



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

## EM

# MATO GROSSO



# 2026

Dengue

## N. 03/2026

SES  
Secretaria  
de Estado  
de Saúde



Governo de  
Mato  
Grosso





## 1. INTRODUÇÃO

O vírus da dengue (DENV), agente etiológico dessa doença, pertence à família Flaviviridae, do gênero Flavivírus, é um vírus envelopado cujo genoma é constituído por RNA de fita simples polaridade positiva. Apresenta características antigênicas distintas que o diferem em quatro sorotipos antigenicamente diferentes, DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4, que possuem de três a cinco genótipos dentro de cada sorotipo (LINDENBACH et al., 2007; VASILAKIS & WEAVER, 2008).

Devido à ausência de mecanismos de correção de erros (atividade de “proofreading”) da RNA polimerase RNA-dependente, os vírus de RNA, incluindo o DENV, exibem uma considerável diversidade genética. Conforme destacado por Holmes e Burch (2000), mutações, recombinações, a suscetibilidade do hospedeiro e o fluxo gênico entre os sorotipos do DENV têm sido fatores preponderantes para essa diversidade genética.

Ademais, a dengue integra o grupo das arboviroses, enfermidades provocadas por vírus disseminados por vetores artrópodes, como mosquitos. No contexto brasileiro, a transmissão do vírus da dengue ocorre principalmente através da picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti*, que, quando infectada, pode transmitir os agentes patogênicos. Esta transmissão pode resultar tanto na manifestação clássica da doença quanto na forma hemorrágica, ampliando a variedade de sintomas e complicações associadas à infecção.

Seguramente, 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 DENV, o sequenciamento desempenha um papel essencial no acompanhamento, monitoramento e identificação dos sorotipos e genótipos que circulam no Estado. Isso tem relevância considerável, devido aos ciclos endêmicos e epidêmicos que acometem a população.

## 2. AMOSTRAGEM

Foram selecionadas 23 amostras positivas para o Dengue 2 e 3, as quais foram coletadas entre janeiro e fevereiro de 2026 (**Tabela 1**). As amostras foram provenientes de diferentes municípios do estado de Mato Grosso, incluindo:



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

- Cuiabá
- Alto Boa Vista
- Canarana
- Sorriso
- Colniza
- Várzea Grande
- Campo Novo do Parecis
- Nova Xavantina
- Tangará da Serra

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 ZD-C Tipagem.

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* (<https://pangolin.cog-uk.io/>) (<https://clades.nextstrain.org/>).

### 3. RESULTADOS

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Illumina® (MiSeq™), pelo kit CovidSeq 300 ciclos. Todas passaram pelo controle de qualidade, e o controle negativo, seguiu o padrão esperado sem nenhuma contaminação.



