



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 e SARS-CoV-2

N. 04/2026

SES
Secretaria
de Estado
de Saúde



Governo de
Mato
Grosso



Lacen

Laboratório Central de Saúde
Pública de Mato Grosso

1. INTRODUÇÃO

A vigilância genômica tem se consolidado como uma das principais ferramentas para o monitoramento molecular de vírus emergentes e reemergentes, permitindo a identificação de linhagens circulantes, detecção de mutações de interesse epidemiológico e compreensão da dinâmica evolutiva dos agentes infecciosos. No contexto das arboviroses e das infecções respiratórias virais, o sequenciamento de nova geração (NGS – Next Generation Sequencing) possibilita o acompanhamento em tempo real da dispersão viral, contribuindo diretamente para ações estratégicas em saúde pública.

O vírus da dengue (DENV), pertencente à família Flaviviridae e ao gênero Flavivirus, apresenta genoma constituído por RNA de fita simples de polaridade positiva. Atualmente, são reconhecidos quatro sorotipos distintos (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4), capazes de provocar desde quadros clínicos leves até formas graves da doença. Além disso, cada sorotipo apresenta diferentes genótipos, os quais possuem importância epidemiológica devido às associações com introduções virais, dispersão geográfica e potenciais alterações no padrão de transmissão.

O DENV-3 tem sido considerado um dos sorotipos de maior relevância epidemiológica nos últimos anos, especialmente após sua reintrodução em diferentes regiões do Brasil. Estudos recentes demonstram aumento da circulação do Genótipo III em estados brasileiros, associado a eventos de transmissão sustentada e expansão territorial. A identificação e monitoramento dessas linhagens tornam-se fundamentais para compreender os padrões de disseminação viral no estado de Mato Grosso.

O SARS-CoV-2 continua apresentando intensa evolução genética desde sua emergência em 2019. O surgimento contínuo de variantes e sublinhagens derivadas da variante Ômicron reforça a necessidade da manutenção da vigilância genômica ativa, permitindo a detecção precoce de mutações potencialmente associadas ao aumento da transmissibilidade, escape imunológico e impacto epidemiológico.

Nesse cenário, o Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso (LACEN-MT) mantém vigilância genômica contínua para vírus respiratórios e arbovírus, utilizando metodologias moleculares e ferramentas de bioinformática para identificação, monitoramento e caracterização das linhagens circulantes no estado. Os dados gerados auxiliam diretamente as estratégias

epidemiológicas estaduais, contribuindo para o fortalecimento das ações de vigilância laboratorial e resposta em saúde pública.

2. AMOSTRAGEM

Foram selecionadas amostras positivas para SARS-CoV-2 e Dengue vírus sorotipo 3 (DENV-3), provenientes de diferentes municípios do estado de Mato Grosso, coletadas durante o período epidemiológico correspondente ao ano de 2026.

As amostras foram encaminhadas ao Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso (LACEN-MT) para investigação molecular e posterior análise genômica. A seleção priorizou amostras com menores valores de Cycle Threshold (Ct) <28, visando garantir melhor qualidade do material genético e maior cobertura do genoma viral durante o sequenciamento.

Os municípios avaliados incluíram regiões com circulação viral ativa e importância epidemiológica para vigilância estadual, permitindo melhor compreensão da distribuição espacial das linhagens identificadas. As amostras foram submetidas inicialmente ao diagnóstico molecular por RT-qPCR em tempo real, utilizando protocolos padronizados e validados pelo laboratório.

As análises laboratoriais foram realizadas dentro dos protocolos institucionais de biossegurança e vigilância molecular adotados pelo LACEN-MT, assegurando rastreabilidade, controle de qualidade e confiabilidade dos resultados obtidos.

3. METODOLOGIA

A extração do RNA viral foi realizada utilizando protocolos automatizados previamente padronizados pelo Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso (LACEN-MT). Posteriormente, as amostras foram submetidas à técnica de RT-qPCR em tempo real para confirmação diagnóstica e determinação dos valores de Cycle Threshold (Ct).

