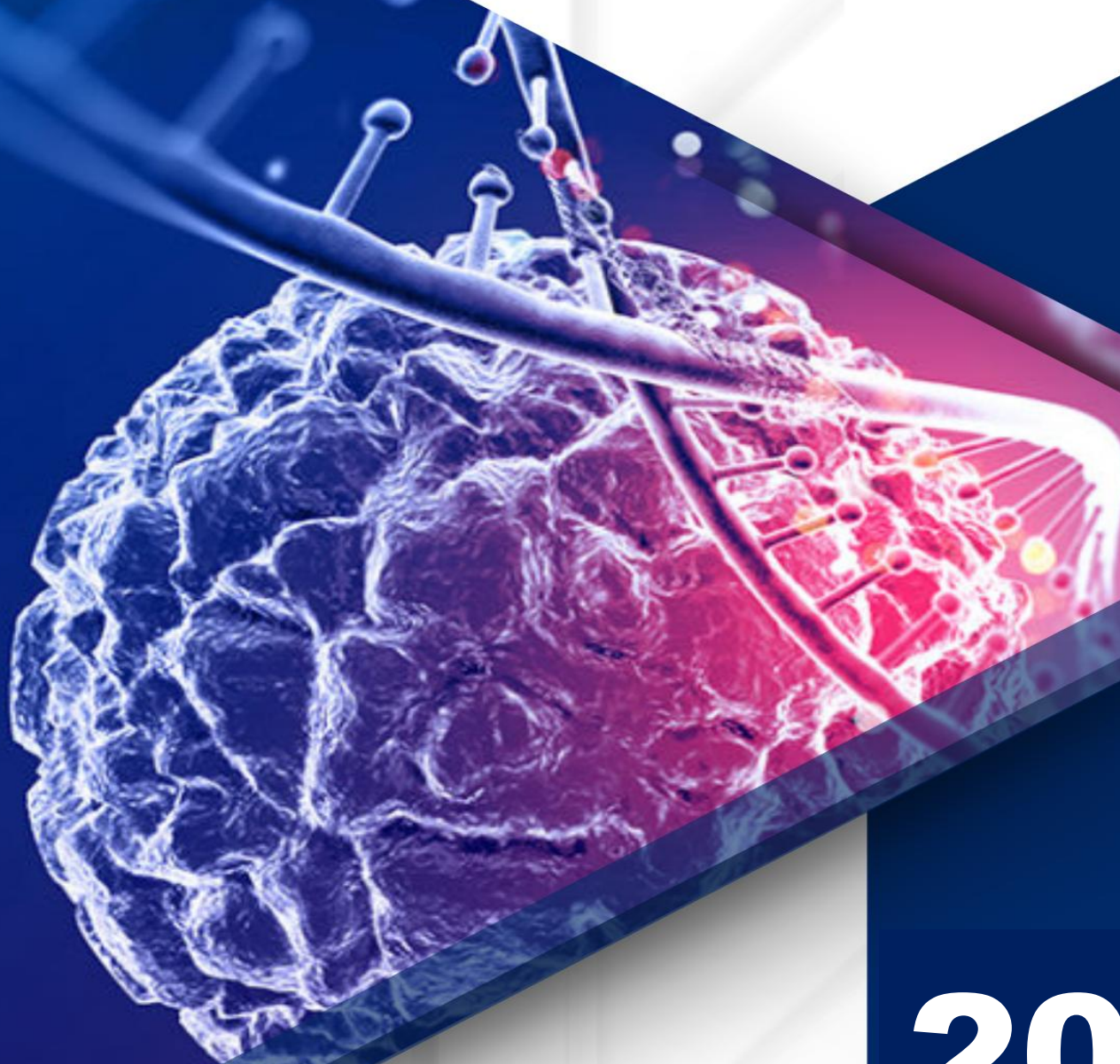




2025

RELATÓRIO 41: 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

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.

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 SARS-CoV-2, sequenciadas entre os dias 17 e 19 de maio de 2025. Dessas, apenas uma não passou no controle de qualidade. O controle negativo apresentou o comportamento esperado, sem evidências de contaminação (**Figura 1**).

