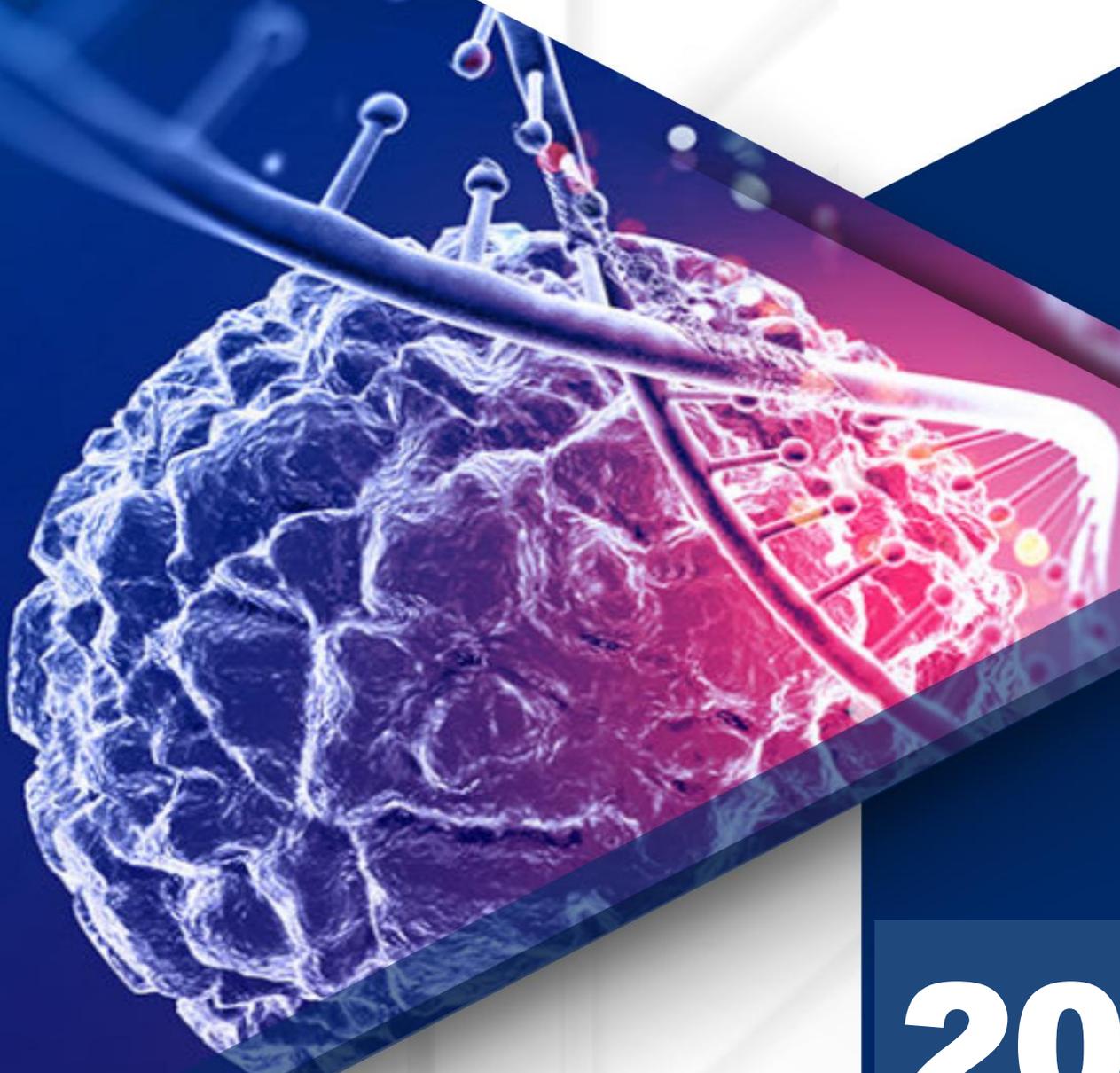


SES
Secretaria
de Estado
de Saúde



Governo de
**Mato
Grosso**



2025

RELATÓRIO 38: 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

SARS-CoV-2 (sigla do inglês que significa coronavírus 2 da síndrome respiratória aguda grave) é um membro da família Coronaviridae e é um vírus de RNA envelopado de sentido positivo de fita simples¹. A sequência genômica viral agrupa-se com coronavírus conhecidos (ordem Nidovirales, família Coronaviridae, subfamília Orthocoronavirinae) e está associado à síndrome respiratória aguda grave (SRAG) e possui uma alta capacidade de disseminação². Seu genoma codifica proteínas não estruturais, além das proteínas estruturais: espícula, envelope, membrana e nucleocapsídeo, juntamente com várias proteínas acessórias³.

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.

Nesse contexto, destacam-se as Variantes de Preocupação (VOC, do inglês *Variants of Concern*) e as Variantes de Interesse (VOI, do inglês *Variants of Interest*). As VOC representam variantes do SARS-CoV-2 com mutações genéticas específicas associadas a um aumento na transmissibilidade, maior gravidade da doença ou redução da eficácia de tratamentos e vacinas. Exemplos de VOC incluem as variantes Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2) e Ômicron (BA.1.1.529). Por outro lado, as VOI são variantes que possuem mutações genéticas relevantes, mas cujo impacto clínico e na saúde pública ainda está sob investigação.

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 16 amostras positivas para o SARS-CoV-2, e sequenciadas entre os dias 09 a 15 de Fevereiro de 2025, dessas 14 passaram pelo controle de qualidade.

Os pacientes são referente aos municípios de Cuiabá, Várzea Grande, Lucas do Rio Verde, Tangara da Serra, Poconé e Primavera do Leste (**Figura 1**).

