



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

## SARS-COV-2 EM MATO GROSSO



# 2026

SES  
Secretaria  
de Estado  
de Saúde



Governo de  
Mato  
Grosso



Laboratório Central de Saúde  
Pública do Estado de Mato Grosso

## N. 01/2026



## INTRODUÇÃO

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.

A doença do coronavírus 2019 (COVID-19) é uma doença viral altamente contagiosa causada pelo coronavírus da síndrome respiratória aguda grave 2 (SARS-CoV-2). Esses surtos são principalmente atribuídos ao surgimento de variantes mutantes do vírus. Como outros vírus de RNA, o SARS-CoV-2 adapta-se com a evolução genética e o desenvolvimento de mutações. Isso resulta em variantes mutantes que podem ter características diferentes das suas cepas ancestrais. Desde março de 2023, a Organização Mundial da Saúde (OMS) atualizou o sistema de rastreamento e as definições operacionais para variantes de preocupação (VOC), de interesse (VOI) e sob monitoramento (VUM).

Várias variantes do SARS-CoV-2 foram descritas durante o curso desta pandemia, entre as quais apenas algumas são consideradas variantes de preocupação (VOCs). Com base na atualização epidemiológica da OMS, 5 VOCs do SARS-CoV-2 foram identificadas desde o início da pandemia:

- **Alfa (B.1.1.7):** Primeira variante preocupante, que foi descrita no Reino Unido no final de dezembro de 2020
- **Beta (B.1.351):** relatado pela primeira vez na África do Sul em dezembro de 2020;
- **Gamma (P.1):** Primeiro relato no Brasil no início de janeiro de 2021;
- **Delta (B.1.617.2):** relatado pela primeira vez na Índia em dezembro de 2020;
- **Ômicron (B.1.1.529):** relatado pela primeira vez na África do Sul em novembro de 2021;

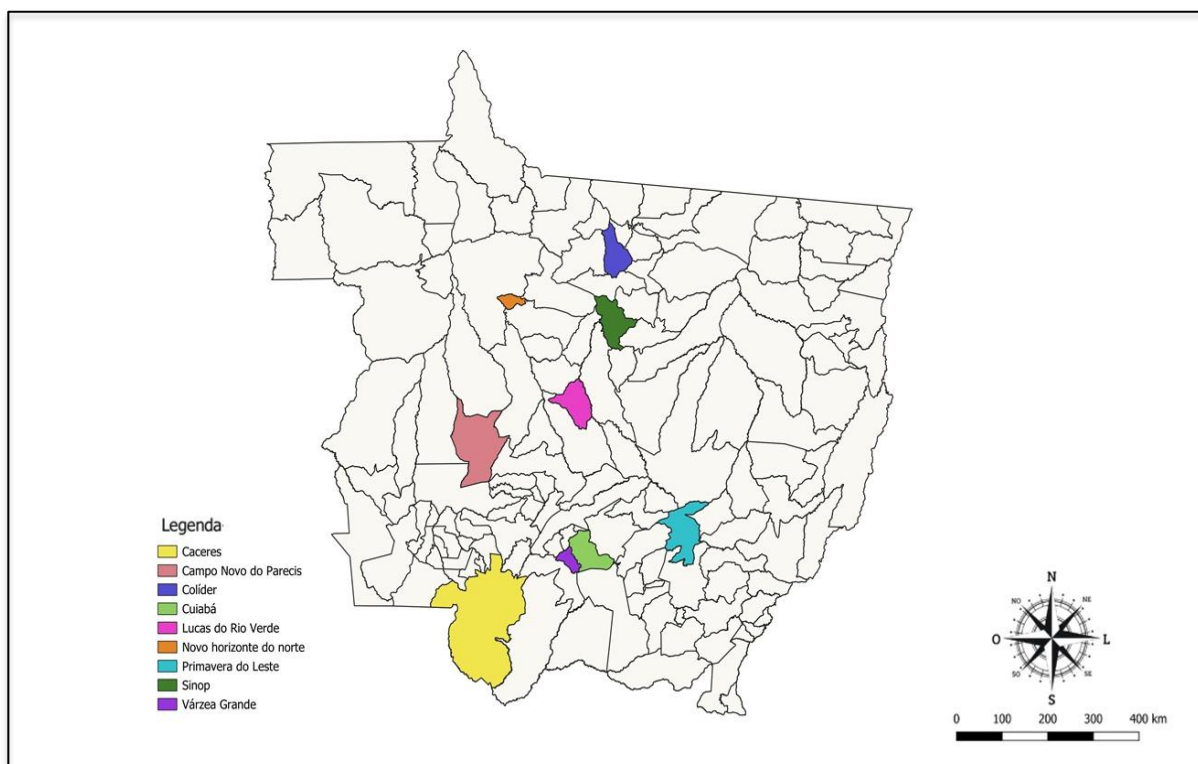
O sequenciamento genético realizado nessas amostras proporciona a identificação e monitoramento das linhagens e sublinhagens do SARS-CoV-2 circulantes em diversas regiões de Mato Grosso. Esses dados desempenham um papel fundamental para oferecer suporte às estratégias de saúde pública, permitindo o rastreamento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



