



Governo do Estado de Mato Grosso
SES-Secretaria de Estado de Saúde
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-COV-2 EM MATO GROSSO



2025

N. 48/2025

SES
Secretaria
de Estado
de Saúde



Governo de
Mato
Grosso





INTRODUÇÃO

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.

A doença do coronavírus 2019 (COVID-19) é uma doença viral altamente contagiosa causada pelo coronavírus da síndrome respiratória aguda grave 2 (SARS-CoV-2). Esses surtos são principalmente atribuídos ao surgimento de variantes mutantes do vírus. Como outros vírus de RNA, o SARS-CoV-2 adapta-se com a evolução genética e o desenvolvimento de mutações. Isso resulta em variantes mutantes que podem ter características diferentes das suas cepas ancestrais. Desde março de 2023, a Organização Mundial da Saúde (OMS) atualizou o sistema de rastreamento e as definições operacionais para variantes de preocupação (VOC), de interesse (VOI) e sob monitoramento (VUM).

Várias variantes do SARS-CoV-2 foram descritas durante o curso desta pandemia, entre as quais apenas algumas são consideradas variantes de preocupação (VOCs). Com base na atualização epidemiológica da OMS, 5 VOCs do SARS-CoV-2 foram identificadas desde o início da pandemia:

- **Alfa (B.1.1.7):** Primeira variante preocupante, que foi descrita no Reino Unido no final de dezembro de 2020;
- **Beta (B.1.351):** relatado pela primeira vez na África do Sul em dezembro de 2020;
- **Gamma (P.1):** Primeiro relato no Brasil no início de janeiro de 2021;
- **Delta (B.1.617.2):** relatado pela primeira vez na Índia em dezembro de 2020;



Governo do Estado de Mato Grosso
SES-Secretaria de Estado de Saúde
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

- **Ômicron (B.1.1.529):** relatado pela primeira vez na África do Sul em novembro de 2021;

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.

AMOSTRAGEM

Foram selecionadas 16 amostras positivas para o SARS-CoV-2, as quais foram coletadas nos dias 20 de agosto a 2 de setembro de 2025, referente as semanas epidemiológicas 34^o a 36^o de 2025.

As amostras foram extraídas em protocolos automatizados e amplificadas pelo método RT-PCR em tempo real foi realizada no termociclador ABI 7500™ com o kit molecular INF-A/INF-B/SC2 da Bio-Manguinhos para amostras de SARS-CoV-2. Todas as amostras positivas apresentaram valores de Ct (cycle threshold) que variaram entre 19 e 27. Os pacientes são referente aos municípios de Cuiabá, Varzea grande, Primavera do Leste e Querência.

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/>).

RESULTADOS

Dos genomas, 15 passaram pelo controle de qualidade apresentando cobertura do genoma superior a 90%, e o controle negativo, seguiu o padrão esperado sem

nenhuma



Governo do Estado de Mato Grosso
SES-Secretaria de Estado de Saúde
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

contaminação (Tabela 1).

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Illumina® (MiSeq™), pelo kit CovidSeq 300 ciclos.