Para as amostras de SARS-CoV-2, foi utilizado o kit molecular INF-A/INF-B/SC2 da Bio-Manguinhos/FIOCRUZ. Já para as amostras de dengue, foi utilizado o kit molecular ZDC Tipagem, empregado rotineiramente na vigilância laboratorial das arboviroses.

As bibliotecas genômicas foram preparadas conforme protocolos recomendados pelos fabricantes e submetidas ao sequenciamento utilizando a plataforma Illumina® MiSeq™, tecnologia baseada em sequenciamento por síntese (sequencing by synthesis – SBS), amplamente

utilizada em vigilância genômica devido à elevada acurácia e capacidade de cobertura do genoma viral.

Após o sequenciamento, os dados brutos foram submetidos ao controle de qualidade e análise bioinformática utilizando o pipeline ViralFlow (versão v1.0.1). As sequências consenso obtidas foram posteriormente avaliadas pelas plataformas Pangolin, Nextclade e Genome Detective, permitindo classificação das linhagens, análise filogenética e identificação das variantes circulantes.

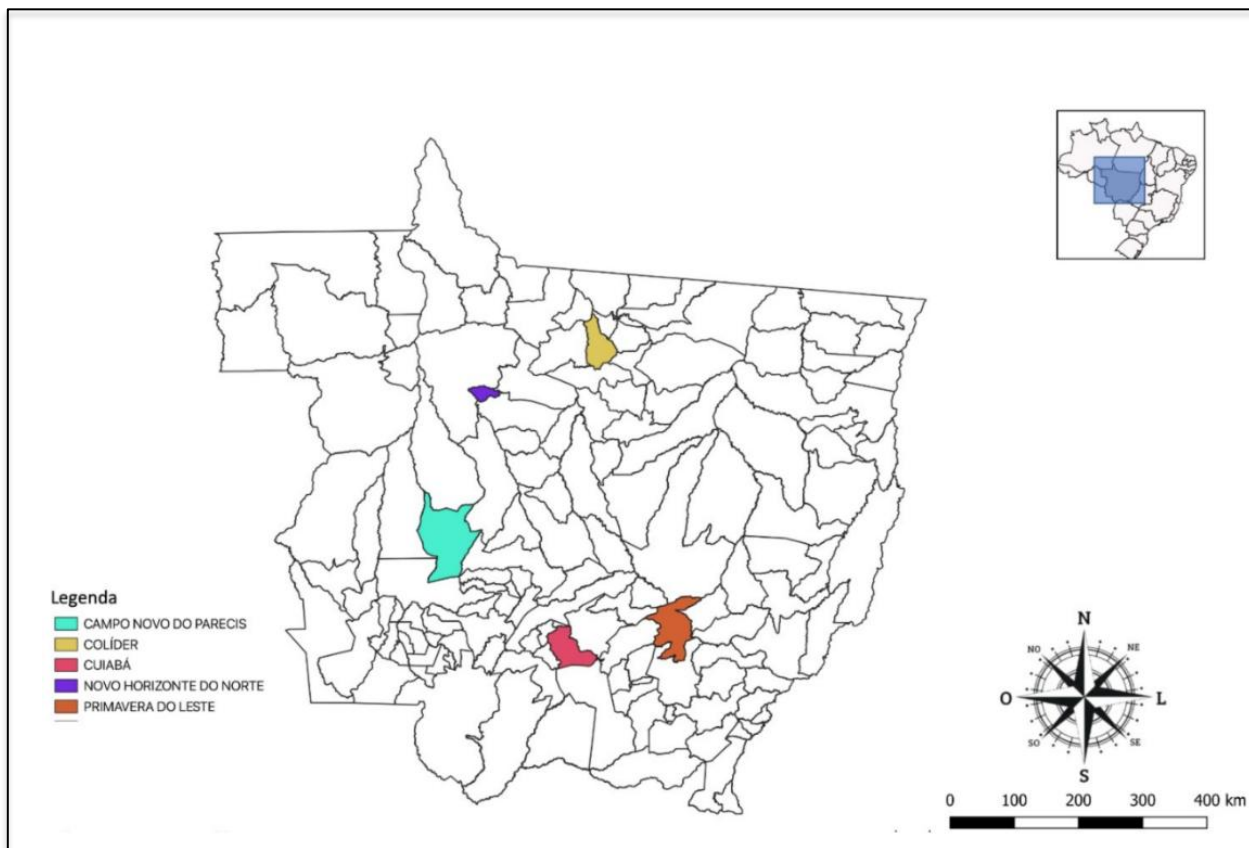
As sequências que atenderam aos critérios de qualidade estabelecidos foram consideradas aptas para submissão em bancos internacionais de dados genômicos, contribuindo para a vigilância molecular global.

