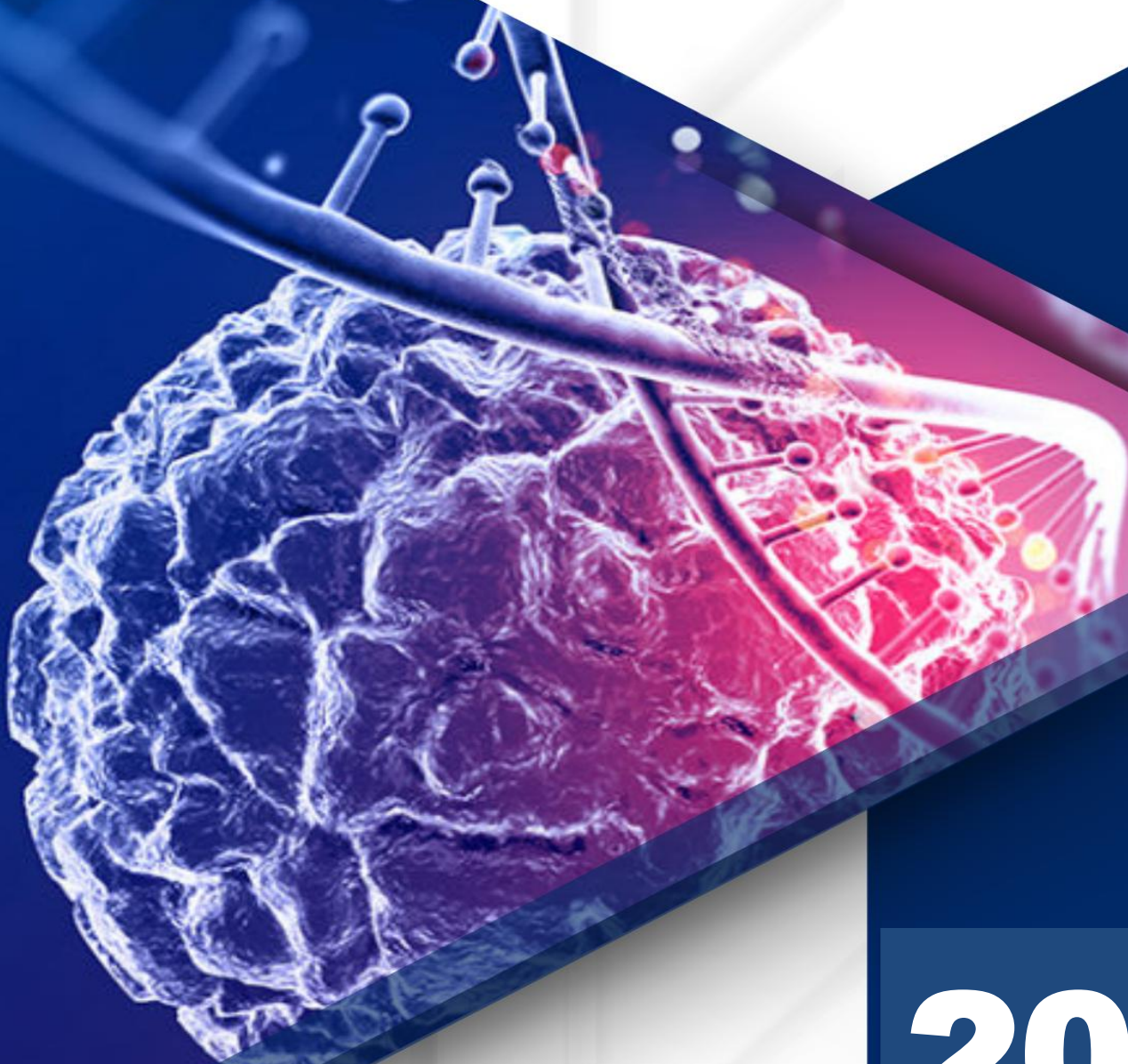




2025

RELATÓRIO 39: SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO DAS AMOSTRAS DE SARS-CoV-2, DENGUE E CHIKUNGUNYA 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, Chikungunya e Dengue 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 12 amostras positivas para o SARS-CoV-2, 1 amostra de Dengue 3 e 1 amostra de Chikungunya, que foram sequenciadas entre os dias 16 a 22 de Fevereiro de 2025, dessas apenas uma amostra de Sars-CoV-2 não passou pelo controle de qualidade, e o O controle negativo, seguiu o padrão esperado sem nenhuma contaminação (**Figura 1**).