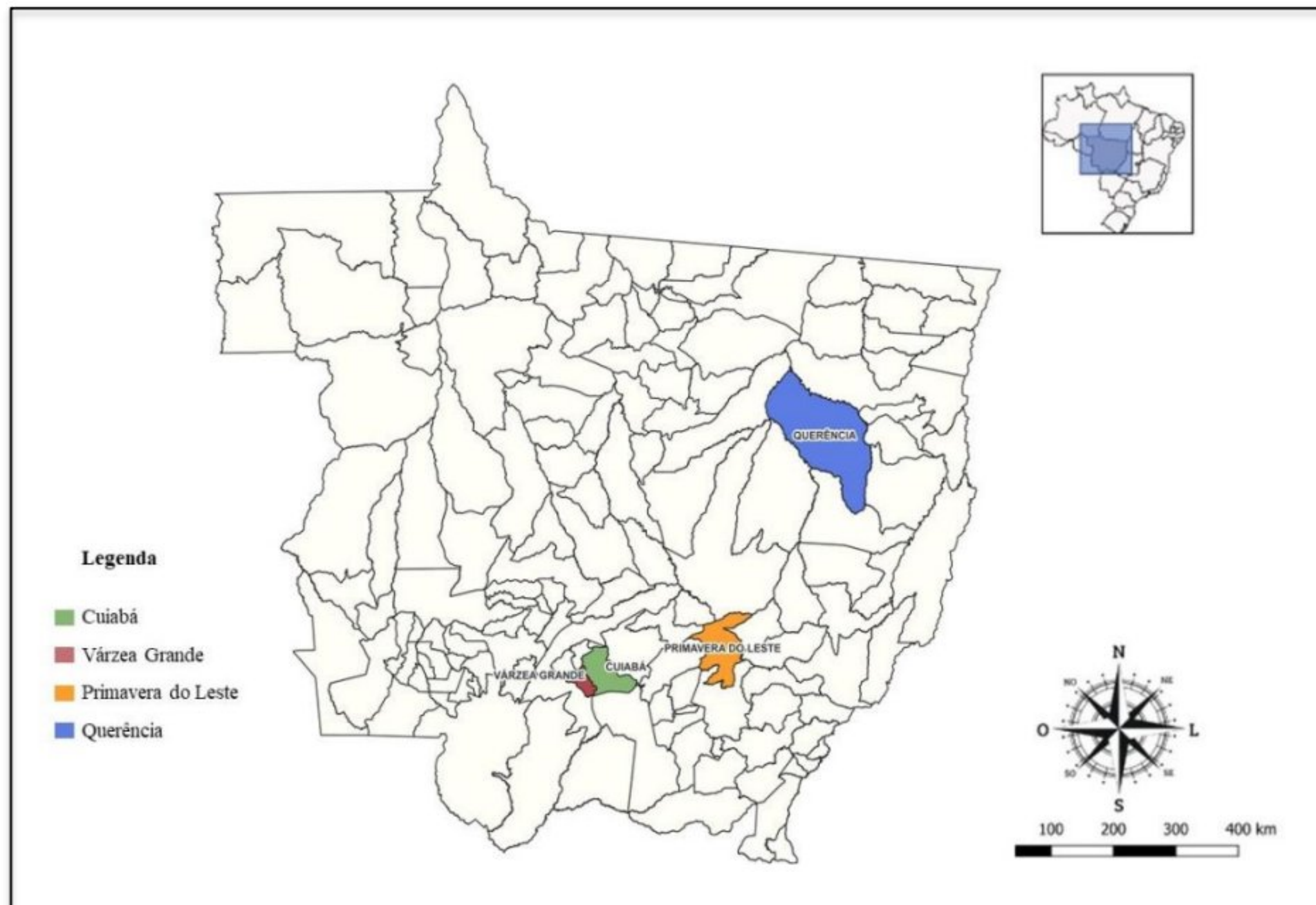


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

RESULTADOS

Nº Interno	Requisição_GAL_Sequenciamento	Idade	Gênero	Município Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
2808	250101000444	45 anos	Feminino	Cuiabá	MT	20/08/2025	20	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652421/2025
2832	250101000423	89 anos	Masculino	Cuiabá	MT	23/08/2025	20	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652108/2025
2841	250101000425	47 anos	Masculino	Cuiabá	MT	24/08/2025	27	96.4%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652110/2025
2891	250101000427	34 anos	Feminino	Cuiabá	MT	28/08/2025	23	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652112/2025
2895	250101000428	52 anos	Masculino	Várzea Grande	MT	28/08/2025	19	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652113/2025
2900	250101000430	48 anos	Feminino	Primavera do Leste	MT	29/08/2025	24	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652116/2025
2901	250101000432	40 anos	Feminino	Cuiabá	MT	29/08/2025	23	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652118/2025
2907	250101000433	6 meses	Masculino	Cuiabá	MT	31/08/2025	25	97.2%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652119/2025
2911	250101000434	58 anos	Feminino	Cuiabá	MT	01/09/2025	21	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652120/2025
2912	250101000435	52 anos	Feminino	Várzea Grande	MT	01/09/2025	25	98.2%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652121/2025
2915	250101000436	47 anos	Masculino	Cuiabá	MT	01/09/2025	19	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652122/2025
2921	250101000437	6 meses	Feminino	Primavera do Leste	MT	02/09/2025	23	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652123/2025
2924	250101000439	19 dias	Masculino	Querência	MT	01/09/2025	17	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652131/2025
2940	250101000440	53 anos	Feminino	Cuiabá	MT	01/09/2025	24	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652133/2025
2945	250101000441	28 anos	Feminino	Cuiabá	MT	02/09/2025	21	99.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510652134/2025

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

A árvore filogenética foi elaborada através do Nextclade, ilustrando a diferença de mutações ao longo da evolução e suas respectivas linhagens (**Figura 2**). Todos os genomas sequenciados passaram no controle de qualidade, sendo considerados aptos ao depósito na plataforma GISAID.

