



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 VÍRUS DA DENGUE EM MATO GROSSO



2025

SES
Secretaria
de Estado
de Saúde



Governo de
Mato
Grosso



N. 47/2025



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 abril e agosto de 2025, referente a semanas epidemiológicas 14^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 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.

3.1 Sequenciamento de Dengue virus sorotipo 2 (DENV-2)

As amostras de DENV-2 (n=12) sequenciadas foram provenientes de 7 municípios do estado do Mato Grosso (MT) (**Figura 1**), coletadas entre julho e agosto de 2025, e apresentaram valores de CT entre 19 a 30 (média Ct= 24,08). Os novos genomas gerados (n=12) apresentaram cobertura média de 83,5% (31,7% - 94,1%) (**Grafico 1**). As informações epidemiológicas e as estatísticas do sequenciamento estão dispostas na Tabela 1.

Com a finalidade de estudar em mais detalhes a epidemiologia molecular das sequências de DENV-2 obtidas na região de Mato Grosso, foi reconstituída uma árvore filogenética inferindo as relações evolutivas entre os genomas obtidos pertencentes ao DENV-2. Nessa análise, a árvore filogenética (**Figura 2**) confirmou que as sequências isoladas no estado do MT pertencem ao genótipo II (Cosmopolita).



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

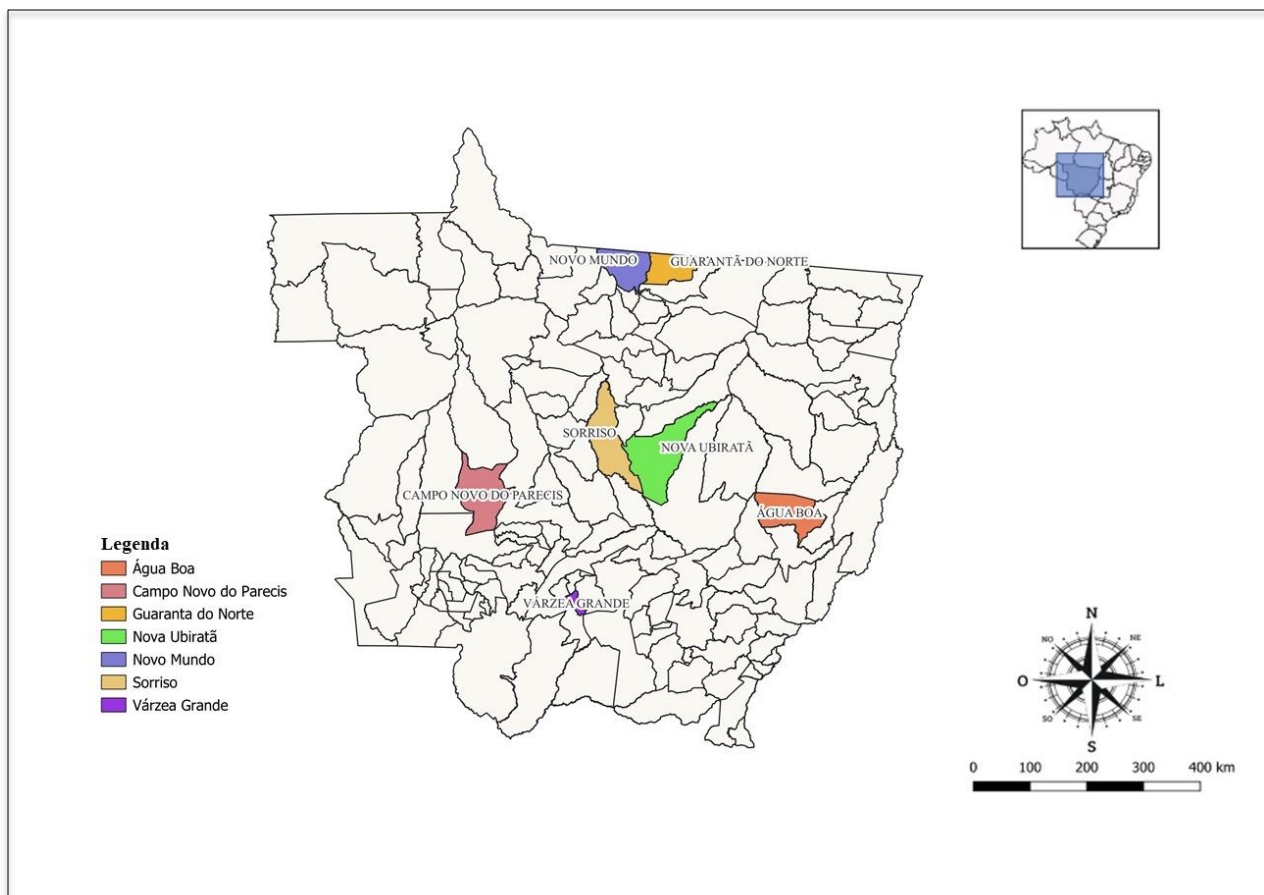


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do vírus Denv-2



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

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

Nº Interno	Requisição_GAL	Idade	Gênero	Município Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Sorotipo	Genótipo	ID Sequência
26936	251202000636	71 anos	feminino	GUARANTÃ DO NORTE	MT	03/07/2025	27	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651522/2025
