

**Minas Gerais, 03 de abril de 2024**

***INFORME Nº 02 - REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI***

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 OViGen-MG 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). O OViGen-MG conta com financiamento dos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI), Instituto Todos Pela Saúde (ITPs) e a Rede NVAP (New Variant Assessment Platform-UK).

Neste comunicado relatamos a situação das variantes do SARS-CoV-2 a partir da análise de amostras coletadas em 39 cidades do estado de Minas Gerais, no período entre 03/09/2023 e 05/02/2024 e processadas até a presente data.

No total, 389 amostras foram recebidas e 358 destas obtiveram resultados de PCR compatíveis com o protocolo de sequenciamento utilizado e seguiram para a montagem de bibliotecas. Estas foram sequenciadas por sequenciamento de próxima geração (NGS - do inglês Next Generation Sequencing) utilizando a plataforma NextSeq (Illumina). Obtivemos sucesso no sequenciamento de 328 amostras e os genomas montados foram classificados segundo as suas linhagens através do NextClade web application v.3.3.1.

Os números de amostras sequenciadas por município em cada uma das semanas epidemiológicas são descritos na tabela 1. A tabela 2 mostra o número de sequências obtidas de cada uma das diferentes linhagens que pudemos encontrar no período estudado. Complementando as informações contidas nas tabelas, a figura 1 mostra o gráfico de distribuição das diferentes linhagens observadas no estudo em cada uma das semanas epidemiológicas analisadas.

Município	Semana Epidemiológica																			
	2023														2024					
	S.36	S.39	S.40	S.41	S.42	S.43	S.45	S.46	S.47	S.48	S.49	S.50	S.51	S.52	S.2	S.3	S.4	S.5	S.6	Total
Belo Horizonte	6	13	20	28	15	1	6	1	7	7	1	2	1	2	4	0	2	8	4	128
Belo Vale	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Betim	0	0	1	2	3	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	11
Boa Esperança	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Brumadinho	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3
Buritizeiro	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	3
Capelinha	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Capitao Eneas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Carangola	0	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Caratinga	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4
Contagem	0	1	0	2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	2	1	9
Coronel Fabriciano	0	1	1	2	2	0	0	2	3	1	0	3	0	2	1	0	1	0	0	19
Esmeraldas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Extrema	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Guarulhos	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ibiai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Itabirito	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Itajuba	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	3
Jaboticatubas	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Jaiba	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Manhuacu	0	1	4	0	2	0	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1
Matozinhos	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Monte Azul	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Montes Claros	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2	0	4
Ouro Fino	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ouro Preto	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	3
Pacaraima	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Paracatu	1	1	1	0	3	2	3	2	0	1	0	1	0	0	5	0	1	3	5	29
Pedra Azul	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Pedro Leopoldo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Pouso Alegre	3	1	0	6	3	0	10	1	1	2	1	0	0	1	1	0	1	1	0	32
Ribeirao Das Neves	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	3	0	6