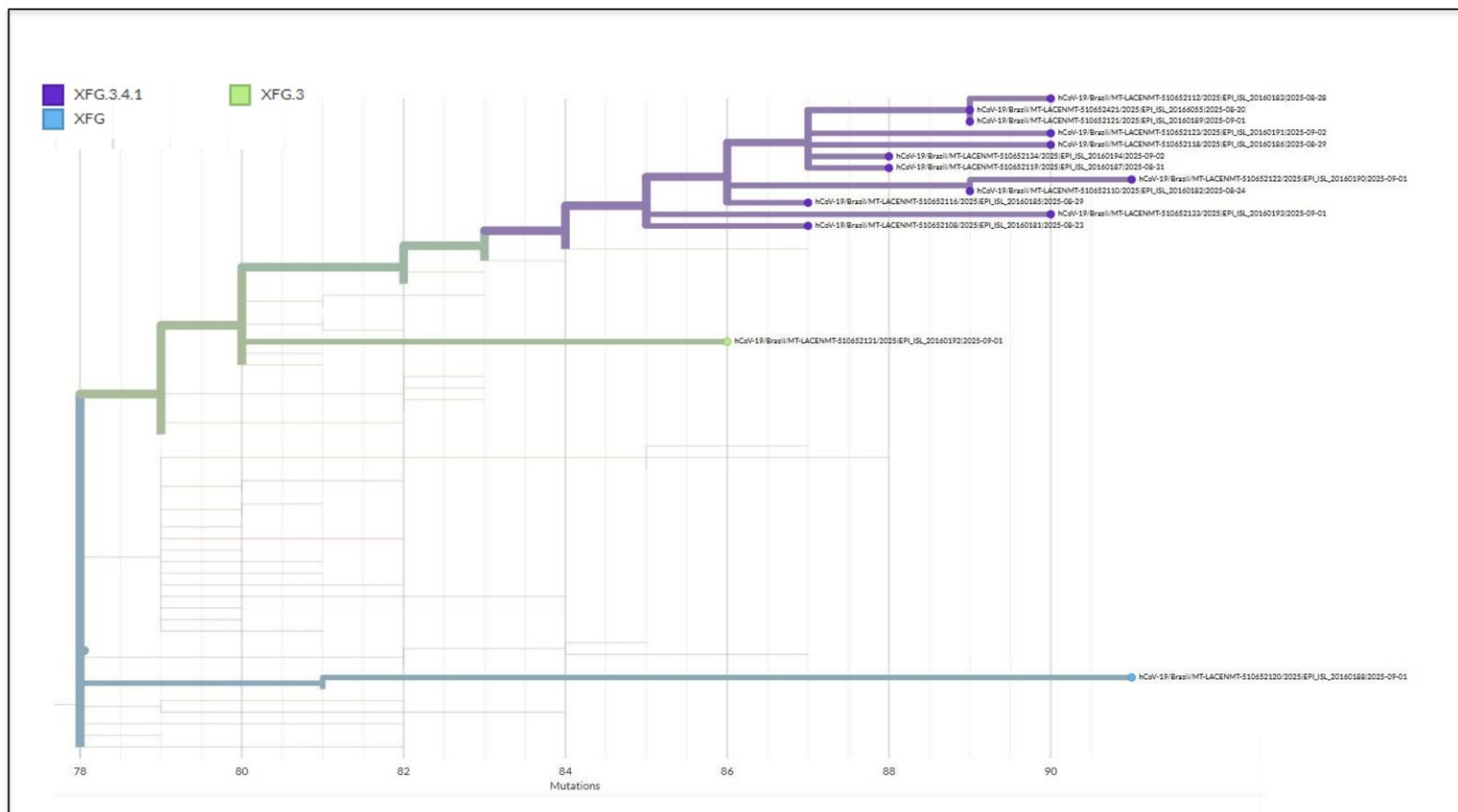


Figura 2. Árvore filogenética das linhagens identificadas de Sars-CoV-2. Acesso 11/09/2025 (<https://clades.nextstrain.org/tree>).

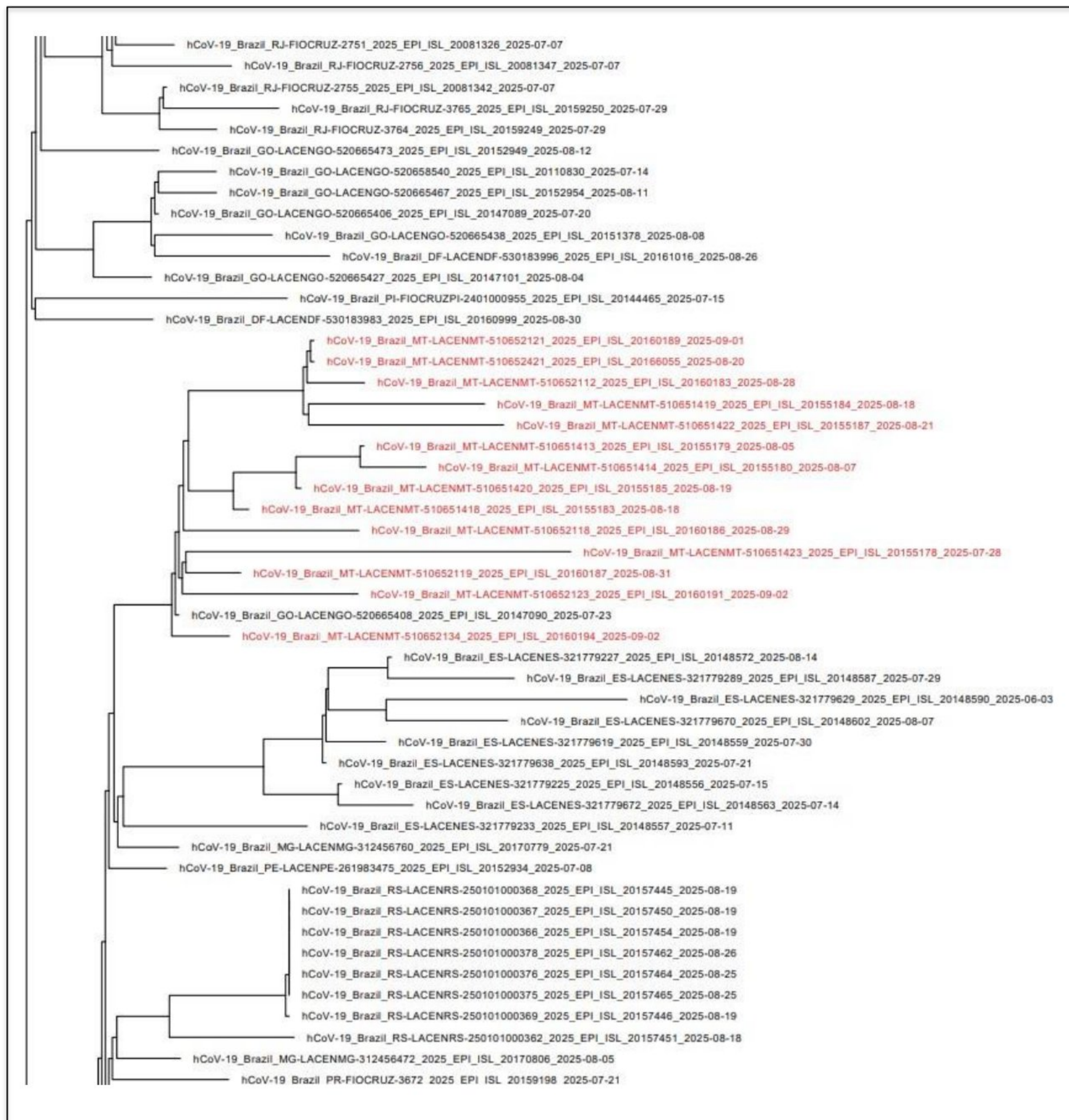


Figura 3. Árvore filogenética das linhagens identificadas em Mato Grosso (vermelho) de Sars-CoV-2. As árvores foram geradas com o software IQ-TREE2 (v2.2.0), utilizando os arquivos contendo as sequências geradas neste trabalho e as sequências de referência obtidas do NCBI. A árvore do foi gerada com 738 sequências do banco de dados Gisaid, utilizando o modelo evolutivo TN+F+R3.

