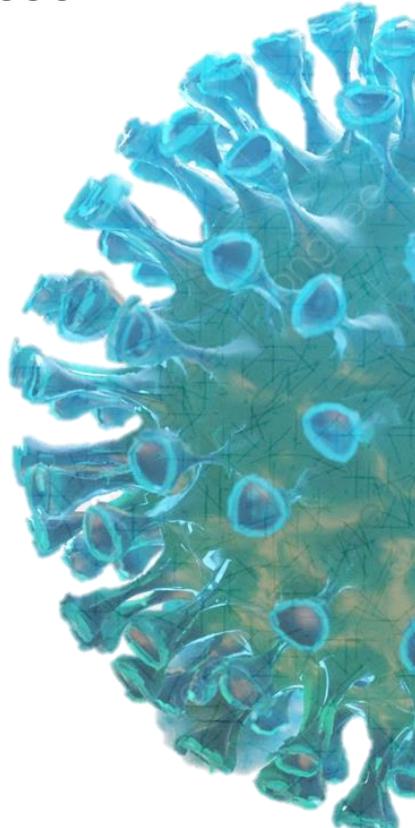


**RELATÓRIO REFERENTE AO SEQUENCIAMENTO DE  
NOVA GERAÇÃO DAS AMOSTRAS DE SARS-CoV-2  
POSITIVAS REALIZADO NO LACEN-MT PARA  
IDENTIFICAÇÃO E MONITORAMENTO DAS VARIANTES  
CIRCULANTES NO ESTADO DE MATO GROSSO**



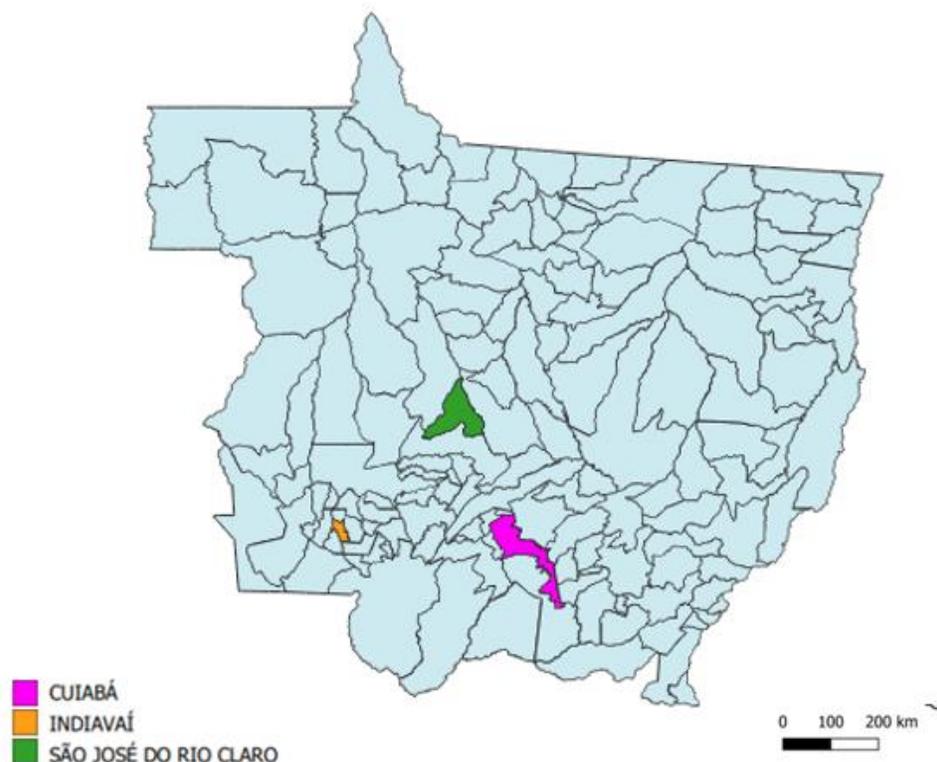


O Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Mato Grosso (LACEN-MT), é referência em diversos exames de patologia clínica, sorologia, virologia e exames da área de bromatologia e de ambiente para realização em Cuiabá ou encaminhamento para laboratórios de referência da rede nacional. Desde a pandemia 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 09 a 17 de novembro de 2022, a equipe do LACEN-MT realizou o sequenciamento de 8 genomas do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes internados e com diagnóstico positivo para COVID-19 referentes aos seguintes municípios: Cuiabá (5), Indiavaí (1) e São José do Rio Claro (2) (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 onde foram obtidas e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

