

**RELATÓRIO DE SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO
DAS AMOSTRAS DE SARS-COV-2 POSITIVAS PARA
IDENTIFICAÇÃO E MONITORAMENTO DAS VARIANTES
CIRCULANTES NO ESTADO DE MATO GROSSO**



O Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Mato Grosso (LACEN-MT), é referência em diversos exames de patologia clínica, sorologia, virologia e exames da área de bromatologia e de ambiente para realização em Cuiabá ou encaminhamento para laboratórios de referência da rede nacional. Desde a pandemia de COVID-19, tem-se dedicado ao diagnóstico molecular do SARS-CoV-2 de pacientes de todo Estado com quadro diagnóstico suspeito e ao sequenciamento de nova geração de amostras positivas.

Considerando a circulação de um novo membro da família *Coronaviridae* responsável por quadros de infecção respiratória e um alto teor de dispersão, é essencial a atuação da Vigilância Genômica, a fim de possibilitar a identificação e o monitoramento das variantes circulantes, suas respectivas mutações virais e evolução desse vírus ao longo do tempo para que possa auxiliar em futuras decisões na saúde pública.

Durante o período de 19 de setembro a 30 de setembro de 2022, a equipe do LACEN-MT realizou o sequenciamento de 32 genomas do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes internados e com diagnóstico positivo para COVID-19 referentes aos seguintes municípios: Cáceres (7), Campo Novo do Parecis (3), Campos de Júlio (1), Cuiabá (20) e Várzea Grande (1) (Figura 1).

Com a finalidade de identificar e monitorar as variantes circulantes e co-circulantes no Estado de Mato Grosso, a escolha das amostras foi baseada na representatividade das regiões geográficas do Estado, além de atender aos seguintes critérios estabelecidos pela Vigilância Epidemiológica: suspeitas e/ou contatos de VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação) e VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse), óbitos, casos graves e com rápida evolução, amostras com carga viral alta, além de pacientes com diagnóstico positivo para SARS-CoV-2 com histórico de viagem para fora de Mato Grosso e/ ou Brasil.



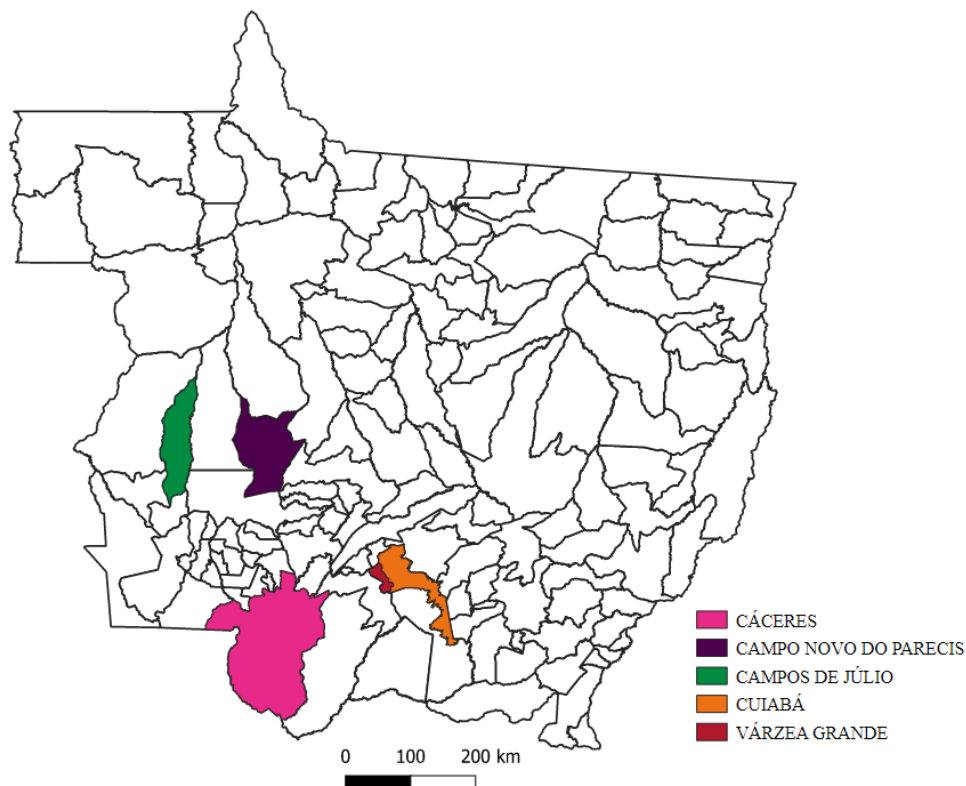


Figura 1: Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios dos hospitais onde foram obtidas e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

Os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher Scientific (Ion Genestudio S5 Plus), apresentando em sua grande maioria cobertura superior a 95% do genoma total (Tabela 1).

