



Governo de
**Mato
Grosso**

Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso – LACEN/MT

**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**



MinsAÚDE

SECRETARIA DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE
DEPARTAMENTO DE ARTICULAÇÃO ESTRATÉGICA DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE
COORDENAÇÃO-GERAL DE LABORATÓRIOS DE SAÚDE PÚBLICA





O Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Mato Grosso (LACEN-MT), é referência em diversos exames de patologia clínica, sorologia, virologia e exames da área de bromatologia e de ambiente para realização em Cuiabá ou encaminhamento para laboratórios de referência da rede nacional. Desde a pandemia de COVID-19, tem-se dedicado ao diagnóstico molecular do SARS-CoV-2 de pacientes de todo Estado com quadro diagnóstico suspeito e ao sequenciamento de nova geração de amostras positivas.

Considerando a circulação de um novo membro da família *Coronaviridae* responsável por quadros de infecção respiratória e um alto teor de dispersão, é essencial a atuação da Vigilância Genômica, a fim de possibilitar a identificação e o monitoramento das variantes circulantes, suas respectivas mutações virais e evolução desse vírus ao longo do tempo para que possa auxiliar em futuras decisões na saúde pública.

Durante o período de 10 a 14 de outubro de 2022, a equipe do LACEN-MT realizou o sequenciamento de 32 genomas do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes internados e com diagnóstico positivo para COVID-19 referentes aos seguintes municípios: Cáceres (7), Campo Novo do Parecis (1), Campos de Júlio (5), Canarana (1), Cuiabá (11), Nobres (2), Rio Branco (2) e Rondonópolis (3) (Figura 1).

Com a finalidade de identificar e monitorar as variantes circulantes e co-circulantes no Estado de Mato Grosso, a escolha das amostras foi baseada na representatividade das regiões geográficas do Estado, 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 com histórico de viagem para fora de Mato Grosso e/ ou Brasil.