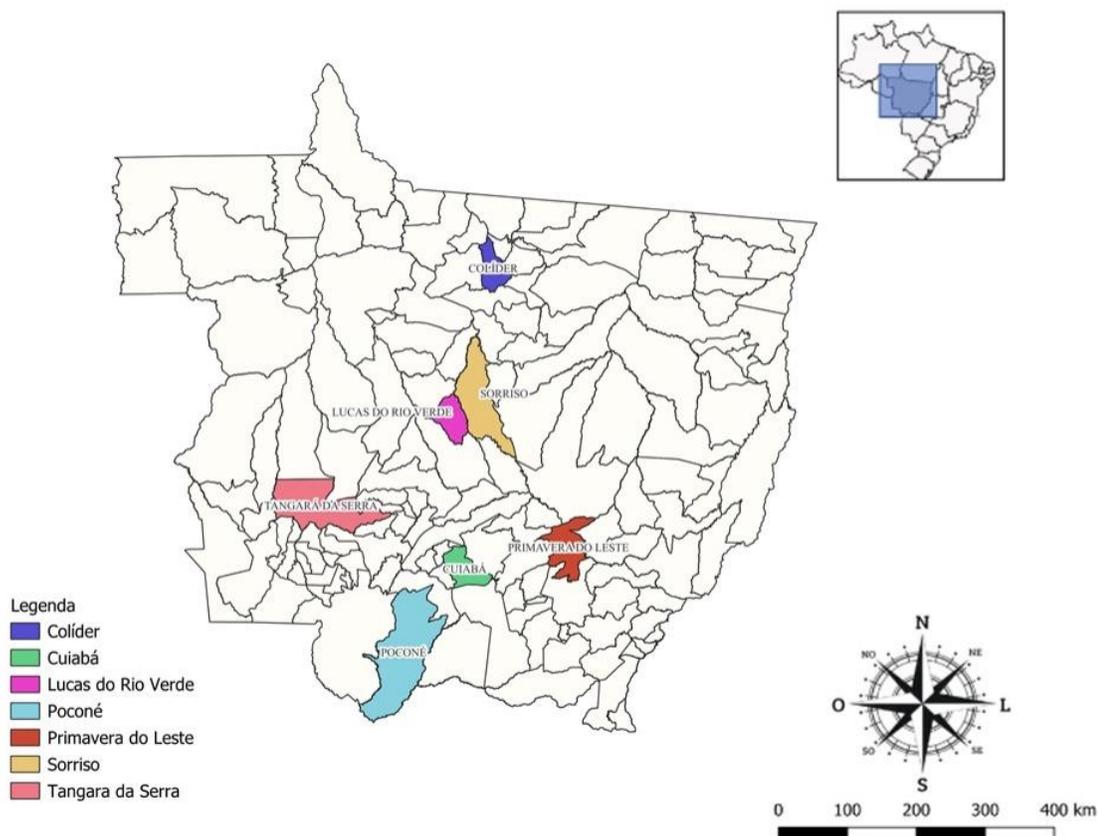


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

A RT-PCR em tempo real foi realizada no termociclador ABI 7500™ com o kit molecular INF-A/INF-B/SC2 da Bio-Manguinhos. Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Illumina® (MiSeq™), apresentando valores de cobertura acima de 88% do genoma total (**Tabela 1**).

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* e *Nextclade* (<https://pangolin.cog-uk.io/>) (<https://clades.nextstrain.org/>).

As amostras selecionadas apresentaram valores de CT (cycle threshold) que variaram entre 15 e 26.

RESULTADOS

Nº Interno	Requisição_GAL_Sequenciamento	Idade	Gênero	Município Requiritante	UF	Data da Coleta	Ct	Reads	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
35	250101000153	61	Male	COLIDER	MT	27/12/2024	16	395398	98.1%	XEC	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510577924/2024
34	250101000154	55	Female	COLIDER	MT	27/12/2024	15	477364	98.1%	XEC	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510577920/2024
33	250101000155	69	Female	COLIDER	MT	27/12/2024	19	377684	96.7%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510577918/2025
32	250101000156	58	Female	COLIDER	MT	08/01/2025	22	412732	90.9%	XEC	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510578944/2025
19	250101000158	4	Male	SORRISO	MT	07/01/2025	22	397962	95.7%	JN.1.37	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510578739/2025
97	250101000159	41	Female	CUIABÁ	MT	20/01/2025	15	945064	89.9%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510580878/2025
66	250101000160	21	Male	CUIABÁ	MT	15/01/2025	16	587444	98.8%	MC.33	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510580302/2025
64	250101000161	66	Female	TANGARA DA SERRA	MT	13/01/2025	19	411228	95.4%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510579643/2025
147	250101000162	30	Male	LUCAS DO RIO VERDE	MT	27/01/2025	26	418884	89.8%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510582831/2025
141	250101000163	43	Female	CUIABÁ	MT	28/01/2025	22	284062	88.1%	XEC	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510583407/2025
286	250101000164	36	Male	CUIABÁ	MT	07/02/2025	23	350308	92.3%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510588767/2025
285	250101000165	52	Female	CUIABÁ	MT	10/02/2025	25	507884	98.6%	LP.8.1.4	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510589584/2025
253	250101000166	11 m	Male	PRIMAVERA DO LESTE	MT	04/02/2025	20	560658	95.4%	JN.1.11	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510586892/2025
246	250101000167	48	Female	POCONÉ	MT	04/02/2025	21	44142	96.6%	XEC	hCoV-19/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 2**). Todos os genomas sequenciados passaram no controle de qualidade, sendo considerados aptos ao depósito na plataforma GISAID.