Os pacientes são provenientes dos municípios de Cuiabá, Colíder, Lucas do Rio Verde, Campo Novo do Parecis, Primavera do Leste, Itaúba e Santa Terezinha (**Figura 2**). A detecção do SARS-CoV-2 foi realizada por RT-PCR em tempo real, utilizando o termociclador ABI 7500™ e o kit molecular INF-A/INF-B/SC2, desenvolvido pela Bio-Manguinhos.

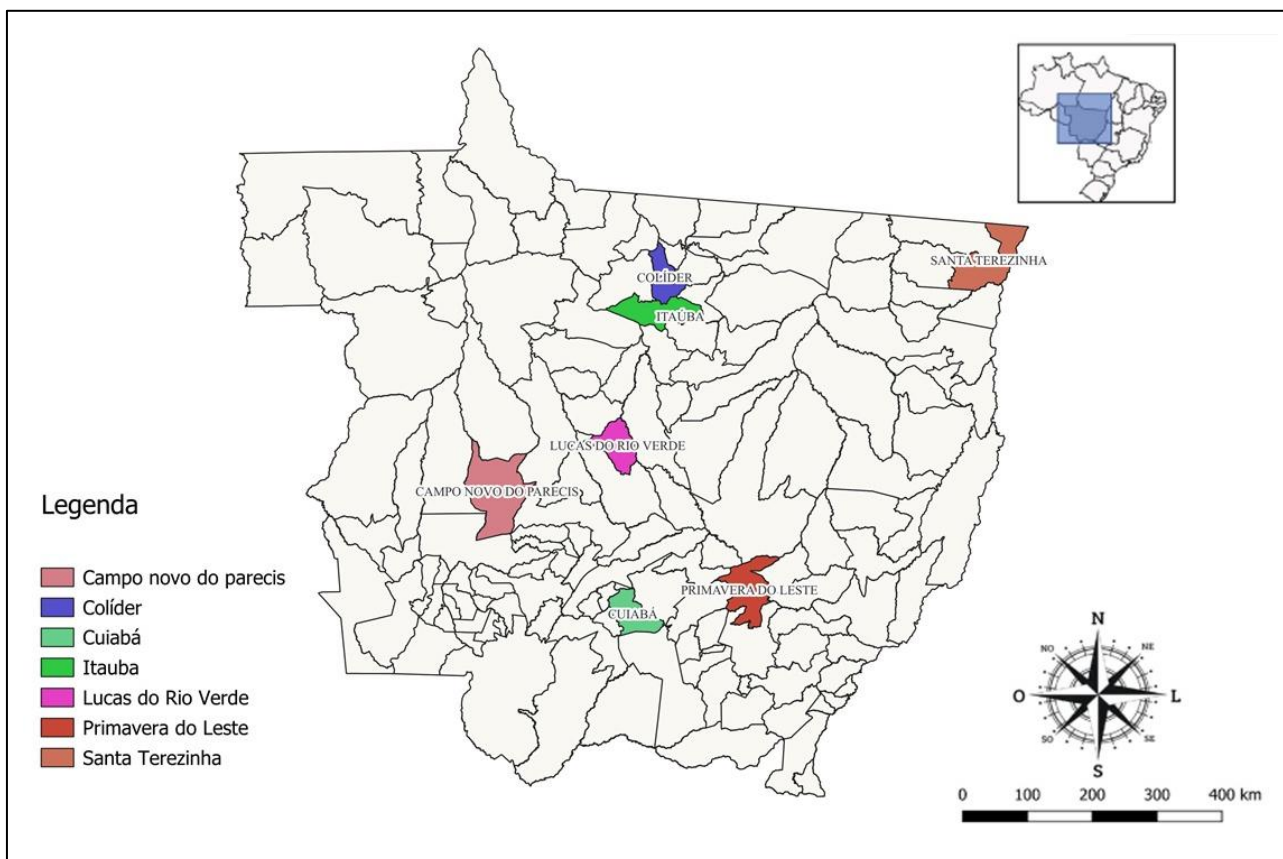


Figura 2. Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

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 3.14.5), 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 18 e 27. 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
425	250101000303	66	Masculino	CUIABÁ	MT	26/02/2025	24	83422	99.0%	JN.1.16.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510598685/2025
427	250101000304	17	Feminino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	25/02/2025	24	337289	97.2%	PD.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510598449/2025
445	250101000306	65	Feminino	PRIMAVERA DO LESTE	MT	03/01/2025	23	883309	99.5%	KP.2.3.12	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510600945/2025
459	250101000307	75	Feminino	LUCAS DO RIO VERDE	MT	27/02/2025	22	580787	99.5%	LP.8.1.4	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510599913/2025
461	250101000308	77	Masculino	LUCAS DO RIO VERDE	MT	24/02/2025	27	373762	92.5%	KP.3.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510600070/2025