Os pacientes são referente aos municípios de Cuiabá, Colider, Lucas do Rio Verde, Campo Novo do Parecis (**Figura 2**).

General	
fastp version:	0.23.4 (https://github.com/OpenGene/fastp)
sequencing:	paired end (151 cycles + 150 cycles)
mean length before filtering:	151bp, 150bp
mean length after filtering:	0bp, 0bp
Insert size peak:	0
Before filtering	
total reads:	2
total bases:	301
Q20 bases:	129 (42.857143%)
Q30 bases:	98 (32.558140%)
GC content:	56.478405%
After filtering	
total reads:	0
total bases:	0
Q20 bases:	0 (0.0%)
Q30 bases:	0 (0.0%)
GC content:	0.0%
Filtering result	
reads passed filters:	0 (0.000000%)
reads with low quality:	2 (100.000000%)
reads with too many N:	0 (0.000000%)
reads too short:	0 (0.000000%)

Figura 1: Análise do controle negativo utilizando o pipeline ViralFlow

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, e para diagnostico de Dengue e Chikungunya foi utilizado Kit Molecular ZC D-TIPAGEM (Biomanguinhos).

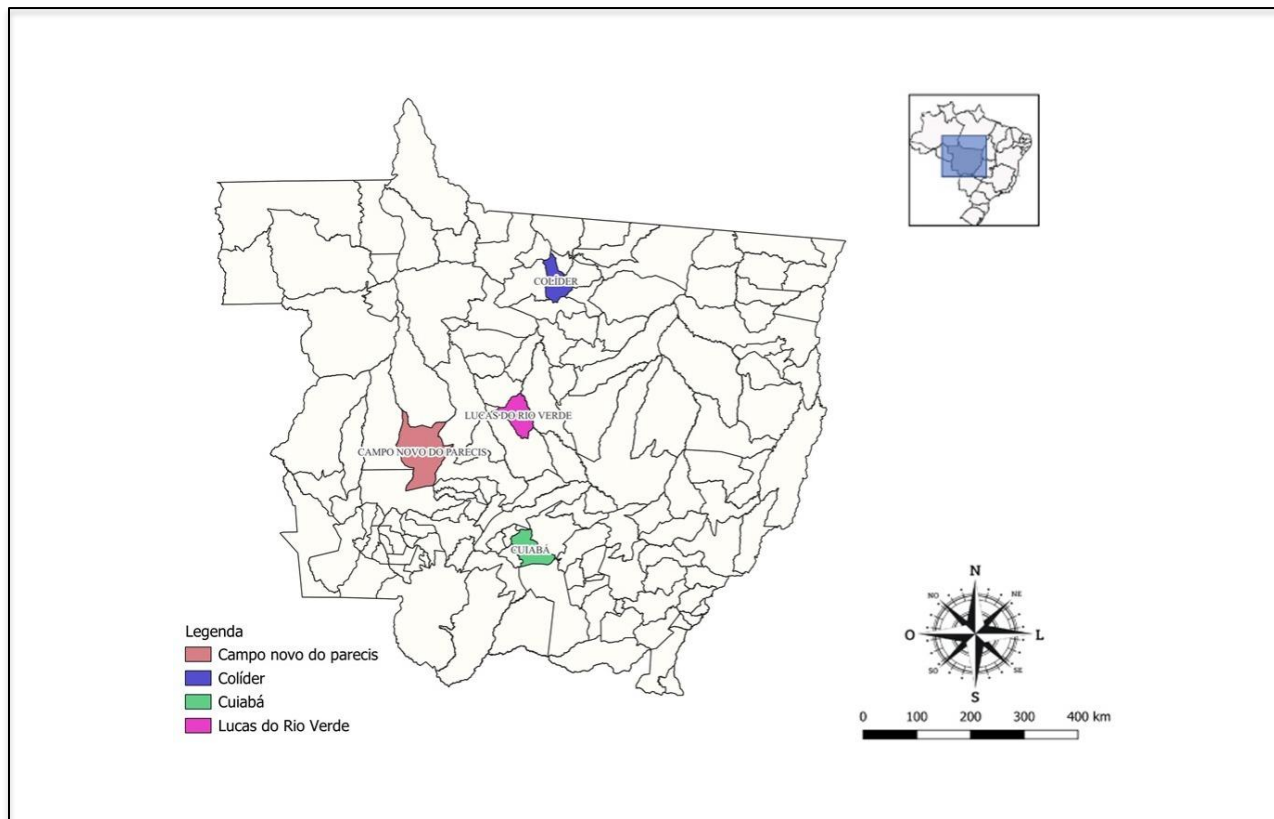


Figura 2: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

A Montagem do genoma e classificação das variantes foi realizada pelo software ViralFlow (<https://viralflow.github.io/index.html>, versão v1.0.1), e revisados no Pangolin (Versão 4.3, pangolin-data v1-22) e Nextclade (version 3.10.0), 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 26. 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 Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Reads	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
298	250101000186	10	Female	Cuiabá	MT	27/12/2024	17	483960	97.5%	JN.1.49.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608781/2025
299	250101000187	70	Female	Colíder	MT	27/12/2024	18	627976	98.0%	KP.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608785/2025