As amostras selecionadas apresentaram valores de CT (*cycle threshold*) que variaram entre 18 e 32.

As sequências genômicas obtidas foram analisadas utilizando o software *Genome Detective- Coronavirus Typing Tool*, disponível online (<https://www.genomedetective.com/app/typingtool/virus/>) (CLEEMPUT et al., 2020). A avaliação da linhagem foi realizada utilizando a ferramenta *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages* disponível em (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>), seguindo a recente classificação dinâmica proposta por Rambaut e colaboradores (Figura 2) (RAMBAUT et al., 2020).

GAL	Idade	Sexo	Data de cadastro	Município	N. interno	CT (N, ORF, S)	N. pb	Reads	Cobertura	Depth of coverage	Identidade NT (%)	Identidade AA (%)	Linhagem
220402003181	17	F	19/07/2022	Cáceres	94581	27,23,24	191	1427006	94.6	8939.9	99.8	98.9	BA.2
220402003178	72	F	19/07/2022	Cáceres	94583	27,23,24	190	1115298	95.2	6942.9	99.8	99.1	BA.2
220402003171	54	M	19/07/2022	Cáceres	94592	28,26,25	186	606687	93.2	3767.6	99.8	99	BA.5.2.1
220402003194	80	F	20/07/2022	Cáceres	94710	29,25,25	192	461148	92.1	2998.4	99.8	98.9	BA.2
220107010801	81	F	22/07/2022	Várzea Grande	94849	27,24,25	198	1111974	94	7284.4	99.8	98.9	BA.2
220107010817	43	M	25/07/2022	Cuiabá	94909	27,24,25	186	928787	93.6	5745.3	99.8	98.9	BA.5.2.1
220107010851	53	F	26/07/2022	Cuiabá	95041	28,25,26	176	512796	92.8	3034.6	99.8	98.9	BA.5.2.1
220158000231	46	F	27/07/2022	Cuiabá	95064	28,24,26	182	623469	93.2	3785.9	99.8	98.9	BA.5.2.1
220103001223	34	F	20/07/2022	Cuiabá	94672	23,20,20	208	999412	99.7	6447	99.8	99.6	BA.5.2.1
220138001090	2	M	21/07/2022	Cuiabá	94731	21,25,19	208	937253	99.8	6043.7	99.8	99.6	BA.5.2.1
220402003198	41	F	21/07/2022	Cáceres	94761	24,21,22	208	1110409	99.7	7163.4	99.8	99.6	BA.5.2.1
220804001432	46	F	22/07/2022	Campo Novo do Parecis	94902	25,22,23	204	1146330	99.8	7276.7	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107010816	82	F	25/07/2022	Cuiabá	94936	22,19,20	205	1027450	99.8	6520.1	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107010905	5	M	02/08/2022	Cuiabá	95232	21,18,19	209	1048753	99.8	6797.5	99.8	99.6	BA.5.1
220804001447	32	F	09/08/2022	Campo Novo do Parecis	95498	20,19,20	213	1104528	99.7	7201.7	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107011045	31	F	17/08/2022	Cuiabá	95741	22,19,21	208	965899	99.8	6228	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107010781	47	M	21/07/2022	Cuiabá	94737	29,26,26	208	1036771	99.7	6653.8	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107010823	94	M	25/07/2022	Cuiabá	94903	28,26,25	204	907015	99.8	5668.1	99.8	99.6	BA.4.1
220107010822	57	F	25/07/2022	Cuiabá	94907	26,22,23	207	1044806	99.8	6667.8	99.8	99.6	BA.4.1
220107010819	14	F	25/07/2022	Cuiabá	94908	29,26,27	207	1208060	99.7	7753.6	99.8	99.6	BA.5.1
220107010994	33	F	09/08/2022	Cuiabá	95482	25,22,22	204	945178	99.8	5966.3	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107010995	23	M	09/08/2022	Cuiabá	95490	26,23,23	207	1044026	99.7	6665.3	99.8	99.6	BA.5.2.1
220804001446	37	M	09/08/2022	Campo Novo do Parecis	95499	27,24,24	204	1145685	99.7	7239.5	99.8	99.6	BA.5.2.1
220107011041	35	F	16/08/2022	Cuiabá	95700	27,25,26	205	1267774	99.8	8047.6	99.8	99.6	BA.4.1
220107010757	26	F	20/07/2022	Cuiabá	94694	31,28,28	206	1689143	99.7	10725.6	99.8	99.6	BA.5.2.1
221402000278	39	M	21/07/2022	Campos de Júlio	94841	32,29,29	204	1758047	99.7	11171.8	99.8	99.6	BA.4.1
220402003215	43	F	25/07/2022	Cáceres	94944	31,29,28	206	1631726	99.8	10412.7	99.8	99.6	BA.5.2.1
220402003211	32	F	25/07/2022	Cáceres	94947	30,28,29	207	1918824	99.8	12305.5	99.8	99.6	BA.5.1
220107010835	40	F	25/07/2022	Cuiabá	94970	29,28,27	198	925990	99.7	5662.8	99.8	99.6	BA.5.2.1
220103001282	26	F	01/08/2022	Cuiabá	95213	31,28,29	206	150059	99.6	959.6	99.8	99.6	BA.5.2
220107011038	35	F	16/08/2022	Cuiabá	95710	32,29,29	202	1414876	99.7	8897.7	99.8	99.6	BA.4.6

