



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. 49/2025

SES  
Secretaria  
de Estado  
de Saúde



Governo de  
Mato  
Grosso



**Lacen**  
Laboratório Central de Saúde  
Pública do Estado 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;
- **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 19 amostras positivas para o SARS-CoV-2, as quais foram coletadas nos dias 02 a 25 de setembro de 2025, referente a semanas epidemiológicas 36° a 38° 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 26. Os pacientes são referente aos municípios de Cuiabá, Várzea Grande, Sinop, Lucas do Rio Verde e Querência (**Figura 1**).

A Montagem do genoma e classificação das variantes foi realizada pelo software ViralFlow (<https://viralfloow.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/>).

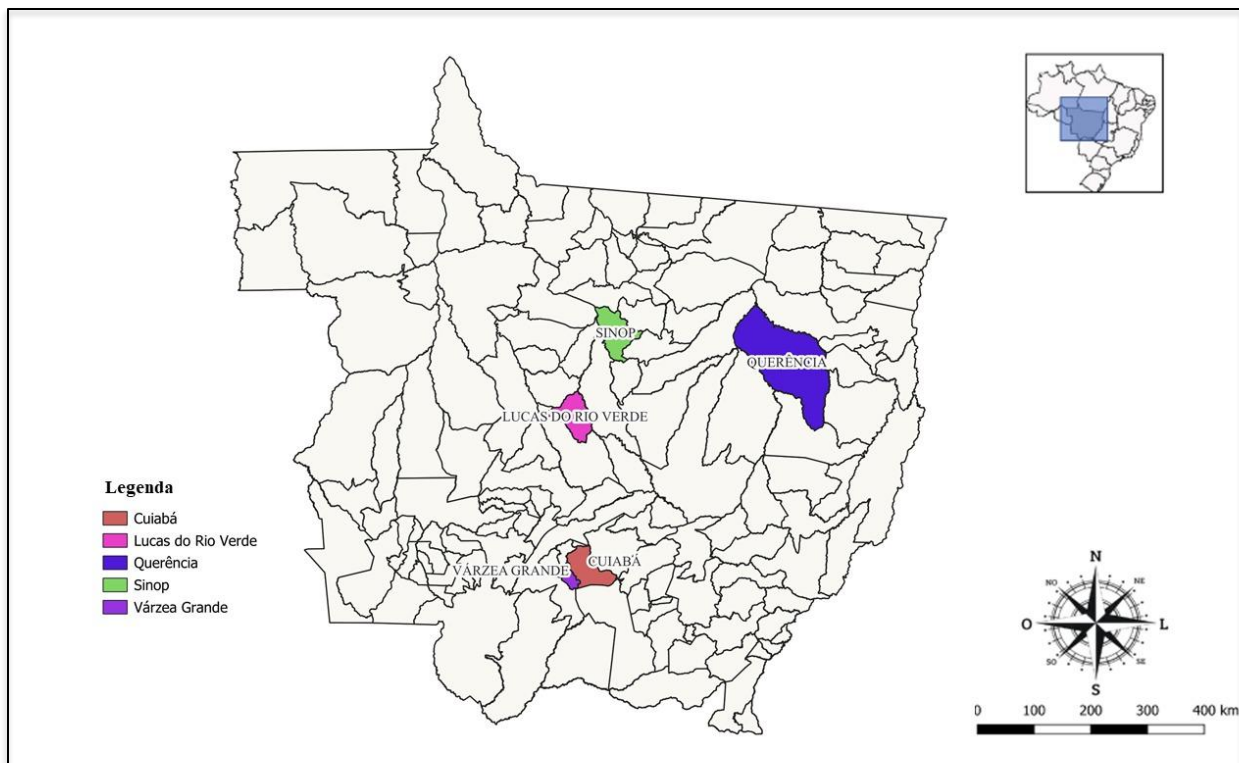
## RESULTADOS

Todas passaram pelo controle de qualidade apresentando cobertura do genoma superior a 85%, 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.



