



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

**20º 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 dispersão². 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.

Dentro desse contexto, surgem as Variantes de Preocupação (VOC) e as Variantes de Interesse (VOI). As VOC são variantes do SARS-CoV-2 que apresentam mutações genéticas específicas associadas ao aumento da transmissibilidade, maior gravidade da doença ou redução da eficácia de tratamentos e vacinas. Exemplos de VOC incluem as variantes Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1) e Delta (B.1.617.2). Já as VOI são variantes que possuem mutações genéticas relevantes, mas cuja importância clínica e impacto na saúde pública ainda estão sendo investigados.

O Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso -LACEN-MT, na data do dia 15 a 18 de junho de 2023, realizou sequenciamento genético de 31 amostras positivas do SARS-CoV-2 para o sequenciamento genético, no processo foi utilizado uma amostra para controle, para avaliar a qualidade do sequenciamento gerando um total de 32 amostras.

As amostras abrangeram municípios como: Cuiabá (N: 21), Água Boa (N:1), Cocalinho (N: 4), Indiavaí (N: 2), Rondonópolis (N:1), Sorriso (N: 1), Várzea Grande (N: 1) (**Figura 1**).

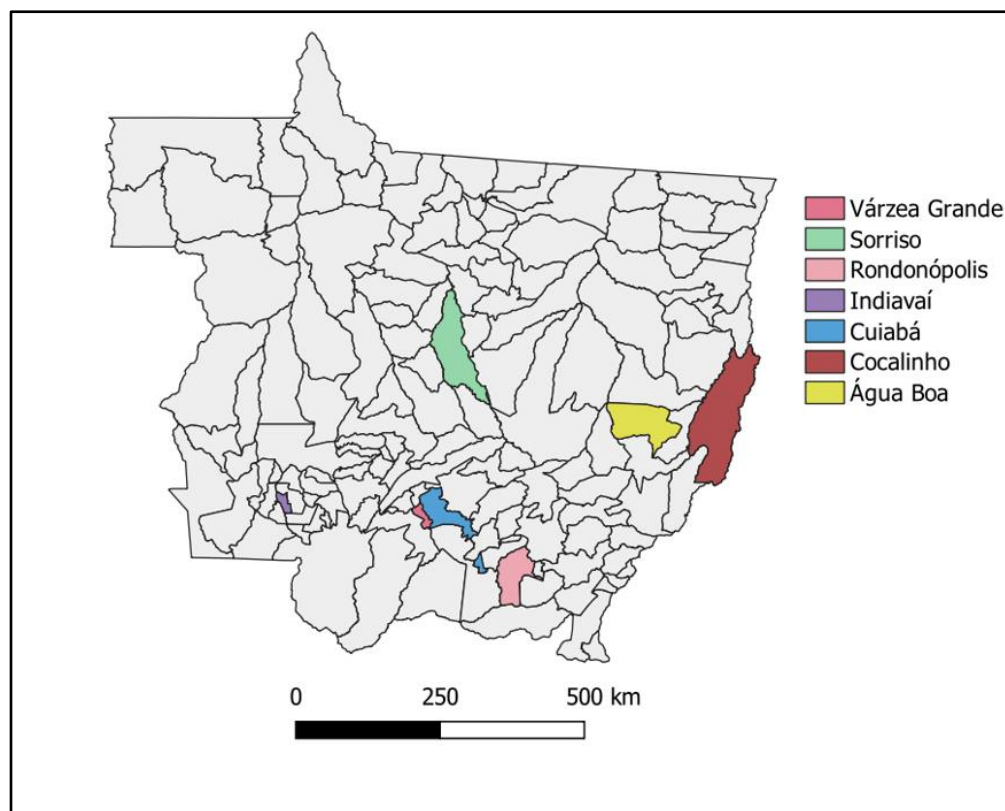


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher Scientific (Ion Genestudio S5 Plus), apresentando valores de cobertura superior a 70% do genoma total (**Tabela 1**).