300	250101000177	5 m.	Female	Colíder	MT	27/12/2024	23	765623	95.3%	XEC.11.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608667/2025
305	250101000178	1	Male	Lucas do Rio Verde	MT	08/01/2025	23	505488	95.1%	JN.1.3	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608676/2025
327	250101000179	2	Male	Cuiabá	MT	07/01/2025	23	779775	94.3%	JN.1.49	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608692/2025
339	250101000180	29	Female	Campo Novo do Parecis	MT	20/01/2025	15	804755	99.6%	PC.4	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608701/2025
347	250101000188	79	Male	Cuiabá	MT	13/01/2025	17	805806	98.9%	JN.1.16	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608885/2025
361	250101000182	2	Male	Lucas do Rio Verde	MT	27/01/2025	25	420186	93.5%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608722/2025
382	250101000183	68	Male	Cuiabá	MT	28/01/2025	26	635390	95.3%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608731/2025
409	250101000184	36	Female	Campo Novo do Parecis	MT	07/02/2025	16	603543	96.4%	KP.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608736/2025
415	250101000185	41	Female	Cuiabá	MT	10/02/2025	24	540825	89.0%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510608744/2025
9506	250101000151	24	Female	Cuiabá	MT	04/02/2025	20	528889	93%	Dengue vírus 3 Genótipo III	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510602757/2025
10104	250101000227	7	Male	Cuiabá	MT	04/02/2025	20	970156	93.4%	Chikungunya East-Central-South-African	ChikV/Brazil/MT-LACENMT-510587178/2025

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 o quantitativo de mutações geradas 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.