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

Nº Interno	Requisição	Idade	Gênero	Município Requirante	UF	Data da Coleta	Ct	Cobertura	Linhagem	Genotipo	ID_Sequência
90	260102000017	48 Anos	Masculino	CUIABÁ	MT	12/01/2026	25	93.1%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670746/2026
120	261607000001	20 anos	Feminino	ALTO BOA VISTA	MT	14/01/2026	25	92.8%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670747/2026
181	261311000003	19 ANOS	Masculino	CANARANA	MT	20/01/2026	22	89.9%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670748/2026
182	261311000004	19 Anos	Feminino	CANARANA	MT	20/01/2026	18	93.2%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670749/2026
183	261311000005	40 Anos	Feminino	CANARANA	MT	20/01/2026	27	76.9%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670750/2026
184	261311000006	17 Anos	Masculino	CANARANA	MT	20/01/2026	22	92.8%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670751/2026
185	261311000007	27 Anos	Feminino	CANARANA	MT	20/01/2026	22	94.0%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670752/2026
274	260708000077	20 anos	Feminino	SORRISO	MT	27/01/2026	25	84.4%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670753/2026
300	260505000007	26 Anos	Masculino	COLNIZA	MT	27/01/2026	26	93.9%	DENV2	Genotipo II	DenV2/Brazil/MT-LACENMT-510670754/2026
143	260106000129	7 Anos	Masculino	VARZEA GRANDE	MT	15/01/2026	29	87.3%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670755/2026
167	260106000143	26 Anos	Feminino	VARZEA GRANDE	MT	19/01/2026	17	96.6%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670756/2026
213	260106000200	19 Anos	Masculino	VARZEA GRANDE	MT	21/01/2026	14	95.7%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670757/2026
231	260106000212	45 Anos	Masculino	VARZEA GRANDE	MT	22/01/2026	15	96.5%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670758/2026
245	260106000219	10 Anos	Masculino	VARZEA GRANDE	MT	23/01/2026	19	96.6%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670759/2026
264	260106000241	27 Anos	Masculino	VARZEA GRANDE	MT	26/01/2026	23	96.5%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670760/2026
265	260106000242	42 Anos	Feminino	VARZEA GRANDE	MT	26/01/2026	28	93.1%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670761/2026
295-26	260804000081	5 Anos	Masculino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	28/01/2026	19	96.6%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670762/2026
299-26	260106000253	22 Anos	Masculino	VARZEA GRANDE	MT	27/01/2026	20	96.6%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670763/2026
306-26	260305000003	11 meses	Masculino	NOVA XAVANTINA	MT	28/01/2026	26	75.5%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670764/2026
348	260106000281	20 aNOS	Feminino	VARZEA GRANDE	MT	02/02/2026	29	89.8%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670765/2026
349	260106000290	45 Anos	Feminino	VARZEA GRANDE	MT	02/02/2026	15	96.3%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670766/2026
354	260106000298	19 Anos	Feminino	VARZEA GRANDE	MT	02/02/2026	17	96.5%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670768/2026
379	260811000022	9 Anos	Masculino	TANGARA DA SERRA	MT	03/02/2026	23	95.5%	DENV3	Genotipo III	DenV3/Brazil/MT-LACENMT-510670769/2026

**Tabela 1** - Dados epidemiológicos e estatística de sequenciamento para amostras de Dengue vírus sorotipo 2 e 3 obtidas no Laboratório Central de Saúde Pública do Mato Grosso (Lacen-MT).



### 3.1 Sequenciamento de Dengue vírus sorotipo 2 (DENV-2)

Foram analisadas 9 amostras de DENV-2, provenientes de diferentes municípios do estado de Mato Grosso, coletadas em janeiro de 2026.

Os valores de Ct variaram entre 18 e 27, indicando boa qualidade das amostras para sequenciamento. As amostras apresentaram cobertura média elevada ( $\approx 90\%$ ), com variação entre aproximadamente 76,9% e 94,0%.

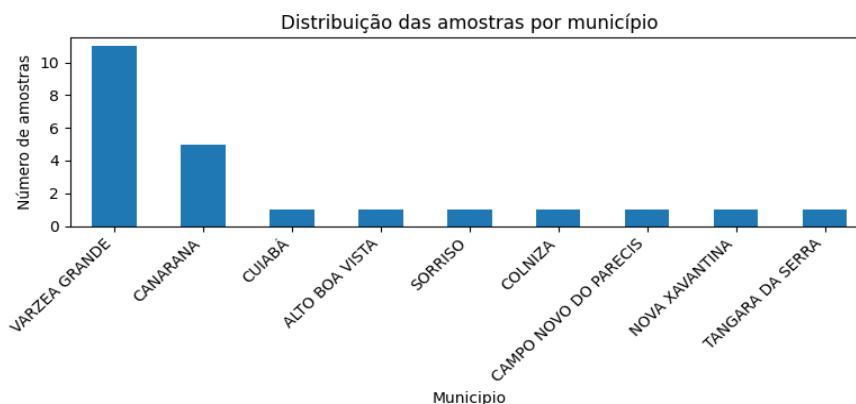
A análise filogenética demonstrou que todas as sequências pertencem ao: Genótipo II (Cosmopolita)

Esses achados confirmam a circulação contínua do genótipo II no estado, consistente com padrões epidemiológicos recentes.