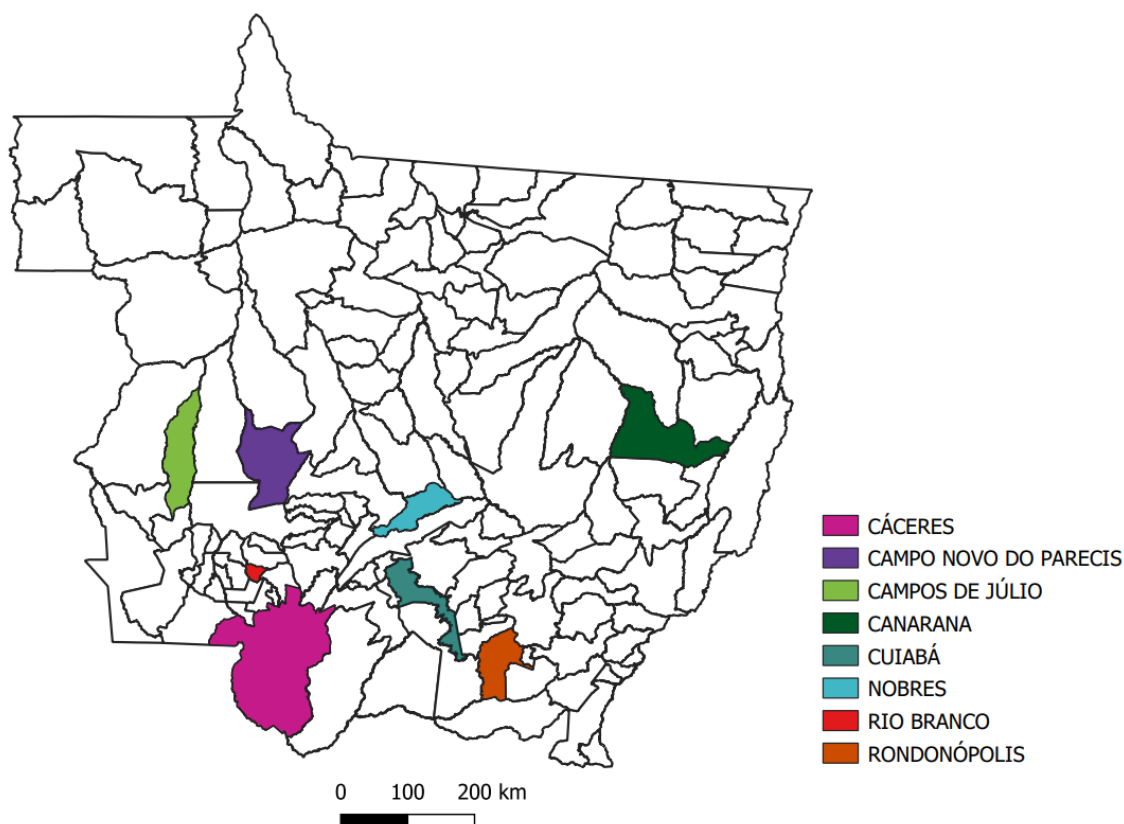


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios dos hospitais onde foram obtidas e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher Scientific (Ion Genestudio S5 Plus), apresentando em sua grande maioria cobertura superior a 99% do genoma total (Tabela 1).

As amostras selecionadas apresentaram valores de CT (*cycle threshold*) que variaram entre 20 e 34.

As sequências genômicas obtidas foram analisadas utilizando o software *Genome Detective - Coronavirus Typing Tool*, disponível online (<https://www.genomedetective.com/app/typingtool/virus/>) (CLEEMPUT et al., 2020). A avaliação da linhagem foi realizada utilizando a ferramenta *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages* disponível em (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>), seguindo a recente classificação dinâmica proposta por Rambaut e colaboradores (Figura 2) (RAMBAUT et al., 2020).



