

09 de maio de 2022

INFORME Nº 17 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI**Vigilância epidemiológica de vírus respiratórios**

O Observatório de Vigilância Genômica de Minas Gerais (OViGen-MG) é uma iniciativa de vigilância genômica com o objetivo de monitorar as variantes do *SARS-CoV-2* no Estado de Minas Gerais. O OViGenMG é composto por membros da Fundação Ezequiel Dias (FUNED), Laboratório de Biologia Integrativa da Universidade Federal de Minas Gerais (LBI-UFMG), Núcleo de Ações e Pesquisa em Apoio Diagnóstico da UFMG (NUPAD-UFMG), CT vacinas (UFMG), Laboratório Institucional de Pesquisa em Biomarcadores (LINBIO-UFMG), Grupo Hermes Pardini e da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais (SES-MG). Este projeto conta com financiamento dos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI), Cooperativa de Laboratórios da UFMG (Coolabs) e da FUNED.

Neste comunicado informamos os resultados obtidos no sequenciamento do genoma completo de *SARS-CoV-2* obtido de amostras colhidas em 15 Gerências Regionais de Saúde (GRS) de Minas Gerais, no período compreendido entre as semanas epidemiológicas 52 de 2021 (26/12/2021 - 01/01/2022) e 07 de 2022 (13/02/2022 e 19/02/2022). Estas amostras foram previamente caracterizadas através da genotipagem do gene que codifica a proteína viral *spike* (S). Amostras que apresentam as mutações N501Y, K417N, G339D e DEL 69/70 são classificadas como Ômicron BA.1 e amostras que apresentam as mutações N501Y, K417N e G339D são classificadas como Ômicron BA.2. Com intuito de avaliar a dispersão e evolução das variantes de *SARS-CoV-2* em Minas Gerais, foram sequenciadas o genoma completo de SARS-CoV2 de 84 amostras, sendo 33 amostras genotipadas como possíveis BA.1 e 51 amostras genotipadas como possíveis BA.2 através do polimorfismo DEL 60/70 no gene *spike*. Os genomas montados foram classificados segundo as suas linhagens através do *Pangolin tool* v.3.1.14 e *NextClade web application* v.1.7.0. Os resultados obtidos demonstram que 13 amostras foram classificadas como BA.1 (15%), 8 amostras BA.1.1 (10%), 4 amostras BA.1.14 (5%), 3 amostras BA.1.14.1 (4%), 4 amostras BA.1.15 (5%), 1 amostra BA.1.17 (1%), 47 amostras BA.2 (56%), 1 amostra BA.2.1 (1%), 1 amostra BA.2.3 (1%) e 2 amostras BA.3 (2%) (Figura 1 e Tabela 1).

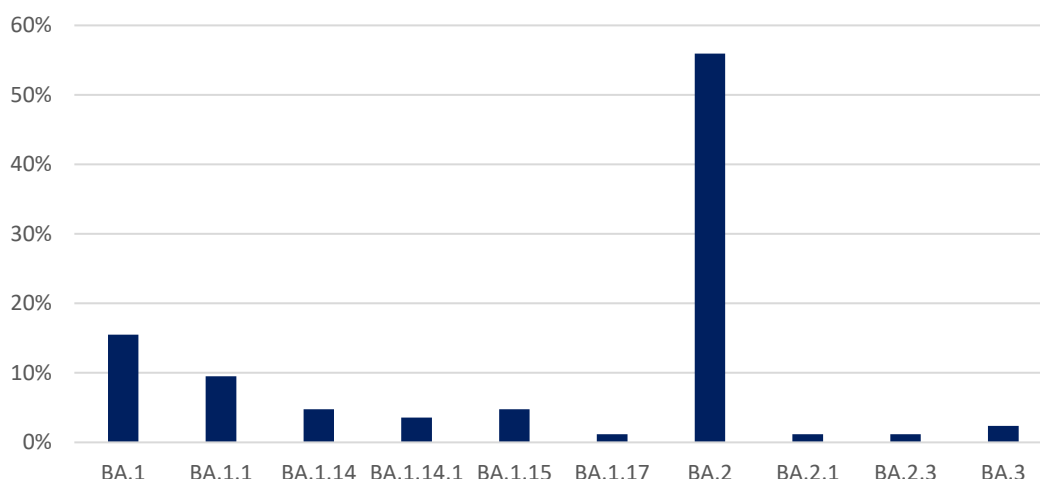


Figura 1: Sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 obtido de 84 amostras, provenientes de 15 Gerências Regionais de Saúde (GRS) de Minas Gerais, no período compreendido entre as semanas epidemiológicas 52 de 2021 (26/12/2021 - 01/01/2022) e 07 de 2022 (13/02/2022 e 19/02/2022). Os resultados obtidos demonstram a circulação das seguintes linhagens de SARS-CoV-2: BA.1 (15%), BA.1.1 (10%), BA.1.14 (5%), BA.1.14.1 (4%), BA.1.15 (5%), BA.1.17 (1%), 47 BA.2 (56%), BA.2.1 (1%), BA.2.3 (1%) e BA.3 (2%).