Municípios com DENV-2 identificados:

- Cuiabá
- Alto Boa Vista
- Canarana
- Sorriso
- Colniza

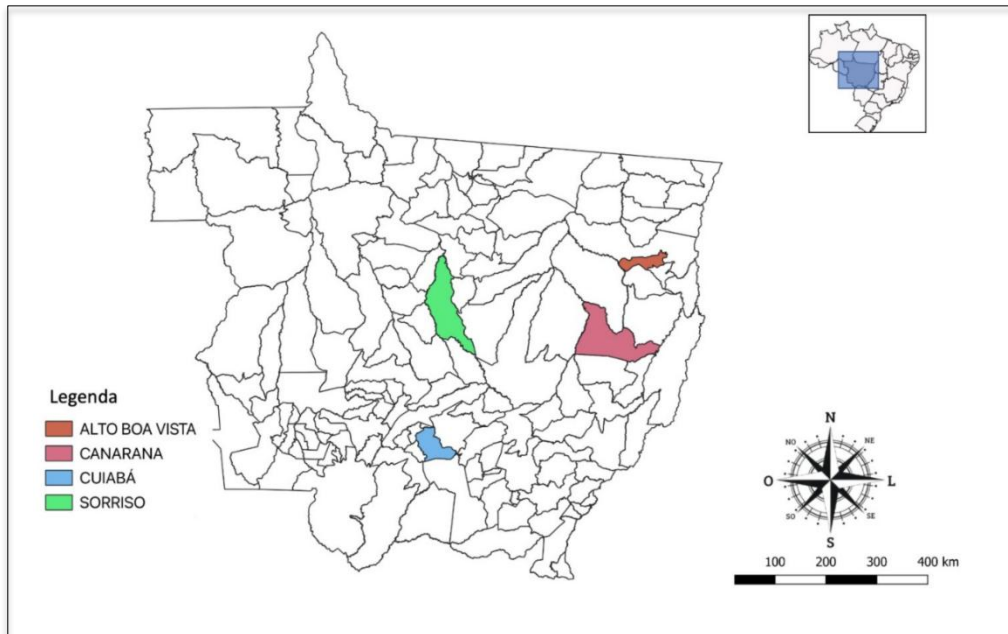
Gráfico 1 – Distribuição das amostras por município



