

**18º RELATÓRIO REFERENTE AO
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 SARS-CoV-2 é um vírus RNA de fita simples (+ ssRNA), polaridade positiva e não segmentada, sentido positivo, 5'-cap, 3'-poliadenilado e tamanho surpreendentemente grande, variando de 27 a 32 quilobases¹, pertencem à família *Coronaviridae*, gênero *betacoronavirus*, sendo designado como SARS-CoV-2, vírus que está relacionado à síndrome respiratória aguda (SRAG) e com alto teor de dispersão 2. O genoma do SARS-CoV-2 codifica proteínas não estruturais e quatro proteínas estruturais como: espícula [S], envelope [E], membrana [M], nucleocapsídeo [N] e várias proteínas acessórias 3,4.

O método de sequenciamento genético permite realizar a leitura dos genomas virais com o objetivo de identificar novos patógenos e aprimorar a compreensão das origens e da transmissão de vírus emergentes. É válido ressaltar que um dos propósitos do sequenciamento genético é acompanhar, monitorar e identificar a circulação das linhagens e sublinhagens de SARS-CoV-2 em todo Estado, tendo em vista que o vírus continua a sofrer mutações que diferem da estirpe original de Wuhan. Além de atender aos seguintes critérios estabelecidos pela Vigilância Epidemiológica: suspeitas e/ou contatos de VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação) e VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse), óbitos, casos graves e com rápida evolução, amostras com carga viral alta, além de pacientes com diagnóstico positivo para SARS-CoV-2.

No período de 30/05/2023 a 06/06/23, a equipe do LACEN-MT a fim de entender melhor o vírus causador da COVID-19 circulante no Estado de Mato Grosso, sequenciou 38 amostras positivas para SARS-CoV-2 e uma amostra controle para avaliar a qualidade do sequenciamento.

O sequenciamento foi realizado em amostras de pacientes com sintomas da doença que foram diagnosticados como positivos para o SARS-CoV-2, com valores de CT (cycle threshold) variando entre 15 e 30.

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher Scientific (Ion Genestudio S5 Plus).

Foram selecionadas 38 amostras oriundas de 6 municípios de Mato Grosso: Cuiabá (n:31 amostras), Planalto da Serra (1 amostra), Tangará da Serra (3 amostras), Nossa Senhora do Livramento (n:1), Santa Carmem (n:1) e Várzea Grande (n:1) (**Figura 1**).

