE SARS-CoV-2, POSITIVAS REALIZADO NO LACEN-MT PARA IDENTIFICAÇÃO E MONITORAMENTO DAS VARIANTES CIRCULANTES NO ESTADO DE MATO GROSSO

O sequenciamento genético emerge como uma ferramenta crucial para decifrar os genomas virais, possibilitando a identificação de novos patógenos e aprofundando a compreensão sobre a origem e transmissão de vírus emergentes. No caso do SARS-CoV-2 o sequenciamento desempenha um papel essencial no acompanhamento, monitoramento e identificação das diversas linhagens e sublinhagens que circulam no Estado. Isso tem relevância considerável, dada a evolução contínua do vírus, que se afasta da estirpe original identificada em Wuhan.

O sequenciamento genético realizado nessas amostras proporciona a identificação e monitoramento das linhagens e sublinhagens do SARS-CoV-2 circulantes em diversas regiões de Mato Grosso. Esses dados desempenham um papel fundamental para oferecer suporte às estratégias de saúde pública, permitindo o rastreamento de surtos, a avaliação da eficácia das medidas de controle e o aprofundamento na compreensão da dinâmica de disseminação do vírus.

Foram selecionadas 51 amostras positivas para o SARS-CoV-2, que foram sequenciadas entre os dias 21 a 23 de maio de 2025, todas passaram pelo controle de qualidade sendo tendo cobertura do genoma superior a 90%, e o controle negativo, seguiu o padrão esperado sem nenhuma contaminação (**Figura 1**).

Os pacientes são referentes aos municípios de Cuiabá, Colíder, Lucas do Rio Verde, Campo Novo do Parecis, Primavera do Leste, Itaúba e Santa Terezinha (**Figura 2**).

A RT-PCR em tempo real foi realizada no termociclador ABI 7500™ com o kit molecular INF-A/INF-B/SC2 da Bio-Manguinhos para amostras de SARS-CoV-2.

