

Brasília, 05 de julho de 2022

INFORME Nº 19 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

Dados Gerais

O presente relatório está dividido em 3 tópicos:

- 1. Vigilância genômica de linhagens circulantes de SARS-CoV-2**
- 2. Reinfecção em curto espaço de tempo – Secretaria Municipal da Saúde de Porto Alegre (SMS-POA)**
- 3. Amostras colhidas na fronteira Brasil-Argentina**

Um total de 84 amostras de SARS-CoV-2 foram submetidas ao sequenciamento genômico através da plataforma Illumina MiSeq no Laboratório de Microbiologia Molecular (LMM), Universidade Feevale, coletadas entre outubro de 2021 e junho de 2022. As amostras oriundas do diagnóstico do LMM (14) são de pacientes residentes dos municípios de Campo Bom, Esteio, Ivoti, Novo Hamburgo, Portão e São Leopoldo. As demais amostras (68) são provenientes de viajantes cruzando a fronteira entre o Brasil e Argentina, em parceria com a Universidade Federal de Pelotas, e da Secretaria Municipal de Saúde (SMS) de Porto Alegre.

Os genomas sequenciados foram analisados através da plataforma online *Nextclade* (<https://clades.nextstrain.org/>), e caracterizados como pertencentes as linhagens Delta (4/84 - 4,7%), das seguintes sublinhagens: B.1.617.2 (1), AY.43 (1), AY.99.2 (2); e Ômicron (80/84 – 95,3%), das seguintes sublinhagens: BA.1 (12), BA.1.1 (31), BA.1.14 (1), BA.1.14.1 (2), BA.1.14.2 (7), BA.1.15 (5), BA.1.17 (2), BA.1.17.2 (2), BA.1.18 (1), BA.1.19 (2), BA.2 (8), BA.2.9 (1), BA.5.1 (2), BA.5.2 (1), BA.5.2.1 (1) e XQ recombinante (2). 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 1).

1. Vigilância genômica de linhagens circulantes de SARS-CoV-2

- 21J (Delta)
- 21K (Omicron)
- 21L (Omicron)
- 22B (Omicron)
- Recombinant

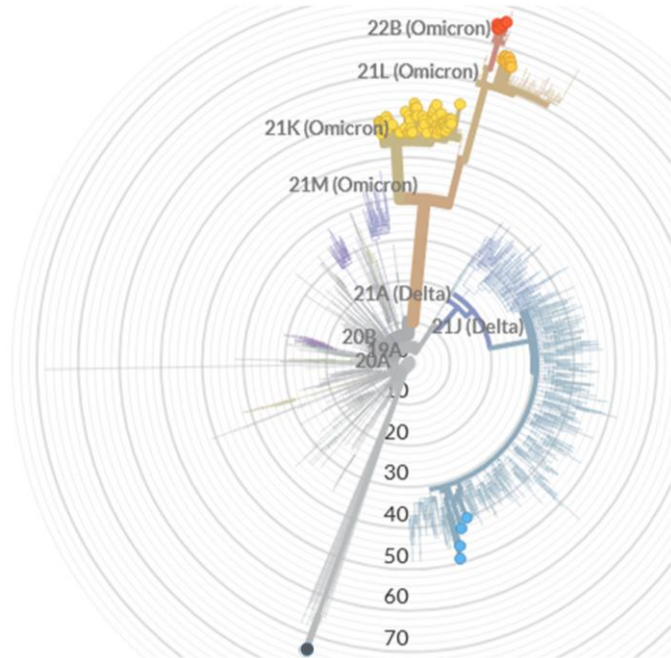


Figura 1. Árvore filogenética realizada através da plataforma online NextClade (<https://clades.nextstrain.org/tree>).

A avaliação do acompanhamento epidemiológico que vem sendo realizada pelo nosso laboratório, ao datar do surgimento de SARS-CoV-2, em dezembro de 2021, é possível demonstrar que a VOC Ômicron é predominante desde de janeiro de 2022 (Figura 2), acompanhando o cenário mundial. Ela é composta pelas seguintes sublinhagens: 21K (BA.1), 21L (BA.2), 22A (BA.4), 22B (BA.5) e 22C ou (BA.2.12.1). Dados recentes destacam a substituição da linhagem BA.1 pela linhagem BA.2 e o aumento na detecção das linhagens BA.4, BA.5 e recombinantes entre os meses de maio e junho, o que pode, em parte, ser observado neste sequenciamento, uma vez que todas as BA.2, recombinantes (XQ), além das primeiras detecções da linhagem BA.5, datarem de maio e junho de 2022 (Figura 3). Apenas a variante BA.4 ainda não foi reportada pelo nosso laboratório. A amostra classificada como BA.5.2, que chegou ao LMM para fins diagnósticos, é de um viajante que chegou dos Estados Unidos no dia 18 de maio de 2022, cujos sintomas iniciaram-se na mesma data. A amostra foi coletada 27 de maio de 2022. De acordo com o CDC (*Centers for Disease Control*), BA.4 e BA.5 já são as variantes predominantes nos Estados Unidos, e, apesar de ainda haverem poucas detecções no Brasil, sua identificação vem aumentando desde o mês de maio.