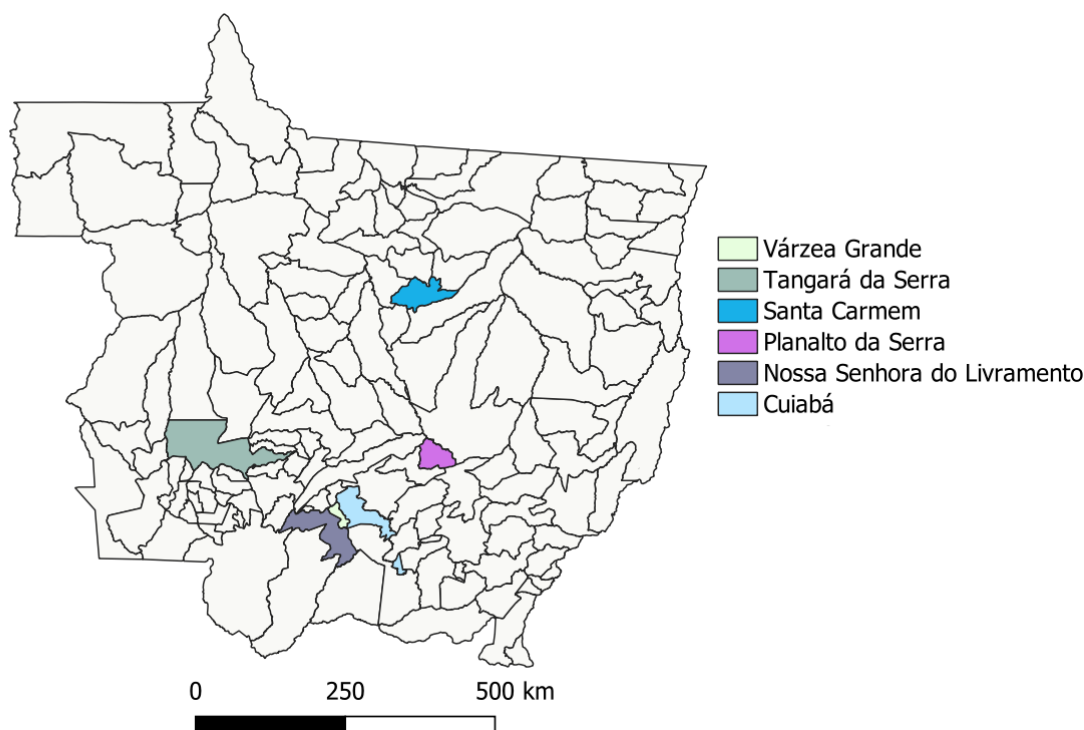


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher (Ion Torrent), apresentando valores de cobertura entre 42.17% a 99.71% do genoma total (**Tabela 1**).

As sequências genômicas obtidas foram alinhadas com o primeiro genoma de referência de Wuhan e analisadas pelos softwares como: Nextclade; CodonCode; AliView.

A avaliação da linhagem foi realizada utilizando duas ferramentas *Pangolin* e Nextclade (<https://clades.nextstrain.org/>).