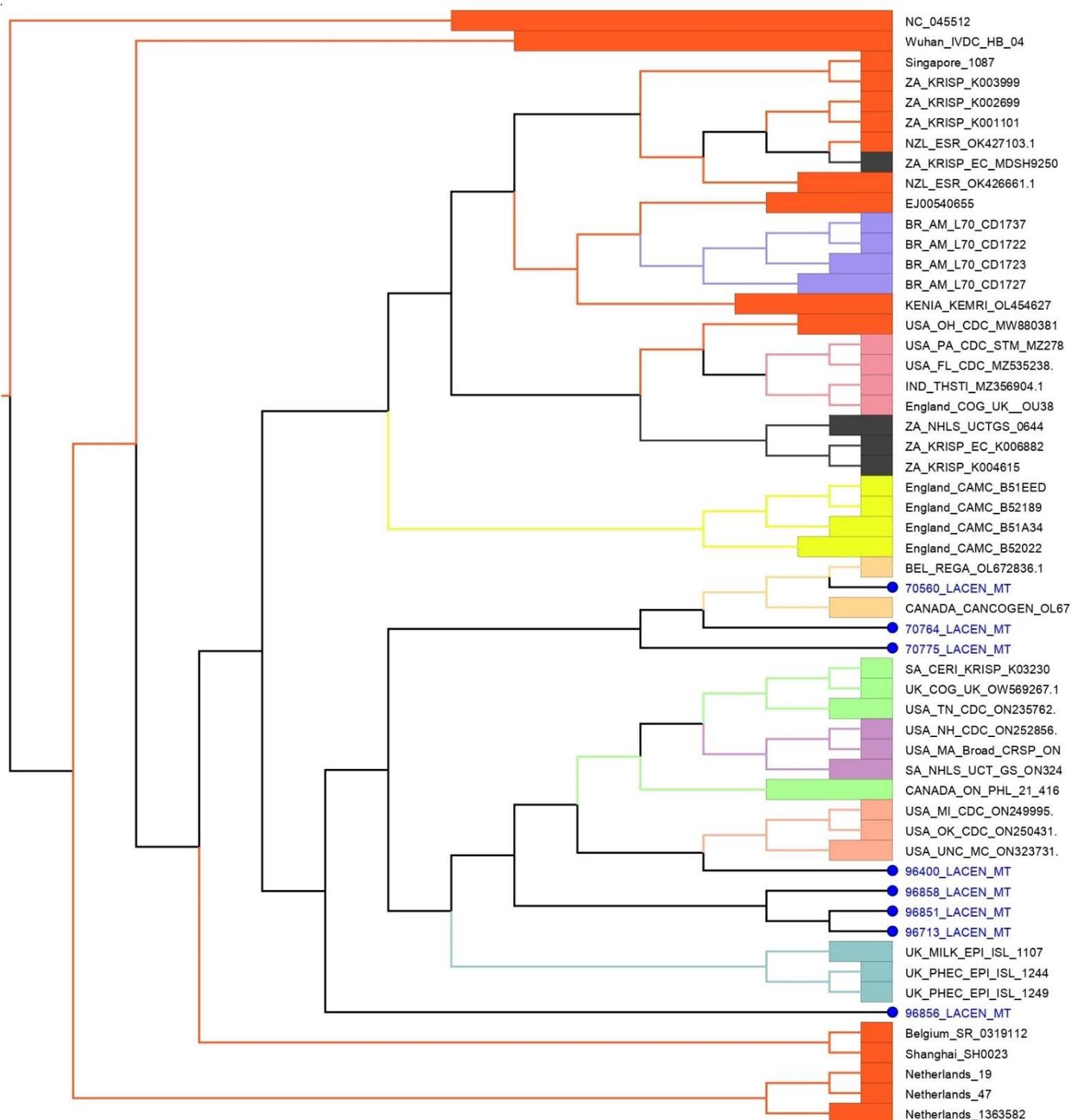
Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher Scientific (Ion GeneStudio S5 Plus), apresentando em sua grande maioria cobertura superior a 83% do genoma total (**Tabela 1**).