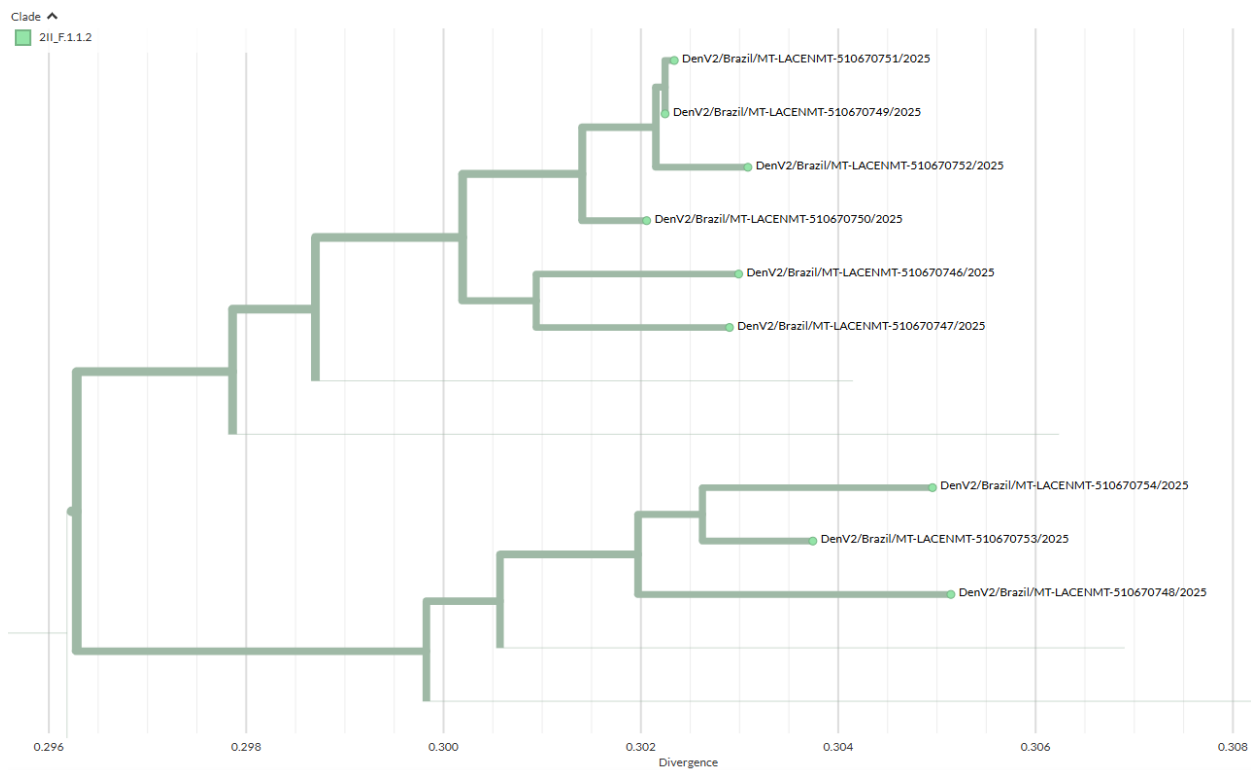


Governo do Estado de Mato Grosso  
SES-Secretaria de Estado de Saúde  
Secretaria Adjunta de Atenção e Vigilância em Saúde  
Laboratório Central de Saúde Pública de Mato Grosso-LACEN/MT

**Figura 1.** Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas seqüências genômicas do vírus Denv-2.



**Figura 2.** Árvore de Filogenia contendo os genomas de DENV-2 obtidos durante o sequenciamento de vigilância genômica no Estado do Mato Grosso - MT.





### 3.2 Sequenciamento de Dengue virus sorotipo 3 (DENV-3)

Foram analisadas 14 amostras de DENV-3, provenientes de múltiplos municípios, coletadas entre janeiro e início de fevereiro de 2026. Os valores de Ct variaram entre 14 e 29, com média aproximada inferior ao DENV-2, indicando boa carga viral.

As amostras apresentaram alta cobertura genômica ( $\approx 90-96\%$ ), com alguns valores inferiores ( $\sim 75\%$ ).

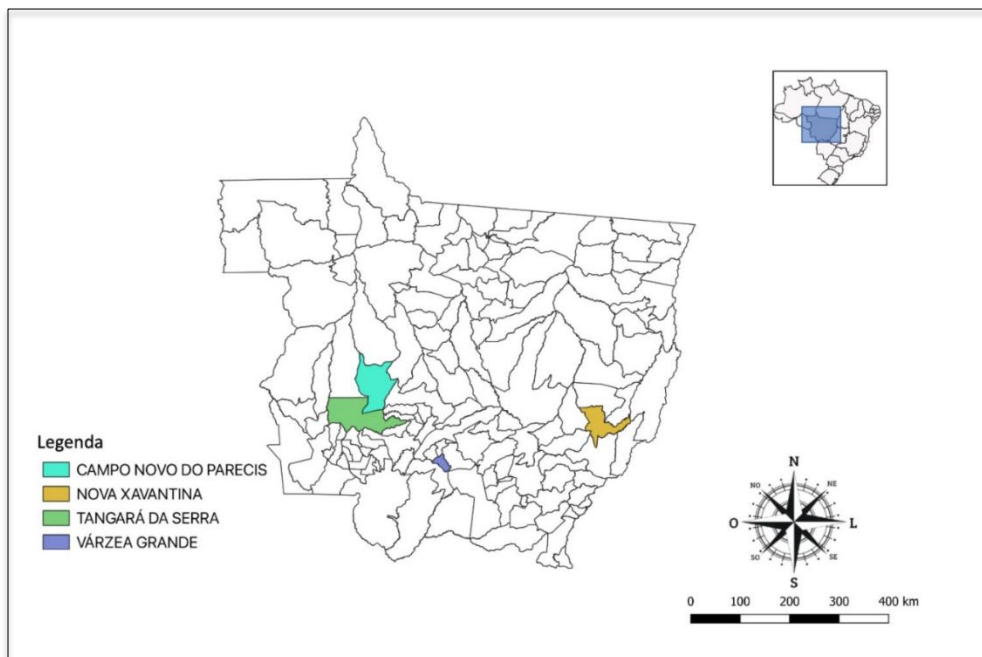
Todas as sequências foram classificadas como: Genótipo III

