

Brasília, 03 de fevereiro de 2023

INFORME Nº 03 - REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

A Rede Vírus-MCTI comunica que a Rede Corona-Ômica BR-MCTI, através da plataforma Illumina MiSeq no Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale, realizou o sequenciamento de sete amostras de SARS-CoV-2. As amostras foram coletadas em dezembro de 2022, a partir de pacientes provenientes das cidades de Novo Hamburgo (5) e Estância Velha (2).

Com relação a caracterização genética, as sequências foram alinhadas com genomas completos de SARS-CoV-2 de diferentes variantes através da plataforma online *NextClade* e a árvore filogenética foi inferida (Figura 1). Todas as amostras foram classificadas como variante Ômicrom (22A, 22B, 22E). Posteriormente, as sequências foram analisadas através da plataforma online *Pangolin* (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>), onde foram caracterizadas como pertencentes as seguintes sublinhagens: 22A (BA.4 (1) e BA.4.6 (1)); 22B (CK.1 ou BA.5.2.24.1 (1)) e 22E (BQ.1.22 (2) e BQ.1.11 (2)) (Figura 1).

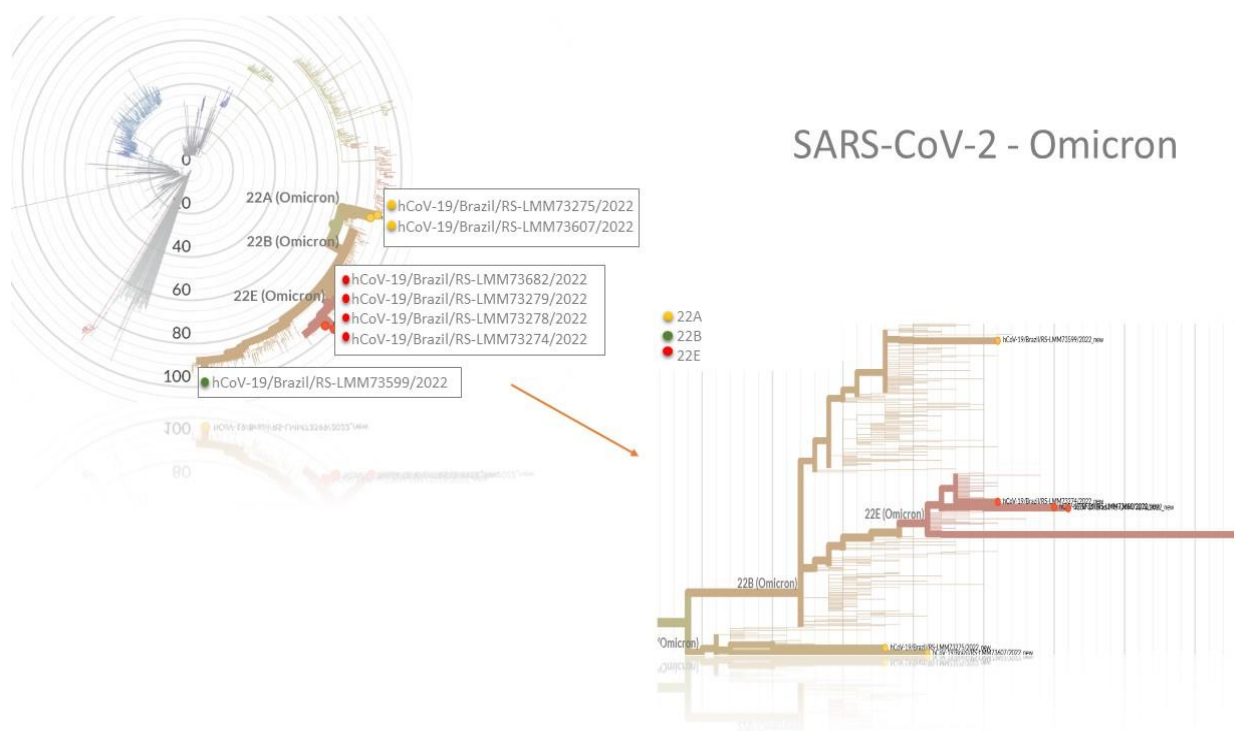


Figura 1. Árvore filogenética realizada através da plataforma online *NextClade*. Em amarelo as duas sequências caracterizadas como variante Omicron (22A), em vermelho as quatro caracterizadas como Omicron (22E) e em verde a sequência classificada como Omicron (22B).

