



Governo do Estado de Mato Grosso  
SES-Secretaria de Estado de Saúde  
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde  
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

# VIGILÂNCIA GENÔMICA

## EM

# MATO GROSSO



# 2026

Dengue

## N. 05/2026

SES  
Secretaria  
de Estado  
de Saúde



Governo de  
Mato  
Grosso





## 1. INTRODUÇÃO

O vírus da dengue (DENV), agente etiológico dessa doença, pertence à família Flaviviridae, do gênero Flavivírus, é um vírus envelopado cujo genoma é constituído por RNA de fita simples polaridade positiva. Apresenta características antigênicas distintas que o diferem em quatro sorotipos antigenicamente diferentes, DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4, que possuem de três a cinco genótipos dentro de cada sorotipo (LINDENBACH et al., 2007; VASILAKIS & WEAVER, 2008).

Devido à ausência de mecanismos de correção de erros (atividade de “proofreading”) da RNA polimerase RNA-dependente, os vírus de RNA, incluindo o DENV, exibem uma considerável diversidade genética. Conforme destacado por Holmes e Burch (2000), mutações, recombinações, a suscetibilidade do hospedeiro e o fluxo gênico entre os sorotipos do DENV têm sido fatores preponderantes para essa diversidade genética.

Ademais, a dengue integra o grupo das arboviroses, enfermidades provocadas por vírus disseminados por vetores artrópodes, como mosquitos. No contexto brasileiro, a transmissão do vírus da dengue ocorre principalmente através da picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti*, que, quando infectada, pode transmitir os agentes patogênicos. Esta transmissão pode resultar tanto na manifestação clássica da doença quanto na forma hemorrágica, ampliando a variedade de sintomas e complicações associadas à infecção.

Seguramente, 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 DENV, o sequenciamento desempenha um papel essencial no acompanhamento, monitoramento e identificação dos sorotipos e genótipos que circulam no Estado. Isso tem relevância considerável, devido aos ciclos endêmicos e epidêmicos que acometem a população.

## 2. AMOSTRAGEM

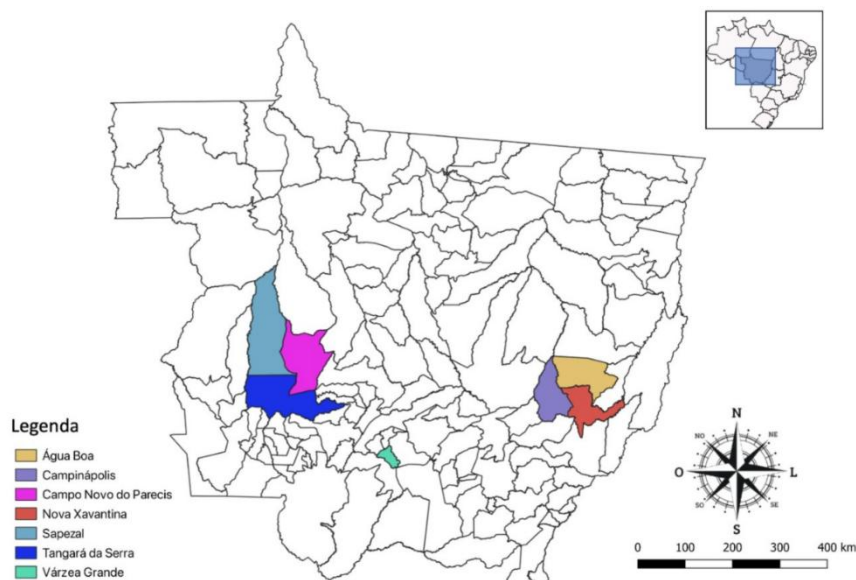
Foram selecionadas 26 amostras positivas para Dengue vírus sorotipo 3 (DENV-3), coletadas entre fevereiro e março de 2026, provenientes de diferentes municípios do estado de Mato Grosso (**Figura 1**).