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

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

Barcode	Nº do barcode	Assignment	Reads	Coverage	Lineages	ID_sequencia	ID_Amostra	Requisição GAL Sequenciamento	LACEN	CT N, ORF1,S
lonCode_0101	BC0101	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1820625	96.47%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510309/2023	510510309	230101000879	LACEN-MT	17,16,18
lonCode_0102	BC0102	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1813440	96.48%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510310/2023	510510310	230101000880	LACEN-MT	16,16
lonCode_0103	BC0103	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2721186	96.30%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510311/2023	510510311	230101000881	LACEN-MT	17,18,18
lonCode_0104	BC0104	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	891778	95.82%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510312/2023	510510312	230101000882	LACEN-MT	18,17,19
lonCode_0105	BC0105	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1182257	95.47%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510313/2023	510510313	230101000883	LACEN-MT	16,21,20
lonCode_0106	BC0106	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	214150	96.30%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510314/2023	510510314	230101000884	LACEN-MT	18,21,21
lonCode_0107	BC0107	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	191364	96.31%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510315/2023	510510315	230101000885	LACEN-MT	15,17,18
lonCode_0108	BC0108	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1258734	96.09%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510316/2023	510510316	230101000886	LACEN-MT	13,14,14
lonCode_0109	BC0109	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	781510	93.60%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510317/2023	510510317	230101000887	LACEN-MT	29,29,30
lonCode_0110	BC0110	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	995942	93.62%	XBB.1.9.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510318/2023	510510318	230101000888	LACEN-MT	29,28,32
lonCode_0111	BC0111	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1280060	81.04%	XBB.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510319/2023	510510319	230101000889	LACEN-MT	23,27,30
lonCode_0112	BC0112	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	2186776	82.60%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510320/2023	510510320	230101000890	LACEN-MT	29
lonCode_0113	BC0113	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	997383	91.71%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510321/2023	510510321	230101000891	LACEN-MT	27,34,29
lonCode_0114	BC0114	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	811303	62.28%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510322/2023	510510322	230101000892	LACEN-MT	26,32,27
lonCode_0115	BC0115	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	145529	29.59%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510323/2023	510510323	230101000893	LACEN-MT	26,29,29
lonCode_0116	BC0116	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	529123	64.58%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510324/2023	510510324	230101000894	LACEN-MT	26,31,27
lonCode_0117	BC0117	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1522041	96.46%	FE.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510325/2023	510510325	230101000895	LACEN-MT	20,22,22
lonCode_0118	BC0118	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1183697	94.74%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510326/2023	510510326	230101000896	LACEN-MT	21,20,23
lonCode_0119	BC0119	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1327764	95.86%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510327/2023	510510327	230101000897	LACEN-MT	20,22,22
lonCode_0120	BC0120	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1407436	96.63%	FE.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510328/2023	510510328	230101000898	LACEN-MT	22,24,23
lonCode_0121	BC0121	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	170331	96.46%	XBB.1.18	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510329/2023	510510329	230101000899	LACEN-MT	20,22,22
lonCode_0122	BC0122	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1414864	95.95%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510330/2023	510510330	230101000900	LACEN-MT	20,22,21
lonCode_0123	BC0123	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1124140	93.01%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510331/2023	510510331	230101000901	LACEN-MT	20,22,22
lonCode_0124	BC0124	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1009072	94.22%	XBB.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510332/2023	510510332	230101000902	LACEN-MT	20,22,21
lonCode_0125	BC0125	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1498272	95.51%	XBB.1.9.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510333/2023	510510333	230101000903	LACEN-MT	24,23,25
lonCode_0126	BC0126	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1116441	95.98%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510334/2023	510510334	230101000904	LACEN-MT	26,25,27
lonCode_0127	BC0127	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1142432	91.59%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510335/2023	510510335	230101000905	LACEN-MT	19,23,22
lonCode_0128	BC0128	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1773183	92.92%	XBB.1.5	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510336/2023	510510336	230101000906	LACEN-MT	27
lonCode_0129	BC0129	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1514556	94.86%	XBB.1.18.1	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510337/2023	510510337	230101000907	LACEN-MT	23,28,27
lonCode_0130	BC0130	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1145559	61.02%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510338/2023	510510338	230101000908	LACEN-MT	22,25,24
lonCode_0131	BC0132	Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus	1279464	81.24%	FE.1.2	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510510339/2023	510510339	230101000909	LACEN-MT	27,34