3. RESULTADOS

SARS-CoV-2

As amostras positivas para SARS-CoV-2 apresentaram valores de Ct compatíveis com boa carga viral para realização do sequenciamento genômico. Após as etapas de controle de qualidade, a maioria das amostras apresentou cobertura genômica satisfatória, permitindo obtenção de genomas completos ou quase completos. As amostras são dos municípios, Campo Novo do Parecis, Colider, Cuiabá, Novo Horizonte do Norte, 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.



As análises demonstraram predominância de linhagens derivadas da variante Ômicron, cenário atualmente observado em diferentes regiões do Brasil e do mundo. As variantes identificadas tiveram cobertura do genoma acima de 53% e pertencem principalmente aos grupos derivados da linhagem JN.1, incluindo sublinhagens atualmente classificadas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) como Variantes Sob Monitoramento (Variants Under Monitoring – VUM) (**Tabela 1**).

A análise filogenética demonstrou agrupamento das sequências obtidas com linhagens previamente detectadas no território nacional, sugerindo manutenção da circulação viral já estabelecida no estado de Mato Grosso, sem evidências de introdução de variantes altamente divergentes durante o período analisado.

Os resultados reforçam a importância da vigilância genômica contínua para acompanhamento da evolução molecular do SARS-CoV-2, permitindo monitoramento de mutações emergentes e suporte técnico às estratégias epidemiológicas estaduais.

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

Nº Interno	Requisição	Idade	Gênero	Município Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
3768	251102000063	86 ANOS	Masculino	NOVO HORIZONTE DO NORTE	MT	03/12/2025	18	99.6%	XFG.3	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510660916/2025
3803	250804006062	18 ANOS	Feminino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	09/12/2025	29	77.0%	LF.7	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510662474/2025
3810	251512000170	29 DIAS	Masculino	COLIDER	MT	10/12/2025	28	88.5%	LF.7	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510661862/2025
3841	250215000905	80 ANOS	Feminino	PRIMAVERA DO LESTE	MT	12/12/2025	21	92.8%	LF.7	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510663045/2025
3882	250107001403	82 ANOS	Feminino	CUIABÁ	MT	20/12/2025	28	53.0%	QF.2.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510663817/2025
3889	250102013478	23 ANOS	Feminino	CUIABÁ	MT	22/12/2025	24	85.5%	LF.7	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510671035/2025
3912	250163000160	42 ANOS	Feminino	CUIABÁ	MT	29/12/2025	21	93.7%	XFG.3.16	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510671036/2025
44	260215000002	58 ANOS	Feminino	PRIMAVERA DO LESTE	MT	09/01/2026	19	96.5%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510671021/2026

Todos os genomas sequenciados passaram no controle de qualidade, sendo considerados aptos ao depósito na plataforma GISAID.