## AMOSTRAGEM

Foram selecionadas 22 amostras positivas para o SARS-CoV-2, as quais foram coletadas entre setembro e dezembro de 2025.

As amostras foram extraídas em protocolos automatizados e amplificadas pelo método 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. Todas as amostras positivas apresentaram valores de Ct (cycle threshold) que variaram entre 19 e 30. Os pacientes são referente aos municípios de Cuiabá, Várzea Grande, Colíder, Campo Novo dos Parecis, Sinop, Cáceres, Lucas do Rio Verde, Novo Horizonte do Norte 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.



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

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 3.18.1), 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/>).

## RESULTADOS

Todas as 22 amostras analisadas apresentaram desempenho satisfatório nos critérios de controle de qualidade, com cobertura genômica superior a 74% e ausência de contaminação no controle negativo, validando o ensaio laboratorial e o fluxo de processamento das amostras.

Os genomas completos foram obtidos por meio da tecnologia de sequenciamento de nova geração Illumina® (MiSeq™), utilizando o kit CovidSeq (300 ciclos), garantindo elevada acurácia na identificação das mutações.

A classificação filogenética revelou que 100% dos genomas sequenciados pertencem à linhagem XFG, uma sublinhagem recombinante da variante Ômicron. Este achado indica homogeneidade genética entre as amostras analisadas, sugerindo um padrão de circulação sustentada dessa linhagem no Estado de Mato Grosso durante o período avaliado.

A árvore filogenética construída a partir da plataforma Nextclade demonstrou que as sequências agrupam-se de forma consistente dentro do clado correspondente à XFG, apresentando perfis mutacionais compatíveis com aqueles descritos previamente em amostras detectadas no estado desde agosto de 2025 (**Figura 2**).

Não foram observadas mutações adicionais indicativas de diversificação significativa ou emergência de sublinhagens derivadas no conjunto analisado.