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

A árvore filogenética foi montada através do genome detective (<https://www.genomedetective.com/app/typingtool/cov/>), cuji amostras foram agrupadas no clado CANADA_ON_PHL_21_416 (**Figura 2**).

Coronavirus Typing Tool analysis results	
International A_B Diversity	
Alpha (B.1.1.7 I20)	
Beta (B.1.351 20H)	
Gamma (P.1 20J)	
Delta (B.1.617.2 21A,21I,21J)	
Omicron (BA.1 21K)	
Omicron (BA.2 21L)	
Omicron (BA.1/BA.2)	
Omicron (BA.4 22A)	
Omicron (BA.5 22B)	

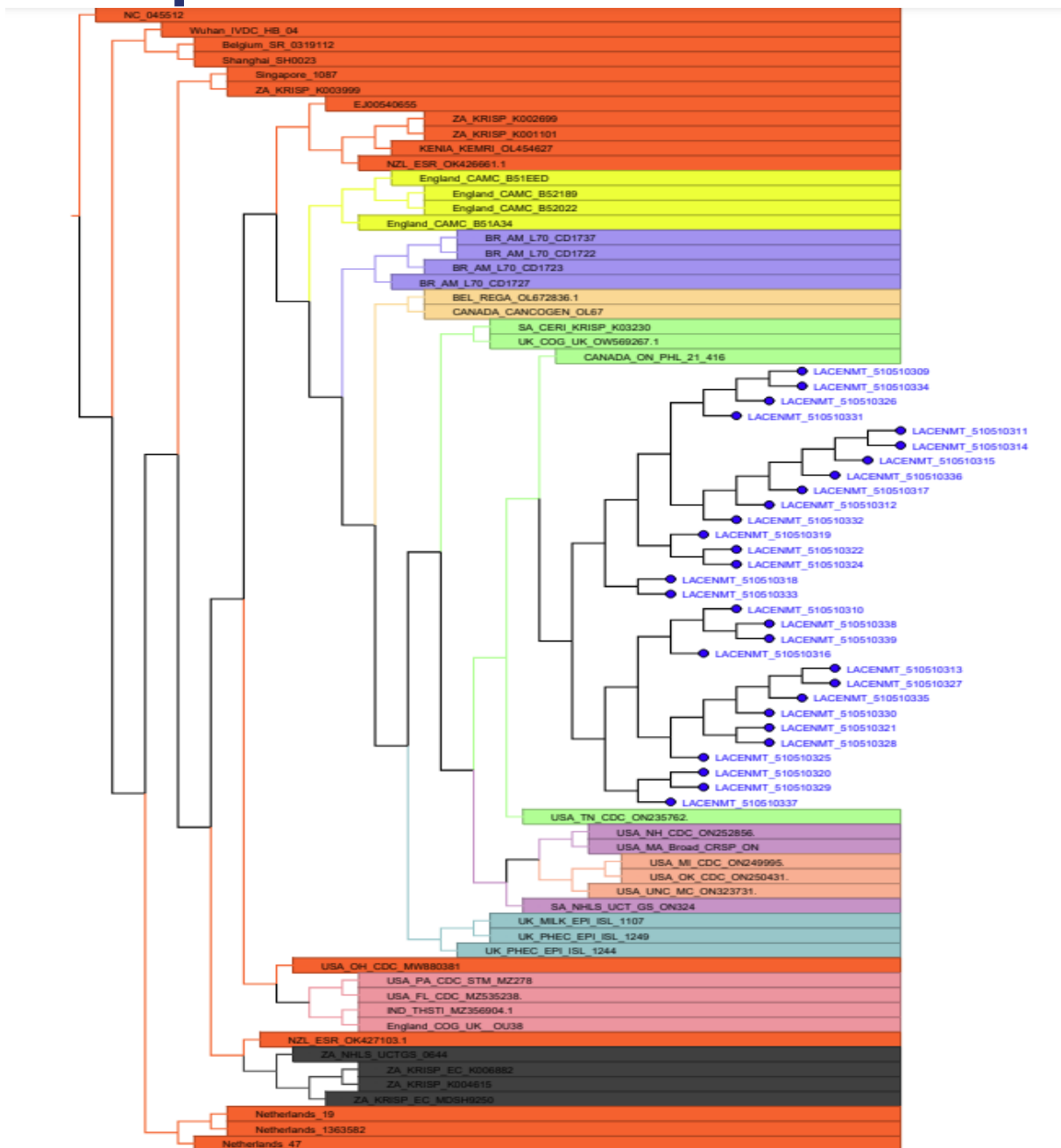