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

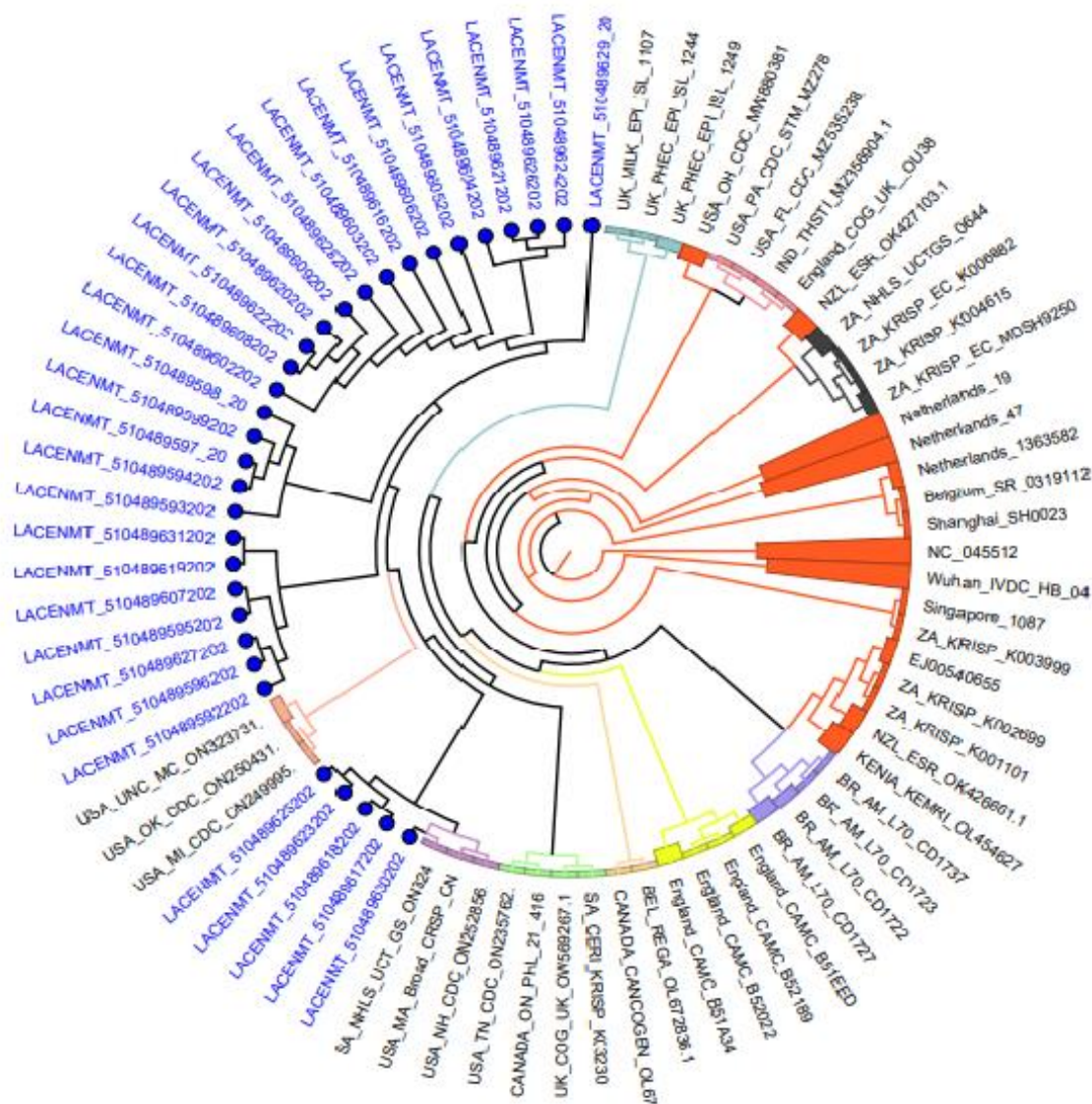
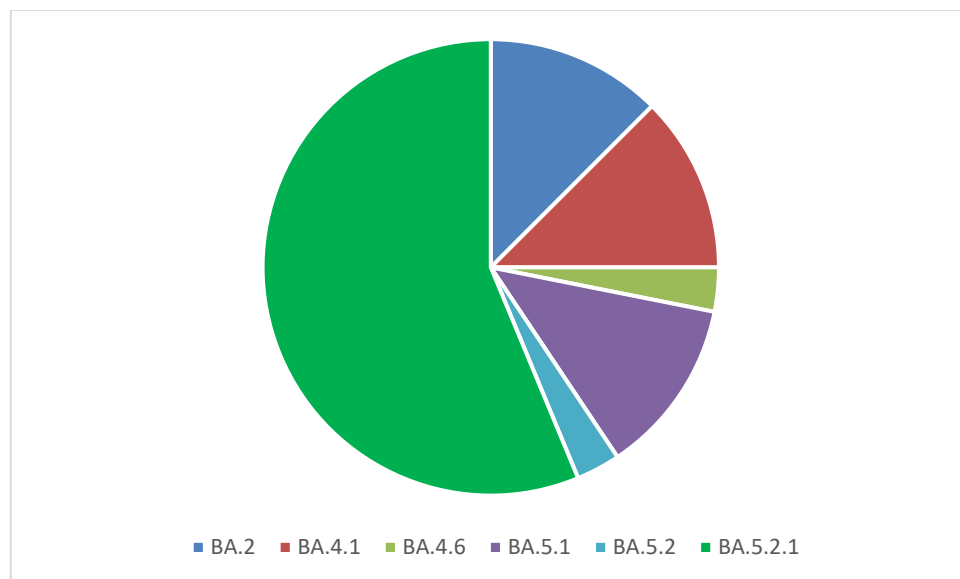