Os municípios identificados foram:

- Tangará da Serra
- Várzea Grande
- Sapezal
- Campinápolis
- Boa Esperança do Norte
- Água Boa
- Campo Novo do Parecis
- Nova Xavantina

**Figura 1-** Árvore de Filogenia contendo os genomas de DENV-3 obtidos durante o sequenciamento de vigilância genômica no Estado do Mato Grosso - MT.



As amostras foram submetidas à extração automatizada de RNA viral e posteriormente analisadas por RT-qPCR em tempo real. As bibliotecas genômicas foram processadas utilizando metodologia de sequenciamento de nova geração (NGS) (**Figura 2**).



Governo do Estado de Mato Grosso  
SES-Secretaria de Estado de Saúde  
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde  
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

**Figura 2-** Workflow de preparação e sequenciamento em plataforma MiSeq (Illumina), incluindo etapas de extração de ácidos nucleicos, amplificação das regiões-alvo e geração de dados genômicos para análises moleculares e epidemiológicas.



A Montagem do genoma e classificação das variantes foi realizada pelo software ViralFlow (<https://viralflow.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* (<https://pangolin.cog-uk.io/>) (<https://clades.nextstrain.org/>).

### 3. RESULTADOS

As 25 amostras analisadas apresentaram qualidade satisfatória para sequenciamento genômico, com valores de Ct variando entre 12 e 26.

A cobertura genômica média observada foi elevada, variando aproximadamente entre 81,4% e 93,2% (Tabela 1), demonstrando boa recuperação dos genomas virais sequenciados.



Todas as amostras foram classificadas como:

- DENV-3
- Genótipo III
- Clado: 3III\_B.3.2

Os resultados demonstram manutenção da circulação do mesmo clado previamente identificado em Mato Grosso, sem evidências de emergência de novas variantes ou novos agrupamentos filogenéticos até o momento.

A distribuição das amostras demonstrou maior concentração nos municípios de:

- Tangará da Serra — 8 amostras (32%)
- Várzea Grande — 10 amostras (40%)
- Campinápolis — 2 amostras (8%)

Os demais municípios apresentaram ocorrência pontual, com uma amostra identificada em cada localidade:

- Sapezal
- Boa Esperança do Norte
- Água Boa
- Campo Novo do Parecis
- Nova Xavantina

Os achados reforçam ampla dispersão regional do DENV-3 no estado durante o período analisado. As idades dos pacientes variaram entre 4 e 90 anos, demonstrando circulação viral em diferentes faixas etárias, e havendo predominância do sexo feminino entre os casos sequenciados, representando aproximadamente 68% das amostras analisadas.