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



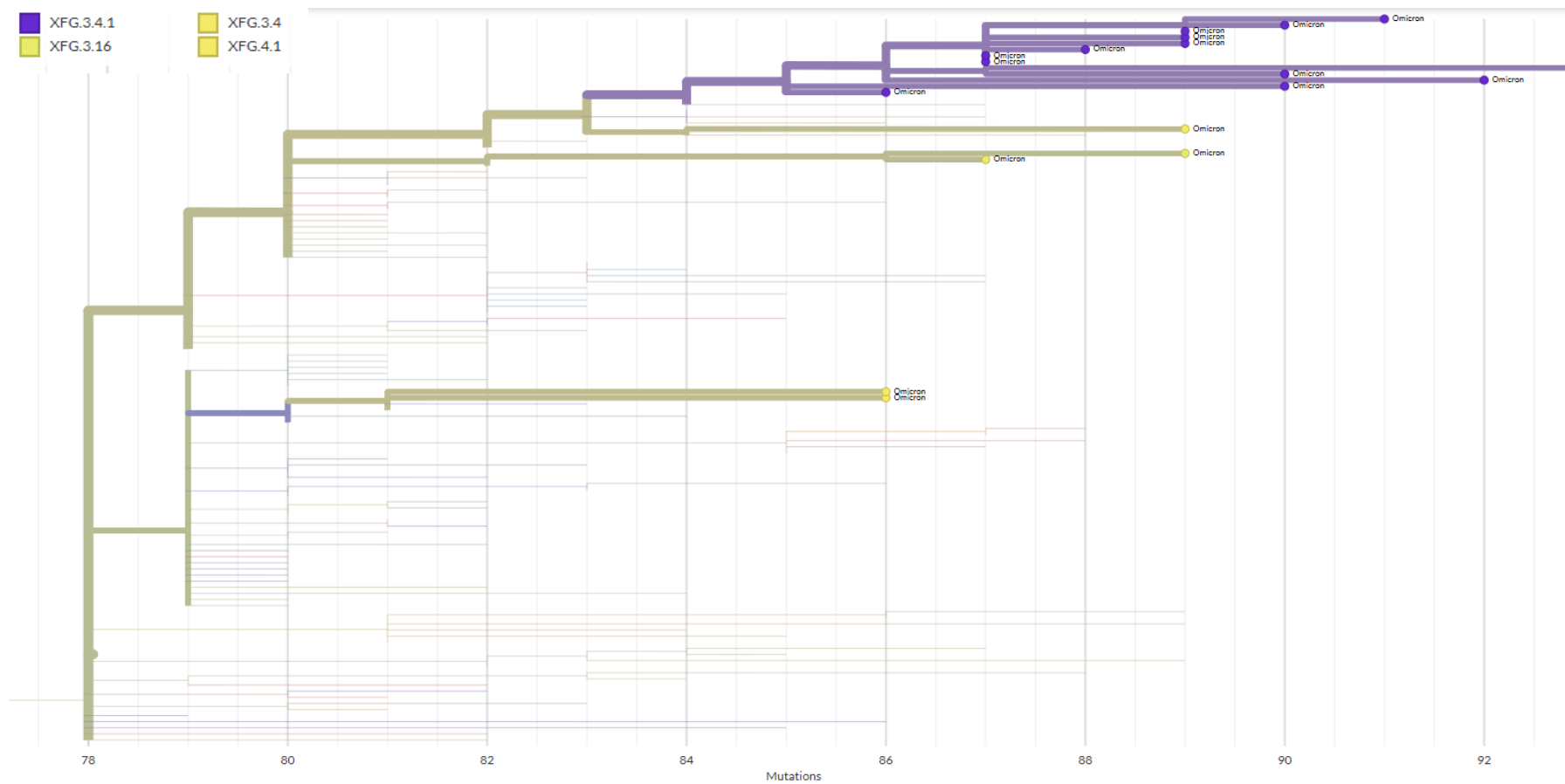
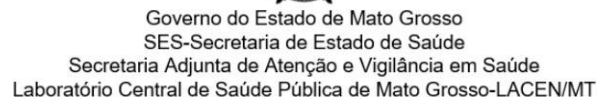
**Figura 1:** Mapa do Estado de Mato Grosso, destacando os municípios onde foram obtidas as amostras e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.