Figura 2: Filogenia do vírus SARS-CoV-2 reconstruída utilizando sequências genômicas isoladas em Mato Grosso (em azul) e sequências de referência presentes no banco de dados da ferramenta Genome Detective-Coronavir TypingTool, disponível online (CLEEMPUT, et al., 2020).

Foi identificado a circulação de sublinhagens diferentes da variante Ômicron do SARS-CoV-2, provavelmente relacionadas a inúmeros eventos de importações e tipagem viral, concomitantes ao elevado número de infecções registrados no Estado.

Das sublinhagens obtidas, identificou-se a BA.2 em quatro amostras de pacientes oriundos de Cáceres e Várzea Grande; BA.5.2.1 em 18 pacientes de Cáceres, Campo Novo do Parecis e Cuiabá; BA.5.1 em quatro pacientes de Cáceres e Cuiabá; BA.5.2 em um paciente de Cuiabá; BA.4.1 em quatro pacientes de Campos de Julio e Cuiabá; e BA.4.6 em um paciente de Cuiabá.



Os dados demonstrados neste relatório sugerem que a variante Ômicron segue sendo predominante no Estado e o sequenciamento do genoma é crucial para entender o percurso da transmissão e sua evolução ao longo do tempo. Ao desvendar o histórico do SARS-CoV-2, autoridades e pesquisadores podem adotar medidas adequadas para tentar conter sua disseminação, além de realizar inferências filogenéticas mais detalhadas sobre a dispersão do vírus no Estado.



REFERÊNCIAS

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

Rambaut, A. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol. 2020 Nov;5(11):1403-1407. doi: 10.1038/s41564-020-0770-5. Epub 2020 Jul 15. PMID: 32669681.

Responsáveis técnicos

Júlia Deffune Profeta Cidin Almeida

Luana Barbosa da Silva

Luiz Takao Watanabe

Raquel da Silva Ferreira

Stephanni Figueiredo da Silva

Elaine Cristina de Oliveira - Diretora do LACEN-MT