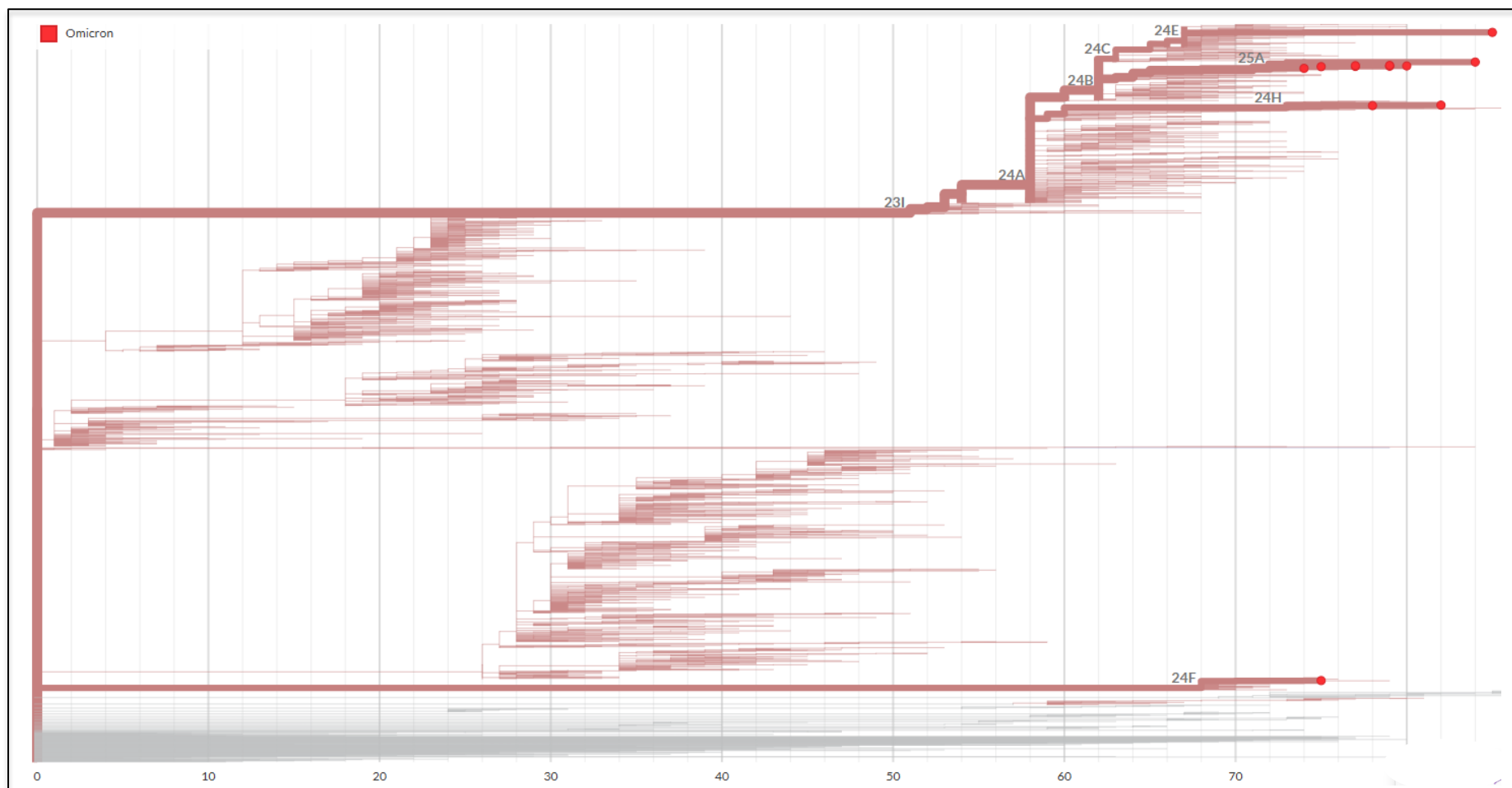


Figura 3. Arvore filogenetica das linhagens identificadas de Sars-CoV-2. Acesso 08/05/2025 (<https://clades.nextstrain.org/tree>).

Após resultado de sequenciamento genético realizado identificou todas as amostras de Sars-Cov-2 detectaram variantes Ômicron que já circulavam na região. De acordo com a Organização Mundial da Saúde (OMS), entre as variantes atualmente em circulação, são classificadas como Variantes de Interesse (Variants of Interest, VOI) as linhagens Pango BA.2.86 e JN.1. Já como Variantes Sob Monitoramento (Variants Under Monitoring, VUM) encontram-se as linhagens XEC, LP.8.1.