462	250101000309	92	Masculino	LUCAS DO RIO VERDE	MT	27/02/2025	26	544624	97.7%	MC.33.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510600106/2025
508	250101000310	11 meses	Feminino	LUCAS DO RIO VERDE	MT	06/03/2025	18	1000140	98.7%	LP.8.1.4	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510602267/2025
726	250101000311	57	Masculino	ITAÚBA	MT	08/04/2025	25	502933	95.8%	KP.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510615260/2025
772	250101000312	55	Feminino	SANTA TEREZINHA	MT	10/04/2025	20	534262	99.5%	PD.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510616166/2025
860	250101000313	75	Feminino	COLÍDER	MT	14/04/2025	19	445588	98.7%	LP.8.1.4	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510616993/2025

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

A árvore filogenética foi construída utilizando a ferramenta Nextclade, que permite a análise comparativa dos genomas virais com base em alinhamento e identificação de mutações. A representação gerada ilustra as diferenças genéticas entre os genomas sequenciados, destacando as mutações acumuladas ao longo da evolução viral, bem como suas respectivas classificações em linhagens (**Figura 3**). Todos os genomas obtidos passaram nos critérios de controle de qualidade estabelecidos pela plataforma, apresentando cobertura e integridade genômica adequadas. Com isso, foram considerados aptos para o depósito na base de dados GISAID, contribuindo para a vigilância genômica global do SARS-CoV-2.

