

Brasília, 15 de fevereiro de 2023

INFORME Nº 04 - 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 50 amostras de SARS-CoV-2. As amostras foram coletadas em junho, julho, novembro e dezembro de 2022, e, em janeiro de 2023 a partir de pacientes provenientes das cidades de Alegrete (1), Campo Bom (12), Canoas (3), Capivari do Sul (1), Esterio (1), Gravataí (2), Pinheiro Machado (1), Porto Alegre (25), Rio Grande (1), Sertão Santana (1), Tapes (1) e Viamão (1).

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: 20B [B.1.1 (5)], 21K [BA.1.1 (2)], 21L [BA.2 (6)], 22A [BA.4 (3) e BA.4.6 (1)], 22B [BA.5 (4), BA.5.1 (2), BA.5.2 (12), BA.5.3.1 (2), BE.1 (2)], 22C [BA.2.12.1 (1), BG.2 (1)], 22E [BQ.1. (3)], 22F (XBB) e recombinante [XAG (6)] (Figura 1).

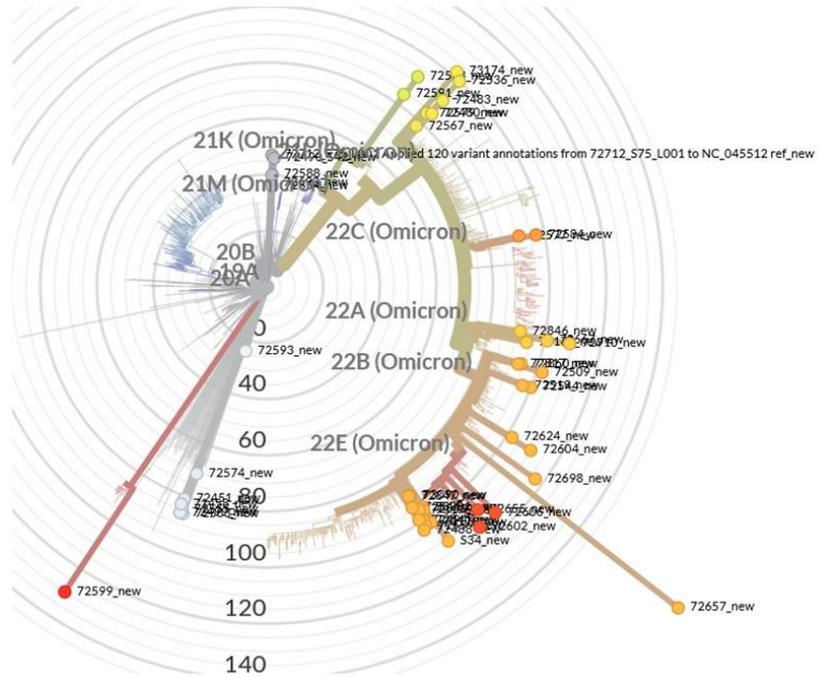


Figura 1. Árvore filogenética realizada através da plataforma online *NextClade*. Sequências classificadas como V.O.C Omicron (clados 21K, 21L, 22A, 22B, 22C, 22E, 22F) e recombinantes (XAG).

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. O informe aqui descrito apresentou uma grande variabilidade de sublinhagens de Ômicron pois contemplou amostras de dois períodos (meados de 2022 e final de 2022/início de 2023). Tendo em vista que, a maioria das amostras aqui sequenciadas, datam de junho e julho de 2022, as sublinhagens de frequência mais expressiva foram BA.2, BA.4 e BA.5. 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.

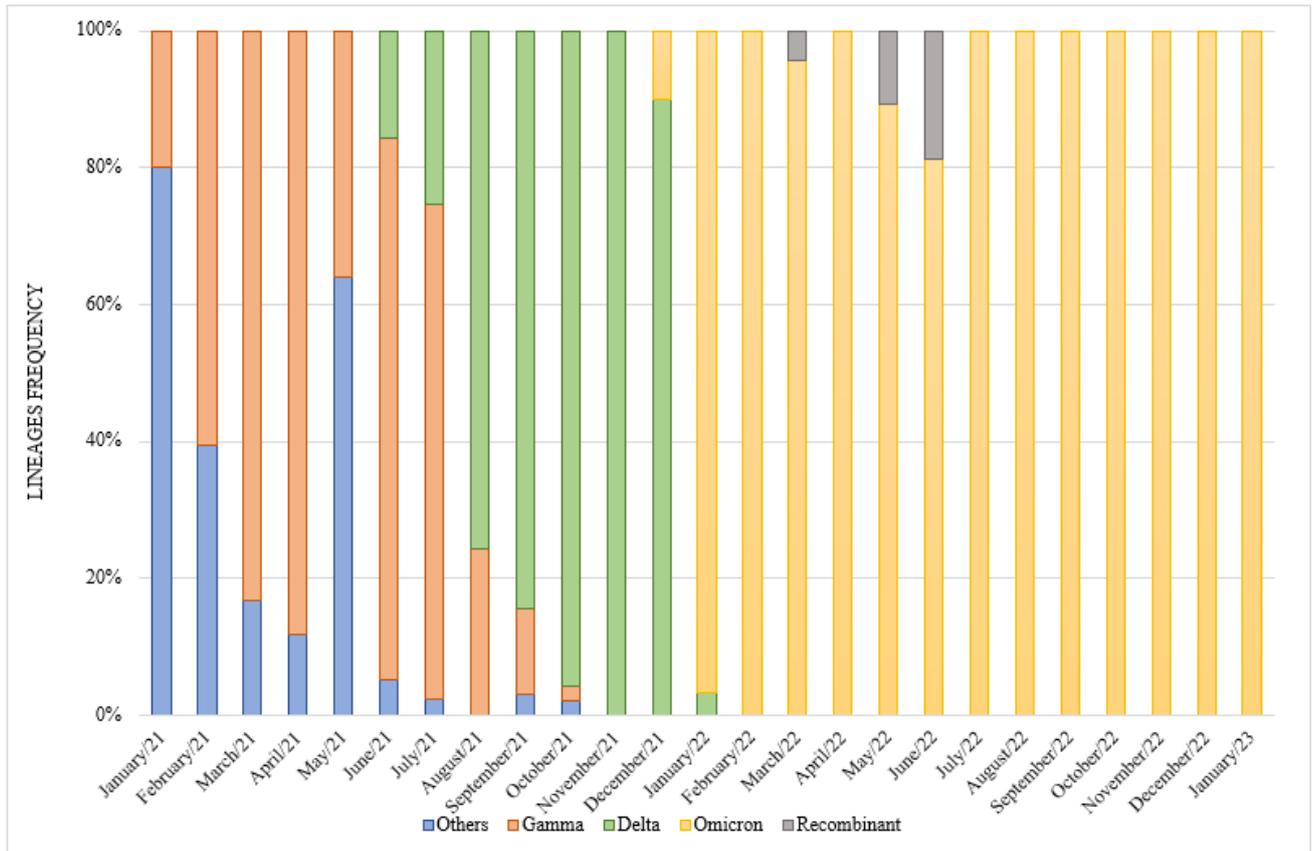


Figura 2. Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular na Universidade Feevale entre os meses de janeiro de 2021 e dezembro de 2022.