DENGUE VÍRUS SOROTIPO 3 (DENV-3)

As análises genômicas das amostras positivas para DENV-3 demonstraram elevada qualidade de sequenciamento, com coberturas genômicas satisfatórias e valores de Ct compatíveis com adequada carga viral para reconstrução dos genomas virais, essas amostras são pertencentes aos municípios de Várzea grande, Campinópolis, Boa esperança do Norte e Cuiabá (**Tabela 2**)

Todas as sequências analisadas foram classificadas como pertencentes ao Genótipo III, atualmente associado à circulação ativa em diferentes estados brasileiros. A análise filogenética demonstrou agrupamento das amostras com sequências previamente identificadas no Brasil, sugerindo manutenção da circulação viral já estabelecida na região.

Os resultados evidenciam a permanência do DENV-3 Genótipo III no estado de Mato Grosso, reforçando a importância da vigilância molecular contínua diante do cenário epidemiológico atual das arboviroses no país.

Além disso, a distribuição espacial das amostras demonstra circulação viral em diferentes municípios do estado, indicando ampla dispersão geográfica do sorotipo durante o período analisado. A manutenção da vigilância genômica permite acompanhar possíveis alterações filogenéticas, introdução de novos clados e eventos de expansão viral regional.

Tabela 2: Informações sobre as amostras sequenciadas, cobertura do genoma e as respectivas linhagens identificadas do vírus DENV-3.

Nº Interno	Requisição	Idade	Gênero	Município Requirante	UF	Data da Coleta	Ct	Cobertura	Linhagem	Genotipo	ID Sequência
622	260106000414	37 anos	femino	VÁRZEA GRANDE	MT	13/02/2026	22	93.1%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680807/2026
681	260303000032	36 anos	masculino	CAMPINÁPOLIS	MT	17/02/2026	24	91.1%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680828/2026
705	260729000001	24 anos	femino	BOA ESPERANCA DO NORTE	MT	19/02/2026	18	93.1%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680829/2026
735	260106000484	19 anos	masculino	VÁRZEA GRANDE	MT	23/02/2026	12	95.8%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680830/2026
740	260102000158	18 ANOS	masculino	CUIABÁ	MT	24/02/2026	23	89.2%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680831/2026
804	260106000506	4 ANOS	masculino	VÁRZEA GRANDE	MT	24/02/2026	18	85.5%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680833/2026
805	260106000508	12 ANOS	masculino	VÁRZEA GRANDE	MT	24/02/2026	25	91.2%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680834/2026
807	260106000511	13 anos	femino	VÁRZEA GRANDE	MT	25/02/2026	19	93.1%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680835/2026
817	260106000528	15 anos	femino	VÁRZEA GRANDE	MT	26/02/2026	26	88.8%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680837/2026
839	260106000553	62 anos	femino	VÁRZEA GRANDE	MT	27/02/2026	20	93.1%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510680838/2026