Tabela 1: Amostras de SARS-CoV-2 do período compreendido entre as semanas epidemiológicas 52 de 2021 (26/12/2021 - 01/01/2022) e 07 de 2022 (13/02/2022 e 19/02/2022) que foram sequenciadas através do projeto OViGen-MG.

GENÓTIPO CONFIRMADO	MUNICÍPIO	DATA DE COLETA DA AMOSTRA	SEMANA EPIDEMIOLÓGICA
BA.1	ITABIRITO	27/12/2021	52
BA.1.1	RIO ACIMA	28/12/2021	
BA.1	SANTA LUZIA	28/12/2021	
BA.1	BETIM	28/12/2021	
BA.1.1	BETIM	03/01/2022	1
BA.1	JOANESIA	03/01/2022	
BA.1	CORONEL FABRICIANO	04/01/2022	
BA.1	CORONEL FABRICIANO	04/01/2022	
BA.1.14	CORONEL FABRICIANO	04/01/2022	
BA.1.14.1	SANTANA DO PARAISO	04/01/2022	2
BA.1.1	DIVINO	04/01/2022	
BA.1	CORONEL FABRICIANO	09/01/2022	
BA.1	NOVA LIMA	12/01/2022	
BA.1	CARATINGA	17/01/2022	
BA.1.15	ARACUAI	17/01/2022	3
BA.1.15	MINAS NOVAS	17/01/2022	
BA.1.14	TURMALINA	17/01/2022	
BA.1.14	MINAS NOVAS	17/01/2022	
BA.1	VARZELANDIA	18/01/2022	4
BA.1	NOVA LIMA	23/01/2022	
BA.1.1	JANUARIA	23/01/2022	
BA.1.15	JANUARIA	24/01/2022	
BA.1	JUIZ DE FORA	25/01/2022	
BA.1.17	JUIZ DE FORA	25/01/2022	5
BA.1.1	IGARAPE	30/01/2022	

BA.1.15	SAO JOAO DA PONTE	30/01/2022	
BA.1.1	TURMALINA	31/01/2022	
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	04/02/2022	
BA.1.14	ITAMARANDIBA	06/02/2022	
BA.1.14.1	JANUARIA	06/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	07/02/2022	
BA.2	LAVRAS	07/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	07/02/2022	
BA.1	BELO HORIZONTE	07/02/2022	
BA.1.1	JUIZ DE FORA	07/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	08/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	08/02/2022	
BA.2	BETIM	08/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	08/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	08/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	08/02/2022	
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	09/02/2022	6
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	09/02/2022	
BA.3	CARATINGA	09/02/2022	
BA.3	CONSELHEIRO LAFAIETE	09/02/2022	
BA.2	CARATINGA	09/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	10/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	10/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	10/02/2022	
BA.2	SÃO VICENTE DE MINAS	10/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	11/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	11/02/2022	
BA.2	SÃO JOÃO NEPUMUCENO	11/02/2022	
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	11/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	12/02/2022	
BA.2	LAVRAS	14/02/2022	
BA.2	SETE LAGOAS	14/02/2022	
BA.2	SETE LAGOAS	14/02/2022	
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	14/02/2022	
BA.2	ITAUNA	14/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	15/02/2022	
BA.2.3	BELO HORIZONTE	15/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	15/02/2022	
BA.2	LAVRAS	15/02/2022	
BA.1.1	LONTRA	15/02/2022	
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	16/02/2022	7
BA.2	MONTES CLAROS	16/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	16/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	16/02/2022	
BA.2.1	ITAUNA	16/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	16/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	17/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	17/02/2022	
BA.2	VESPASIANO	17/02/2022	
BA.2	BELO HORIZONTE	17/02/2022	
GENÓTIPO CONFIRMADO	MUNICÍPIO	DATA DE COLETA DA AMOSTRA	SEMANA EPIDEMIOLÓGICA

BA.2	CRUZILIA	17/02/2022
BA.2	BELO HORIZONTE	18/02/2022
BA.2	CONSELHEIRO LAFAIETE	18/02/2022
BA.2	BELO HORIZONTE	18/02/2022
BA.2	SÃO VICENTE DE MINAS	18/02/2022
BA.2	DIVINOPOLIS	18/02/2022
BA.2	LAGOA SANTA	18/02/2022
BA.1.14.1	IBIRITE	18/02/2022
BA.2	BELO HORIZONTE	19/02/2022

7

Estes resultados demonstram a presença de subvariantes Ômicron que até então não haviam sido descritas como circulantes em Minas Gerais. O método de genotipagem que era usado para discriminar as subvariantes BA.1 e BA.2 é baseado na identificação dos polimorfismos DEL 69/70 no gene *spike*. Porém, este método de genotipagem não pode ser aplicado para diferenciar as subvariantes Omicron BA.1, BA.3, BA.4 e BA.5 pois estas compartilham muitas mutações, incluindo a DEL 69/70. Diante disso, destaca-se a necessidade de ampliar as análises de sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 extraído de amostras positivas provenientes de Minas Gerais, para continuidade do monitoramento em tempo real de variantes de SARS-CoV-2 no Estado.

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI

Agradecimentos:

