

Brasília, 19 de março de 2024

INFORME Nº 01 - REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

Um total de 29 amostras de SARS-CoV-2 foram submetidas ao sequenciamento genômico através da plataforma Illumina MiSeq no Laboratório de Microbiologia Molecular (LMM) da Universidade Feevale em março de 2024. As amostras utilizadas foram coletadas nos anos de 2021 (2), 2022 (6) e 2023 (21), sendo, a grande maioria, oriundas de pacientes residentes do município de Campo Bom (18), seguido de Canoas (6), Novo Hamburgo (4), e São Leopoldo (1).

Os genomas sequenciados foram analisados através da plataforma online *Nextclade* (<https://clades.nextstrain.org/>), e caracterizados como pertencentes a linhagem Gamma (1), Delta (1) e Ômicron (27). A linhagem mais frequente, Ômicron, foi representada pelas seguintes sublinhagens: Clado 21K: BA.1.1 (4), BA.1.14.1 (1), BA.1.17.2 (1); Clado 23A: JD.1.1 (5), JD.1.1.8 (2); Clado 23E: GJ.4 (2); Clado 23G: GK.1.1 (5), GK.1.1.1 (1), GK.1.2 (1), GK.1.8 (1), GK.1.8.1 (1), GK.2 (1); e Clado 23I: JN.1 (2) (Figura 1). Atualmente, a Ômicron é a variante globalmente majoritária. Corroborando com essa análise prévia, as sequências foram alinhadas com genomas completos de SARS-CoV-2 de diferentes variantes através da plataforma online *NextClade* (<https://clades.nextstrain.org/tree>) e a árvore filogenética foi gerada (Figura 2).

Desde janeiro de 2021, o LMM vem realizando o acompanhamento epidemiológico de SARS-CoV-2 e ao datar do surgimento da VOC Ômicron, em dezembro de 2021, vem sendo possível demonstrar nas nossas análises que esta variante é predominante desde janeiro de 2022 (Figura 3), dados que vem acompanhando o cenário mundial. A Ômicron é composta por várias sublinhagens, sendo que, inicialmente, a BA.1, BA.1.1 (clado 21K) e BA.2 (clado 21L) eram as mais comuns. Além disso, sequências recombinantes mundialmente detectadas, também foram relatadas em nosso monitoramento nos meses de março, maio, junho e novembro de 2022. Nossos dados mais recentes, referentes a novembro e dezembro de 2023, revelaram a tendência de circulação das sublinhagens dos clados 23A, 23G e 23I. Em novembro, a sublinhagem JD.1.1 foi a mais predominante,

representando 67% das ocorrências, enquanto em dezembro sua prevalência diminuiu para 38%. Por outro lado, a sublinhagem JD.1.1.8, também pertencente ao clado 23A, foi responsável por 33% das sequências em novembro. No mês de dezembro, a sublinhagem JN.1 (clado 23I) emergiu como a segunda mais prevalente, alcançando 25% das ocorrências.

Todos os dados estão sendo disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (Corona-Ômica.BR – MCTI) e internacionais (GISAID) com a posterior submissão do trabalho ao periódico científico.