27374	250708005259	23 anos	feminino	SORRISO	MT	11/07/2025	27	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651524/2025
27590	250804005508	45 anos	masculino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	17/07/2025	19	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651525/2025
27676	251206000032	36 anos	masculino	NOVO MUNDO	MT	21/07/2025	19	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651526/2025
27754	250804005575	8 anos	masculino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	23/07/2025	22	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651528/2025
27807	250708005626	43 anos	masculino	SORRISO	MT	25/07/2025	22	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651530/2025
27853	250708005666	19 anos	feminino	SORRISO	MT	29/07/2025	30	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651531/2025
27963	251309000279	10 anos	feminino	AGUA BOA	MT	01/08/2025	24	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651532/2025
27994	250106007012	3 anos	masculino	VÁRZEA GRANDE	MT	04/08/2025	30	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651533/2025
28062	250804005646	69 anos	feminino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	05/08/2025	21	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651535/2025
28064	250804005648	29 anos	feminino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	05/08/2025	25	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651536/2025
28131	250706000356	38 anos	feminino	NOVA UBIRATÃ	MT	04/08/2025	23	DENV2	II	hDenV2/Brazil/MT-LACENMT-510651537/2025

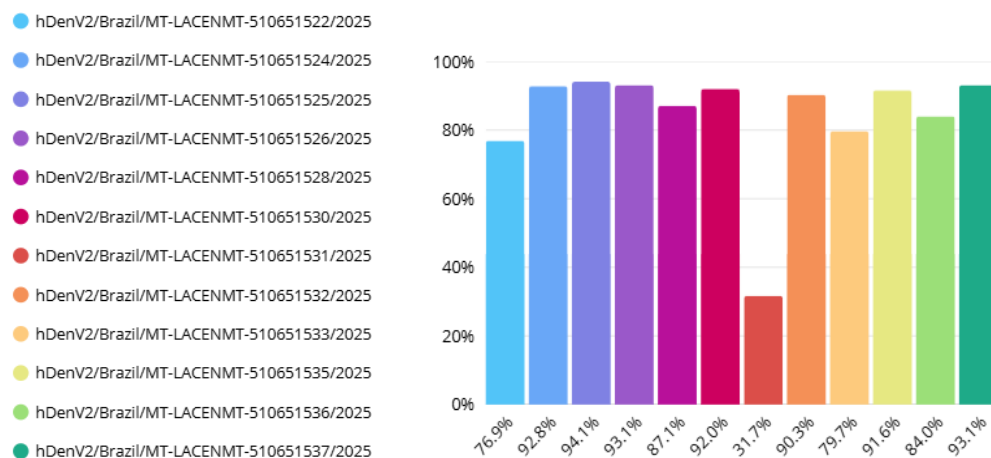


Gráfico 1 : Porcentagem de cobertura dos novos genomas gerados (n=12) e foram classificados como Dengue vírus sorotipo 2 genótipo II.