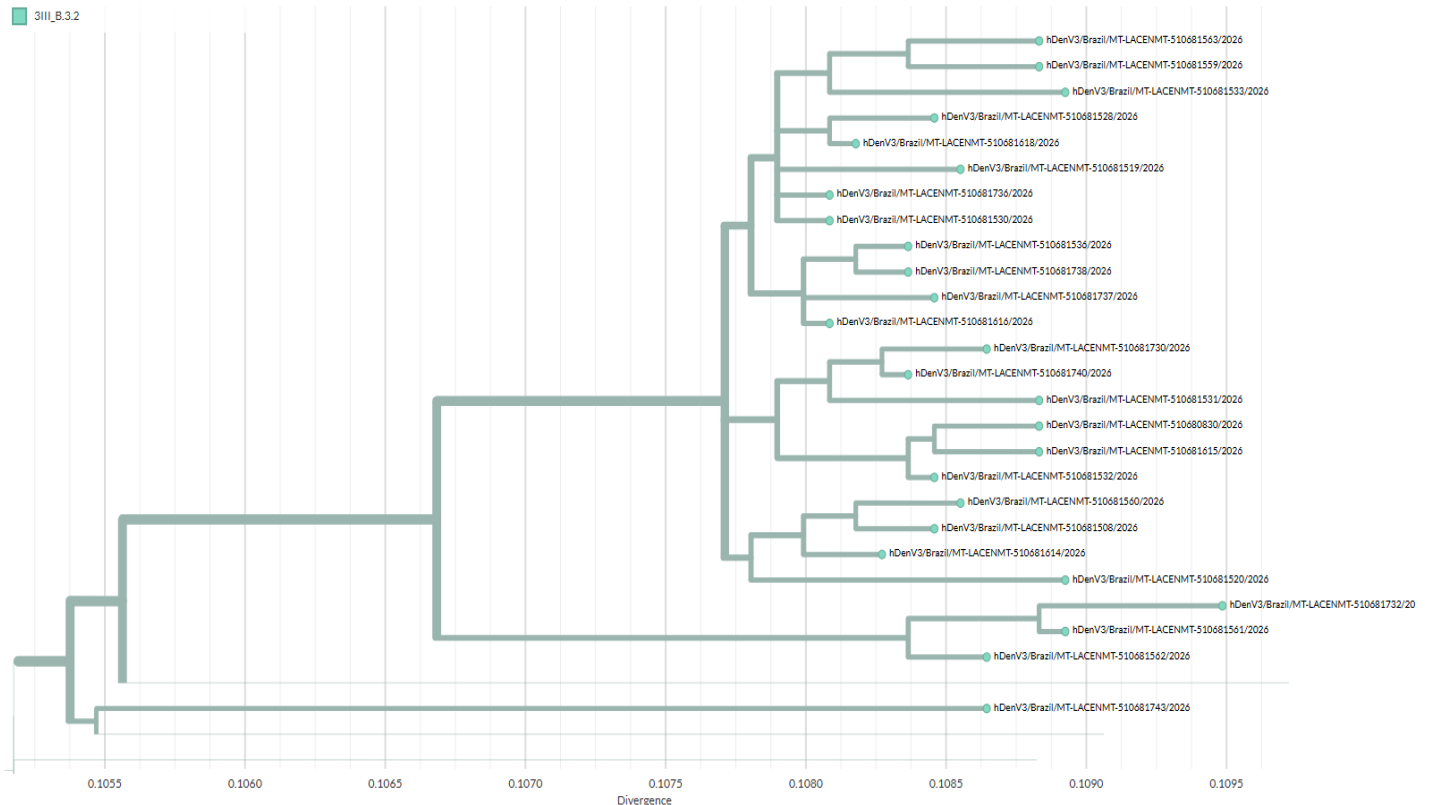


Governo do Estado de Mato Grosso  
SES-Secretaria de Estado de Saúde  
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde  
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

Nº Interno	Requisição	Idade	Gênero	Município Requirante	UF	Data Casastro	Ct	Cobertura	Linhagem	Genotipo	Clado	ID_Sequência
510	260811000027	52 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	03/02/2026	21	89.8	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681508/2026
514	260811000037	38 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	06/02/2026	20	92.5%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681519/2026
516	260811000040	15 anos	masculino	TANGARA DA SERRA	MT	08/02/2026	25	83.6%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681520/2026
517	260811000041	32 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	08/02/2026	19	91.3%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681528/2026
523	260811000050	38 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	10/02/2026	23	86.5%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681530/2026
526	260106000382	22 anos	feminino	VARZEA GRANDE	MT	11/02/2026	18	93.1%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681531/2026
527	260106000383	24 anos	feminino	VARZEA GRANDE	MT	11/02/2026	26	84.2%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681532/2026
535	260810000020	23 anos	feminino	SAPEZAL	MT	10/02/2026	23	93.1%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681533/2026
579	260106000386	28 anos	masculino	VARZEA GRANDE	MT	11/02/2026	21	89.7%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681536/2026
622	260106000414	37 anos	feminino	VARZEA GRANDE	MT	13/02/2026	22	85.3%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681616/2026
633	260811000063	72 anos	masculino	TANGARA DA SERRA	MT	12/02/2026	20	87.4%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681559/2026
634	260811000064	43 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	12/02/2026	20	91.9%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681560/2026
672	260303000022	23 anos	feminino	CAMPINAPOLIS	MT	17/02/2026	20	88.8%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681561/2026
678	260303000028	18 anos	feminino	CAMPINAPOLIS	MT	17/02/2026	21	81.4%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681562/2026
705	260729000001	24 anos	feminino	BOA ESPERANCA DO NORTE	MT	19/02/2026	18	90.9%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681618/2026
735	260106000484	19 anos	masculino	VARZEA GRANDE	MT	23/02/2026	12	93.1%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680830/2026
741	260811000080	22 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	18/02/2026	16	93.2%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681563/2026
748	260811000088	19 anos	feminino	TANGARA DA SERRA	MT	23/02/2026	20	84.2%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681614/2026
804	260106000506	4 anos	masculino	VARZEA GRANDE	MT	24/02/2026	18	92.2%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681615/2026
815	260106000526	48 anos	masculino	VARZEA GRANDE	MT	25/02/2026	15	92.2%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681730/2026
833	261309000007	47 anos	feminino	AGUA BOA	MT	24/02/2026	16	91.3%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681732/2026
886	260804000174	60 anos	masculino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	27/02/2026	23	89.4%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681736/2026
897	260106000580	90 anos	feminino	VARZEA GRANDE	MT	02/03/2026	26	82.3%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681737/2026
927	260106000603	5 anos	masculino	VARZEA GRANDE	MT	03/03/2026	24	84.7%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681738/2026
928	260106000604	11 anos	feminino	VARZEA GRANDE	MT	03/03/2026	24	82.4%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681740/2026
975	260305000011	26 anos	feminino	NOVA XAVANTINA	MT	07/03/2026	15	93.1%	DENV3	Genotipo III	3III_B.3.2	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510681743/2026