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

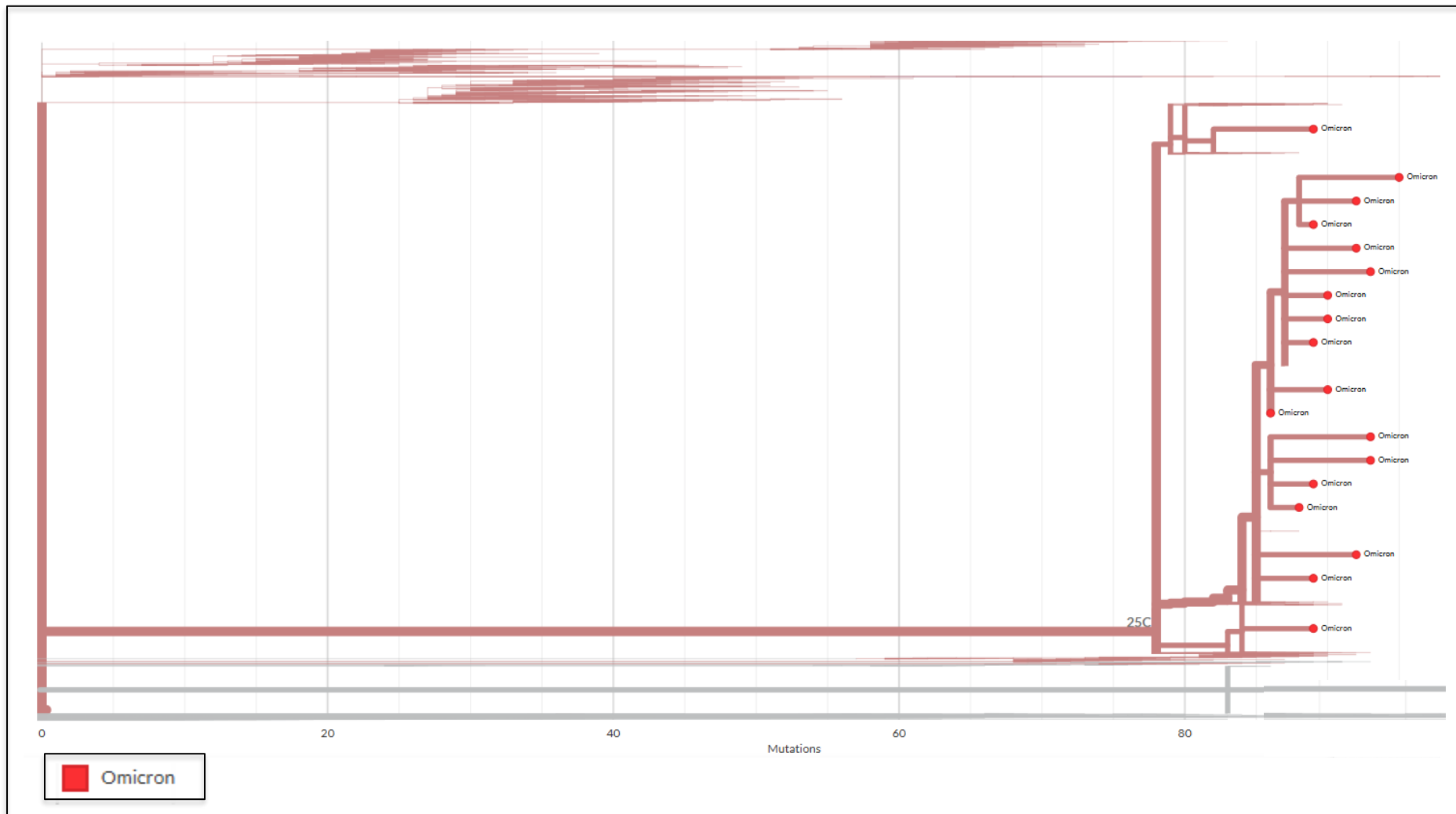
**Tabela 1:** Informações sobre as amostras sequenciadas, cobertura do genoma e as respectivas linhagens identificadas do vírus SARS-CoV-2