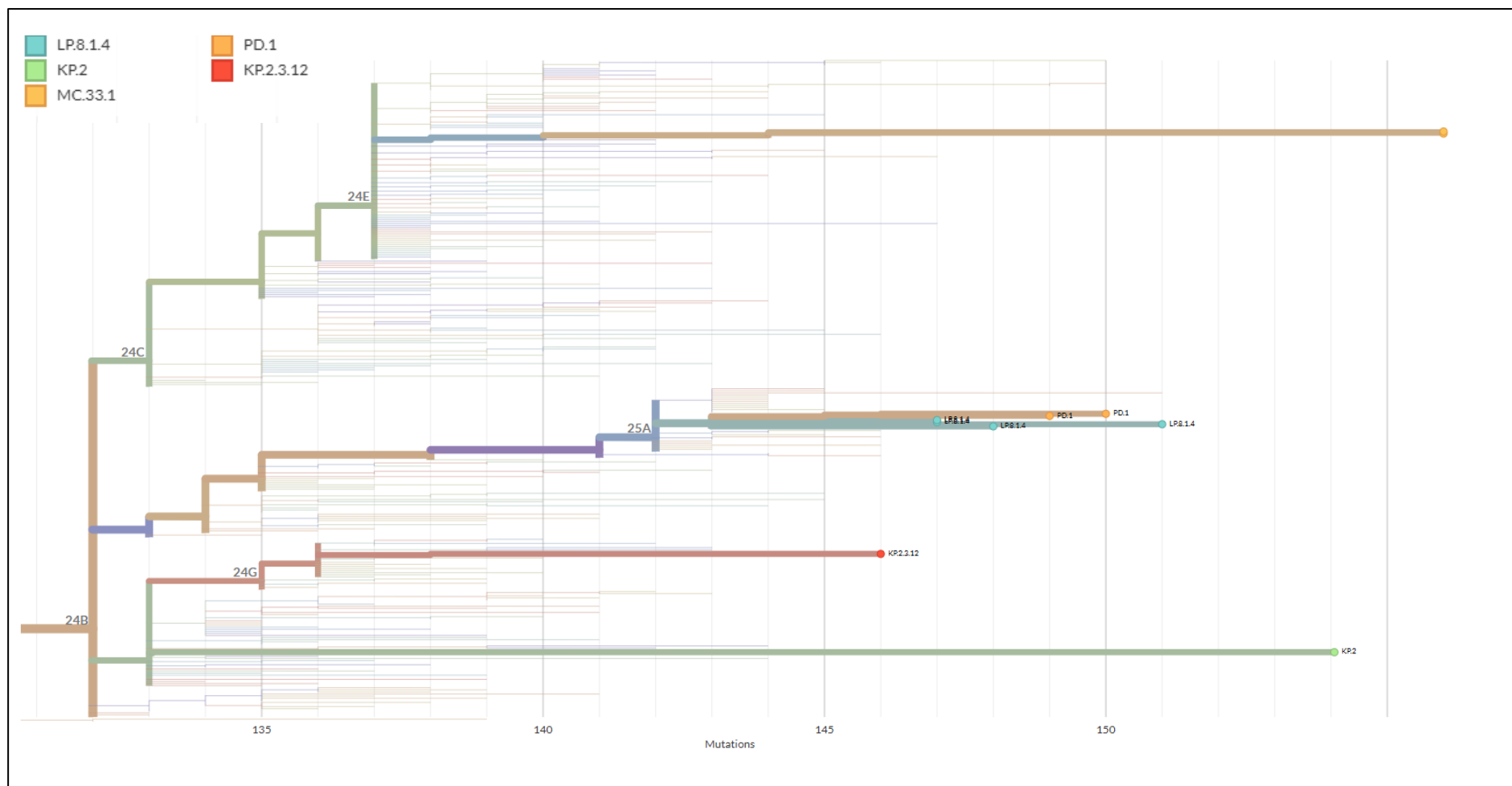


Figura 3. Árvore filogenética das linhagens identificadas de SARS-CoV-2. <https://clades.nextstrain.org/tree>. Acesso 05/06/2025.

A análise dos dados obtidos por meio do sequenciamento genético revelou que todas as amostras de SARS-CoV-2 pertencem à variante Ômicron, já conhecida por ser predominante na região e em todo o país. Segundo a classificação mais recente da Organização Mundial da Saúde (OMS), entre as variantes atualmente em circulação que requerem atenção especial estão as classificadas como Variantes de Interesse (*Variants of Interest – VOI*), com destaque para as linhagens Pango BA.2.86 e JN.1, devido ao seu potencial impacto na transmissibilidade, escape imune e gravidade clínica da infecção.

Nesta rodada de sequenciamento, foi identificada pela primeira vez no estado a linhagem PD.1, classificada como uma Variante sob Monitoramento (*Variant Under Monitoring – VUM*), pertencente ao grupo GRA (LP.8.1+LP.8.1.*). Essa linhagem foi inicialmente detectada nos Estados Unidos e, mais recentemente, relatada em outras regiões do Brasil, incluindo São Paulo, Tocantins, Bahia, Santa Catarina e Rio Grande do Sul — além de agora também ser identificada em Mato Grosso. A PD.1 tem sido acompanhada por autoridades de saúde pública nacionais e internacionais devido ao seu perfil genético distinto e ao potencial de disseminação.

A detecção dessa nova linhagem no estado reforça a relevância da vigilância genômica contínua para o monitoramento da introdução e dispersão de variantes do SARS-CoV-2, contribuindo para a resposta rápida e eficaz frente à evolução do vírus.