**Tabela 1** - Dados epidemiológicos e estatística de sequenciamento para amostras de Dengue vírus 3 obtidas no Laboratório Central de Saúde Pública do Mato Grosso (LACEN-MT).

**Figura 2.** Árvore de Filogenia contendo os genomas de DENV-3 obtidos durante o sequenciamento de vigilância genômica no Estado do Mato Grosso - MT.



Os menores valores de Ct observados (Ct 12–18) estiveram associados às maiores coberturas genômicas, evidenciando maior carga viral e melhor recuperação do material genético durante o sequenciamento.

A análise filogenética demonstrou que todas as sequências pertencem ao clado 3III\_B.3.2, já previamente identificado no estado de Mato Grosso.

Não foram observadas mudanças relevantes na estrutura filogenética das amostras analisadas, sugerindo manutenção da circulação local do mesmo grupo viral durante o período avaliado.

Os resultados reforçam a persistência do DENV-3 Genótipo III como importante linhagem circulante no estado, evidenciando transmissão sustentada e dispersão entre diferentes regiões de Mato Grosso.

Os dados obtidos neste relatório demonstram circulação ativa do DENV-3 Genótipo III em Mato Grosso durante os meses de fevereiro e março de 2026. A presença do mesmo clado viral em múltiplos municípios sugere dispersão regional consolidada, mantendo padrão semelhante ao identificado em análises anteriores conduzidas pelo programa de vigilância genômica estadual.

A vigilância genômica contínua permite detectar precocemente possíveis introduções virais, mudanças evolutivas e eventos de dispersão, auxiliando diretamente nas estratégias de resposta epidemiológica e monitoramento das arboviroses.

O fortalecimento das ações de sequenciamento genético no estado contribui para ampliação da capacidade diagnóstica, monitoramento molecular e compreensão da dinâmica de circulação viral em Mato Grosso

### **Responsáveis técnicos**

Stephanni Figueiredo da Silva

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Elaine Cristina de Oliveira (Diretora do LACEN-MT)

## REFERÊNCIAS

Fonseca, Vagner de Souza. Desenvolvimento de ferramentas de bioinformática para a genotipagem dos Vírus Dengue, Zika, Chikungunya e febre amarela. Bahia - Salvador, 2016.

Pinho, Aryane Cruz Oliveira. Diagnóstico e caracterização molecular do vírus dengue circulante na cidade de Salvador, Bahia, Brasil. Salvador, 2013.

HOLMES, E.C.; BURCH, S.S. The Causes and Consequences of Genetic Variation in Dengue Virus. **Trends in Microbiology**, v. 8, p. 74-77, 2000.

VASILAKIS, N.; WEAVER, S.C. The History and Evolution of Human Dengue Emergence. **Advances in Virus Research**, v. 72. p. 1-76, 2008.