Figura 2: Filogenia do vírus SARS-CoV-2 reconstruída utilizando as sequências genômicas isoladas em Mato Grosso (em azul) e sequências de referência presentes no banco de dados da ferramenta *Genome Detective*.

As amostra que obtiveram genomas acima de 70% de cobertura foram aprovados no controle de qualidade e posteriormente sendo aptas ao deposito na plataforma GISAID (Gráfico 1).

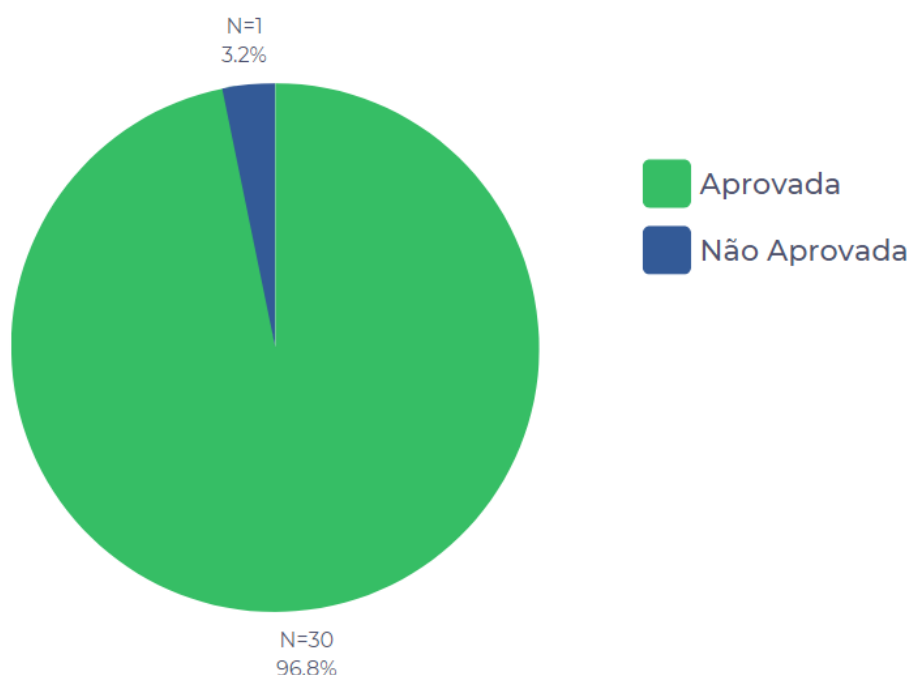


Gráfico 1- Frequências absolutas e relativas das amostras sequenciadas de Sars-CoV-2 (n=31 amostras), 2023.

Ao realizar o sequenciamento dos 31 genomas, todos os casos apresentaram a variante Ômicron do SARS-CoV-2, indicando sua presença em 100% das amostras analisadas.

Essa relação pode estar relacionada a 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 contribuído para a disseminação da variante.

Foram identificadas variantes em diferentes proporções. A sublinhagem XBB.1.5 foi a mais prevalente, representando 42% das amostras analisadas, em seguida por FE.1.2 (29%), FE.1 (6%), XBB.1.9.1 (6%), XBB.1.18.1 (6%), XBB.1.18 (6%), XBB.1 (6%), **(Figura 3)**.

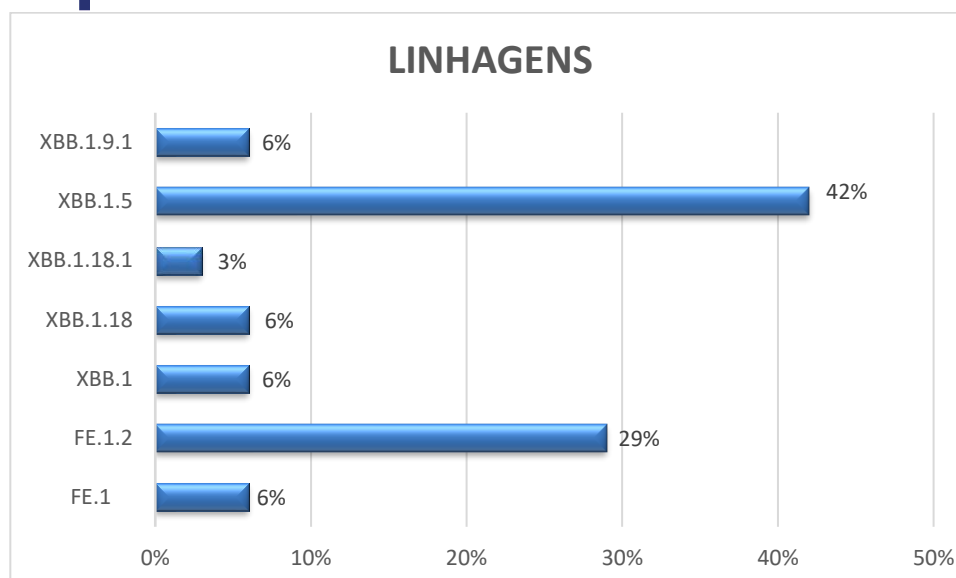


Figura 3: Quantidade das sublinhagens obtidas das sequências genômicas do SARS-CoV-2.

Dentre as linhagens foram identificadas duas novas variantes de preocupação (VOC) denominadas FE.1 e FE.1.2. É importante ressaltar que essas novas variantes também foram identificadas em outros estados do Brasil, como São Paulo, Bahia, Rio de Janeiro, Minas Gerais, Pernambuco e Santa Catarina. O monitoramento contínuo dessas variantes é fundamental para compreender sua disseminação e avaliar possíveis impactos na transmissibilidade, gravidade da doença e eficácia das medidas de controle e prevenção.

Ao analisar e compreender o histórico do Sars-CoV-2, especialistas e autoridades de saúde podem tomar medidas apropriadas para conter a disseminação do vírus, além de realizar análises filogenéticas detalhadas sobre a propagação do vírus na região. É importante ressaltar que a mobilidade humana desempenha um papel fundamental na disseminação do SARS-CoV-2. Portanto, é crucial implementar medidas preventivas contínuas para minimizar a circulação desse patógeno no estado de Mato Grosso. Essas medidas são essenciais para reduzir o risco de transmissão, proteger a saúde da população e controlar a propagação do vírus.



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

Responsáveis técnicos

Elaine Cristina de Oliveira

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Luana Barbosa da Silva

Stephanni Figueiredo da Silva