Barcode	Nº do barcode	Assignment	Contigs	Reads	Coverage	Depth of coverage	Identity NT	Identity AA	Lineages	VD/M/F	ID_sequencia	ID_Amostra	Requisição_GAL Sequenciamento	LACEN	CT (N, ORF,S)
lonCode_0101	BC01	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	3	1758542	99.6	11355	99.8	99.6	BA.5.2	0/53	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490675/2022	510490675	220101006870	LACEN-MT	32,33,32
lonCode_0102	BC02	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	4	1812570	99.6	11712.5	99.8	99.6	BA.5.2.1	2/61	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490679/2022	510490679	220101006871	LACEN-MT	33,32,32
lonCode_0103	BC03	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	4	1463323	99.6	9454.5	99.8	99.6	BA.2.56	0/53	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490681/2022	510490681	220101006872	LACEN-MT	32,33,31
lonCode_0104	BC04	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	3	805234	99.6	5200.3	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490684/2022	510490684	220101006873	LACEN-MT	33,32,32
lonCode_0105	BC05	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	3	555047	99.6	3568.3	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490686/2022	510490686	220101006874	LACEN-MT	33,31,31
lonCode_0106	BC06	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	4	863605	99.5	5553.1	99.8	99.6	BA.2	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490688/2022	510490688	220101006875	LACEN-MT	34,32,32
lonCode_0107	BC07	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	4	720016	99.4	4587	99.8	99.7	BA.5	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490689/2022	510490689	220101006876	LACEN-MT	33,32,31
lonCode_0108	BC08	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	5	1088969	99.4	6901.7	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490690/2022	510490690	220101006877	LACEN-MT	32,32,31
lonCode_0109	BC09	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	4	996357	99.5	6472.7	99.8	99.6	BA.5.2.1	2/61	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490691/2022	510490691	220101006878	LACEN-MT	32,32,31
lonCode_0110	BC10	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1592985	99.7	10230.7	99.8	99.6	BA.5.1	0/60	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490693/2022	510490693	220101006879	LACEN-MT	30,29,31
lonCode_0111	BC11	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1604464	99.7	10359.4	99.8	99.6	BA.4	0/68	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490694/2022	510490694	220101006880	LACEN-MT	30,30,29
lonCode_0112	BC12	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1461352	99.7	9433.1	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490695/2022	510490695	220101006881	LACEN-MT	32,31,31
lonCode_0113	BC13	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1747476	99.7	11280.5	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490720/2022	510490720	220101006901	LACEN-MT	30,29,28
lonCode_0114	BC14	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	6	770154	99.3	4940.2	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490697/2022	510490697	220101006882	LACEN-MT	33,31,31
lonCode_0115	BC15	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	3	1541802	99.6	9807.5	99.8	99.6	BA.5.2	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490698/2022	510490698	220101006883	LACEN-MT	30,30,29
lonCode_0116	BC16	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	5	1106653	99.5	7006.3	99.7	99.6	BA.4	0/68	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490700/2022	510490700	220101006884	LACEN-MT	31,31,30
lonCode_0117	BC17	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1294748	99.9	8252.1	99.8	99.6	BA.2.56	0/53	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490702/2022	510490702	220101006885	LACEN-MT	23,21,23
lonCode_0118	BC18	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	972333	99.7	6141.8	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490703/2022	510490703	220101006886	LACEN-MT	21,21,20
lonCode_0119	BC19	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1213080	99.8	7739.3	99.8	99.6	BA.5.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490705/2022	510490705	220101006887	LACEN-MT	23,22,22
lonCode_0120	BC20	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1363471	99.8	8696.2	99.8	99.6	BA.5.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490706/2022	510490706	220101006888	LACEN-MT	23,22,22
lonCode_0121	BC21	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	968968	99.8	6178	99.8	99.6	BA.2	0/53	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490707/2022	510490707	220101006889	LACEN-MT	25,24,24
lonCode_0122	BC22	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1170750	99.8	7470.5	99.8	99.6	BA.4.1	0/68	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490708/2022	510490708	220101006890	LACEN-MT	25,24,24
lonCode_0123	BC23	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1279904	99.8	8122.7	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490710/2022	510490710	220101006891	LACEN-MT	24,23,23
lonCode_0124	BC24	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1309506	99.8	8266.6	99.8	99.6	BA.5.2.1	2/61	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490711/2022	510490711	220101006892	LACEN-MT	23,24,23
lonCode_0125	BC25	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1142345	99.7	7257.5	99.7	99.6	BA.2	0/53	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490712/2022	510490712	220101006893	LACEN-MT	28,28,27
lonCode_0126	BC26	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1201913	99.7	7551.8	99.8	99.6	BA.5.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490713/2022	510490713	220101006894	LACEN-MT	27,27,26
lonCode_0127	BC27	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	981146	99.8	6293.6	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490714/2022	510490714	220101006895	LACEN-MT	29,30,28
lonCode_0128	BC28	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1319746	99.7	8471	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/65	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490715/2022	510490715	220101006896	LACEN-MT	29,28,28
lonCode_0129	BC29	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1	1183595	99.7	7476.8	99.8	99.6	BA.5.2.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490716/2022	510490716	220101006897	LACEN-MT	28,28,27
lonCode_0130	BC30	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1276201	99.7	8101.1	99.8	99.6	BA.2	0/53	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490717/2022	510490717	220101006898	LACEN-MT	29,28,28
lonCode_0131	BC31	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	3	1291036	99.6	8206.6	99.8	99.6	BF.12	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490718/2022	510490718	220101006899	LACEN-MT	29,29,28
lonCode_0132	BC32	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2	1253412	99.7	7964.7	99.8	99.6	BA.5.1	0/59	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510490719/2022	510490719	220101006900	LACEN-MT	28,27,27