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

| Nº Interno | Requisição_GAL | Idade   | Gênero    | Município Requisitante | UF | Data da Coleta | Ct | Cobertura | Linhagem  | ID_Sequência                             |
|------------|----------------|---------|-----------|------------------------|----|----------------|----|-----------|-----------|------------------------------------------|
| 2950       | 250722000188   | 5 meses | Masculino | SINOP                  | MT | 02/09/2025     | 22 | 98.0%     | XFG.3.4   | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657058/2025 |
| 2985       | 250102013079   | 38 anos | Masculino | CUIABÁ                 | MT | 08/09/2025     | 25 | 93.5%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657059/2025 |
| 3028       | 250106007540   | 26 dias | Feminino  | VÁRZEA GRANDE          | MT | 11/09/2025     | 20 | 99.5%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657062/2025 |
| 3060       | 250704001602   | 7 meses | Masculino | LUCAS DO RIO VERDE     | MT | 16/09/2025     | 26 | 92.7%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657067/2025 |
| 3067       | 250103001640   | 11 anos | Feminino  | CUIABÁ                 | MT | 16/09/2025     | 20 | 98.5%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657068/2025 |
| 3070       | 250106007580   | 9 meses | Masculino | VÁRZEA GRANDE          | MT | 16/09/2025     | 22 | 99.7%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657070/2025 |
| 3075       | 250106007587   | 94 anos | Feminino  | VÁRZEA GRANDE          | MT | 16/09/2025     | 26 | 94.4%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657071/2025 |
| 3104       | 250103001646   | 72 anos | Feminino  | CUIABÁ                 | MT | 17/09/2025     | 24 | 96.0%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657073/2025 |
| 3116       | 250704001606   | 58 anos | Masculino | LUCAS DO RIO VERDE     | MT | 19/09/2025     | 22 | 99.7%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657074/2025 |
| 3133       | 251307000159   | 18 dias | Feminino  | QUERÊNCIA              | MT | 22/09/2025     | 19 | 99.7%     | XFG       | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657075/2025 |
| 3134       | 251307000161   | 8 meses | Feminino  | QUERÊNCIA              | MT | 22/09/2025     | 26 | 91.9%     | XFG       | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657077/2025 |
| 3136       | 250106007659   | 78 anos | Masculino | VÁRZEA GRANDE          | MT | 22/09/2025     | 26 | 85.7%     | XFG.3.4   | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657078/2025 |
| 3141       | 250149000134   | 21 anos | Masculino | CUIABÁ                 | MT | 23/09/2025     | 23 | 95.3%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657079/2025 |
| 3146       | 250143000220   | 51 anos | Masculino | CUIABÁ                 | MT | 23/09/2025     | 15 | 99.7%     | XFG       | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657081/2025 |
| 3151       | 250149000135   | 72 anos | Masculino | CUIABÁ                 | MT | 24/09/2025     | 15 | 99.7%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657082/2025 |
| 3152       | 250149000136   | 69 anos | Masculino | CUIABÁ                 | MT | 24/09/2025     | 23 | 94.6%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657083/2025 |
| 3154       | 250102013156   | 18 anos | Feminino  | CUIABÁ                 | MT | 24/09/2025     | 25 | 94.5%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657084/2025 |
| 3176       | 250722000208   | 77 anos | Masculino | SINOP                  | MT | 25/09/2025     | 19 | 99.7%     | XFG       | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657086/2025 |
| 3188       | 250704001614   | 4 anos  | Masculino | LUCAS DO RIO VERDE     | MT | 25/09/2025     | 22 | 99.7%     | XFG.3.4.1 | hCoV-19/Brazil/MT-LACENMT-510657087/2025 |

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 20/10/2025 (<https://clades.nextstrain.org/tree>).



A análise dos resultados permitiu concluir que os genomas gerados nesta investigação foi a XFG, essa linhagem foi identificada no estado de Mato Grosso em amostras coletadas em agosto de 2025, e continua com o mesmo perfil, todas sendo variante Ômicron.

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.

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. 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](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)