Esse resultado confirma a circulação ativa do DENV-3 genótipo III no estado de Mato Grosso.

Municípios com DENV-3 identificados:

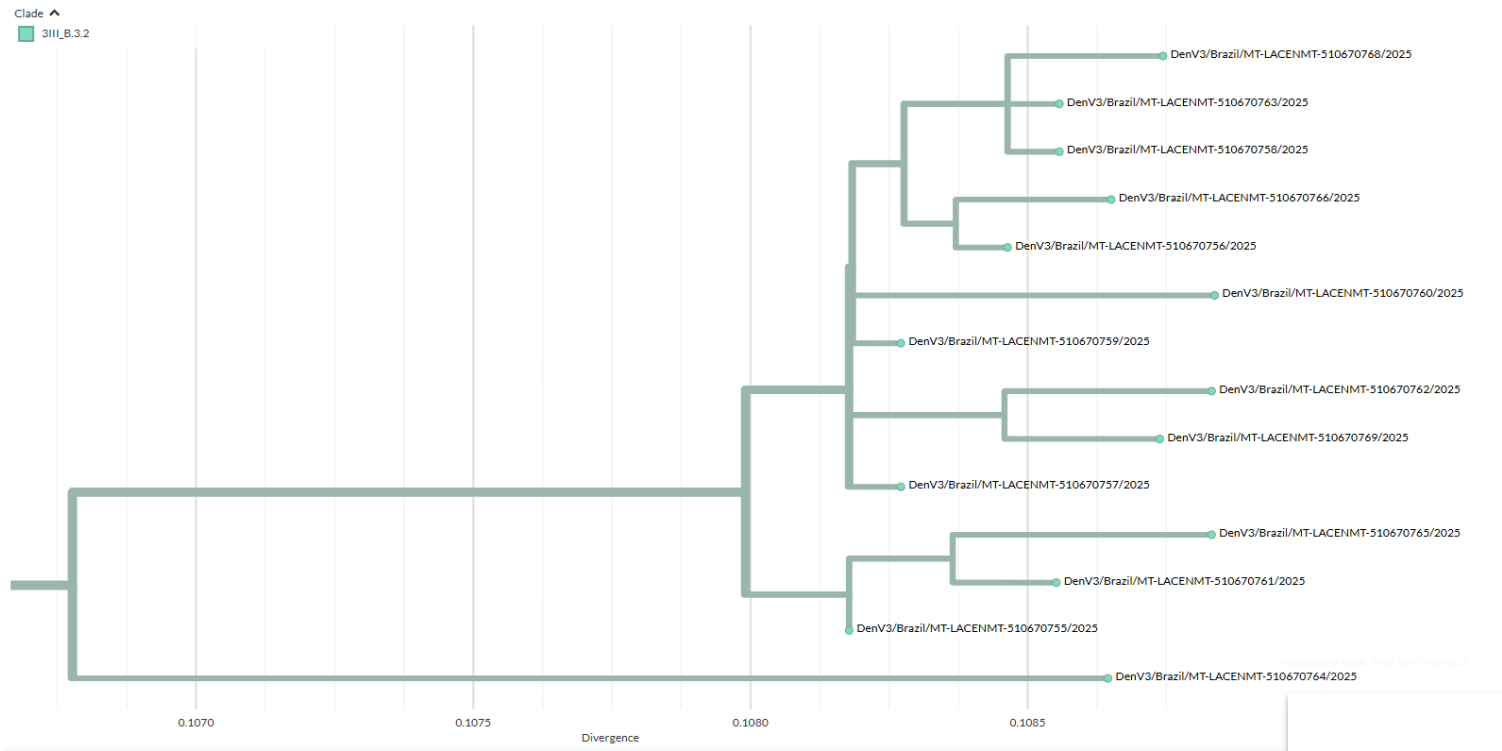
- Várzea Grande
- Campo Novo do Parecis
- Nova Xavantina
- Tangará da Serra