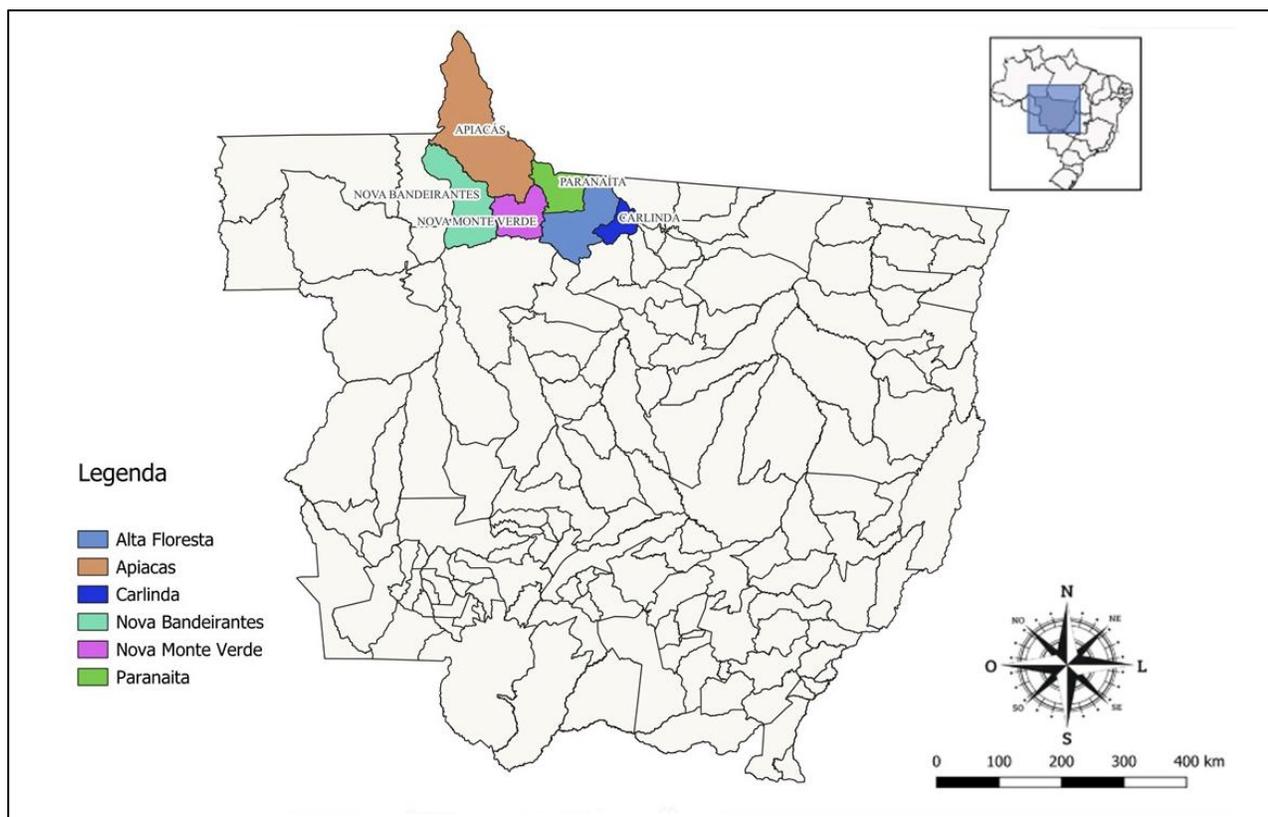


Figura 2: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

A Montagem do genoma e classificação das variantes foi realizada pelo software ViralFlow (<https://viralfloow.github.io/index.html>, versão v1.0.1), e revisados no Pangolin (Versão 4.3, pangolin-data v1-22) e Nextclade (version 3.14.5), e analisadas pelos softwares como: *CodonCode*; *AliView*. A determinação das linhagens foi realizada utilizando as ferramentas *Pangolin*, *Nextclade* e *Genome Detective* (<https://pangolin.cog-uk.io/>) (<https://clades.nextstrain.org/>).

As amostras selecionadas apresentaram valores de Ct (cycle threshold) que variaram entre 15 e 27. Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Illumina® (MiSeq™), apresentando valores de cobertura acima de 89% do genoma total (**Tabela 1**).