Barcode	Nº Interno	_Sequenciamento	CT N. ORF1(S)	Tipo de Amostra	Município	Data Coleta	Idade	Sexo	Reads	Coverage	Lineages	ID_sequencia	ID_Amostra	LACEN
BC0133	97551	220101007571	23,18,19	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	36	M	191.736	42.17%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494694/2022	510494694	LACEN-MT
BC0134	97553	220101007570	25,20,21	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	37	F	480.997	79.27%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494693/2022	510494693	LACEN-MT
BC0135	97554	220101007569	27,21,22	Swab	CUIABÁ	30/11/2022	43	F	1.517.820	47.47%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494692/2022	510494692	LACEN-MT
BC0136	97555	230101000853	22,17,17	Swab	VARZEA GRANDE	30/11/2022	48	F	2.295.869	54.39%	BE.9	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510509947/2022	510509947	LACEN-MT
BC0137	97559	220101007567	20,14,16	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	38	F	1.267.243	55.77%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494690/2022	510494690	LACEN-MT
BC0138	97563	220101007566	27,22,23	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	27	F	853.459	94.14%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494689/2022	510494689	LACEN-MT
BC0139	97564	220101007565	28,23,24	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	47	M	1.410.610	93.35%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494688/2022	510494688	LACEN-MT
BC0140	97568	220101007583	21,19,19	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	39	F	574.663	69.91%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494706/2022	510494706	LACEN-MT
BC0141	97569	220101007584	22,19,19	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	43	F	1.060.074	96.39%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494707/2022	510494707	LACEN-MT
BC0142	97572	230101001000	22,17,19	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	39	F	463.832	50.47%	BE.9	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510514192/2022	510514192	LACEN-MT
BC0143	97573	220101007586	27,23,23	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	38	F	205.832	93.37%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494709/2022	510494709	LACEN-MT
BC0144	97592	220101007587	27,17,19	Swab	CUIABÁ	01/12/2022	45	M	1.049.937	82.85%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494710/2022	510494710	LACEN-MT
BC0145	97599	220101007588	27,22,22	Swab	NOSSA SENHORA DO LIVRAMENTO	02/12/2022	51	F	60.784	86.61%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510494712/2022	510494712	LACEN-MT
BC0146	97628	230101000855	27,25,26	Swab	CUIABÁ	04/12/2022	58	F	N	N	N	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510064/2022	510510064	LACEN-MT
BC0148	97726	230101000878	27,24,27	Swab	CUIABÁ	06/12/2022	26	M	N	N	N	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510115/2022	510510115	LACEN-MT
BC0149	97747	230101000856	27,25,28	Swab	CUIABÁ	06/12/2022	57	F	1.613.772	92.15%	BQ.1.3.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510084/2022	510510084	LACEN-MT
BC0150	97762	230101000857	31,26,27	Swab	TANGARA DA SERRA	06/12/2022	45	M	680.624	94.10%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510085/2022	510510085	LACEN-MT
BC0151	97742	230101000858	27,25,27	Swab	CUIABÁ	06/12/2022	25	F	1.898.146	91.87%	BE.10	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510087/2022	510510087	LACEN-MT
BC0152	97807	230101000859	29,24,27	Swab	CUIABÁ	06/12/2022	26	F	1.355.667	71.65%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510091/2022	510510091	LACEN-MT
BC0153	98207	230101000860	29,26,26	Swab	CUIABÁ	16/12/2022	48	F	2.104.284	94.49%	BQ.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510092/2022	510510092	LACEN-MT
BC0154	98210	230101000861	29,26,26	Swab	CUIABÁ	16/12/2022	37	F	225.550	91.93%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510093/2022	510510093	LACEN-MT
BC0155	98226	230101000862	25,27,30	Swab	PLANALTO DA SERRA	16/12/2022	29	M	113.601	93.18%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510094/2022	510510094	LACEN-MT
BC0156	98472	230101000863	20,21,25	Swab	CUIABÁ	20/12/2022	46	M	121.601	90.50%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510095/2022	510510095	LACEN-MT
BC0157	98606	230101000877	27,26	Swab	SANTA CARMEN	21/12/2022	35	M	6.829	69.48%	N	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510114/2022	510510114	LACEN-MT
BC0158	98639	230101000864	28,25,26	Swab	CUIABÁ	22/12/2022	56	F	47.612	90.89%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510096/2022	510510096	LACEN-MT
BC0159	98640	230101000865	22,19,20	Swab	CUIABÁ	22/12/2022	69	F	185.047	52.14%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510097/2022	510510097	LACEN-MT
BC0160	98903	230101000604	22,19,21	Swab	CUIABÁ	28/12/2022	51	M	226.646	73.50%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510500471/2022	510500471	LACEN-MT
BC0161	98913	230101000866	26,25,23	Swab	TANGARA DA SERRA	29/12/2022	2 ANO(S)	M	282.976	94.98%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510098/2022	510510098	LACEN-MT
BC0162	99443	230101000867	28,28,27	Swab	CUIABÁ	27/01/2023	57	F	162.039	94.99%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510099/2023	510510099	LACEN-MT
BC0163	99772	230101000876	31,31,31	Swab	CUIABÁ	09/03/2023	66	M	14.616	73.37%	N	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510113/2023	510510113	LACEN-MT
BC0164	99943	230101000868	15,18,17	Swab	CUIABÁ	28/03/2023	48	F	231.029	50.08%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510100/2023	510510100	LACEN-MT
BC0165	99944	230101000869	24,32,29	Swab	CUIABÁ	28/03/2023	34	M	466.271	88.63%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510101/2023	510510101	LACEN-MT
BC0166	99970	230101000875	18,23,19	Swab	CUIABÁ	30/03/2023	30	F	102.995	66.74%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510110/2023	510510110	LACEN-MT
BC0167	99995	230101000870	24,36,29	Swab	CUIABÁ	28/03/2023	44	F	185.782	92.96%	BQ.1.13.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510102/2023	510510102	LACEN-MT
BC0168	99423	230101000871	18,20,23	Swab	CUIABÁ	24/01/2023	75	M	782.290	84.19%	BE.9	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510105/2023	510510105	LACEN-MT
BC0169	99416	230101000872	24,25,26	Swab	CUIABÁ	24/01/2023	47	F	2	99.71%	N	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510106/2023	510510106	LACEN-MT
BC0170	99414	230101000873	21,22,25	Swab	TANGARA DA SERRA	20/01/2023	89	F	94.954	92.69%	BQ.1.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510108/2023	510510108	LACEN-MT
BC171	99398	230101000874	30,31,31	Swab	CUIABÁ	19/01/2023	45	F	16.177.686	87.24%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510109/2023	510510109	LACEN-MT

Tabela1: Informações sobre as amostras sequenciadas e as respectivas linhagens identificadas do vírus SARS-CoV-2.



Figura 2: Filogenia do vírus SARS-CoV-2 reconstruída utilizando as sequências genômicas isoladas em Mato Grosso (em azul) e sequências de referência presentes no banco de dados da ferramenta *Genome Detective*-



Após examinar os genomas, todas as amostras que foram sequenciadas revelaram ser a variante Ômicron do SARS-CoV-2, sugerindo que essa variante está presente em todas as amostras analisadas, com uma taxa de 100%.

Essa relação pode estar relacionada à alta transmissibilidade da variante e o número de infecções registradas no Estado de Mato Grosso, bem como a ocorrência de eventos de importação e disseminação do vírus.

Além disso, a ausência de medidas preventivas para conter a disseminação do vírus pode estar contribuindo para a disseminação da variante.