Nº Interno	Requisição	Idade	Gênero	Município Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
3236	251512000154	3 meses	Male	COLÍDER	MT	26/09/2025	19	99.4%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665472/2025
3282	250163000123	53 anos	Female	CUIABÁ	MT	07/10/2025	29	97.0%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665474/2025
3294	250107001233	67 anos	Male	CUIABÁ	MT	07/10/2025	27	96.2%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665476/2025
3298	250102013230	44 anos	Female	CUIABÁ	MT	07/10/2025	23	98.9%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665477/2025
3309	250804005870	43 anos	Male	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	08/10/2025	24	99.0%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665479/2025
3398	250704001632	7 meses	Male	LUCAS DO RIO VERDE	MT	26/09/2025	27	98.9%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665492/2025
3408	250722000229	76 anos	Female	SINOP	MT	16/10/2025	27	98.3%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665495/2025
3431	250163000131	86 anos	Male	CUIABÁ	MT	21/10/2025	23	99.5%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665496/2025
3459	250421000083	36 anos	Female	CÁCERES	MT	21/10/2025	18	99.0%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665498/2025
3538	250804005924	33 anos	Female	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	29/10/2025	29	74.7%	XFG.3	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665507/2025
3566	250102013329	40 anos	Male	CUIABÁ	MT	03/11/2025	25	99.3%	XFG.9.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665513/2025
3569	250402000454	69 anos	Male	CÁCERES	MT	04/11/2025	29	98.8%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665515/2025
3670	250704001667	38 anos	Female	LUCAS DO RIO VERDE	MT	13/11/2025	28	98.9%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665516/2025
3768	251102000063	86 anos	Male	NOVO HORIZONTE DO NORTE	MT	14/11/2025	18	99.8%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665518/2025
3803	250804006062	18 anos	Female	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	04/12/2025	29	96.4%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665519/2025
3810	251512000170	29 dias	Male	COLÍDER	MT	21/11/2025	28	98.9%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665520/2025
3877	250107001401	63 anos	Female	CUIABÁ		19/12/2025	30	98.3%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665524/2025
3882	250107001403	82 anos	Female	CUIABÁ		19/12/2025	28	97.0%	XFG.3.4.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510665525/2025

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



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.** Árvore filogenética das linhagens identificadas de Sars-CoV-2. Acesso 21/01/2026 (<https://clades.nextstrain.org/tree>).



A análise das sequências genômicas obtidas revelou o predomínio da sublinhagem XFG.3.4.1, identificada na maioria das amostras sequenciadas, indicando que esta subvariante representa o principal ramo da linhagem XFG em circulação no Estado de Mato Grosso no período avaliado. Além da XFG.3.4.1, foram detectadas, em menor frequência, as sublinhagens XFG.3 e XFG.9.1, ambas geneticamente relacionadas e inseridas no mesmo contexto evolutivo da linhagem XFG.

Do ponto de vista evolutivo, a XFG é classificada como uma linhagem recombinante, originada a partir de eventos de coinfeção envolvendo as linhagens LF.7 e LP.8.1.2, ambas descendentes da variante Ômicron. Esse processo de recombinação, que resulta na combinação de regiões genômicas distintas, tem se tornado cada vez mais frequente na evolução do SARS-CoV-2 e pode conferir vantagens adaptativas ao vírus, como aumento da transmissibilidade ou escape parcial da resposta imune.

A presença simultânea dessas sublinhagens no conjunto amostral sugere um cenário de microdiversificação genética local, compatível com a circulação sustentada do vírus e com a acumulação progressiva de mutações ao longo da cadeia de transmissão. A linhagem XFG foi recentemente designada pela Organização Mundial da Saúde como Variante sob Monitoramento (VUM), em razão do seu crescimento relativo observado em diferentes regiões do mundo.

Evidências disponíveis indicam que essa linhagem apresenta mutações na proteína Spike associadas à redução moderada da neutralização por anticorpos, especialmente aqueles induzidos por infecções prévias ou esquemas vacinais antigos; entretanto, até o momento, não há evidências consistentes de aumento da gravidade clínica, da letalidade ou de comprometimento significativo da eficácia das vacinas e terapias antivirais disponíveis, o que sustenta sua permanência na categoria de monitoramento.

A detecção contínua da XFG em amostras provenientes de diferentes municípios de Mato Grosso sugere o estabelecimento epidemiológico dessa linhagem no território, reforçando a relevância da vigilância genômica ativa para o acompanhamento de sua dinâmica de disseminação.



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

Todos os genomas gerados foram considerados aptos para depósito na plataforma GISAID, contribuindo para o monitoramento global da evolução do SARS-CoV-2 e para a integração dos dados estaduais às redes nacionais e internacionais de vigilância. Nesse contexto, o programa de vigilância genômica implementado pelo LACEN-MT consolida-se como uma ferramenta estratégica para a detecção precoce de variantes emergentes e para o subsídio à tomada de decisão em saúde pública, sendo fundamental a manutenção desse monitoramento para a identificação de eventuais mudanças no perfil genético do vírus que possam impactar a transmissibilidade, a resposta imune populacional ou a efetividade das medidas de controle.



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

## 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](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)