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

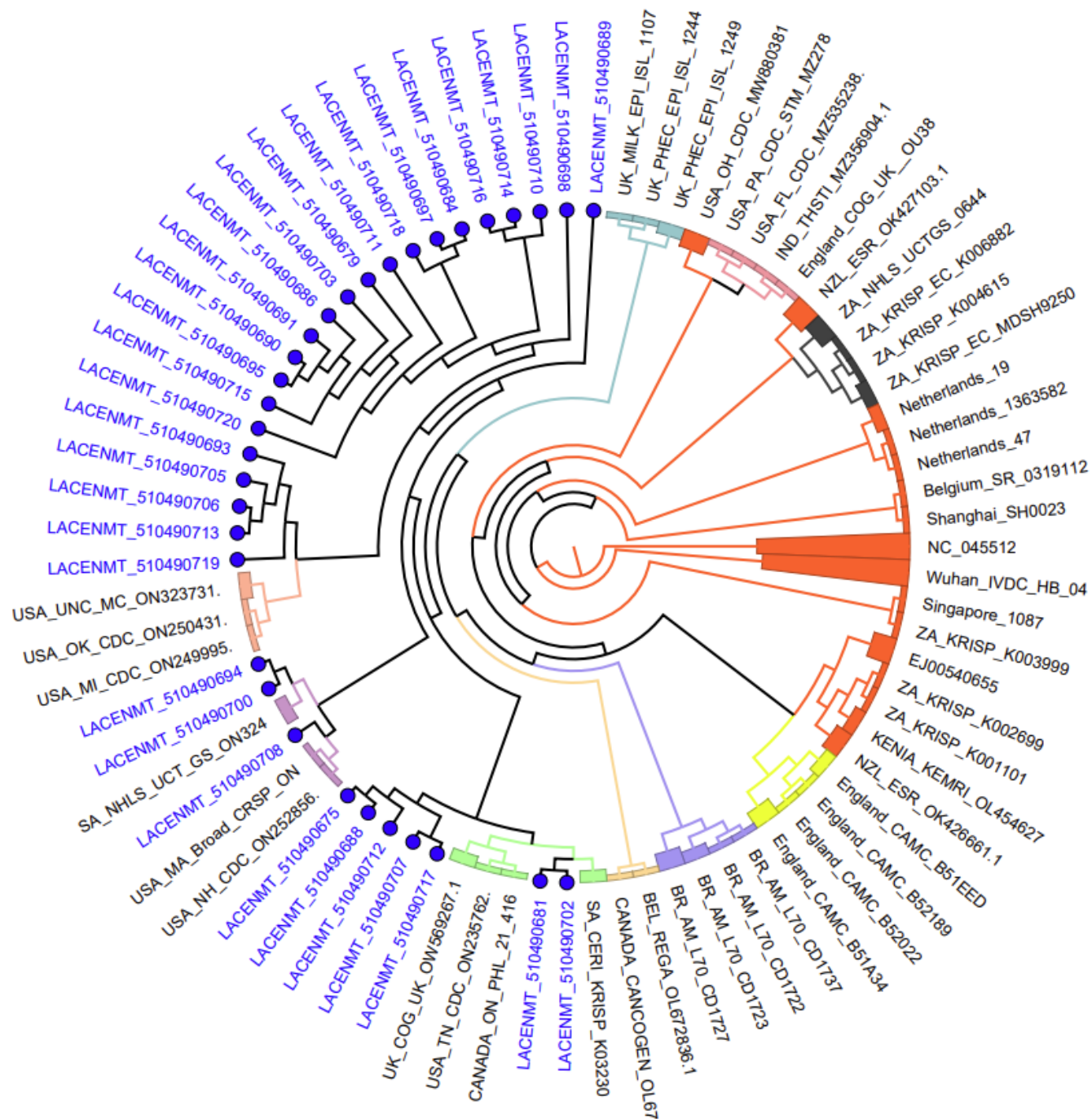


Figura 2: Filogenia do vírus SARS-CoV-2 reconstruída utilizando sequências genômicas isoladas em Mato Grosso (em azul) e sequências de referência presentes no banco de dados da ferramenta Genome Detective-Coronavirys TypingTool, disponível online (CLEEMPUT,et al., 2020).

Foi identificado a circulação de diferentes sublinhagens da variante Ômicron do vírus SARS-CoV-2, provavelmente relacionadas a inúmeros eventos de importações e tipagem viral, concomitantes ao elevado número de infecções registrados no Estado.

