

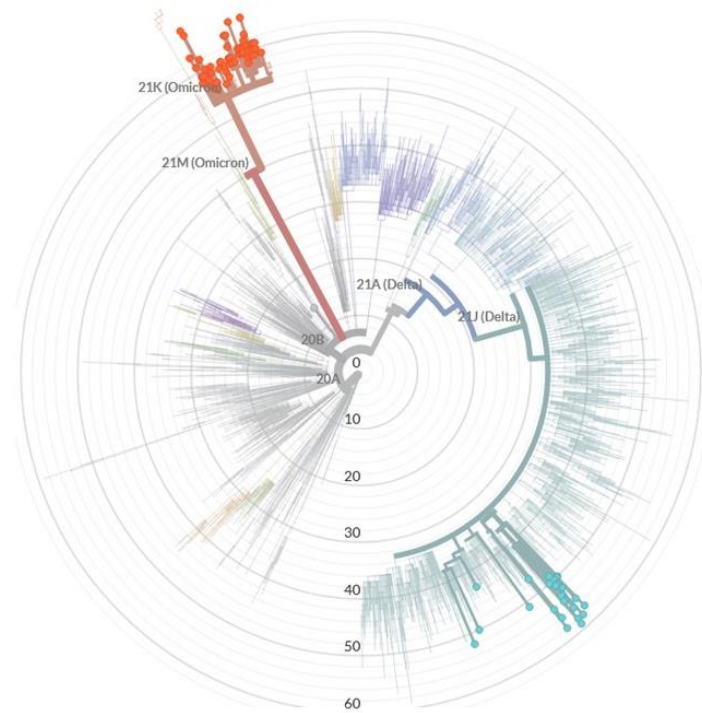
Brasília, 28 de janeiro de 2022.

**INFORME Nº 06 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI**

**Vigilância epidemiológica de vírus respiratórios**

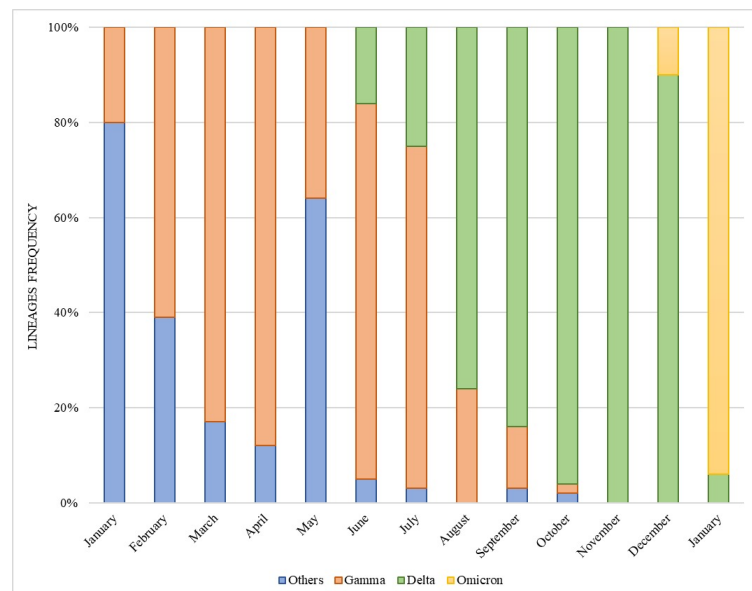
Um total de 87 amostras de SARS-CoV-2 foram submetidas ao sequenciamento genômico através da plataforma Illumina MiSeq no Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale, pólo da Rede Corona-ômica.BR-MCTI. As amostras foram coletadas entre os dias 26 de novembro de 2021 e 17 de janeiro de 2022, a partir de pacientes provenientes das cidades de Arroio do Meio (1), Campo Bom (15), Canoas (9), Estância Velha (1), Garibaldi (5), Ivoti (1), Novo Hamburgo (41), Santa Cruz do Sul (11), São Sebastião do Caí (1), Sobradinho (1) e Triunfo (1), no estado do Rio Grande do Sul.

Com relação à 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). Do total das amostras, 26 (30%) foram classificadas como pertencentes a variante Delta (21J) e 61 (70%) como variante Ômicrom (21K). Posteriormente, as sequências foram analisadas através da plataforma online *Pangolin* (<https://github.com/hCoV-2019/pangolin>), onde foram caracterizadas como pertencentes às seguintes sublinhagens de Delta: AY.99.2 (15/26 – 57,7%), AY.101 (3/26 – 11,5%), AY.122 (2/26 - 7,6%), AY.43 (2/26 – 7,6%), AY.112 (1/26 – 3,9%), AY.25 (1/26 – 3,9%), AY.43.2 (1/26 – 3,9%), AY.46 (1/26 – 3,9%) e Ômicron: BA.1 (38/61 - 62%) e BA.1.1 (23/61 - 38%).



**Figura 1.** Árvore filogenética realizada através da plataforma online *NextClade*. Em verde, as 26 sequências caracterizadas como variante Delta e em vermelho as 61 sequências pertencentes a linhagem Ômicron.

A variante Ômicron foi detectada no Brasil algumas semanas após sua primeira descrição na África do Sul, a partir de passageiros que chegaram ao estado de São Paulo no final de novembro de 2021. Realizando uma análise retrospectiva, é interessante salientar que, dentre as amostras sequenciadas pelo nosso laboratório, a variante Delta representava 100% de frequência no mês de novembro de 2021. Já em dezembro do mesmo ano, as primeiras detecções da variante Ômicron foram realizadas, porém de maneira ainda pouco expressiva (3/30 - 10%), e a variante Delta ainda predominava (27/30 - 90%). No mês de janeiro de 2022 o cenário se inverteu, a variante Delta foi detectada em apenas 4 amostras (4/62 - 6%) enquanto a Ômicron dominou com 58 detecções (58/62 - 94%).



**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 janeiro de 2022.

Os dados completos podem ser observados na Figura 2. Todos os dados estão sendo disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (Corona-Ômica.BR – MCTIC) e internacionais (GISAIID) com a posterior submissão do trabalho ao periódico científico.

---

**Rede Corona-Ômica.BR-MCTI**

---