**Figura 3:** Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do vírus DenV-3.





**Figura 4.** Árvore de Filogenia contendo os genomas de DENV-3 obtidos durante o sequenciamento de vigilância genômica no Estado do Mato Grosso - MT.



A análise genômica demonstrou predominância da linhagem DENV3, identificada em 14 amostras (60.9%), pertencentes ao Genótipo III. Já a linhagem DENV2 foi identificada em 9 amostras (39.1%), todas classificadas como Genótipo II.

Os resultados reforçam a cocirculação dos sorotipos DENV2 e DENV3 no estado de Mato Grosso durante o período avaliado, evidenciando a importância da vigilância genômica para o monitoramento da dispersão viral e identificação dos genótipos circulantes.

O clado de Dengue 2 hoje circulante no estado é o 2III\_F.1.1.2 e o dengue 3 é o 3III\_B.3.2, não houve variação ou novos clados das análises das amostras que já circulam em nosso estado.

A implementação do programa de vigilância genômica ativa pelo LACEN-MT reflete um compromisso fundamental na detecção e monitoramento da dengue. A manutenção dessa vigilância intensiva no estado é vital para identificar precocemente a circulação do vírus, permitindo a adoção de medidas preventivas e a mitigação de novos surtos. Os resultados obtidos reforçam o papel crucial da vigilância genômica no acompanhamento da evolução das cepas circulantes de dengue e na compreensão de sua disseminação regional.

Dado o cenário epidemiológico preocupante, é essencial promover a vigilância genômica das cepas em circulação para amenizar possíveis impactos na saúde pública e orientar respostas a surtos. Além disso, a vigilância genômica ativa desempenha um papel essencial na adaptação de estratégias de saúde pública, permitindo a personalização de medidas preventivas e em campanhas de conscientização. Ao investir na compreensão genética do vírus, o estado se coloca de maneira proativa na vanguarda da resposta a ameaças virais, fornecendo dados genômicos importantes sobre a diversidade viral e promovendo a segurança e o bem-estar da população.

## REFERÊNCIAS

Fonseca, Vagner de Souza. Desenvolvimento de ferramentas de bioinformática para a genotipagem dos vírus dengue, zika, chikungunya e febre amarela. Bahia - Salvador, 2016.

Pinho, Aryane Cruz Oliveira. Diagnóstico e caracterização molecular do vírus dengue circulante na cidade de Salvador, Bahia, Brasil. Salvador, 2013.

HOLMES, E.C.; BURCH, S.S. The Causes and Consequences of Genetic Variation in Dengue Virus. **Trends in Microbiology**, v. 8, p. 74-77, 2000.

VASILAKIS, N.; WEAVER, S.C. The History and Evolution of Human Dengue Emergence. **Advances in Virus Research**, v. 72. p. 1-76, 2008.

### *Responsáveis técnicos*

Stephanni Figueiredo da Silva

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Elaine Cristina de Oliveira (Diretora do LACEN-MT)