Foram realizados análises de inferência genética dos genomas sequenciados juntamente com sequências de referência de Wuhan (Figura 3). A análise dos resultados permitiu concluir que os genomas gerados nesta investigação, isolados no Mato Grosso, agruparam-se em um clado único com sequência genômica de Goiás e Espírito Santo obtidas em 2025.

A linhagem XFG foi recentemente designada como Variante sob Monitoramento (VUM) pela Organização Mundial da Saúde (OMS), em virtude do seu potencial de apresentar crescimento relativo em diferentes regiões do mundo. Trata-se de uma variante que reúne mutações na proteína Spike capazes de reduzir, em certa medida, a ação de anticorpos neutralizantes. No entanto, até o momento, não há evidências de que a XFG esteja associada a formas mais graves da doença nem de que comprometa significativamente a eficácia das vacinas ou terapias antivirais disponíveis. Por essa razão, permanece na categoria de monitoramento, o que implica vigilância epidemiológica contínua, mas sem mudanças imediatas nos protocolos médicos ou de vacinação.

Geneticamente, a XFG é uma descendente da Ômicron, classificada como recombinante, uma vez que surgiu a partir da coinfeção por duas linhagens distintas, LF.7 e LP.8.1.2, processo que resultou na mistura de material genético e no aparecimento de uma nova linhagem.

A XFG foi identificada pela primeira vez no Canadá, com amostra registrada em 27 de janeiro de 2025, e desde então foi detectada em diversos países. No Brasil, já circula em vários estados incluindo São Paulo, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Ceará, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Goiás, Pernambuco, Amazonas, Piauí, Alagoas e Bahia, mais recentemente, foi confirmada também em Mato Grosso, marcando sua introdução no cenário local.

Também conhecida como “Stratus”, a XFG apresenta múltiplas mutações na espícula, como T22N, S31P, K182R, R190S, R346T, K444R, V445R, F456L, N487D, Q493E e T572I, que justificam seu acompanhamento próximo pelas autoridades de saúde. Apesar disso, a expectativa atual é de que as vacinas contra a COVID-19 continuem eficazes contra a infecção sintomática e, sobretudo, contra os casos graves relacionados a essa linhagem.

O LACEN-MT implementou um programa de vigilância genômica ativa, que se

configura como um pilar essencial para a detecção precoce e acompanhamento das subvariantes da Ômicron. Esta vigilância desempenha um papel estratégico na identificação de novas variantes, permitindo a antecipação de medidas para evitar a propagação acelerada do vírus e a ocorrência de novos surtos, além de mitigar o risco de futuras pandemias.

Adicionalmente, a vigilância genômica contribui para a adaptação das estratégias de saúde pública, viabilizando a personalização de intervenções preventivas e a melhoria na eficácia das vacinas. Ao priorizar a análise genética do vírus, Mato Grosso se posiciona na vanguarda da resposta às ameaças virais, promovendo maior segurança e bem-estar à população.

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.
- 7- World Health Organization. XFG variant under monitoring – Initial risk evaluation (25 June 2025). Geneva: WHO; 2025. Disponível em: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/25062025_xfg_ire.pdf
- 8- Ministério da Saúde (Brasil). **Boletim Epidemiológico COVID-19 – Variantes em Monitoramento**. Brasília: MS; 2025.
- 9- Agência Brasil. Nova variante da COVID-19 é detectada no Rio de Janeiro. Brasília: EBC; 2025. Disponível em: <https://agenciabrasil.ebc.com.br/en/saude/noticia/2025-07/new-covid-19-variant-detected-rio-de-janeiro>.

Responsáveis técnicos

Stephanni Figueiredo da Silva

R. G, 79 - Centro Político Administrativo, Cuiabá - MT, 78049-030

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida
Elaine Cristina de Oliveira (Diretora do LACEN-MT)