Type:	betacoronavirus
Clade:	GRA
Pango Lineage:	PD.1 (consensus call)
AA Substitutions:	Spike A27S, Spike A264D, Spike A522P, Spike A570V, Spike D405N, Spike D614G, Spike D796Y, Spike E484K, Spike E554K, Spike F157S, Spike F186L, Spike F456L, Spike F486P, Spike G142D, Spike G339H, Spike G446S, Spike H69del, Spike H245N, Spike H655Y, Spike I332V, Spike ins16MPLF, Spike K356T, Spike K417N, Spike K1086R, Spike L24del, Spike L212I, Spike L216F, Spike L452W, Spike L455S, Spike N211del, Spike N440R, Spike N450D, Spike N460K, Spike N481K, Spike N501Y, Spike N679K, Spike N764K, Spike N969K, Spike P25del, Spike P26del, Spike P621S, Spike P681R, Spike P1143L, Spike Q493E, Spike Q498R, Spike Q954H, Spike R21T, Spike R158G, Spike R190S, Spike R346T, Spike R403K, Spike R408S, Spike S31del, Spike S50L, Spike S371F, Spike S373P, Spike S375F, Spike S477N, Spike S939F, Spike T19I, Spike T376A, Spike T478K, Spike V70del, Spike V127F, Spike V213G, Spike V445R, Spike V483del, Spike V1104L, Spike Y144del, Spike Y505H, E T9I, M A63T, M A104V, M D3H, M Q19E, M T30A, N E31del, N G204R, N P13L, N Q229K, N R32del, N R203K, N S33del, N S413R, NS3 P178L, NS3 T223I, NS7b F19L, NSP1 G98D, NSP1 S135R, NSP2 A31D, NSP3 A150V, NSP3 A1179V, NSP3 A1892T, NSP3 G489S, NSP3 K1155R, NSP3 N1708S, NSP3 T24I, NSP3 T1465I, NSP3 V238L, NSP4 L264F, NSP4 T327I, NSP4 T492I, NSP5 P132H, NSP6 F108del, NSP6 G107del, NSP6 R252K, NSP6 S106del, NSP6 V24F, NSP9 T35I, NSP12 P323L, NSP13 R392C, NSP14 I42V, NSP15 T112I
Nucl Mutations:	C241T, G558A, T670G, C897A, G1954A, C2790T, C3037T, C3168T, G3431T, T3565C, G4184A, C4321T, C4999T, C5869T, A6183G, C6255T, C7113T, A7842G, C8293T, G8393A, C9344T, A9424G, C9534T, C10029T, C10198T, G10447A, C10449A, G11042T, del11288_11296, G11727A, C12789T, C12815T, C12880T, T13339C, C14408T, C15714T, T15756A, C16308T, G17334T, C17410T, A18163G, A18492G, C18894T, C19955T, A20055G, ins21610ATGCCGCTGTTT, T21610C, C21618T, C21622T, G21624C, T21633C, del21635_21643, del21653_21655, C21711T, A21766C, del21767_21772, G21941T, G21987A, del21992_21994, T22032C, C22033A, A22034G, C22120A, G22132T, del22193_22195, T22196A, T22200G, C22208T, C22295A, C22353A, A22556G, G22577C, G22578A, G22599C, A22629C, C22674T, T22679C, C22686T, A22688G, G22770A, G22775A, A22786C, G22813T, A22881G, T22882G, G22895C, T22896G, G22898A, A22910G, C22916T, T22917G, T22926C, T22928C, T22942A, G22992A, C22995A, T23005A, del23009_23011, G23012A, T23018C, T23019C, C23039G, A23055G, A23063T, T23075C, G23126C, G23222A, C23271T, A23403G, C23423T, C23525T, T23599G, C23604G, C23854A, G23948T, C24378T, A24424T, T24469A, A24819G, G24872T, C24990T, C25000T, C25207T, C25584T, C25925T, C26060T, C26270T, G26529C, C26577G, A26610G, C26681T, G26709A, C26833T, C26858T, C27128T, A27259C, G27382C, A27383C, T27384C, C27807T, T27810C, A28271T, C28311T, A28363T, del28364_28372, G28881A, G28882A, G28883C, C28958A, A29510C, del29734_29759

Figura 4. Substituição e mutações da variante PD.1. <https://www.epicov.org/epi3/frontend#286130>. Acesso: 05/06/2025.