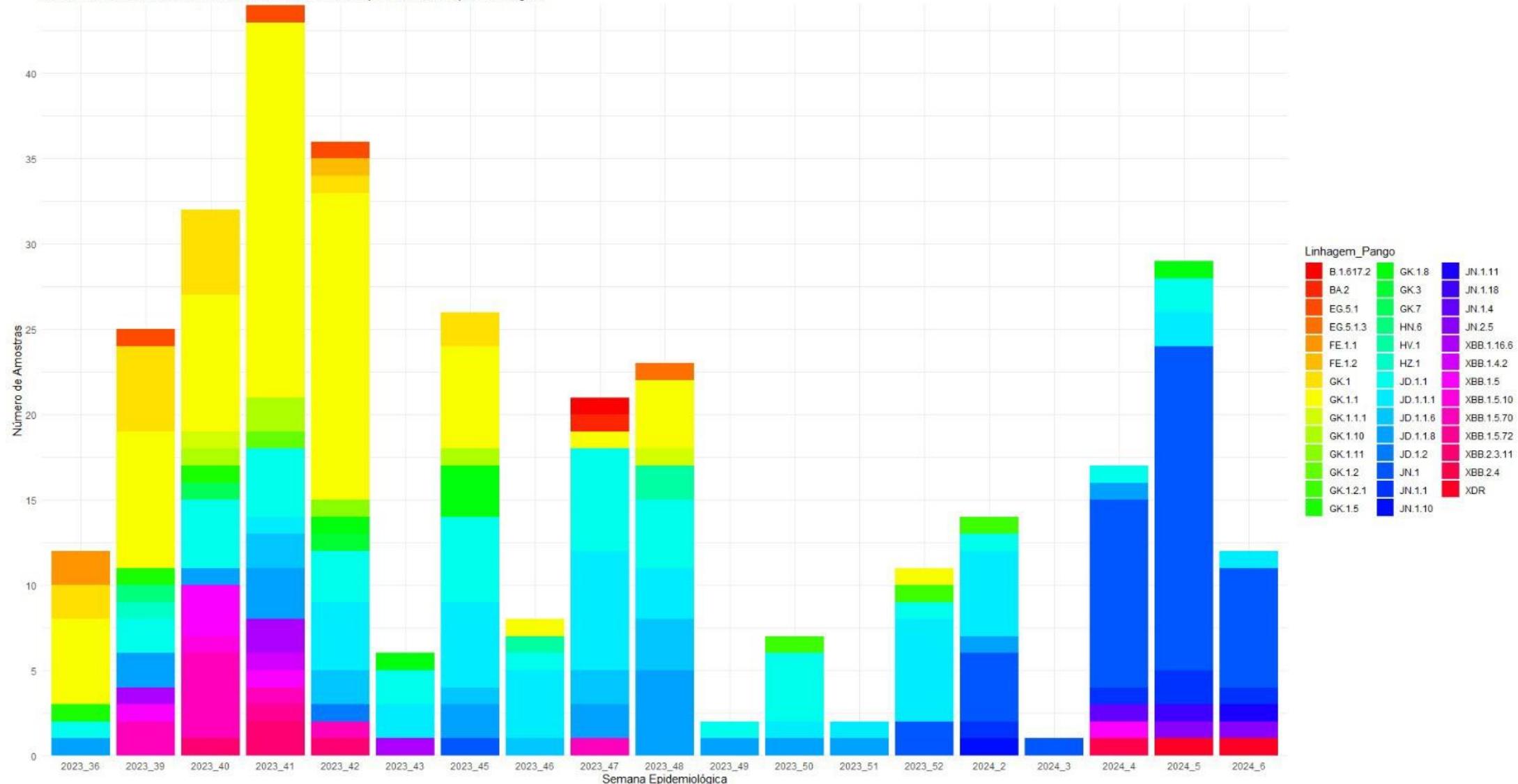
	Semana Epidemiológica																			
	2023														2024					
Município	S.36	S.39	S.40	S.41	S.42	S.43	S.45	S.46	S.47	S.48	S.49	S.50	S.51	S.52	S.2	S.3	S.4	S.5	S.6	Total
<b>Sabara</b>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	3
<b>Santa Luzia</b>	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3
<b>Sao Jose Do Belmonte</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
<b>Uberaba</b>	2	0	0	0	0	0	1	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	8
<b>Unai</b>	0	4	3	3	1	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14
<b>Vicosá</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
<b>Vila Velha</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1

**Tabela 1** – Número de amostras sequenciadas por município por semana epidemiológica entre as semanas 36 de 2023 e 6 de 2024.

Linhagem_Pango	Número de Sequências
B.1.617.2	1
BA.2	1
EG.5.1	3
EG.5.1.3	1
FE.1.1	2
FE.1.2	1
GK.1	15
GK.1.1	74
GK.1.1.1	2
GK.1.10	4
GK.1.11	1
GK.1.2	1
GK.1.2.1	3
GK.1.5	3
GK.1.8	6
GK.3	1
GK.7	1
HN.6	1
HV.1	3
HZ.1	1
JD.1.1	42
JD.1.1.1	42
JD.1.1.6	11
JD.1.1.8	21
JD.1.2	1
JN.1	45
JN.1.1	5
JN.1.10	1
JN.1.11	1
JN.1.18	1
JN.1.4	1
JN.2.5	2
XBB.1.16.6	4
XBB.1.4.2	1
XBB.1.5	6
XBB.1.5.10	1
XBB.1.5.70	10
XBB.1.5.72	1
XBB.2.3.11	4
XBB.2.4	1
XDR	2

**Tabela 2** –Número de sequências obtidas de cada linhagem do SARS-CoV-2 sequenciadas no período

### Subvariantes da Variante Omicron do SARS-CoV-2 por Semana Epidemiológica



**Figura 1 – Distribuição das diferentes linhagens encontradas nas semanas epidemiológicas contempladas no sequenciamento.**

Ressaltamos o crescimento das variantes JD.1 e JN.1 a partir de janeiro de 2024 e o consequente surgimento da variante XDR, que é um recombinante entre as primeiras citadas. A recombinante XDR ainda não havia sido descrita no nosso estado e poderia, em hipótese, estar associada ao crescimento de casos graves sentidos pelo sistema hospitalar de MG.

Esses resultados ressaltam a importância da análise de sequências completas do genoma de SARS-CoV-2 extraído de amostras positivas em Minas Gerais, para a continuidade do monitoramento em tempo real das variantes. O sequenciamento dessas amostras contribui para acompanhar a dispersão e evolução do vírus ao longo do tempo no estado. Além disso, o sequenciamento é uma ferramenta muito importante para o monitoramento de variações genéticas que podem estar associadas à gravidade da doença. Portanto, a combinação da vigilância genômica com a vigilância epidemiológica auxilia na tomada de decisões de políticas, contribuindo na orientação de esforços de controle e mitigação de riscos da COVID-19. Dessa forma, ressaltamos a importância de seguir monitorando o crescimento da recombinante XDR no nosso estado.

---

**Rede Corona-Ômica.BR-MCTI**

---