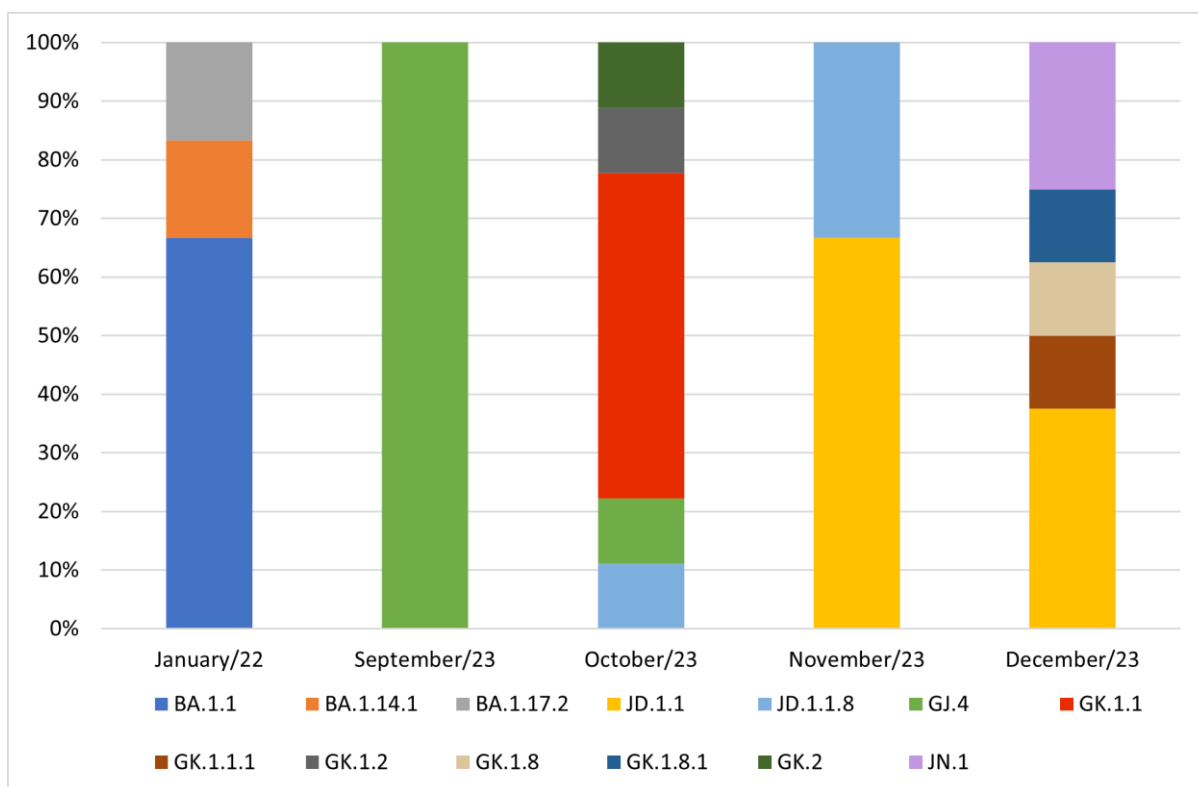


Figura 1. Distribuição das sublinhagens de Ômicron nas amostras sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale em março de 2024.

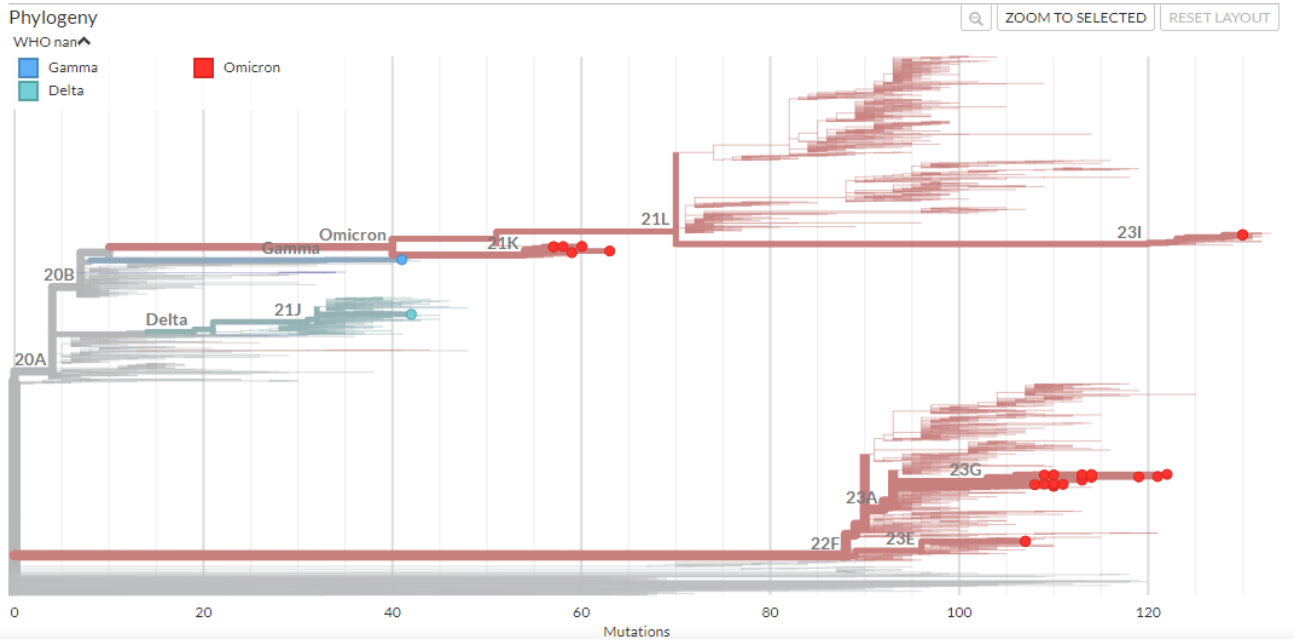


Figura 2. Árvore filogenética realizada através da plataforma *NextClade* (<https://clades.nextstrain.org/tree>) com as 29 amostras sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale em março de 2024.