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

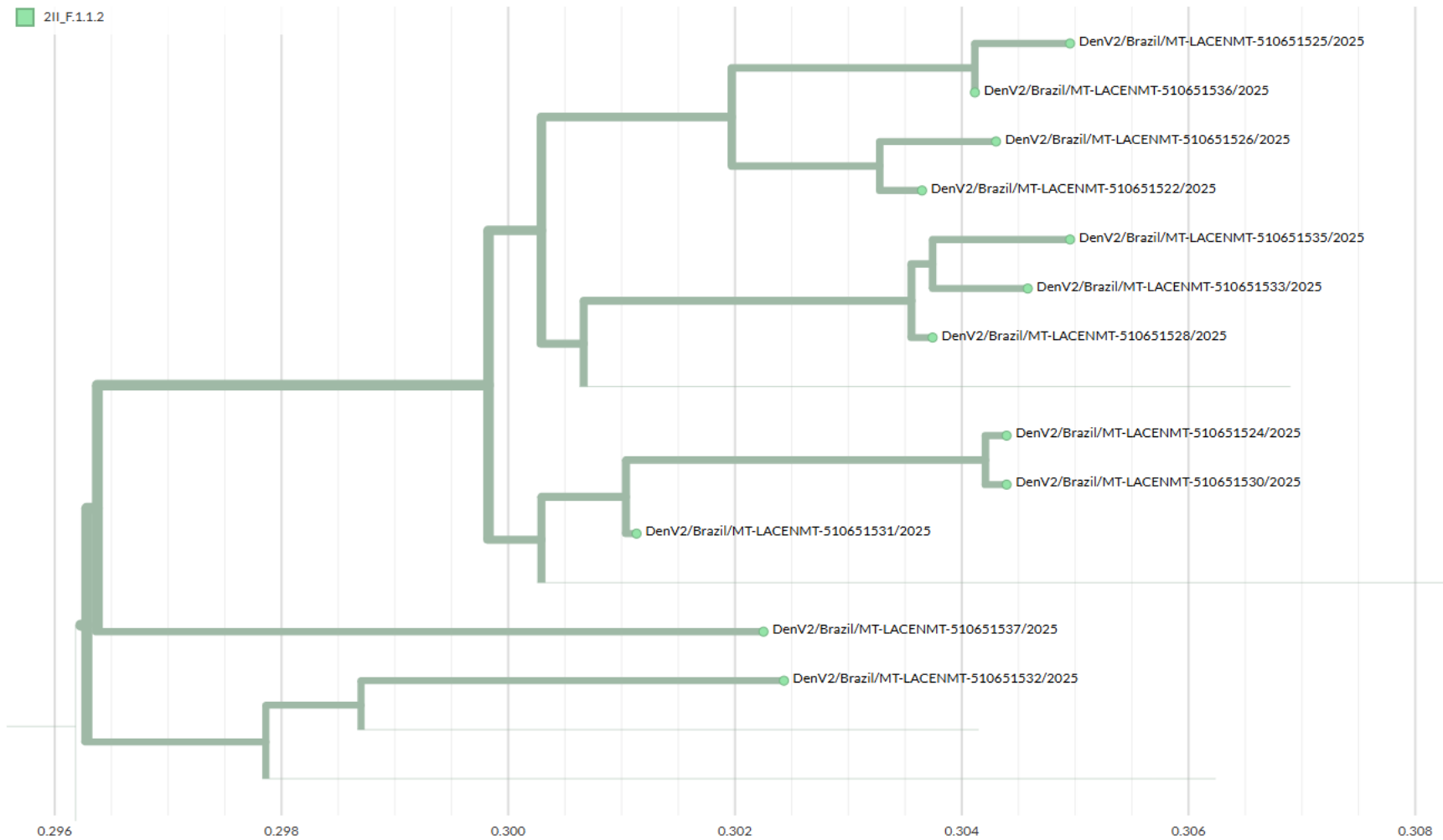


Figura 2. Árvore de Filogenia contendo os genomas de DENV-2 obtidos durante o sequenciamento de vigilância genômica no Estado do Mato Grosso - MT.