Após a análise dos dados genômicos, a amostra de Dengue foi identificadas como Dengue 3 Genótipo tipo III (**Figura 4**).

Até o dado momento todas as amostras positivas de ChikV sequenciadas pelo LACEN-MT, resultaram em East-Central-South-African II (II-ECSA), o único até agora encontrado na região (**Figura 5**)

Virus name:	hDenV3/Brazil/MT-LACENMT-510602757/2025
Accession ID:	EPI_ISL_19780844
Serotype:	DENV3
Genotype:	III
Passage details/history:	Original
AA Substitutions	2K L17M, 2K T20I, C Q97K, C S75P, E A219T, E E404A, E I380T, E V158I, NS1 I71V, NS1 L94I, NS1 L178M, NS1 S290N, NS1 T233S, NS2A F38L, NS2A L23M, NS2B P57A, NS3 E43D, NS3 F31L, NS3 T112M, NS4A D36H, NS4A V100I, NS4B F160Y, NS5 A372V, NS5 E429G, NS5 E819G, NS5 E820D, NS5 I553T, NS5 L603V, NS5 L639P, NS5 Q562L, NS5 T188A, NS5 T629S, NS5 V72I, NS5 V234I, NS5 V830I
Proteins:	2K C E NS1 NS2A NS2B NS3 NS4A NS4B NS5 prM complete CDS

Figura 4– Dados da amostra sequenciada depositadas no banco de dados GISAID. Fonte: <https://www.epicov.org>

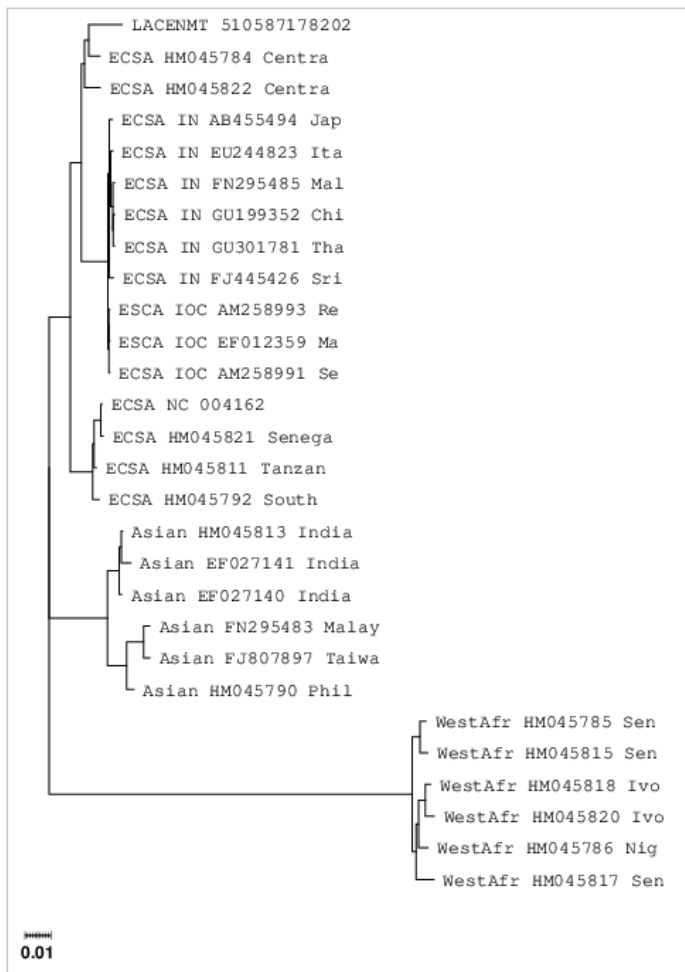


Figura 5. Arvore filogenetica da linhagem de Chikungunia. Acesso 08/05/2025; (<https://www.genomedetective.com/app/typingtool/chikungunya/job/a4b7dcbb-91ad-4732-820a-44159059f8c8/sequence-0>).

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)