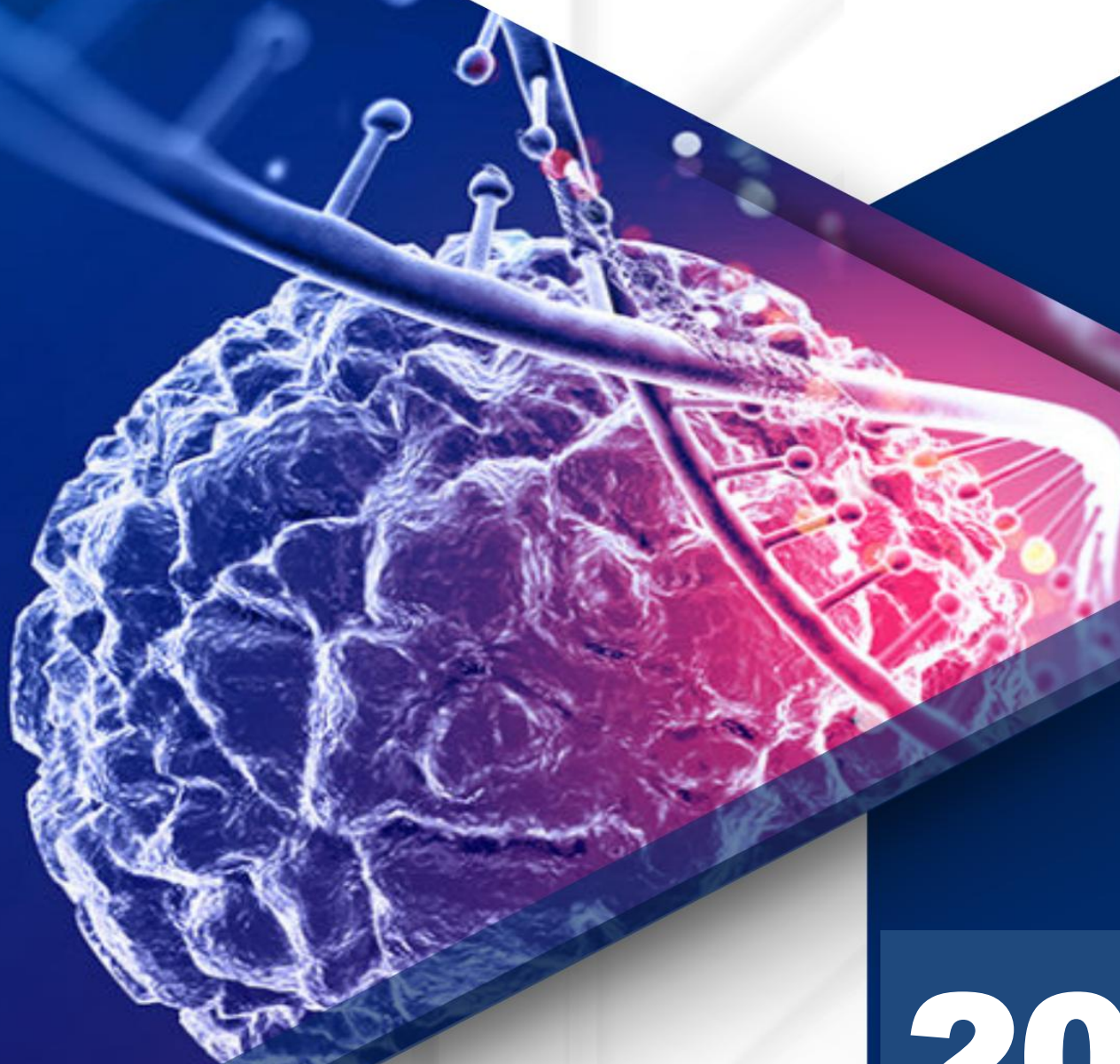




2025

VIGILÂNCIA GENÔMICA
DO SARS-COV-2 EM MATO
GROSSO
N: 47/2025

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;
- **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 11 amostras positivas para o SARS-CoV-2, as quais foram coletadas nos dias 22 de junho a 21 de agosto 2025, referente a semanas epidemiológicas 30 a 35 de 2025.