Das 9 sublinhagens obtidas, identificou-se a BA.2 em cinco amostras de pacientes oriundos de Cáceres, Campos de Júlio e Cuiabá; BA.2.56 dois pacientes de Campo Novo do Parecis; BA.4 em duas amostras de pacientes de Campos de Júlio e Canarana; BA.4.1 em um paciente de Campos de Júlio; BA.5 em um paciente de Cuiabá; BA.5.1 em cinco pacientes de Cáceres, Cuiabá e Rondonópolis; BA.5.2 em um paciente de Cuiabá; BA.5.2.1 em 14 amostras de pacientes oriundos de Cáceres, Cuiabá, Nobres, Rio Branco e Rondonópolis e BF.12 em um paciente de Cuiabá.

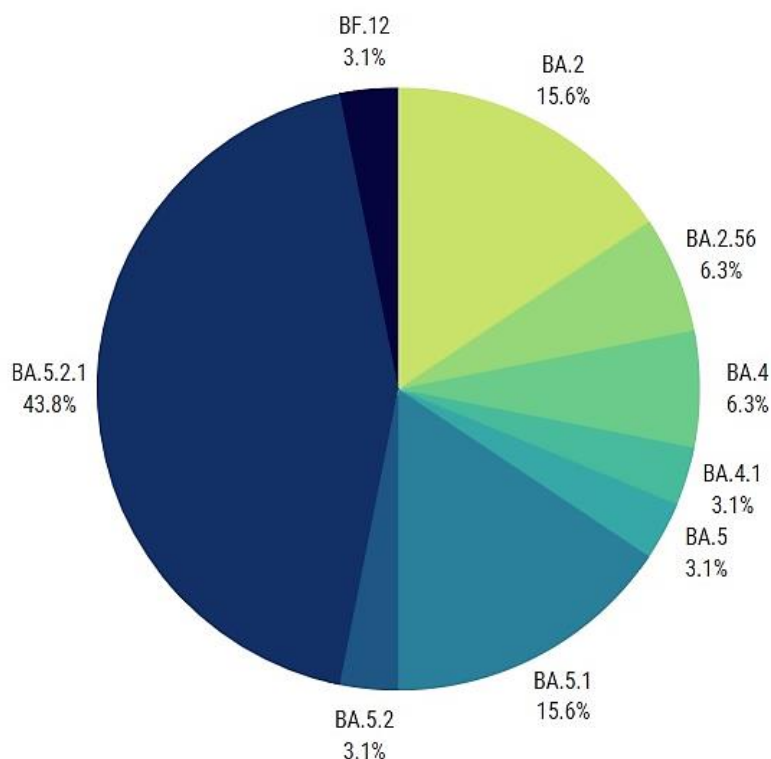


Figura 1: Distribuição das sublinhagens da variante Ômicron identificadas no respectivo sequenciamento.

Os dados demonstrados neste relatório sugerem a predominância da

variante Ômicron no Estado, além disso, contatou-se uma sublinhagem oriunda da BA.5, a BF.12 em uma amostra de um paciente de Cuiabá, obtida no mês de julho de 2022 e que ainda não havia sido identificada em Mato Grosso. A circulação dessa sublinhagem decorre desde maio de 2022, acometendo principalmente os países: Japão (34%), Brasil (13%), França (9%), Áustria (9%) e Estados Unidos (8%). Portanto, o sequenciamento do genoma é crucial para entender o percurso da transmissão e sua evolução ao longo do tempo. 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.

REFERÊNCIAS

Cleemput, S. et al. "Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes." Bioinformatics, 2020.

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages. Lineage List. Disponível em: <https://cov-lineages.org/lineage_list.html>. Acesso em: 24/10/2022.

Rambaut, A. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol. 2020 Nov;5(11):1403-1407. doi: 10.1038/s41564-020-0770-5. Epub 2020 Jul 15. PMID: 32669681.

Responsáveis técnicos

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Luana Barbosa da Silva

Luiz Takao Watanabe

Raquel da Silva Ferreira

Stephanni Figueiredo da Silva

Elaine Cristina de Oliveira - Diretora do LACEN-MT