Foram identificadas várias variantes em diferentes proporções. A sublinhagem BQ.1.1 foi a mais prevalente, representando 59% das amostras analisadas, seguida por XBB.1.18 (18%), BE.9 (9%), BE.10 (4%), BQ.1, BQ.1.13, BQ.1.13.1, XBB.1.5 com (3%), (Figura 3).

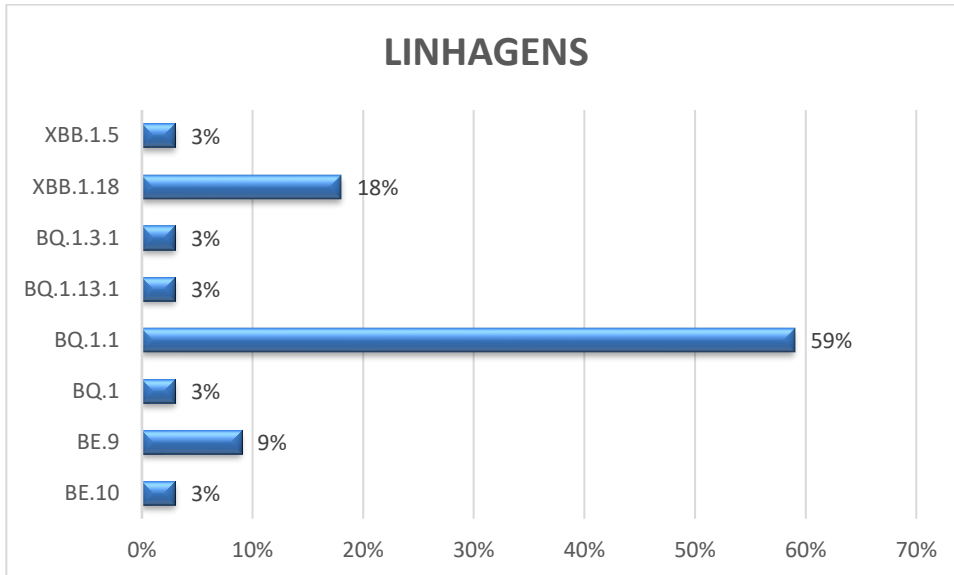


Figura 3: Quantidade das sublinhagens obtidas das sequências genômicas do SARS-CoV-2.



Ao desvendar o histórico do SARS-CoV-2, autoridades e pesquisadores podem adotar medidas adequadas para tentar conter sua disseminação, além de realizar inferências filogenéticas mais detalhadas sobre a dispersão do vírus no Estado. Por fim, ratificamos que a mobilidade humana representa um fator crucial para a dispersão do SARS-CoV-2, portanto, medidas preventivas continuam sendo essenciais para minimizar a circulação deste patógeno no Estado de Mato Grosso.

REFERÊNCIAS

- 1- Cleemput, S. et al. "Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes." Bioinformatics, 2020.
- 2- Naqvi AAT, Fatima K, Mohammad T, Fatima U, Singh IK, Singh A, et al. Insights into SARS-CoV-2 genome, structure, evolution, pathogenesis and therapies: Structural genomics approach. Biochim Biophys Acta - Mol Basis Dis [Internet]. 2020 Oct;1866(10):165878. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S092544392030226X>.
- 3- [http://www.rbac.org.br/artigos/diagnostico-laboratorial-do-sars-cov-2-por-transcricao-reversa-seguida-de-reacao-em-cadeia-da-polimerase-em-tempo-real-rt-pcr/_Menezes et al](http://www.rbac.org.br/artigos/diagnostico-laboratorial-do-sars-cov-2-por-transcricao-reversa-seguida-de-reacao-em-cadeia-da-polimerase-em-tempo-real-rt-pcr/_Menezes%20et%20al%20-%20Diagnostico%20laboratorial%20do%20SARS-CoV-2%20por%20transcricao%20reversa%20seguida%20de%20reacao%20em%20cadeia%20da%20polimerase%20em%20tempo%20real%20(RT-PCR).); Diagnóstico laboratorial do SARS-CoV-2 por transcrição reversa seguida de reação em cadeia da polimerase em tempo real (RT-PCR).
- 4- 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.
- 5- Cleemput, S. et al. "Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes." Bioinformatics, 2020.

Responsáveis técnicos

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida
Luana Barbosa da Silva
Stephanni Figueiredo da Silva
Elaine Cristina de Oliveira - Diretora do LACEN-MT