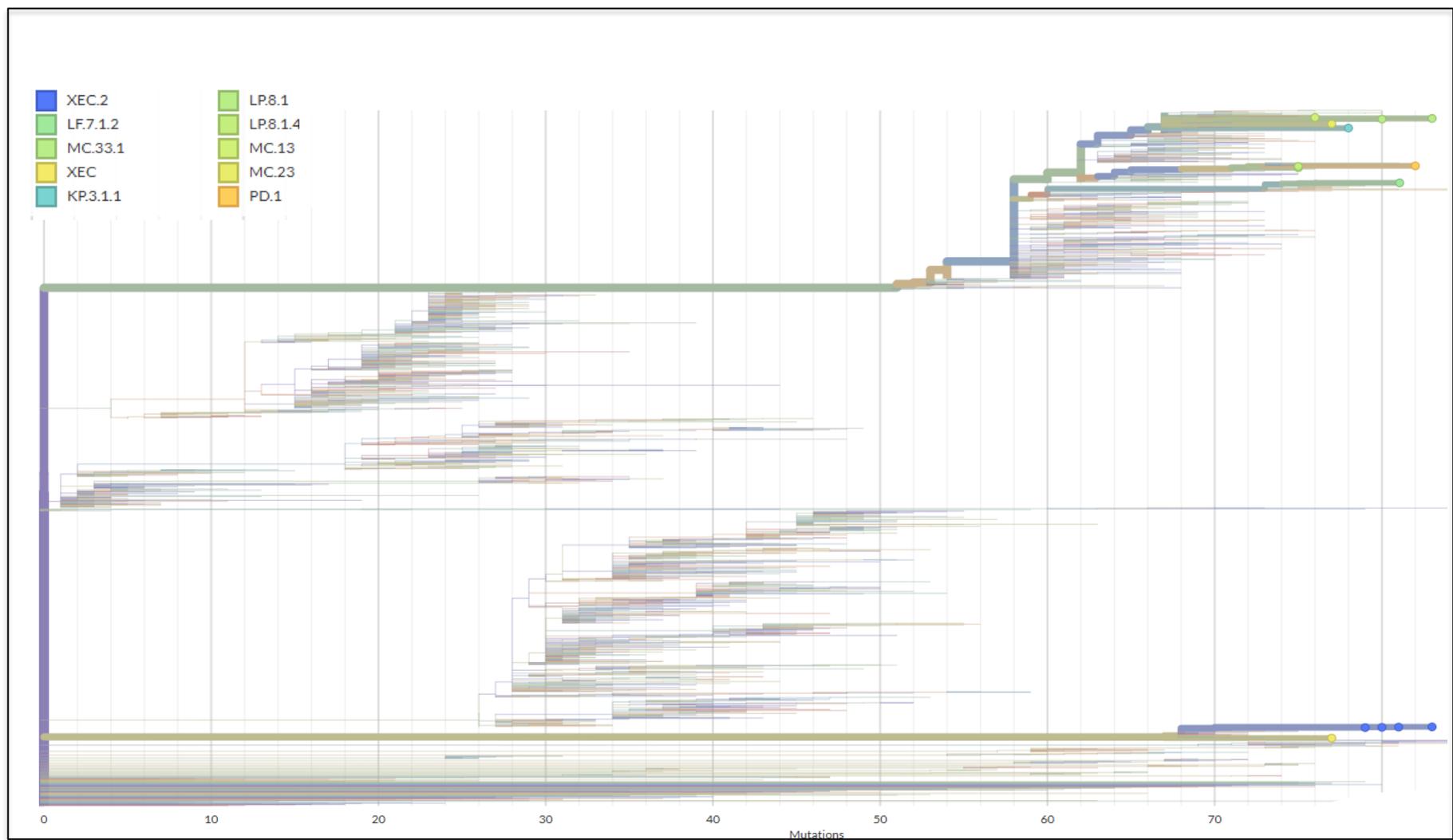


Figura 2. Arvore filogenetica das linhagens identificadas. Acesso 07/05/2025 (<https://clades.nextstrain.org/tree>).

Após resultado de sequenciamento genético realizado identificou 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.

A linhagem JN.1 ainda é predominante no estado nos últimos meses, e isso pode estar associada à sua alta transmissibilidade, refletindo em um aumento expressivo no número de infecções registradas em Mato Grosso. Vale destacar que a linhagem JN.1 foi identificada pela primeira vez em novembro de 2021, na África do Sul, conforme anunciado pela OMS.

Este monitoramento é fundamental para compreender a dinâmica evolutiva do vírus e para a implementação de medidas preventivas eficazes.

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)