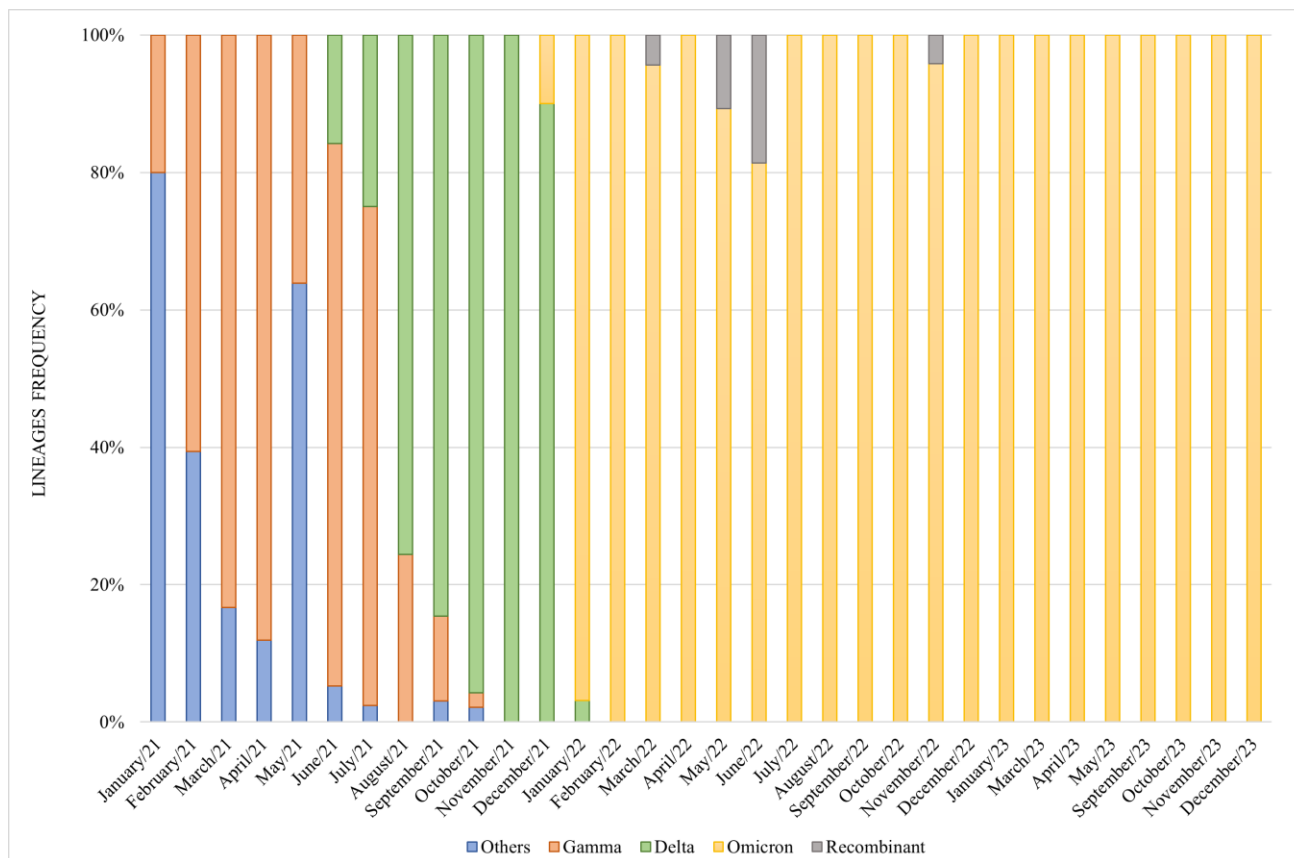


Figura 3. Acompanhamento epidemiológico das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale entre os meses de janeiro de 2021 até dezembro de 2023.