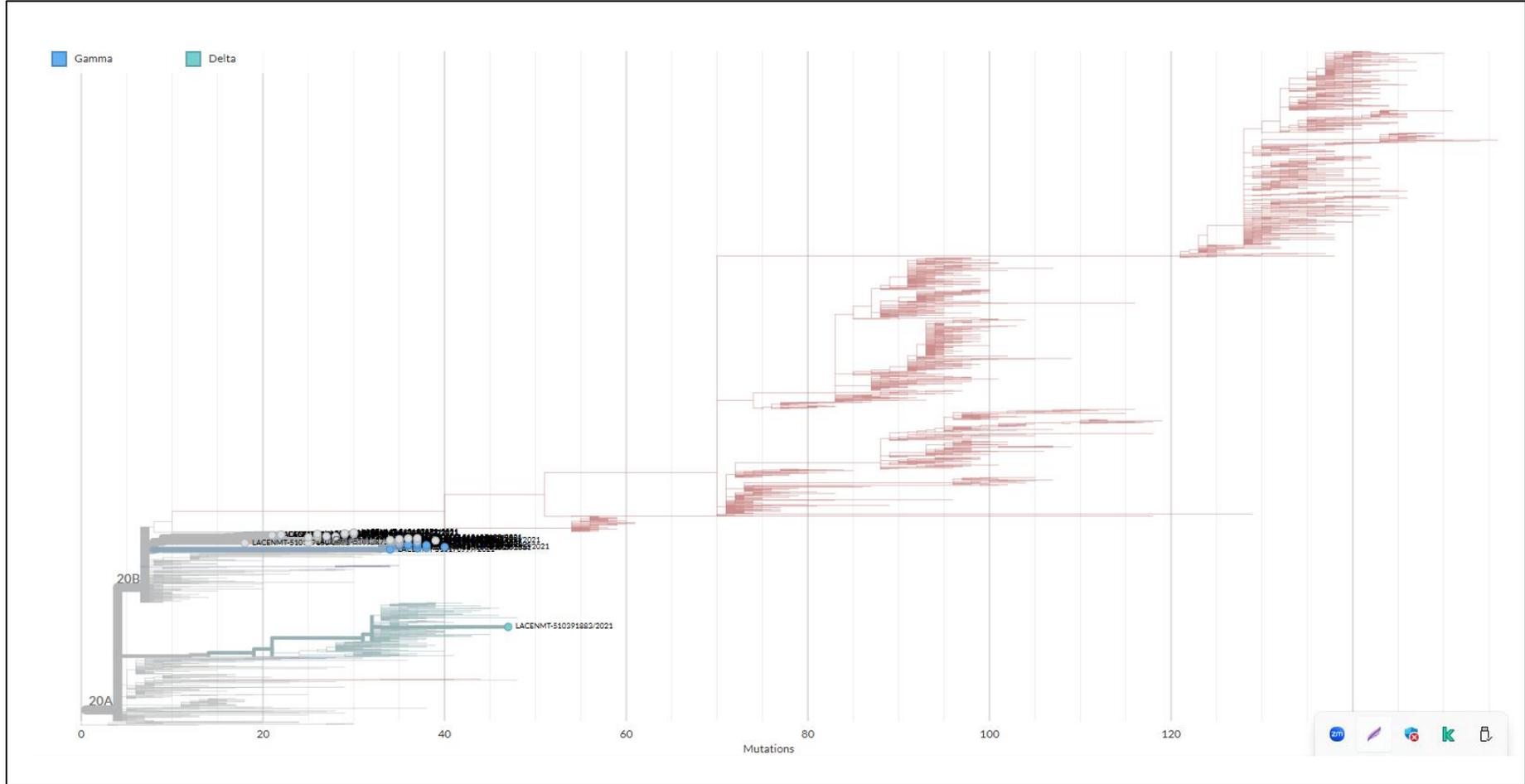
RESULTADOS

Nº Interno	Requisição_GAL_Sequenciamento	Idade	Gênero	Município Requirante	UF	Data da Coleta	Ct	Reads	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
2	211012000670	57	MALE	CARLINDA	MT	15/02/2021	20	492461	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510157952/2021
10	211012000617	60	FEMALE	CARLINDA	MT	11/02/2021	16	262057	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510154387/2021
11	211012000662	25	MALE	CARLINDA	MT	15/02/2021	17	538764	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510157878/2021
13	211012000671	39	MALE	CARLINDA	MT	15/02/2021	16	601739	99.5%	P.1.10	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510157962/2021
18	211002000518	25	MALE	APIACÁS	MT	29/01/2021	26	394266	98.4%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510137150/2021
27	211002000720	40	MALE	APIACÁS	MT	17/02/2021	20	916107	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510160902/2021
34	211002000726	41	FEMALE	APIACÁS	MT	17/02/2021	16	572573	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510161382/2021
36	211005000376	62	MALE	NOVA MONTE VERDE	MT	25/01/2021	22	376735	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510136044/2021
43	211005000396	33	FEMALE	NOVA MONTE VERDE	MT	29/01/2021	16	462115	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138497/2021
44	211005000531	27	FEMALE	NOVA MONTE VERDE	MT	10/02/2021	24	400962	97.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510152773/2021
48	211005000399	22	MALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44225	18	573052	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138602/2021
49	211005000537	63	MALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44238	15	478754	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510153396/2021
54	211006001032	13	FEMALE	PARANAITA	MT	44225	18	348687	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510136966/2021
55	211006001039	27	FEMALE	PARANAITA	MT	44225	25	405161	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510137105/2021
59	211006001491	60	MALE	PARANAITA	MT	44239	20	517692	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510155902/2021
61	211006001044	53	FEMALE	PARANAITA	MT	44225	24	457019	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510137226/2021
65	211006000311	64	MALE	PARANAITA	MT	44203	22	466676	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510100677/2021
70	211004000124	21	MALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44226	24	378994	98.6%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138348/2021
72	211004000113	53	FEMALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44224	23	563370	99.4%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510134359/2021
73	211004000196	30	FEMALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44246	24	481012	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510163664/2021
76	211004000193	47	MALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44244	14	553631	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510163423/2021
77	211004000189	28	MALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44243	26	567186	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510159034/2021
80	211004000070	54	MALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44218	28	683816	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510126081/2021
85	211007002482	60	MALE	ALTA FLORESTA	MT	44251	19	301820	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510171671/2021
86	211007002401	16	FEMALE	ALTA FLORESTA	MT	44250	15	391335	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510168041/2021
89	211007002471	49	MALE	ALTA FLORESTA	MT	44251	17	508508	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510171286/2021