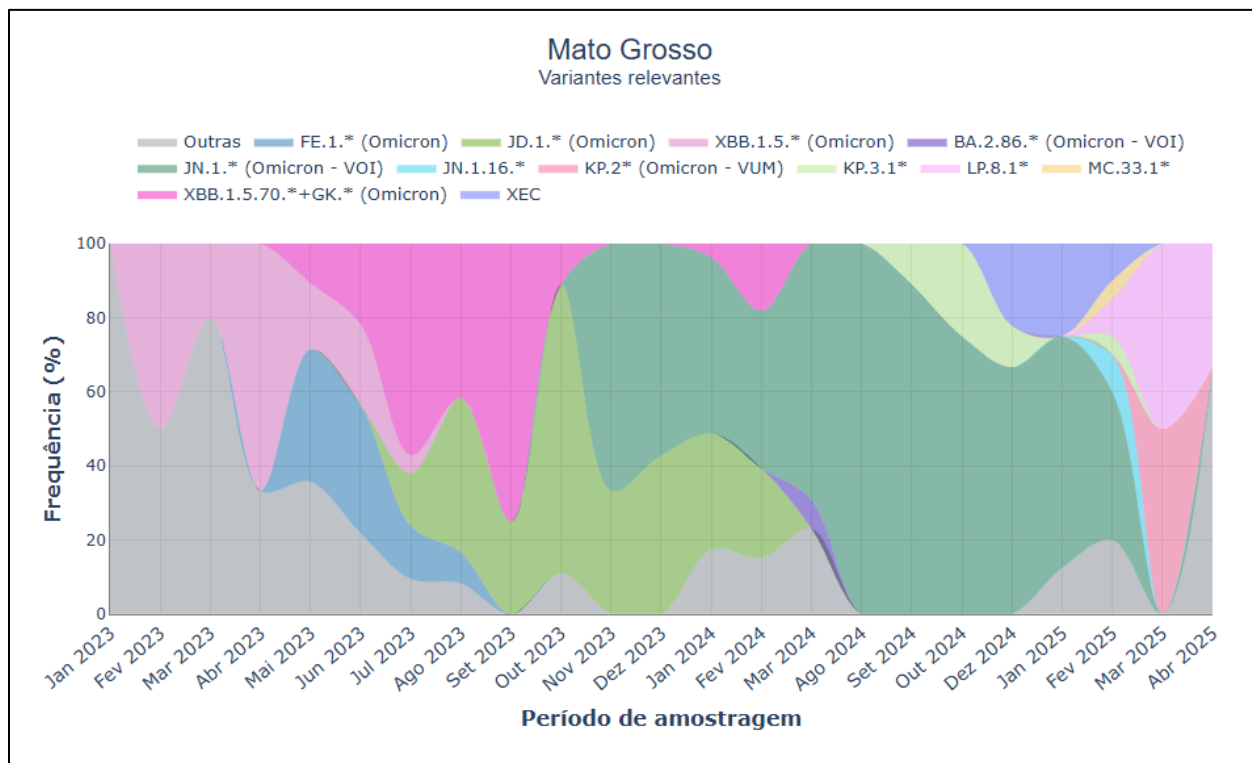


Figura 5. Frequência das principais variantes do Estado de Mato Grosso no período de Janeiro de 2023 a Abril 2025. <https://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard-pt/>. Acesso: 05/06/2025.

O LACEN-MT implementou um programa de vigilância genômica ativa, consolidando-se como um componente estratégico fundamental na detecção precoce e no monitoramento das subvariantes da Ômicron. Essa iniciativa permite a identificação oportuna de novas variantes, possibilitando a adoção de medidas preventivas eficazes para conter a propagação do vírus, evitar novos surtos e mitigar o risco de futuras emergências em saúde pública.

Adicionalmente, a vigilância genômica contribui significativamente para o aprimoramento das políticas de saúde, orientando intervenções mais direcionadas e apoiando a atualização das vacinas conforme a evolução do vírus. Com essa abordagem, o estado de Mato Grosso reafirma seu compromisso com a proteção da saúde coletiva e com a prontidão na resposta a ameaças virais emergentes.



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

Giselle Larice Araújo Dantas

Elaine Cristina de Oliveira (Diretora do LACEN-MT)