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, foi possível demonstrar que esta variante é predominante desde janeiro de 2022 (Figura 2); dados que vêm acompanhando o cenário mundial. A Ômicron é composta por várias sublinhagens. Inicialmente, a BA.1, BA.1.1 (clado 21K) e BA.2 (clado 21L) eram as mais comuns, e, posteriormente, as sublinhagens BA.4 (clado 22A), BA.5 (clado 22B) e as sequências recombinantes (X) passaram a predominar.

Atualmente, diversos países do mundo têm verificado um crescimento de casos relacionados a sublinhagem BQ.1 em comparação com as demais, uma vez que é conhecida por alta transmissibilidade, inclusive em indivíduos com protocolo vacinal completo. A BQ.1 é uma sublinhagem da BA.5 e, por sua vez, a BQ.1.1 é uma sublinhagem da BQ.1. De acordo com o ECDC, há indícios de que os primeiros casos dessa sublinhagem foram reportados na África Central e Ocidental, com propagação para países da Europa e em outras partes do mundo. No nosso estudo, quatro amostras foram classificadas como BQ.1, ainda que três amostras ainda pertençam a BA.4 e BA.5, como pode ser visto na Figura 1. 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.

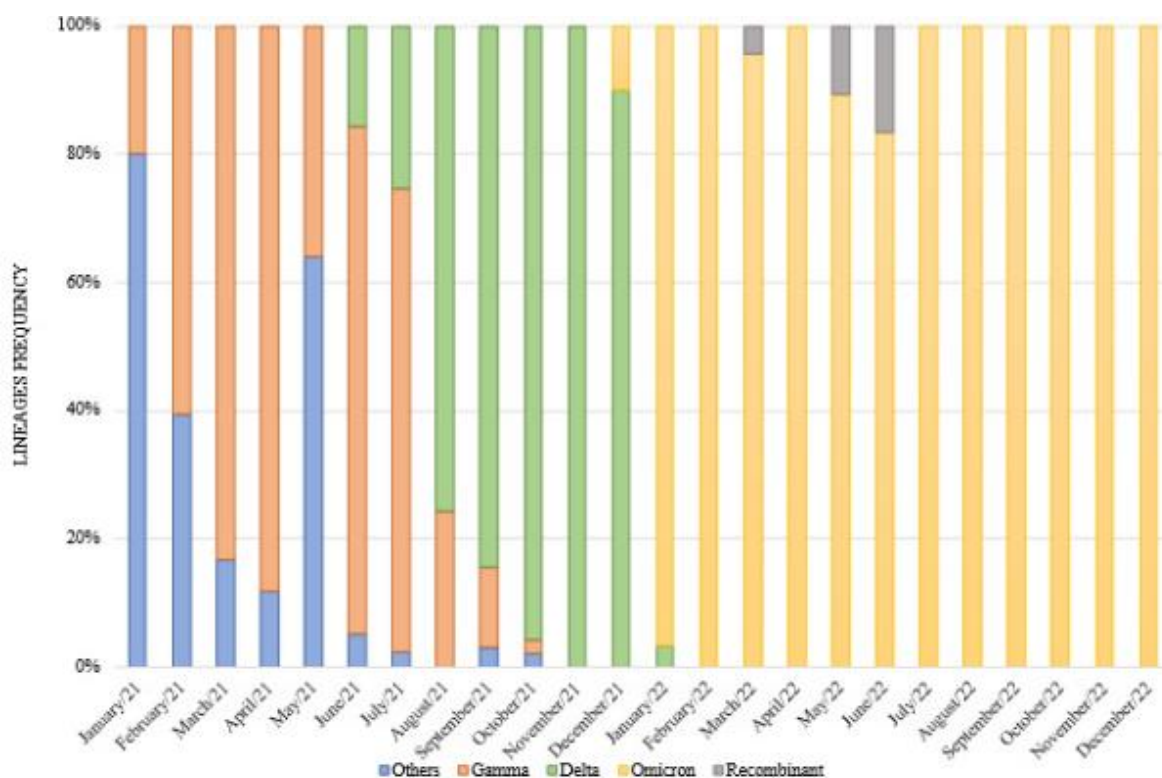


Figura 2. Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular na Universidade Feevale entre os meses de janeiro de 2021 e dezembro de 2022.