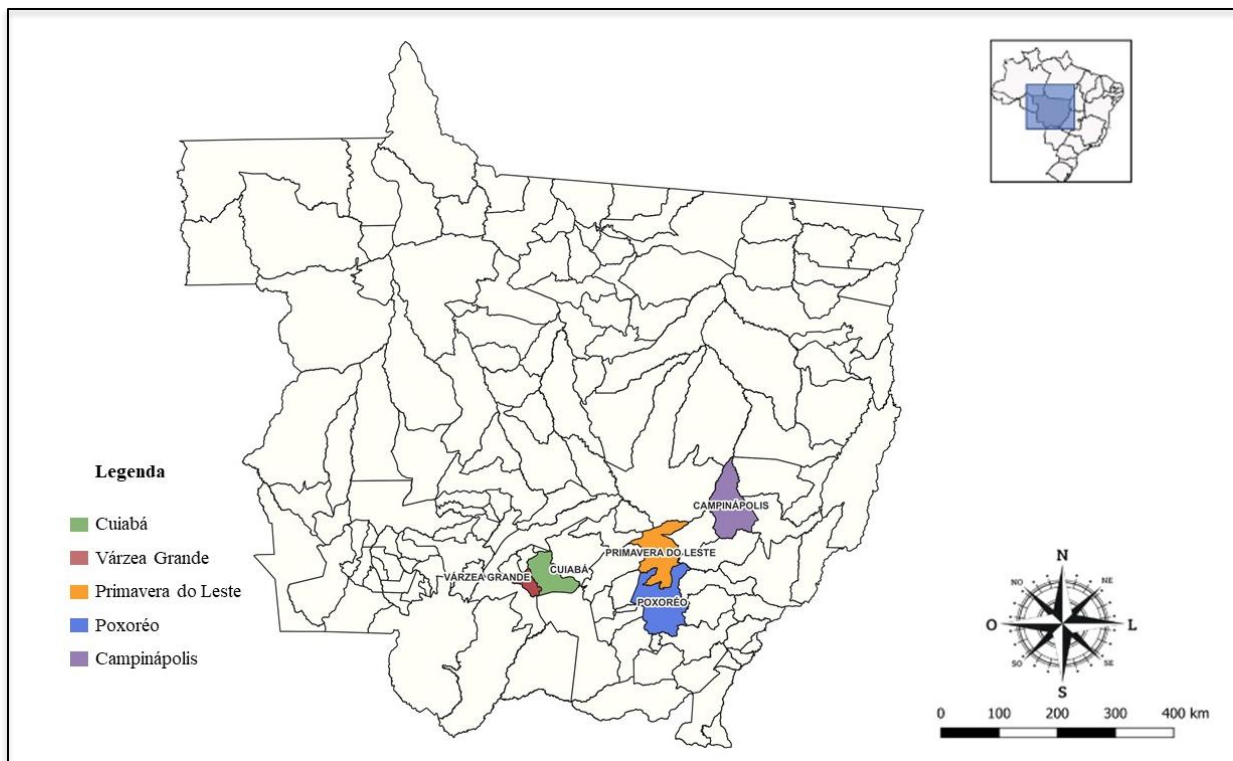
As amostras foram extraídas em protocolos automatizados e amplificadas pelo método RT-PCR em tempo real foi realizada no termociclador ABI 7500™ com o kit molecular INF-A/INF-B/SC2 da Bio-Manguinhos para amostras de SARS-CoV-2. Todas as amostras positivas apresentaram valores de Ct (cycle threshold) que variaram entre 15 e 32. Os pacientes são referente aos municípios de Cuiabá, Várzea Grande, Poxoréu e Campinópolis.

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

Todas passaram pelo controle de qualidade apresentando cobertura do genoma superior a 90%, e o controle negativo, seguiu o padrão esperado sem nenhuma contaminação (Tabela 1).

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



RESULTADOS

Nº Interno	Requisição_GAL_Sequenciamento	Idade	Gênero	Município Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Cobertura	Linhagem	ID_Sequência
2529	250101000396	31 anos	masculino	CUIABÁ	MT	22/07/2025	15	97.0%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651411/2025
2588	250101000407	3 anos	masculino	VÁRZEA GRANDE	MT	28/07/2025	29	91.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651423/2025
2641	250101000397	54 anos	feminino	CUIABA	MT	05/08/2025	24	86.3%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651413/2025
2670	250101000398	4 anos	feminino	POXORÉO	MT	07/08/2025	23	87.7%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651414/2025
2701	250101000399	89 anos	feminino	CUIABÁ	MT	11/08/2025	17	92.0%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651415/2025
2735	250101000401	1 ano	feminino	CAMPINAPOLIS	MT	13/08/2025	20	90.0%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651417/2025
2761	250101000402	32 anos	feminino	CUIABÁ	MT	18/08/2025	22	94.5%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651418/2025
2765	250101000403	22 anos	feminino	VÁRZEA GRANDE	MT	18/08/2025	16	98.1%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651419/2025
2801	250101000404	73 anos	feminino	VÁRZEA GRANDE	MT	19/08/2025	26	91.2%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651420/2025
2804	250101000405	1 ano	feminino	PRIMAVERA DO LESTE	MT	20/08/2025	32	76.2%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651421/2025
2821	250101000406	36 anos	masculino	CUIABÁ	MT	21/08/2025	23	89.4%	XFG	hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510651422/2025

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 3**). Todos os genomas sequenciados passaram no controle de qualidade, sendo considerados aptos ao depósito na plataforma GISAID.

Figura 3. Árvore filogenética das linhagens identificadas de Sars-CoV-2. Acesso 05/06/2025 (<https://clades.nextstrain.org/tree>).

Todas as amostras sequenciadas são de regiões que até então não tínhamos informações, as amostras foram coletadas no ano de 2021 e armazenadas no freezer -80. O sequenciamento foi realizado com o intuito de descobrirmos quais linhagens circulavam até então no ano de 2021. Todas elas foram identificadas como Variante Gamma e Delta, que corresponde ao que circulavam no Brasil na mesma época.

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.

Responsáveis técnicos

Stephanni Figueiredo da Silva

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Elaine Cristina de Oliveira (Diretora do LACEN-MT)