90	211007002455	28	MALE	ALTA FLORESTA	MT	44252	27	341017	98.8%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510170941/2021
92	211007001561	26	FEMALE	ALTA FLORESTA	MT	44225	18	551914	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510136908/2021
97	211007002375	41	FEMALE	ALTA FLORESTA	MT	44249	24	508711	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510165737/2021
99	211007002391	40	MALE	ALTA FLORESTA	MT	44250	20	496075	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510167592/2021
100	211007002364	55	FEMALE	ALTA FLORESTA	MT	44248	25	786881	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510164896/2021
105	211007002461	42	MALE	ALTA FLORESTA	MT	44251	23	475881	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510170997/2021
106	211007002475	48	FEMALE	ALTA FLORESTA	MT	44247	27	641664	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510171401/2021
116	211007009748	66	FEMALE	ALTA FLORESTA	MT		19	783850	99.5%	AY.101	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510391883/2021
132	211012000650	59	FEMALE	CARLINDA	MT	44242	21	112560	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510157634/2021
137	211012000651	47	FEMALE	CARLINDA	MT	44242	18	353271	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510157641/2021
160	211002000734	65	FEMALE	APIACÁS	MT	44245	15	500125	99.5%	P.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510162429/2021
162	211002000712	23	MALE	APIACÁS	MT	44243	17	649128	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510159531/2021
173	211002000730	55	MALE	APIACÁS	MT	44245	25	440912	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510162360/2021
179	211005000398	43	FEMALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44225	22	662540	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138590/2021
182	211005000387	54	FEMALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44225	23	337213	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510136816/2021
183	211005000532	31	FEMALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44237	21	715663	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510152783/2021
184	211005000392	57	MALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44225	25	774931	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510136837/2021
186	211005000538	12	MALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44238	18	543007	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510154362/2021
189	211005000400	39	MALE	NOVA MONTE VERDE	MT	44225	14	647158	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138615/2021
195	211004000112	40	FEMALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44224	21	511943	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510134311/2021
196	211004000121	30	FEMALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44226	21	461476	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138258/2021
199	211004000123	41	MALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44228	19	764972	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138308/2021
203	211004000176	64	MALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44235	19	568005	99.5%	P.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510153081/2021
204	211004000188	64	FEMALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44243	18	648696	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510159024/2021
205	211004000127	36	FEMALE	NOVA BANDEIRANTES	MT	44228	24	623960	99.5%	B.1.1.28	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510138751/2021

Tabela 1: Informações sobre as amostras sequenciadas, cobertura do genoma e as respectivas linhagens identificadas do vírus SARS-CoV-2

A árvore filogenética foi elaborada através do Nextclade, ilustrando a diferença de mutações ao longo da evolução e suas respectivas linhagens (**Figura 3**). Todos os genomas sequenciados passaram no controle de qualidade, sendo considerados aptos ao depósito na plataforma GISAID.



Todas as amostras sequenciadas são de regiões que até então não tínhamos informações, as amostras foram coletadas no ano de 2021 e armazenadas no freezer -80. O sequenciamento foi realizado com o intuito de descobrirmos quais linhagens circulavam até então no ano de 2021. Todas elas foram identificadas como Variante Gamma e Delta, que corresponde ao que circulavam no Brasil na mesma época.

O LACEN-MT implementou um programa de vigilância genômica ativa, que se configura como um pilar essencial para a detecção precoce e acompanhamento das subvariantes da Ômicron. Esta vigilância desempenha um papel estratégico na identificação de novas variantes, permitindo a antecipação de medidas para evitar a propagação acelerada do vírus e a ocorrência de novos surtos, além de mitigar o risco de futuras pandemias.

Adicionalmente, a vigilância genômica contribui para a adaptação das estratégias de saúde pública, viabilizando a personalização de intervenções preventivas e a melhoria na eficácia das vacinas. Ao priorizar a análise genética do vírus, Mato Grosso se posiciona na vanguarda da resposta às ameaças virais, promovendo maior segurança e bem-estar à população

REFERÊNCIAS

- 1- Cleemput, S. et al. "Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes." *Bioinformatics*, 2020.
- 2- Rando HM, et al. Pathogenesis, Symptomatology, and Transmission of SARS-CoV-2 through Analysis of Viral Genomics and Structure. *mSystems*. 2021 Oct 26;6(5):e0009521. doi: 10.1128/mSystems.00095-21. Epub 2021 Oct 26. Erratum in: *mSystems*. 2022 Jan 25;:e0144721. PMID: 34698547; PMCID: PMC8547481.
- 3- Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. *N Engl J Med*. 2020;382:1199-207. doi: 10.1056/NEJMoa2001316.
- 4- CHEN, J. et al. Omicron variant (B. 1.1. 529): Infectivity, vaccine breakthrough, and antibody resistance. *Journal of chemical information and modeling*, v. 62, n. 2, p. 412- 422, 2022.
- 5- https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/18122023_jn.1_ire_clean.pdf?sfvrsn=6103754a_3 (acesso 19/01/2024)
- 6- Wang X, Lu L, Jiang S. SARS-CoV-2 Omicron subvariant BA.2.86: limited potential for global spread. *Signal Transduct Target Ther*. 2023 Nov 30;8(1):439. doi: 10.1038/s41392-023-01712-0. PMID: 38036521; PMCID: PMC10689828.

Responsáveis técnicos

Stephanni Figueiredo da Silva

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Elaine Cristina de Oliveira (Diretora do LACEN-MT)