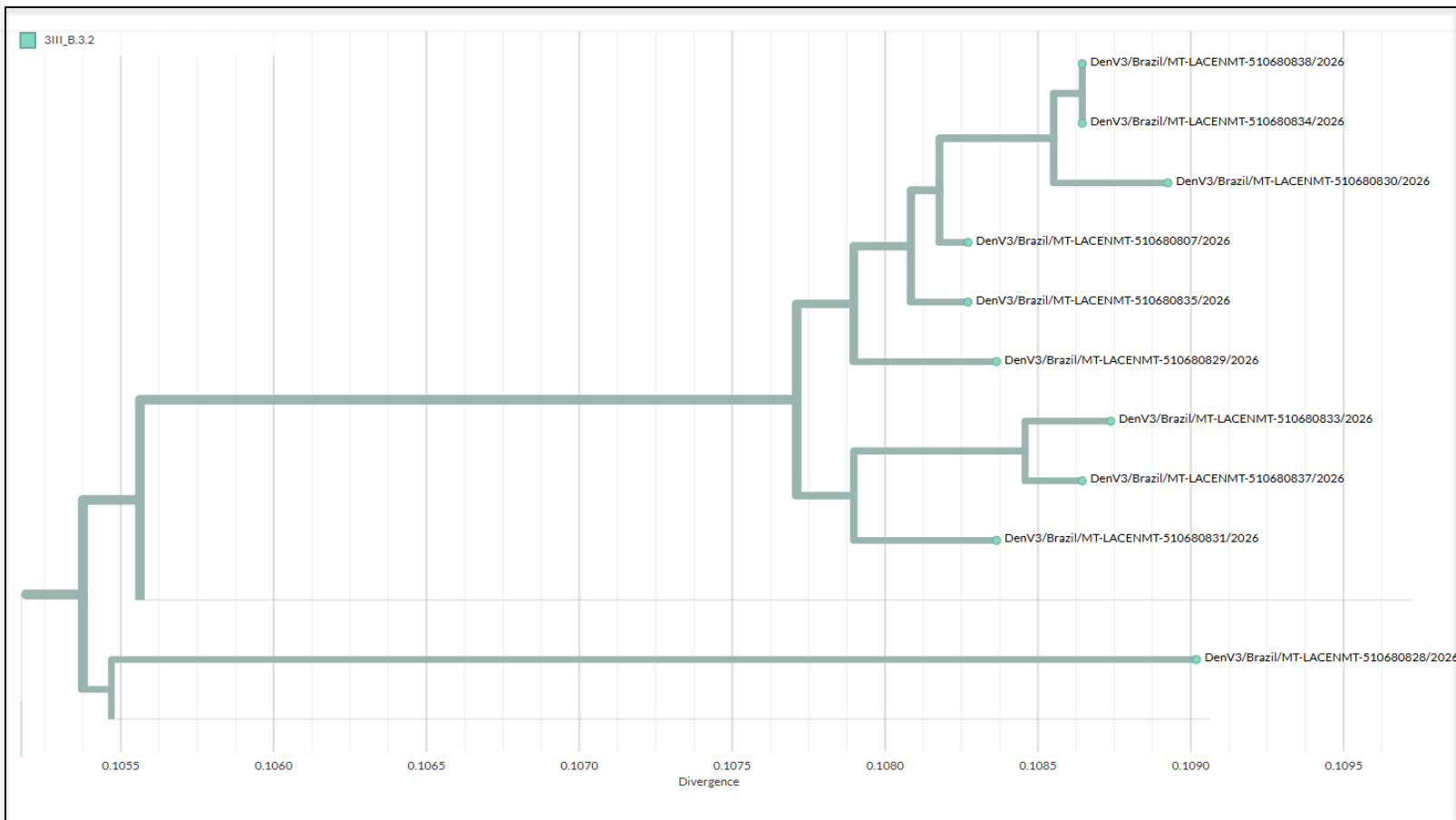


Figura 3. Arvore filogenetica das linhagens identificadas de DENV-3. Acesso 06/05/2026 (<https://clades.nextstrain.org/tree>)

Os resultados obtidos neste relatório reforçam a relevância da vigilância genômica ativa desenvolvida pelo Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso (LACEN-MT) no monitoramento de vírus respiratórios e arbovírus circulantes no estado.

A caracterização genômica das amostras permitiu identificar a manutenção da circulação de linhagens derivadas da variante Ômicron para SARS-CoV-2 e do DENV-3 Genótipo III para dengue, sem evidências de emergência de novos clados altamente divergentes no período analisado.

A integração entre diagnóstico molecular, sequenciamento genético e análise bioinformática possibilita geração de dados estratégicos para vigilância epidemiológica, contribuindo para compreensão da dinâmica viral, identificação precoce de variantes emergentes e fortalecimento das ações de saúde pública. Diante do cenário epidemiológico atual, a continuidade da vigilância genômica no estado de Mato Grosso permanece fundamental para monitoramento da evolução viral, suporte às medidas de controle epidemiológico e mitigação de potenciais impactos à saúde da 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)