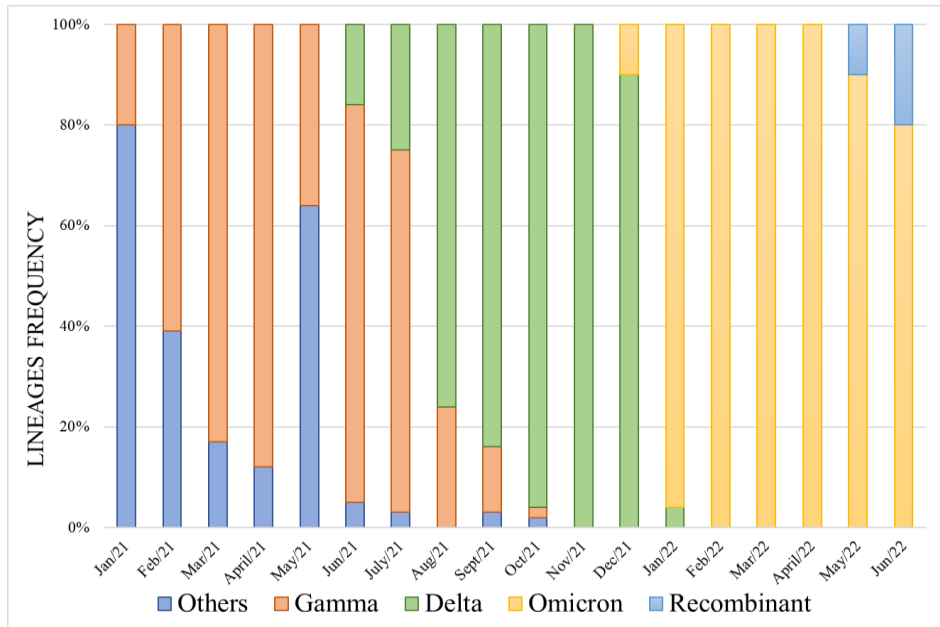


Figura 2. Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale entre os meses de janeiro de 2021 a junho de 2022.

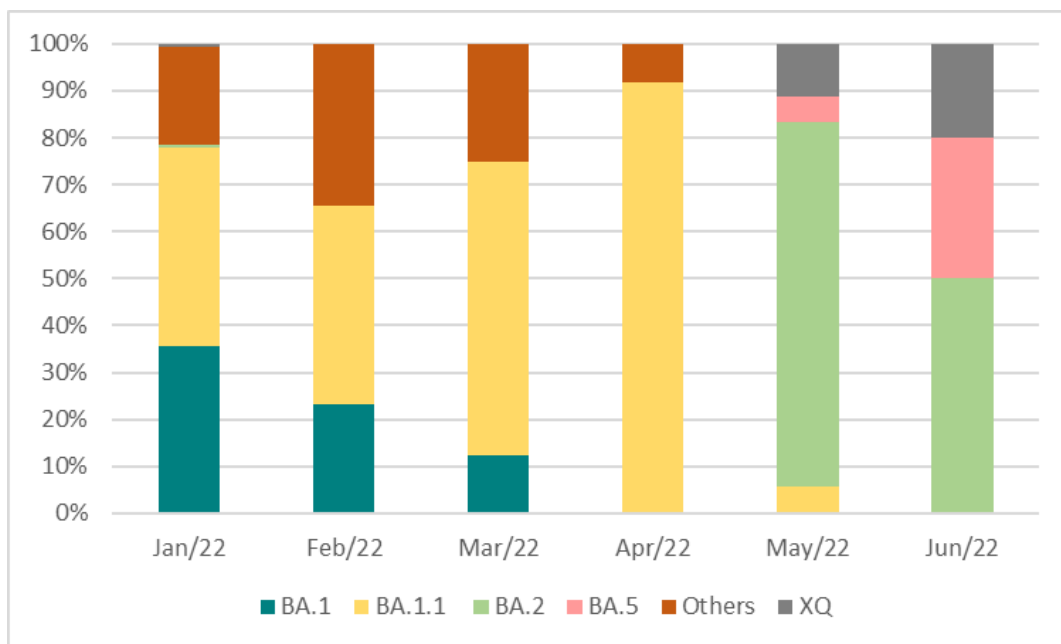


Figura 3. Distribuição das sublinhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade no período entre janeiro e junho 2022.

2 Reinfecção em curto espaço de tempo – Secretaria Municipal da Saúde de Porto Alegre (SMS-POA)

Duas amostras de um mesmo paciente foram recebidas da SMS-POA, e um caso de reinfecção por diferentes sublinhagens da variante Ômicron foi identificado. Um paciente de 52 anos, do município de Canoas, Rio Grande do Sul, foi infectado primeiramente com a linhagem BA.1.1 (coleta de 23 de maio de 2022), e reinfestado pela linhagem BA.2 (coleta de 08 de junho de 2022). Como pode ser observado, a reinfecção ocorreu em um curto período de tempo, apenas 15 dias entre as coletas. Estudo recente realizado na Dinamarca, mostrou que a BA.2 tem capacidade de reinfestar em um curto intervalo (20-60 dias) após infecções iniciais.

3. Amostras colhidas na fronteira Brasil-Argentina

Do total de amostras sequenciadas, 68 são provenientes de indivíduos que estariam cruzando a fronteira entre Brasil e Argentina. Essas amostras foram classificadas como pertencentes a variante Ômicron (64/68): BA.1 (12), BA.1.1 (30), BA.1.14 (1), BA.1.14.1 (2), BA.1.14.2 (7), BA.1.15 (5), BA.1.17 (2), BA.1.17.2 (2), BA.1.18 (1), BA.1.19 (2); e Delta (4/68): B.1.617.2 (1), AY.43 (1), AY.99.2 (2). É importante destacar que, por tratarem-se das amostras mais antigas desse sequenciamento, datando de outubro de 2021 a fevereiro de 2022, as linhagens mais recentes de Ômicron (BA.2 e BA.5) não foram reportadas, além de todas as Delta estarem nesse grupo de amostras.

4 Considerações Finais

As informações contempladas neste informe, tais como importantes observações e mudanças no padrão de linhagens, salientam a importância da constante investigação genômica. 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.