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

As amostras de DENV-3 (n=11) sequenciadas foram provenientes de 2 municípios do estado do Mato Grosso (MT) (**Figura 3**), coletadas entre abril e julho de 2025, e apresentaram valores de CT entre 19 a 30 (média Ct= 21,45). Os novos genomas gerados (n=11) apresentaram cobertura média de 87,8% (75,9% - 93,1%) (**grafico 2**) e foram classificados como Dengue vírus sorotipo 3 genótipo III (**Figura 4**). As informações epidemiológicas e as estatísticas do sequenciamento estão dispostas na Tabela 2.

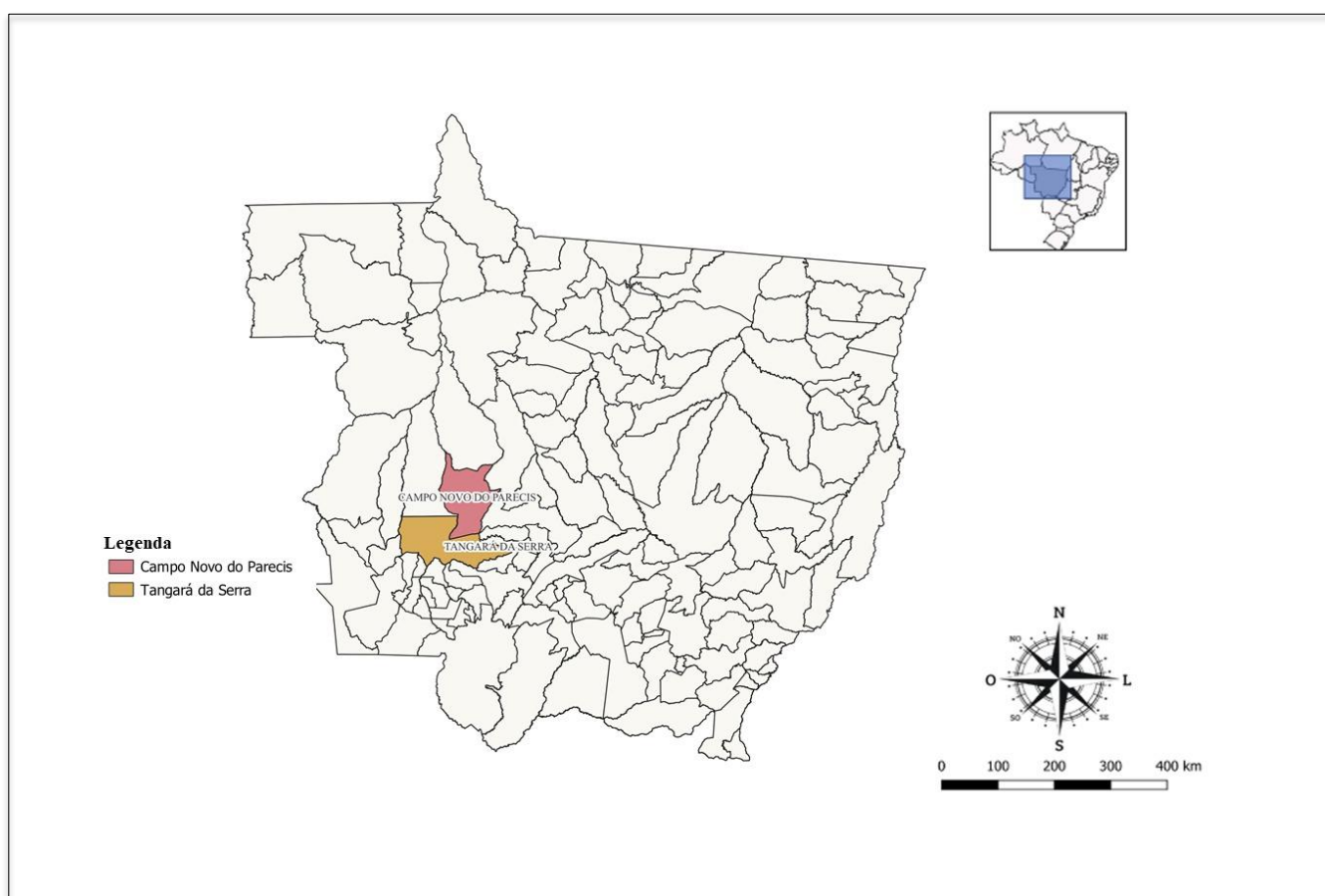


Figura 3: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do vírus DenV-3.



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

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

Nº Interno	Requisição_GAL	Idade	Gênero	Município Requisitante	UF	Data da Coleta	Ct	Sorotipo	Genótipo	ID_Sequência
13989	250811000265	14 anos	masculino	TANGARÁ DA SERRA	MT	09/04/2025	20	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653540/2025
14775	250811000280	77 anos	masculino	TANGARÁ DA SERRA	MT	15/04/2025	19	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653541/2025
16143	250804002691	27 anos	feminino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	29/04/2025	23	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653546/2025
16818	250811000306	28 anos	feminino	TANGARÁ DA SERRA	MT	29/04/2025	19	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653547/2025
20314	250811000336	26 anos	masculino	TANGARÁ DA SERRA	MT	07/05/2025	20	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510622810/2025
21864	250811000364	53 anos	masculino	TANGARÁ DA SERRA	MT	15/05/2025	18	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653550/2025
21871	250811000377	10 anos	feminino	TANGARÁ DA SERRA	MT	15/05/2025	25	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653551/2025
21873	250811000380	54 anos	masculino	TANGARÁ DA SERRA	MT	15/05/2025	20	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653552/2025
24544	250811000434	22 anos	feminonp	TANGARÁ DA SERRA	MT	05/06/2025	21	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653553/2025
26715	250804005377	13 anos	masculino	CAMPO NOVO DO PARECIS	MT	01/07/2025	21	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653554/2025
26925	250811000479	52 anos	feminino	TANGARÁ DA SERRA	MT	03/07/2025	30	DENV3	III	Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653556/2025

- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653540/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653541/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653546/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653547/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510622810/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653550/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653551/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653552/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653553/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653554/2025
- Denv3/Brazil/MT-LACENMT-510653556/2025

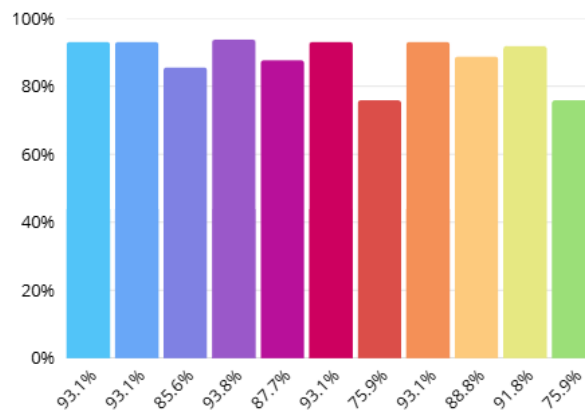


Gráfico 2 : Porcentagem de cobertura dos novos genomas gerados (n=11) e foram classificados como Dengue vírus sorotipo 3.

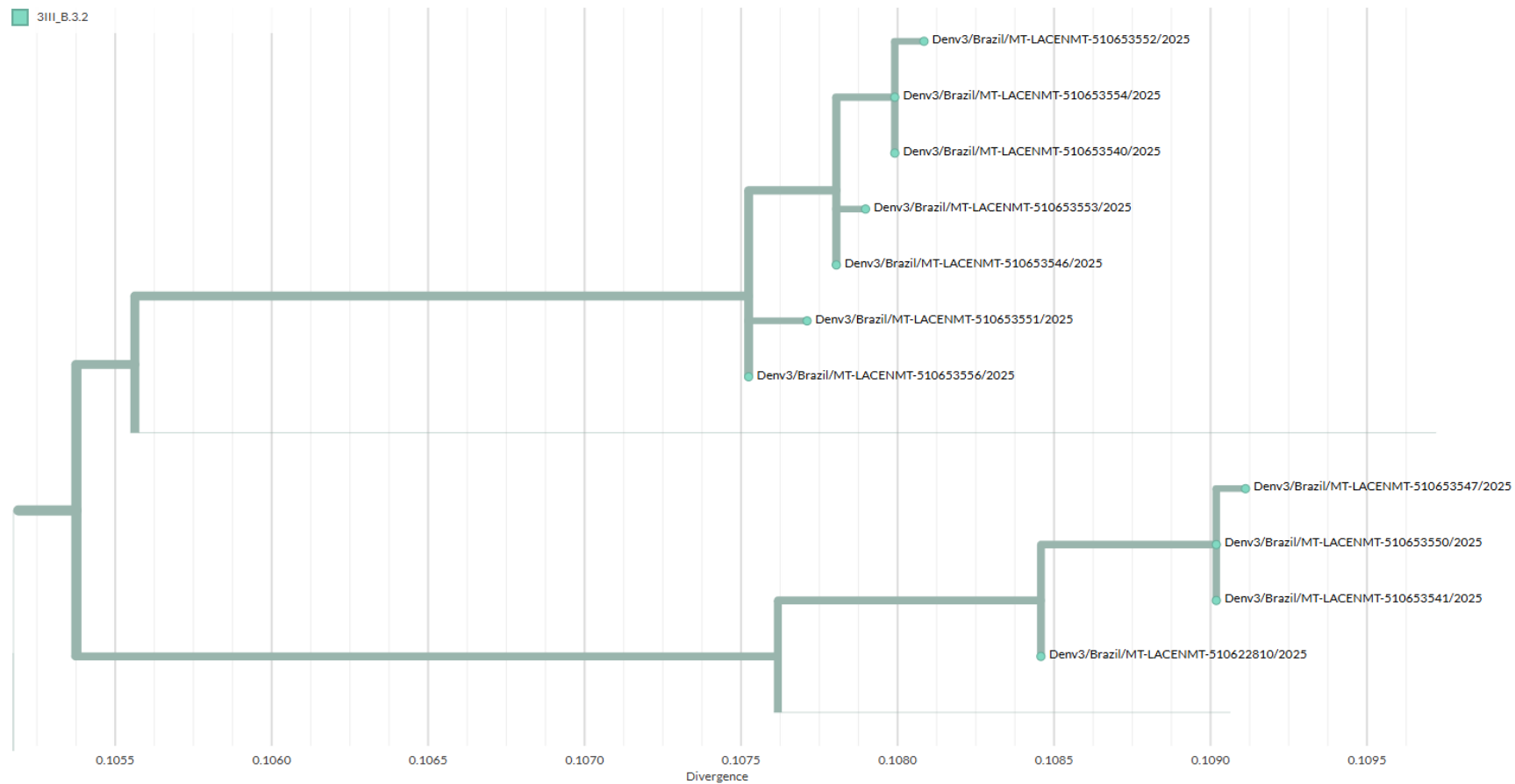


Figura 4. Árvore de Filogenia contendo os genomas de DENV-3 obtidos durante o sequenciamento de vigilância genômica no Estado do Mato Grosso - MT.

A 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)