As amostras selecionadas apresentaram valores de CT (*cycle threshold*) que variaram entre 19 e 24.

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).

Contigs	Reads	Coverage	Depth of coverage	Identity NT	Identity AA	Lineages	I/D/M/F	ID_sequencia	ID_Amostra	Requisição_GAL_Sequenciamento	LACEN	CT (N, ORF, S)
2	1322893	99.7	4088.8	99.7	99.5	BQ.1.1	0/33	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492270	510492270	220101007126	LACEN-MT	20,19,20
1	989655	99.8	3221.7	99.8	99.6	BA.5.2.1	2/61	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492271	510492271	220101007127	LACEN-MT	19,19,19
10	143695	98.9	419.9	99.8	99.6	BA.1	0/27	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492272	510492272	220101007128	LACEN-MT	21,21,20
38	47529	95.6	135	99.8	99.3	BQ.1.1	0/50	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492273	510492273	220101007129	LACEN-MT	22,21,21
112	7106	83	25.2	99.9	99	B.23	0/9	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492274	510492274	220101007130	LACEN-MT	22,21,22
32	26487	95.5	80.8	99.8	99.5	BQ.1.19	0/44	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492275	510492275	220101007131	LACEN-MT	21,20,18
73	12286	89.3	53.9	99.9	99.3	B.1.1.529	0/9	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492276	510492276	220101007132	LACEN-MT	23,22,23
7	86697	99.3	368.1	99.9	99.7	BA.1.14	0/24	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510492277	510492277	220101007133	LACEN-MT	23,22,22

**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-Coronavir 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.

Dentre os 8 genomas sequenciados foi encontrado 6 sublinhagens: **BQ.1.1** em três amostras de pacientes oriundos de Cuiabá do mês de Novembro; **B.1.1.529** em um paciente de São José do Rio Claro, cuja amostra foi coletada em fevereiro de 2022; **B.23** em um paciente de Cuiabá do mês de Novembro; **BA.1** em um paciente de Indiavaí, de fevereiro de 2022; **BA.1.14** em um paciente de São José do Rio Claro, de fevereiro de 2022 e a **BA.5.2.1** em um de paciente oriundo de Cuiabá, cuja amostra foi coletada em Setembro.

Fevereiro	Setembro	Novembro
<ul style="list-style-type: none"><li>• B.1.1529</li><li>• BA.1</li><li>• BA.1.14</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• BA.5.2.1</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• BQ.1.1</li><li>• BQ.1.1</li><li>• BQ.1.19</li><li>• B.23</li></ul>

A **BQ.1** e **BQ.1.1** são novas variantes da COVID-19 que se originaram da subvariante **BA.5** da **Ômicron** sendo classificadas como Variantes de Preocupação. As variantes da Omicron são amplamente alteradas e estão espalhadas globalmente, proporcionando um alto risco de surtos de infecção. O tipo Omicron do SARS-CoV-2 tem um risco de dano de reinfeção, de acordo com os primeiros achados. As variantes da COVID-19, particularmente BQ.1 e BQ.1.1, ganharam atenção global e causaram uma sensação mundial desde a sua descoberta.

Os dados demonstrados neste relatório sugerem a predominância da variante Ômicron no Estado, além da entrada de uma sublinhagem descoberta recentemente, a BQ.1, oriunda da Ômicron BA.5, em duas amostras de pacientes de Cuiabá, que carrega mutações em pontos importantes do vírus.

A Organização Mundial da Saúde (OMS), aponta que a cepa já foi detectada em 65 países e apresenta uma prevalência de 9%. No Brasil, já havia sido identificada anteriormente no Estado de São Paulo, Espírito Santo, Rio Grande do Sul, Rio de Janeiro e Amazonas.

Diante os fatos, 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](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

Raquel da Silva Ferreira

Stephanni Figueiredo da Silva

Elaine Cristina de Oliveira - Diretora do LACEN-MT